

Генофонд казачества сложился в основном за счет миграций русского населения

[Марина Чухряева](#)

Опубликована единственная на настоящий момент работа, посвященная исследованию генофонда верхнедонских казаков. Для изучения генофонда казаков использован новый инструмент — программа Harpmatch, позволяющая производить сравнение целых массивов гаплотипов. В исследовании показана эффективность работы данной программы. Благодаря её использованию удалось проследить, что формирование генофонда казаков верхнего Дона шло преимущественно за счет мигрантов из восточно-славянских популяций (в частности, южно- и центрально-русских и украинцев). Также обнаружено небольшое генетическое влияние ногайцев, вероятно вызванное их вхождением в Войско Донское в составе «татарской прослойки». Сходства с народами Кавказа у донских казаков не обнаружено.

*Казакъ Донской, что карась озерной: икрянъ, прянъ и солень**

**казачья пословица*

В последнее десятилетие отмечается так называемое «возрождение казачества», сопровождающиеся увеличением количества людей, которые самоидентифицируют себя как казаки. Вопросы этнического своеобразия донского казачества вызывают все больший интерес. И, несмотря на то, что существует миграционная теория происхождения казаков за счет выходцев из России, которая поддерживается большинством авторитетных ученых-историков, многие авторы, пытаясь пролить свет на данную проблему, выдвигают теории автохтонного происхождения казачества. Впервые в российской историографии идея древнего, не русского, происхождения донских казаков была высказана генерал-майором и военным инженером, долгое время служившем на Дону, А.И. Ригельманом. В своем труде «История о Донскихъ Козакахъ», он пишет: «Приводятся свидетельства, что казаки, если их кто москалем назовет, отвечают на это: «Я де не Москаль, но Русский, и то по закону и вере православный, а не по природе». Дальнейшее развитие эта мысль получила в трудах Г.З. Байера, со ссылкой на византийского императора Константина Багрянородного, в книге «Описание всех случаев, касающихся до Азова...» он указывал, что казаки «...в 948 году жили в нынешней Кабарде близ Кавказских гор, где они от великого князя Мстислава... в Российское подданство приведены были». И хотя, отмечал он, «и то подлинно, что они всегда принимали россиян, поляков и других, которые у них искали прибежища», «сие ни мало тому не препятствует, чтоб казаков можно было почитать за древний... народ». Эту теорию подхватили и развили многие исследователи России, в том числе В.Н. Татищев, который связывал происхождение донских казаков с черкесами.

Особую позицию в вопросе происхождения донского казачества заняли донские историки XIX – начала XX веков. Ими на роль предков донских казанков выдвигались самые разнообразные народы: от тюрок (И.П. Буданов) до этрусков (Е.Савельев).

Однако все эти теории не располагают достаточными доказательствами. А значит, требуется строго научный подход, который бы прояснил генетические связи донского казачества с соседними народами.

Такой подход был применен в исследовании лаборатории популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра, под руководством проф. Е.В.Балановской.

Кого изучали?

Сбор материала проходил в исконно казачьих станицах и хуторах в ходе экспедиции, проведенной лабораторией популяционной генетики ФГБНУ «МГНЦ» в 2008 году при поддержке международного проекта The Genographic и гранта РФФИ. Всего был изучен 131 человек. В выборку включались только неродственные между собой индивиды, все предки которых до третьего поколения происходили из обследуемого региона и принадлежали к донскому казачеству.

Какие методы использовались?

Материалом для исследования послужила ДНК, для которой был проведен анализ количества быстро мутирующих tandemных повторов Y-хромосомы, т.е. фрагментный анализ. Он был проведен для 17 локусов STR-маркеров Y-хромосомы, стандартно

используемых в подобных исследованиях. Изучение STR-маркеров Y-хромосомы является популярным инструментом в криминалистике, при выяснении отцовства и для анализа разнообразия гаплотипов внутри гаплогрупп. Также STR вариации помогают пролить свет на степень родства отдельных популяций и используются в популяционной генетике в качестве «молекулярных часов» для определения возраста отдельных гаплогрупп. Поскольку формирование донского казачества в историческом масштабе является достаточно недавним событием, использование быстро мутирующих STR маркеров Y-хромосомы идеально для его изучения.

Для того чтобы опровергнуть, либо подтвердить описанные выше гипотезы происхождения казаков, было проведено сравнение генофонда донских казаков с популяциями, которые по историческим данным имели или могли иметь отношение к их становлению. Помимо анализа полученных экспериментальных данных в созданной авторами программе Harlomatch, исследователи провели и стандартные виды анализа: расчет генетических расстояний и их последующее картографирование.

Программа Harlomatch – что она собой представляет и для чего нужна?

Коллектив ученых под руководством проф. РАН О.П. Балановского (ИОГен РАН, Медико-генетический научный центр) разработали компьютерную программу Harlomatch, позволяющую проводить поиск совпадающих STR-гаплотипов. Алгоритм определения степени сходства гаплотипов основан на оценке суммарного количества произошедших мутаций, разделяющих эти два гаплотипа. Программа Harlomatch может функционировать в двух режимах: сравнение индивидов и сравнение популяций. Для работы программы в неё необходимо загрузить два файла: базу данных, в которой будет проводиться поиск, и собственно анализируемый гаплотип или выборку гаплотипов. Гибкость программы (возможность использования не встроенной, а любой пользовательской базы данных), удобство использования (работа происходит с таблицами MS Excel) и возможность распространения на гаплотипы других хромосом и других биологических видов может сделать ее новым полезным инструментом в популяционно-генетических, криминалистических и генеалогических исследованиях. Программа Harlomatch размещена в свободном доступе на сайте www.genofond.ru. Её возможности превышают информативность единственного близкого по задачам ресурса www.yhrd.org.

Что удалось выяснить благодаря использованию Harlomatch?

Генофонд казаков Верхнего Дона по данным полиморфизма STR маркеров Y-хромосомы

Традиционный анализ генетических расстояний от казаков до окружающих народов показал, что они генетически сходны с населением южных областей России и Украины (Рис.1), тогда как степные тюркоязычные популяции демонстрируют умеренные отличия, а кавказские популяции – выраженные отличия от генофонда казаков. На рисунке величины генетических расстояний соответствуют цвету на шкале сверху. Чем темнее цвет, тем больше величина генетического расстояния от казаков до данной популяции (то есть тем больше генетических различий между ними). Полученная картина свидетельствует о близости генофонда донского казачества к генофонду восточных славян в целом.

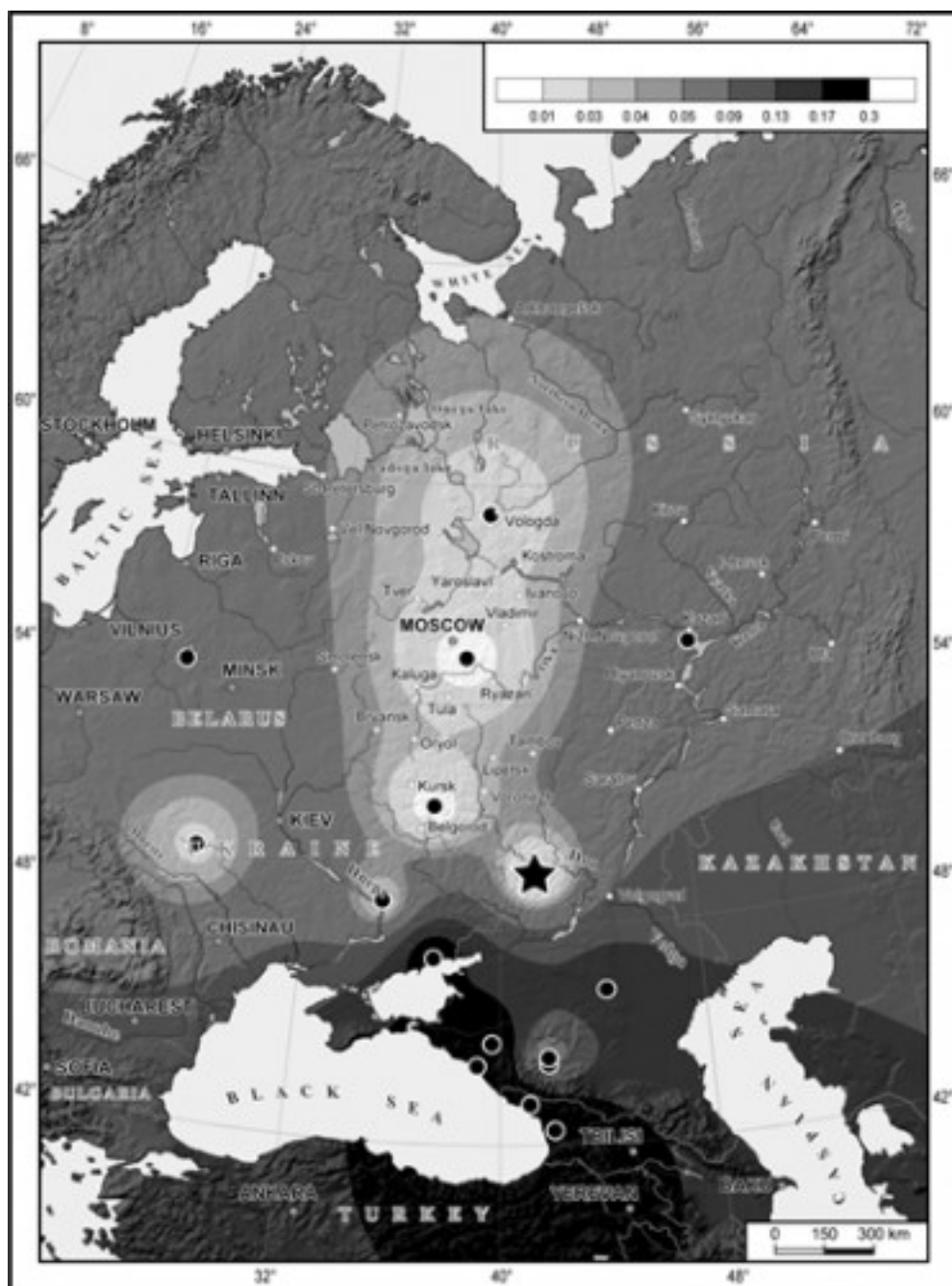


Рисунок 1. Карта генетических (RST) расстояний от донских казаков. Популяции, от которых рассчитаны RST расстояния, обозначены черными точками, локализация изученной популяции казаков показана на карте звездочкой. Величины генетических расстояний соответствуют цвету на шкале сверху. Чем темнее цвет, тем больше генетическое расстояние от казаков до данной популяции.

Анализ, проведенный в программе Nhapmatch, в целом подтверждает полученные традиционным методом результаты, но также несет и уточняющую информацию.

Наибольшая доля точных совпадений с гаплотипами казаков обнаружена в южнорусских популяциях (8%). Несколько меньше (отличие недостоверно) генетическое сходство донские казаки показывают с русскими Центральной России (показатель совпадений равен 6%). Полных совпадений гаплотипов казаков с северными русскими популяциями обнаружено гораздо меньше – это свидетельствует о том, что русское население удаленных от донских земель территорий слабо принимало участие в формировании казачества на Дону. Подобные результаты хорошо согласуются с историческими сведениями об истории заселения донских степей: наиболее мощный поток мигрантов шел из южных губерний России (современные Воронежская, Курская, Орловская, Белгородская области).

Также обнаружено небольшое генетическое влияние ногайцев, вероятно вызванное их вхождением в Войско Донское в составе «татарской прослойки». Все народы Кавказа оказались генетически далеки от верхнедонских казаков – за исключением черкесов, ни в одной из кавказских популяций вообще не обнаружено полных совпадений гаплотипов с

казачьими. Ненулевое (1%) сходство с черкесами может быть сформировано и общим потоком генов между Восточной Европой и Кавказом, не обязательно связанным с прямыми миграциями между сравниваемыми популяциями.

Таким образом, полученные данные подтверждают гипотезу происхождения казаков преимущественно за счет русских и украинских выходцев.

Генофонд казачества по полногеномным данным

Помимо представленных в статье данных коллектив авторов располагает неопубликованными результатами по целому ряду казачьих популяций, генотипированных по широкогеномным аутосомным панелям (то есть в масштабе всего генома). По результатам этого исследования только готовится публикация, но уже можно сказать, что полногеномные данные подтверждают результаты, полученные по маркерам Y-хромосомы. Миграционный поток в казаки шел преимущественно из южных и центральных областей России и Украины – именно эти мигранты и создали современный генофонд донских казаков.

Источник:

Чухряева М.И., Иванов И.О., Фролова С.А., Кошель С.М., Утевская О.М., Агджоян А.Т., Богунов Ю.В., Балановская Е.В., Балановский О.П. Программа NAPLOMATCH для сравнения STR-гаплотипов Y-хромосомы и её применение к вопросу происхождения донских казаков // Генетика, 2016, Т. 52, №5, с. 595–604.