

ТАТАРЫ ЕВРАЗИИ: СВОЕОБРАЗИЕ ГЕНОФОНДОВ КРЫМСКИХ, ПОВОЛЖСКИХ И СИБИРСКИХ ТАТАР

Е.В. Балановская¹, А.Т. Агджоян^{1,2}, М.К. Жабагин³, Ю.М. Юсупов⁴, Р.А. Схаляхо^{1,2},
Д.О. Долинина⁵, А.Д. Падюкова⁵, М.А. Кузнецова¹, Н.В. Маркина², Л.А. Атраментова⁶,
М.Б. Лавряшина⁵, О.П. Балановский^{1,2}

¹ФГБНУ «Медико-генетический научный центр», Москва, Россия

²ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

³National Laboratory Astana, Назарбаев Университет, Астана, Казахстан

⁴ГАНУ «Институт стратегических исследований Республики Башкортостан», Уфа, Россия

⁵ФГБОУ ВПО «Кемеровский государственный университет», Кемерово, Россия

⁶Харьковский национальный университет им. В.Н. Каразина, Харьков, Украина

Изучены генофонды популяций с этнонимом «татары» трех регионов Евразии: крымские, поволжские и сибирские. Около 1000 представителей этих народов исследованы с помощью наиболее информативного инструмента популяционной генетики – анализа 50 SNP-маркеров Y-хромосомы. Этнотерриториальные группы татар оказались генетически разнообразны, общий для них предковый генетический компонент не найден. В генофонде крымских татар преобладает вклад переднеазиатского и средиземноморского населения (популяции Малой Азии и Балкан), а вклад населения степной полосы Евразии (прикаспийских степей) значительно меньше. В генофонде поволжских татар преобладают генетические варианты, характерные для Приуралья и Северной Европы, и реже встречаются переднеазиатские и центральноазиатские линии. Популяции сибирских татар (тоболо-иртышские) чрезвычайно разнообразны: одни включают значительный сибирский генетический компонент, в других преобладают генетические линии из юго-западных регионов Евразии. Таким образом, генофонды всех этнотерриториальных групп татар сложились на основе местного населения с генетическим вкладом различных потоков миграций из других регионов: общность происхождения их генофондов отсутствует.

Ключевые слова: этногенез, генофонд, геногеография, Y-хромосома, гаплогруппа, крымские татары, поволжские татары, сибирские татары

Введение

В богатом этническом разнообразии России всегда обращают на себя внимание народы с этнонимом «татары», дискретно расселенные на обширном пространстве. Расстояние между наиболее западными литовскими и наиболее восточными сибирскими татарами насчитывает более 2,5 тыс. км, а между крымскими и казанскими татарами (с юга на север) более 1,5 тыс. км. Все группы татар Евразии объединяет принадлежность их языков к тюркской лингвистической ветви, а также вероисповедание ислама (за исключением одной из групп татар Поволжья – православных кряшен).

Что касается этнонима «татары», то он является экзонимом с причудливой судьбой. Предполагается, что он имеет китайское происхождение: китайцы называли «да-да» или «та-та» одно из

племен, жившее на границе современных Монголии и Китая (около озера Буир-Нуур). Это племя, говорившее на одном из монгольских или тюркских языков, было почти целиком уничтожено Чингисханом. Однако причуда истории перенесла имя исчезнувшего племени на всех монголов и тюрков-кочевников, входивших в состав монгольских войск. Возможно, это связано с ассоциацией у европейцев с древнегреческим *Tártaros* (Тартар, ад), отчего этот термин в Европе обозначал вообще всех восточных варваров. На большинстве европейских карт все земли, подвластные Золотой Орде, включая Русь, назывались Тартарией или Татарией. Затем этноним татары остался за всеми тюрками Восточной Европы, Кавказа, Урала, Западной и Средней Сибири. В русских летописях татарами назывались все мусульманские народы [Судьин, 2015]. Даже у казанских татар

этот этноним имеет недавнюю историю: поволжские турки после некоторых споров лишь накануне революции 1917 г. приняли название «татары» [Бартольд, 1968].

Согласно одной из популярных гипотез происхождения татар, все современные этнические и этнотерриториальные группы с таким этнонимом являются осколками некогда единой средневековой общности, а Золотая орда является первоначальным государством всех татар [Хакимов, 1999]. Согласно другой версии (булгаро-татарской) формирование разных групп татар Евразии происходило на основе местного населения с заимствованием тюркского языка и культурных особенностей [Татары, 2001]. Существует и версия происхождения всех групп татар от восточномонгольского племени «татар» [Судьин, 2015; Татары, 2001]. Одним из актуальных подходов для решения проблемы происхождения татар могут стать исследования их генофондов.

Современная популяционная генетика уже стала признанным историческим источником при решении фундаментальных проблем миграций народов и их этногенеза. Особая роль геногеографии связана с тем, что она позволяет отделить миграции населения от миграций культур и языковых заимствований. Генетическое разнообразие популяций изучается в мировой науке интенсивно, но неравномерно: одним из белых пятен является генофонд татар. Их генетическая история оставалась за рамками научных исследований из-за исключительного многообразия этнографических групп татар (от Западной Сибири до Крыма): в этнологии их характеризуют как многоуровневую полисистемную общность. Татары, впитавшие в себя дотюркское население на обширных пространствах Евразии, представляют сложную проблему и для антропологии, являя широкую палитру переходов от типично европеоидных до монголоидных антропологических типов.

Литературный обзор

Генетические исследования всего спектра этнотерриториальных групп татар Евразии до сих пор не проводились. В научной литературе с разной степенью полноты и подробности представлены данные о генофондах отдельных популяций татар, при этом основное внимание уделялось татарам Поволжья.

Данные о полиморфизме Y-хромосомы крымских татар представлены лишь в одной из давних работ о генофондах народов Евразии [Wells et al.,

2001]: изучены 22 образца крымских татар, собранных в Узбекистане, а также 38 образцов казанских татар. Однако из этой работы можно получить лишь общее представление о частотах самых крупных гаплогрупп, известных в то время. Учитывая давность исследования, панель SNP маркеров не сопоставима с современной, способной дифференцировать не только регионы, но и отдельные популяции. Единственное исследование генофонда крымских татар с учетом их субэтнической структуры было проведено в последние несколько лет усилиями нашего коллектива, включающего сотрудников Медико-генетического научного центра, Института общей генетики им. Н.И. Вавилова, Харьковского национального университета имени В.Н. Каразина, ГБУЗ РК «Консультативно-диагностический центр по обслуживанию депортированных народов» [Agdzhoian et al., 2014; Agdzhoian et al., 2015].

Генофонд татар Поволжья изучен в ряде научных публикаций. В работе 2002 г. [Bermisheva et al., 2002] среди девяти этнических групп Волго-Уральского региона изучены по митохондриальной ДНК (мтДНК) и татары из Альметьевского и Елабужского районов Татарстана (N=228): в их генофонде фиксируется преобладание западно-евразийских гаплогрупп мтДНК (**H, U, T, J, W, I, R, N1**). В работе того же года другого коллектива [Орехов, 2002] проведено сравнение по мтДНК татар (80 человек из двух районов) с русскими и марийцами. В выводах подчеркивается, что доминирующим является европеоидный компонент в генофондах всех трех изучаемых этносов. В 2004 г. [Tambets et al., 2004] была изучена выборка татар (N=126) и других народов Волго-Уральского региона (марийцы, мордва, коми, удмурты, чуваша) уже по двум системам генетических маркеров – Y-хромосомы и мтДНК. Однако в связи с нацеленностью статьи на выяснение происхождения генофонда саамов, панель SNP маркеров Y-хромосомы была представлена только семью гаплогруппами (низкий уровень филогенетического разрешения), также мала была и панель маркеров мтДНК – пять встреченных у саамов гаплогрупп (**V, U5b1b1, H1, D5, Z**). В работах 2010 г. по филогеографии гаплогрупп Y-хромосомы **R1b** [Myres et al., 2010] и **R1a** [Underhill et al., 2010] представлены данные о двух группах татар из Казани и Башкортостана (суммарная выборка 119 человек). При анализе мтДНК казанских татар (N=71) и мишарей (N=126) сделан вывод, что митохондриальный генофонд поволжских татар включает и преобладающий западно-евразийский (84%), и восточно-евразийский компонент (16%) [Malyarchuk et al., 2010]. Изучение мтДНК казанских татар Азнакаевского и Буинского

районов Татарстана в контексте окружающих народов выявило сходство их генофонда с географически близкими народами [Денисова с соавт., 2011]. Так, татары восточных районов Татарстана генетически близки к своим географическим соседям – башкирам, а татары западных районов Татарстана – к чувашам, с которыми они территориально граничат.

Во множестве работ, посвященных изучению генетических основ заболеваемости в популяциях татар, встречается информация и о структуре генофондов. Например, в работе исследователей из Татарстана [Кравцова с соавт., 2011; Кравцова, Газимзянов, 2011], изучены 280 казанских татар и мишарей (все тех же Азнакаевского и Буинского районов) по 12 аутосомным STR локусам, входящих в международную систему идентификации личности, по 11 STR-маркерам Y-хромосомы и по ПДФ-маркерам гаплогрупп мтДНК. По данным филогенетического анализа аутосомных STR маркеров выявлен особый кластер обеих групп татар, отличающийся от кластеров европеоидных групп, что объясняется авторами наличием в генофонде татар монголоидной примеси. По данным о 11 STR-маркерах Y-хромосомы в популяциях татар отмечается превалирование европеоидного компонента, а монголоидный компонент составляет не более 30%. При этом гаплогруппа N рассматривается как свидетельство монголоидного компонента (хотя эта гаплогруппа имеет много более сложный ареал распространения, охватывая весь север Евразии – от финнов до якутов), как и гаплогруппа Q, которую авторы обнаружили в популяции татар-мишарей. По данным о полиморфизме маркеров мтДНК также основной вывод сводится к преобладанию европеоидного компонента (77% для казанских татар и 81% для татар-мишарей). Однако, как мы видим, такие работы не проливают свет на изучение фундаментальных проблем происхождения и соотношения генофондов татар, поскольку исследование проводится на низком уровне филогенетического разрешения и только в терминах «европеоидности – монголоидности» (в генетических терминах – западно-евразийского и восточно-евразийского компонентов), не позволяющих в полной мере реконструировать этногенез даже поволжских татар, а тем более этногенетические пути формирования многоликой и сложносоставной системы популяций с этнонимом «татары».

О структуре генофондов сибирских татар в научной литературе отсутствуют систематизированные сведения – осуществлены лишь разрозненные исследования. Полиморфизм мтДНК изучен в ряде популяций тоболо-иртышских сибирских татар [Наумова с соавт., 2008] и сделаны выводы, что

основным в их генофонде является угорский генетический компонент, отмечается выраженный вклад тюркских (кыпчакских) компонентов и менее весомый вклад самодийских и монгольских племен и народов. Зафиксированы наименьшие генетические расстояния по мтДНК от сибирских татар до башкир, манси, казахов, туркмен и хантов [Наумова с соавт., 2008]. Маркеры Y-хромосомы исследованы в небольшой выборке сибирских татар томской группы [Харьков, Степанов, 2012] и выявлена их генетическая близость к тюркам Южной Сибири (северные и южные алтайцы, телеуты, хакасы, шорцы, тувинцы). Авторами отмечается значительная доля западно-евразийских линий, маркирующих европеоидный компонент в составе томских сибирских татар. Для этой же группы есть данные о генотипировании аутосомных ДНК-маркеров [Vorinskaya et al., 2009].

Как следует из обзора публикаций, до сих пор в мировой литературе нет работ, описывающих генофонд популяционной системы татар Евразии. В каждой публикации изучаются те или иные субэтнические группы по разным, зачастую несопоставимым, панелям генетических маркеров. Такой подход не позволяет получить общее и целостное представление о путях этногенеза разных групп татар, провести поиск их общих генетических корней и не решает проблему выявления их места в системе народов Евразии.

В данной работе по единой технологии изучены генофонды трех крупных региональных объединений народов с этнонимом «татар» (995 образцов ДНК). Ранее мы исследовали внутреннюю, субэтническую структуру каждой из трех групп татар – Крыма, Поволжья и Западной Сибири [Агджоян с соавт., 2014; Агджоян с соавт., 2015а; Агджоян с соавт., 2015б]. Данное исследование, напротив, посвящено анализу генофондов татар Евразии на макроуровне, поэтому внимание фокусировано на сравнении их региональных объединений. Нами проведено сравнение генетических портретов крымских, поволжских и сибирских татар как друг с другом, так и с широким кругом окружающих их народов Северной Евразии. Такой подход исследования «широкими мазками» позволил рассмотреть гипотезу об общем для всех татар Евразии предковом компоненте и ответить на вопрос: обладают ли все татары единым по происхождению генофондом или же разные группы татар сформировались разными путями.

Цель исследования – создание генетических портретов крымских, поволжских и сибирских татар, оценка степени их сходства как друг с другом, так и с генофондами предполагаемых источников миграций и субстратов; рассмотрение гипотез этногенеза татар в свете данных геногеографии.

Таблица 1. Региональные выборки татар

Этнотерриториальное объединение	Этнические и субэтнические группы	Объем выборки
Крымские татары	Степная, горная и южнобережная	297
Поволжские татары	Казанские, мишари, кряшены	310
Сибирские татары (тоболо-иртышские)	Искеро-тобольская, татары-бухарцы, иштякско-тогузская, ялуторовская, ясколбинская	388
3 региона	11 групп	995 образцов ДНК

Материалы и методы

Обследование генофондов крымских, поволжских и сибирских татар проводилось с 2006 по 2014 г. в ходе комплексных экспедиций Медико-генетического научного центра, Института общей генетики, Харьковского национального университета имени В.Н. Каразина, Кемеровского государственного университета и Тобольского пединститута по единой технологии под руководством Е.В. Балановской. Структура и численности региональных выборок татар (3 региона; 11 групп; суммарный объем выборки N=995) приведены в табл. 1.

Сбор генеалогической информации и биологических образцов (венозная кровь) проведен на добровольной основе с письменного информированного согласия обследуемого и под контролем Этической комиссии Медико-генетического научного центра. Участниками исследования были только неродственные между собой мужчины, все предки которых на протяжении не менее трех поколений относили себя к данной этнотерриториальной группе татар и родились в ареале этой группы.

Для сравнения генофондов крымских, поволжских и сибирских татар с другими популяциями Северной Евразии по маркерам Y-хромосомы привлечена информация из базы данных «Y-base», разработанной под руководством О.П. Балановского [Инфосистема «Разнообразие Y хромосомы...»].

Геномная ДНК выделялась из венозной крови фенол-хлороформной экстракцией с использованием протеиназы К. Генотипирование 50 SNP маркеров Y-хромосомы проведено методом ПЦР в реальном времени с применением TaqMan зондов. Перечень использованных SNP маркеров и определяемые ими гаплогруппы Y-хромосомы приведены в подписи к рисунку 1.

Генетические расстояния [Nei, 1975] рассчитаны в программе DJgenetic [Balanovsky et al., 2008]. Визуализация генетических расстояний проведена методом многомерного шкалирования в программе «Statistica 7.0».

Результаты

Генетические портреты крымских, поволжских и сибирских татар (рис. 1) выявили значительное разнообразие генофонда татар каждого региона, отсутствие какой-либо доминирующей линии Y-хромосомы и существенные различия между всеми тремя генетическими портретами.

Крымские татары. Характерной чертой генофонда крымских татар является высокая доля (около половины) южных (**E1b1b1-M35; G1-M285; G2a-P15; I2a-P37.2; J1-M267; J2-M172**) и небольшая доля восточных (**C3-M217, O3-M122; Q-M242**) по своему происхождению и современному распространению гаплогрупп Y-хромосомы. Остальная часть разнообразия распределена между палеоазиатской гаплогруппой **R1a-M198** и родственной ей **R1b-M343** (их суммарная доля менее 30% генофонда) и несколькими минорными вариантами. Таким образом, генетический портрет крымских татар задан преобладающим вкладом средиземноморских и переднеазиатских линий с небольшой (около 10%) долей восточных (в основном, центральноазиатских) гаплогрупп Y-хромосомы.

Поволжские татары. Генофонд поволжских татар отличается несколько меньшим разнообразием Y-хромосомных линий, чем у крымских и сибирских татар. Но основная их особенность в другом. Две гаплогруппы (**R1a-M198** и **N1c-LLY22g**) составляют суммарно около половины генофонда (49%). Ареал гаплогруппы **R1a-M198** охватывает практически всю западную половину Евразийского материка, хотя максимальные её частоты характерны для популяций Восточной Европы. Обширен ареал и у второй по частоте встречаемости у поволжских татар гаплогруппы **N1c-LLY22g**, которая тянется широким поясом от Прибалтики на западе до Чукотки на востоке, от приполярной тундры на севере до степей Евразии на юге. Сочетание гаплогрупп **N1c-LLY22g** и **I1-M253** характерно не только для поволжских татар. Оно является типичным для многих популяций Волго-Уральского

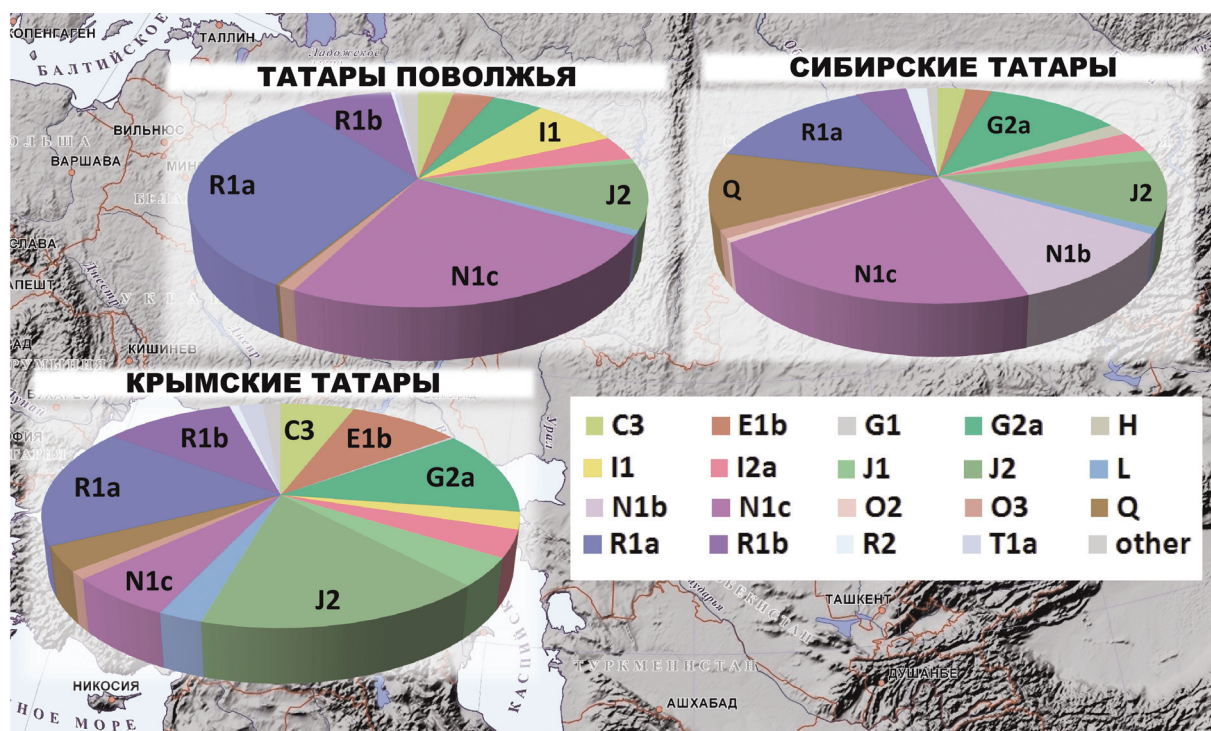


Рис. 1. «Генетические портреты» татар трех регионов Евразии по спектру гаплогрупп Y-хромосомы

Примечания. Изучены следующие гаплогруппы (после дефиса указан генетический маркер гаплогруппы): C3-M217; E1b1b1-M35; G1-M285; G2a-P15; H-M69; I1-M253; I2a-P37.2; J1-M267; J2-M172; L-M20; N1b-P43; N1c-LLY22g; O2-P31; O3-M122; Q-M242; R1a-M198; R1b-M343; R2-M124; T1a-M70

региона и Восточно-Европейской равнины. Значительно меньшую долю генофонда поволжских (23%) татар охватывает комплекс средиземноморских и переднеазиатских гаплогрупп (**E1b1b1-M35; G2a-P15; I2a-P37.2; J2-M172**). А доля восточных (**C3-M217; O3-M122; Q-M242**) гаплогрупп Y-хромосомы составляет самый малый фрагмент их генофонда – менее 5%. Таким образом, генетический портрет поволжских татар определяется высоким вкладом гаплогрупп, наиболее частых в Восточной Европе и Приуралье, заметно меньшей долей южных вариантов и очень слабым восточно-евразийским следом.

Сибирские татары. В генофонде сибирских татар наиболее частыми гаплогруппами оказались **G2a-P15; N1c-LLY22g; R1a-M198** и **N1b-P43** и **Q-M242**. Доля типичных сибирских гаплогрупп **N1b-P43** и **Q-M242** составляет около четверти генофонда сибирских татар. Более трети их генофонда приходится на долю паневразийских гаплогрупп **N1c-LLY22g** и **R1a-M198**. Комплекс средиземноморских и переднеазиатских гаплогрупп (**E1b1b1-M35; G2a-P15; I2a-P37.2; J1-M267; J2-M172**) охватывает более четверти генофонда, а доля центральноазиатских гаплогрупп (**C3-M217; O2-P31; O3-M122**) составляет около 5%. Таким образом, основные составляющие генофонда сибирских татар связа-

ны с Сибирью и северной полосой Евразии. Юго-западный генетический след характерен только для отдельных субэтнотетосов сибирских татар – ялutorовских и бухарцев.

Положение татар в генетическом пространстве Евразии. На графике многомерного шкалирования (рис. 2) популяции Северной Евразии сформировали пять кластеров преимущественно в большинстве сопоставимые с их региональным положением. В «средиземноморский» кластер объединились греки, турки и азербайджанцы (которые из всего круга популяций графика оказались наиболее генетически близки к туркам, $d=0,10$). «Северокавказский» кластер включил абхазов, балкарцев, кабардинцев, карачаевцев и черкесов. Он подразделен на два субкластера в соответствии с лингвистикой, а не географией: субкластер абхазо-адыгских народов и субкластер тюрков Кавказа, который генетически близок к тюркам «урало-каспийского» кластера. В этот «урало-каспийский» кластер вошли башкиры, караногайцы, кубанские ногайцы и поволжские татары. «Центральноазиатский» кластер объединил генофонды казахов, каракалпаков, киргизов и монголов. «Сибирский» кластер включил хакасов и северных алтайцев. Генофонды шорцев и южных алтайцев расположились между сибирским

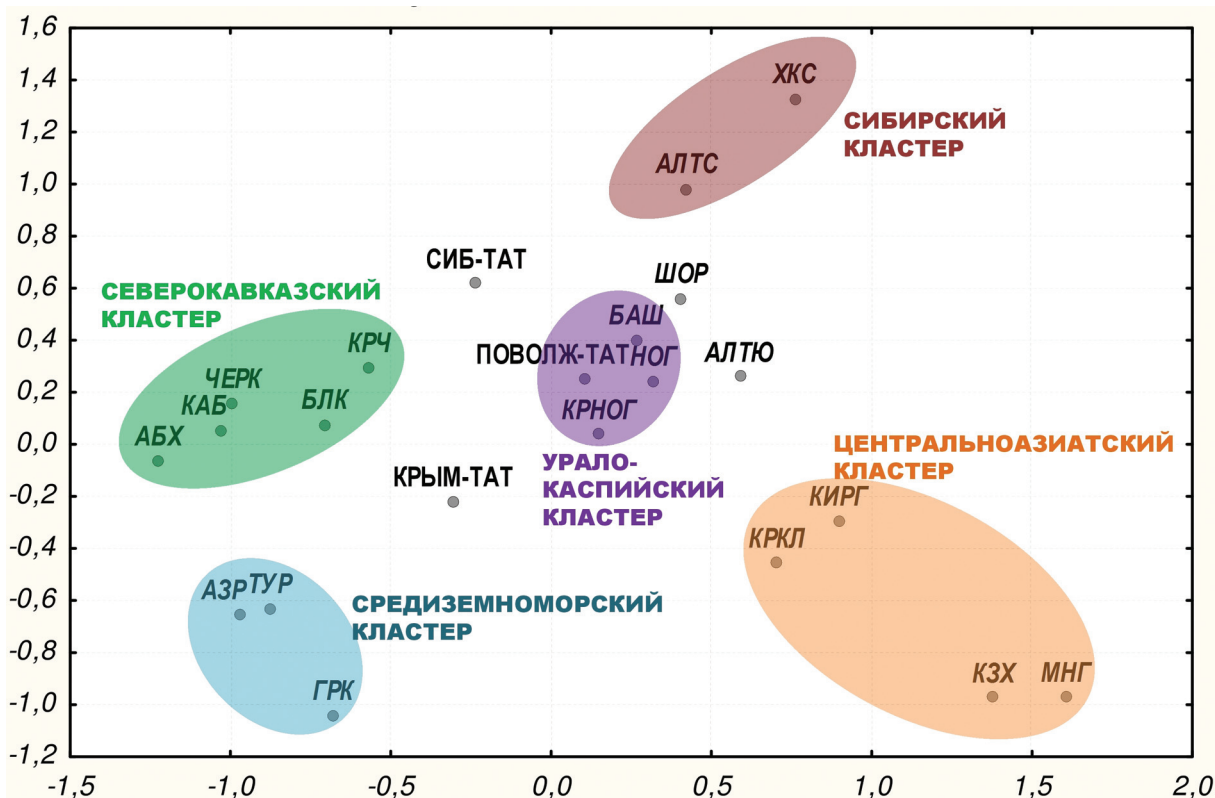


Рис. 2. Генофонды крымских, поволжских и сибирских татар в контексте Северной Евразии

Примечания. График многомерного шкалирования построен по частотам 20 гаплогрупп Y-хромосомы в 22 популяциях Северной Евразии. Величина стресса – 0,12, алиенации – 0,14. Обозначения популяций на графике: КРЫМ-ТАТ – крымские татары, ПОВОЛЖ-ТАТ – поволжские татары, СИБ-ТАТ – сибирские татары, АБХ – абхазы, АЗР – азербайджанцы, АЛТС – алтайцы северные, АЛТЮ – алтайцы южные, БАШ – башкиры, БЛК – балкарцы, ГРК – греки, КАБ – кабардинцы, КЗХ – казахи, КИРГ – киргизы, КРКЛ – каракалпаки, КРНОГ – караногайцы, КРЧ – карачаевцы, МНГ – монголы, НОГ – кубанские ногайцы, ТУР – турки, ХКС – хакасы, ЧЕРК – черкесы, ШОР – шорцы

и урало-каспийскими кластерами, при этом южные алтайцы недалеки и от центральноазиатских популяций.

Генофонды двух из трех региональных групп татар (крымских и сибирских) очень своеобразны даже в обширном контексте Евразии: они не вошли ни в один из кластеров.

Крымские татары расположились между тремя кластерами – средиземноморским, северокавказским и урало-каспийским. Это связано с контрастными компонентами в их генофонде: «южным» (средиземноморские и переднеазиатские по происхождению гаплогруппы, часть из которых достигает мирового максимума на Кавказе) и «восточным» (вклад гаплогрупп, характерных для народов степной полосы Евразии).

Сибирские татары также расположены между тремя кластерами – сибирским, урало-каспийским и северокавказским. Такое положение наиболее восточных татар в многомерном генетическом

пространстве связано с высокими долями гаплогрупп Y-хромосомы, характерных для трех столь контрастных регионов как Сибирь (**N1b-P43; Q-M242**) [Балаганская с соавт., 2011], Урало-Поволжье (**N1c-LLY22g, R1a-M198**) [Балановский, 2015] и Северный Кавказ (**G2a-P15, J2-M172**) [Теучеж с соавт., 2013; Схаляхо с соавт., 2013]. Однако такое промежуточное положение сибирских татар во многом связано с объединением генетически совершенно различных субэтнотипов в сборную группу сибирских татар. Так, искеро-тобольский субэтнотип сибирских татар генетически близок к генофонду Урало-Поволжья и северных берегов Каспийского моря, ялуторовский субэтнотип – к генофонду Средиземноморья и Крыма, татар-бухарцев – к генофонду Северного Кавказа, субэтнотип заболотных татар – к генофондам северных районов Урала и Зауралья, а иштякско-тогузский субэтнотип – к генофондам народов Южной, Западной и Средней Сибири [Агджоян с соавт., 2015a].

Кластеризация поволжских татар с башкирами (минимальное генетическое расстояние – $d=0,03$) и двумя популяциями ногайцев (генетическое расстояние до караногайцев – $d=0,12$, до кубанских ногайцев – $d=0,15$) связана со сходным соотношением в этих генофондах гаплогрупп Y-хромосомы, распространенных в Волго-Уральском регионе (**N1c-LLY22g**; **I1-M253**) и в северном Прикаспии (**C3-M217**) (табл. 2).

Обсуждение

Генофонды трех изученных региональных групп татар настолько различаются, что даже не вошли в единый кластер в масштабе генетических различий Северной Евразии (рис. 2). Такой результат свидетельствует об отсутствии предкового компонента, общего для татар Крыма, Поволжья и Западной Сибири и, как следствие, об отсутствии общности их происхождения от некогда единого «общетатарского» генофонда. Более того, все три изученные группы (и даже наиболее восточные сибирские татары) генетически очень далеки как от центральноазиатского кластера (средние расстояния от этого кластера до крымских татар –

$d=0,86$, до поволжских татар – $d=1,02$, до сибирских татар – $d=1,18$), так и от популяции монголов в частности (генетические расстояния еще больше: от монголов до крымских татар – $d=1,31$, до поволжских татар – $d=1,67$, до сибирских татар – $d=1,72$) (табл. 2). Такой результат не дает оснований для гипотез о происхождении генофонда всех татар ни от монголов, ни от центральноазиатских популяций в целом. Например, как можно видеть, генофонд поволжских татар в 55 раз ближе к генофонду башкир, чем монголов.

Высокое генетическое разнообразие каждой из трех групп татар отражается и в их пестрых «генетических портретах» (рис. 1), и в их положении на графике многомерного шкалирования популяций Северной Евразии (рис. 2). Это, в свою очередь, указывает на наличие в генофонде каждой группы татар нескольких генетических пластов, то есть на формирование каждого генофонда из нескольких источников.

Генофонд крымских татар выделяется вкладом двух контрастных генетических компонентов: «южного», принесенного в Крым из Восточного Средиземноморья предположительно в античные и средние века, и «восточного», появившегося на полуострове с кочевниками из степной полосы Евразии. До середины XX в. популяционная система крымских татар обладала четко выраженной структурой: подразделение на степной, горный и южнобережный субэтнотипы, которые удалось надежно реконструировать в нашем исследовании (табл. 1). При этом выявлено [Agdzhoyan et al., 2014; Agdzhoyan et al., 2015] неравномерное распределение основных компонентов в генофондах разных субэтнотипов крымских татар: максимальный вклад «восточного» компонента отмечен у самой северной степной группы, а у двух других (горной и южнобережной) доминирует «южный» генетический компонент.

Татары Поволжья – единственная из трех изученных групп, которая нашла родственный кластер в многомерном генетическом пространстве. Их генофонд отличается наибольшим вкладом гаплогрупп Y-хромосомы, характерных для Восточной Европы и Приуралья (предположительно, наследие финно-волжского и финно-пермского населения Волго-Уральского региона), меньшей долей «южного» компонента (возможно, результат миграционных связей с Кавказом) и крайне малым вкладом центральноазиатского генетического компонента. Разные этнотипы татар Поволжья (казанских татар, мишарей и кряшен) объединяет высокая (более 60%) доля наиболее частых гаплогрупп Y-хромосомы – **I1-M253**; **N1c-LLY22g**; **R1a-M198**, сочетание которых характерно для населения

Таблица 2. Генетические расстояния от каждой группы татар до окружающих популяций Северной Евразии

Группы	Крымские татары	Поволжские татары	Сибирские татары
Крымские татары	0	0,23	0,30
Поволжские татары	0,23	0	0,21
Сибирские татары	0,30	0,21	0
Абхазы	0,24	0,83	0,62
Азербайджанцы	0,27	0,71	0,81
Алтайцы северные	0,68	0,49	0,44
Алтайцы южные	0,47	0,21	0,61
Башкиры	0,36	0,03	0,29
Балкарцы	0,13	0,45	0,40
Греки	0,29	0,65	0,99
Кабардинцы	0,23	0,71	0,55
Казахи	1,09	1,39	1,39
Киргизы	0,61	0,51	0,99
Каракалпаки	0,44	0,51	0,63
Караногайцы	0,27	0,12	0,17
Карачаевцы	0,24	0,38	0,54
Монголы	1,31	1,67	1,72
Ногайцы кубанские	0,36	0,15	0,56
Турки	0,17	0,67	0,66
Хакасы	1,21	0,50	0,41
Черкесы	0,24	0,65	0,47
Шорцы	0,52	0,13	0,48

Урало-Поволжья и севера Восточной Европы [Балановский, 2015]. Преобладание этого компонента может указывать на сохранение в генофонде татар Поволжья наследия дотюркского автохтонного (или, во всяком случае, до золотоордынского) населения региона. Доля принесенного миграциями «южного» генетического компонента (суммарный вклад гаплогрупп **E1b1b1-M35**; **G2a-P15**; **I2a-P37.2**; **J1-M267**; **J2-M172**) у казанских татар составляет 15%, у мишарей – 23%, у кряшен – 29%. При этом в «южном» компоненте казанских татар преобладает гаплогруппа **I2a-P37.2** (распространенная в Восточной Европе и в Средиземноморье), у кряшен – гаплогруппы **G2a-P15** и **J2-M172** (переднеазиатские по происхождению, но первая доминирует в популяциях Западного, а вторая – Восточного Кавказа); у мишарей – гаплогруппы **E1b1b1-M35** (Средиземноморье, Южная Европа и Малая Азия) и «кавказско-переднеазиатская» **J2-M172**. Вклад третьего, наиболее тусклого у татар «центральноазиатского» генетического компонента, составляет всего лишь 1% у казанских татар, 3% – у мишарей и 6% – у кряшен (суммарная доля гаплогрупп **C3-M217**; **O2-P31**; **O3-M122**) [Агджоян с соавт., 2015б].

Сибирские татары характеризуются высоким генетическим разнообразием и очень значительной даже по «сибирским меркам» подразделенностью их генофонда. Вклад разных гаплогрупп Y хромосомы столь различно распределен между пятью изученными субэтнотипами сибирских татар, что можно говорить о разных путях формирования их генофондов и этногенеза. Так, генофонд искеро-тобольских татар сложился на основе местного сибирского субстрата и более позднего и мощного потока генов из Северо-Восточной Европы. Генофонд ялуторовских татар определяется переднеазиатским компонентом. Татары-бухарцы чрезвычайно близки к генофонду народонаселения Западного Кавказа (и далеки от генофонда Узбекистана). Иштыяско-токузские татары сохранили палеосибирское генетическое наследие, связывающее их с популяциями Южной, Западной и Восточной Сибири. Генофонд наиболее изолированных заболотных татар близок к генофондам угров Западной Сибири и самодийцев Северного Урала. Данные полного секвенирования Y-хромосомы выявили след очень слабых (2% генофонда) миграций из Центральной Азии, датируемых периодом около 900 лет назад [Агджоян с соавт., 2015а].

Таким образом, формирование каждой региональной группы татар (крымских, поволжских и сибирских) происходило на основе нескольких генетических источников (местных и принесенных

из других регионов) и, скорее, отражает страницы генетической истории отдельных регионов Северной Евразии, чем процесс сложения и распада транс-континентальной «общетатарской» популяции.

Заключение

Широкомасштабное изучение генофондов основных групп татар (по единой панели маркеров Y-хромосомы) не обнаружило генетических доказательств существования какой-либо «экстерриториальной» группы населения, которая, по некоторым гипотезам, могла бы определить общность происхождения крымских, поволжских и сибирских татар в средневековье. Версия их происхождения от средневекового восточномонгольского племени «татар» также не находит генетических подтверждений: генофонды всех изученных популяций очень далеки и от монголов, и от других популяций Центральной Азии.

Полученные нами результаты исследования генофондов татар Крыма, Поволжья и Западной Сибири отражают сложный процесс их формирования на основе нескольких источников. В генетической истории крымских татар обнаружено преобладающее участие носителей переднеазиатских и средиземноморских гаплогрупп Y-хромосомы (предположительно, генетический след миграций из популяций Малой Азии и Балкан) и меньший генетический вклад населения степной полосы Евразии (вероятнее, из прикаспийских степей). Генофонд поволжских татар характеризуется преобладанием генетических вариантов, характерных для Южного Урала и Восточной Европы, и минорным вкладом переднеазиатских и центрально-азиатских линий Y-хромосомы. Генофонды сибирских татар отличаются огромным разнообразием с высокой долей сибирского генетического компонента, генетическими линиями предположительно из Приуралья и юго-западных регионов Евразии. Это позволяет сделать вывод, что генофонды каждой из трех региональных групп татар сложились преимущественно на основе местного населения данного региона (Крыма, Поволжья или же Сибири) и что генетический вклад евразийских миграций имел не общий, а различные источники для каждой из региональных групп татар.

Благодарности

Авторы выражают благодарность главному врачу и сотрудникам ГБУЗ РК «Консультативно-диагностический центр по обслуживанию депор-

тированных народов» Л.А. Мустафаевой (г. Симферополь), доценту ФГБОУ ВПО «Тобольский государственный педагогический институт им. Д.И. Менделеева (филиал) ТюмГУ» З.А. Тычинских, доценту кафедры генетики ФГБОУ ВПО «Кемеровский государственный университет» М.В. Ульяновой.

Работа получила финансовую поддержку: Российского фонда фундаментальных исследований (№16-06-00364_a, №16-06-00303_a, №14-06-00272_a, №13-06-00670_a, №16-36-50051_мол-нр), Российского научного фонда (№14-14-00827) и Программно-целевого финансирования Министерства образования и науки Республики Казахстан №0114РК00492.

Библиография

Агджоян А.Т., Чухряева М.И., Дибирова Х.Д., Утевская О.М., Кушнеревич Е.И., Атраментова Л.А., Виллемс Р., Балановская Е.В., Балановский О.П. Генофонд народов Крыма по данным анализа Y-хромосомы, мтДНК и полногеномных панелей маркеров // VI Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров: Тез. докл. Ростов-на-Дону, 15-20 июня 2014. Ростов-на-Дону, 2014. С. 86.

Агджоян А.Т., Падюкова А.Д., Жабагин М., Тычинских З.А., Лавряшина М.Б., Кузнецова М.А., Схаляхо Р.А., Чухряева М.И., Балановская Е.В., Балановский О.П. Свообразие генофонда // История и культура татар Западной Сибири. Монография. Казань: Институт истории им. Ш. Марджани АН РТ, 2015. С. 30–36.

Агджоян А.Т., Схаляхо Р.А., Падюкова А.Д., Юсупов Ю.М., Балановский О.П., Балановская Е.В. От Сибири до Крыма: особенности генофонда татар Евразии (крымских, сибирских, казанских, кряшен, мишарей) // Международная полевая школа в Болгаре: Сборник материалов итоговой конференции. Казань, Болгар, 2015. С. 33–39.

Балаганская О.А., Лавряшина М.Б., Кузнецова М.А., Романов А.Г., Дибирова Х.Д., Фролова, С.А., Кузнецова А.А., Захарова Т.А., Баранова Е.Е., Теучеж И.Э., Ромашкина М.В., Сабитов Ж., Тажигулова И., Нимадава П., Балановская Е.В., Балановский О.П. Генетическая структура по маркерам Y-хромосомы народов Алтая (России, Казахстана, Монголии) // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2011. № 2. С. 25–39.

Балановский О.П. Генофонд Европы. М.: Товарищество научных изданий КМК, 2015. 338 с.

Денисова Г.А., Малярчук Б.А., Деренко М.В., Кравцова О.А. Популяционная структура поволжских татар по данным о разнообразии митохондриальной ДНК // Генетика, 2011. Т. 47. № 3. С. 387–393.

Инфосистема «Разнообразие Y хромосомы народов мира» (сост.: Балановский О.П., Пшеничнов А.С., Сычев Р.С., Евсеева И.В., Балановская Е.В.). 2011 год. Электронный ресурс. URL: <http://www.genofond.ru> (дата обращения

19.05.2016) и компьютерная сеть лаборатории популяционной генетики человека ФГБНУ «МГНЦ».

Кравцова О.А., Газимзянов И.Р., Миргалеев И.М. Генетический облик поволжских татар // Матер. II Междунар. науч. конф. «Политическая и социально-экономическая история Золотой Орды», посвящённой памяти М.А. Усманова. Казань, 29–30 марта 2011 г. Казань: ООО «Фолиант», Институт истории им. Ш. Марджани АН РТ, 2011. 376 с.

Кравцова О.А., Газимзянов И.Р. Генетический портрет поволжских татар: за гранью видимого, или что скрывает ДНК. Lambert Academic Publishing, 2011. 204 с.

Наумова О.Ю., Рычков С.Ю., Морозова И.Ю., Хаят С.Ш., Семиков А.В., Жукова О.В. Разнообразие митохондриальной ДНК у тоболо-иртышских сибирских татар // Генетика, 2008. Т. 44. С. 257–268.

Орехов В.А. Характеристика митотипов представителей трех этнических групп европейской части России. Дисс. ... канд. биол. наук. Москва, 2002. 103 с.

Судьин А.В. Республика Татарстан: этапы становления. М.: Центр стратегической конъюнктуры, 2015. 160 с.

Схаляхо Р.А., Почешхова Э.А., Теучеж И.Э., Дибирова Х.Д., Агджоян А.Т., Утевская О.М., Юсупов Ю.М., Дамба Л.Д., Исакова Ж.О., Кузнецова М.А., Фролова С.А., Коньков А.С., Балановская Е.В., Балановский О.П. Тюрки Кавказа: сравнительный анализ генофондов по данным о Y-хромосоме // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2013. № 2. С. 34–49.

Татары. Серия «Народы и культуры» / Отв. ред.: Р.К. Уразманова, С.В. Чешко. М.: Наука, 2001. 583 с.

Теучеж И.Э., Почешхова Э.А., Схаляхо Р.А., Дибирова Х.Д., Агджоян А.Т., Утевская О.М., Кузнецова М.А., Шанько А.В., Коньков А.С., Чиковани Н.Н., Богунов Ю.В., Епископосян Л.М., Балановская Е.В., Балановский О.П. Генофонды абхазо-адыгских народов, грузин и армян в евразийском контексте // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2013. № 2. С. 49–62.

Хаким Р. История татар и Татарстана: методологические и теоретические проблемы // ПАНОРАМА-ФОРУМ, 1999. № 19. Специальный выпуск.

Харьков В.Н., Степанов В.А. Эволюция и филогенетика линий Y-хромосомы в популяции Сибири // Сб. научн. трудов конф. «Генетика человека и патология. Проблемы эволюционной медицины» Томск, 15-17 октября 2014 г. Томск: Изд-во «Печатная мануфактура», 2014. С. 73–79.

Agdzhoyan A., Chukhryaeva M., Kuznetsova M., Skhalyakho R., Dibirova Kh., Yusupov Yu., Mustafaeva L., Atramentova L., Villems R., Balanovska E., Balanovsky O. The gene pool of indigenous Crimean populations: Mediterranean meets Eurasian Steppe. The 19th Congress of the European Anthropological Association «Anthropology: Unity in Diversity». 2014, Moscow, Russia // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2014. № 3. С. 112.

Agdzhoyan A., Lukianova E., Atramentova L., Balanovska E., Villems R., Balanovsky O. Between seas and steppes: the genetic legacy of ancient Greeks and medieval Mongols in population of Crimea peninsula // Abstracts of Papers European Human Genetics Conference (Glasgow, Scotland, United Kingdom, 2015, June 6–9). Glasgow, 2015. Vol. 23 (Suppl. 1). P. 471.

- Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A., Kivisild T., Churnosov M., Evseeva I., Pocheshkhova E., Boldyreva M., Yankovsky N., Balanovska E., Villems R.* Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context // *Am. J. Hum. Genet.*, 2008. N 82. P. 236–250.
- Bermisheva M.A., Khusnutdinova E.K., Tambets K., Villems R.* Diversity of Mitochondrial DNA Haplogroups in Ethnic Populations of the Volga–Ural Region // *Molecular Biology*, 2002. Vol. 36. N 6. P. 802–812.
- Borinskaya S., Kal'ina N., Marusin A., Faskhutdinova G., Morozova I., Kutuev I., Koshechkin V., Khusnutdinova E., Stepanov V., Puzyrev V., Yankovsky N., Rogaeв E.* Distribution of alcohol dehydrogenase ADH1B*47His allele in Eurasia // *Am. J. Hum. Genet.*, 2009. Vol. 84. P. 89–92.
- Malyarchuk B., Derenko M., Denisova G., Kravtsova O.* Mitogenomic diversity in Tatars from the Volga-Ural region of Russia // *Molecular Biology and Evolution*, 2010. Vol. 27. P. 2220–2226.
- Myres N.M., Rootsi S., Lin A.A., Järve M., King R.J., Kutuev I., Cabrera V.M., Khusnutdinova E.K., Pshenichnov A., Yunusbayev B., Balanovsky O., Balanovska E., Rudan P., Baldovic M., Herrera R.J., Chiaroni J., Cristofaro J.D., Villems R., Kivisild T. and Underhill P.A.* A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe // *European J. Hum. Genet.*, 2011. Vol. 19. N 1. P. 95–101.
- Nei M.* *Molecular evolutionary genetics.* Amsterdam, 1975. 278 p.
- Tambets K., Rootsi S., Kivisild T., Help H., Serk P., Loogvali E-L., Tolk H-V., Reidla M., Metspalu E., Pliss L., Balanovsky O., Pshenichnov A., Balanovska E., Gubina M., Zhadanov S., Osipova L., Damba L., Voevoda M., Kutuev I., Bermisheva M., Khusnutdinova E., Gusar V., Grechanina E., Parik J., Pennarun E, Chaventre A, Moisan J-P, Barac L, Pericic M, Rudan P., Terzic R., Mikarezi I., Krumina A., Baumanis V., Beckman L., Villems R.* The western and eastern roots of the extreme European genetic outliers – the origin of mtDNAs and Y-chromosomes of the Saami // *Am. J. Hum. Genet.*, 2004. Vol. 74. N 4. P. 661–682.
- Underhill P., Myres N., Rootsi S., Metspalu M., Zhivotovsky L., King R., Lin A., Chow C., Semino O., Battaglia V., Kutuev I., Jarve M., Chaubey G., Ayub Q., Mohyuddin A., Mehdi Q., Sengupta S., Rogaeв E., Khusnutdinova E., Pshenichnov A., Balanovsky O., Balanovska E., Jeran N., Augustin D., Baldovic M., Herrera R., Thangaraj K., Singh V., Singh L., Majumder P., Rudan P., Primorac D., Villems R., Kivisild T.* Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a // *European J. Hum. Genet.*, 2010. Vol. 18. N 4. P. 479–484.
- Wells R.S., Yuldasheva N., Ruzibakiev R., Underhill P.A., Evseeva I., Blue-Smith J., Jin L., Su B., Pitchappan R., Shannmugalakshmi S., Balakrishnan K., Read M., Pearson N.M., Zerjal T., Webster M.T., Zholoshvili I., Jamarjashvili E., Gambarov S., Nikbin B., Dostiev A., Aknazarov O., Zalloua P., Tsoy I., Kitaev M., Mirrakhimov M., Chariev A., Bodmer W.F.* The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity // *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 2001. Vol. 98. N 18. P. 10244–10249.

Контактная информация:

- Балановская Елена Владимировна:* e-mail: balanovska@mail.ru;
Агджоян Анастасия Торосовна: e-mail: aagdzhojan@gmail.com;
Жабагин Максат Кизатович: e-mail: mzhabagin@gmail.com;
Юсупов Юлдаш Мухамматович: e-mail: ufa1980@yandex.ru;
Схалыхо Роза Арамбиевна: e-mail: shalyaho.roza@yandex.ru;
Долинина Дарья Олеговна: e-mail: dolinina_1993@mail.ru;
Падюкова Асия Дамировна: e-mail: enikeeva.as@rambler.ru;
Кузнецова Марина Александровна: e-mail: kiry70@list.ru;
Маркина Надежда Вячеславовна:
e-mail: nadezda_markina@mail.ru;
Атраментова Любовь Алексеевна:
e-mail: atramentova@yandex.ua;
Лавряшина Мария Борисовна: e-mail: lmb2001@mail.ru;
Балановский Олег Павлович: e-mail: balanovsky@inbox.ru;

THE TATARS OF EURASIA: PECULIARITY OF CRIMEAN, VOLGA AND SIBERIAN TATAR GENE POOLS

E.V. Balanovska¹, A.T. Agdzhoyan^{1,2}, M.K. Zhabagin³, Yu.M. Yusupov⁴, R.A. Skhalyakho^{1,2}, D.O. Dolinina⁵, A.D. Padyukova⁵, M.A. Kuznetsova¹, N.V. Markina², L.A. Atramentova⁶, M.B. Lavryashina⁵, O.P. Balanovsky^{1,2}

¹*Research Centre for Medical Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

²*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

³*National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan*

⁴*Institute for Strategic Studies of the Republic of Bashkortostan, Social Cultural and Anthropology Center, Ufa, Russia*

⁵*The Federal State Budget Educational Institution of Higher Professional Education «Kemerovo State University», Kemerovo, Russia*

⁶*V.N. Karazin Kharkiv National University, Kharkiv, Ukraine*

We have studied the gene pools of populations with «Tatar» ethnonym in three regions of Eurasia – Tatars of Crimea, Tatars of Volga region and Tatars of Siberia. About 1000 individuals of these peoples were analyzed on 50 SNP markers of Y-chromosome, the most informative tool in population genetics. Ethnoterritorial groups of Tatars were found to be genetically different, we didn't find their common ancestry component. The Westasian and Mediterranean genetic components (population of Asia Minor and Balkans) predominate in the gene pool of Crimea Tatars, the Eurasian steppe component is much fewer. The genetic variants of Ural and North Europe predominate in the gene pool of Volga Tatars, the genetic components of Asia Minor and Central Asia are much fewer. The populations of Siberia Tatars are very variable. Some includes the prominent Siberian genetic component, other has predominated genetic lineages from southwest regions of Eurasia. Consequently the gene pools of all the Tatar ethnoterritorial groups were formed based on the indigenous population with genetic flow of migrations from other regions.

Keywords: *gene pool, Y-chromosome, haplogroup, Crimean, Volga and Siberian Tatars, ethnogenesis*