

## ГЕНОФОНД ЮГО-ЗАПАДНЫХ БАШКИР ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ: ОПЫТ МЕЖДИСЦИПЛИНАРНОГО АНАЛИЗА

© 2018 г. Ю. М. Юсупов<sup>1, \*</sup>, Е. В. Балановская<sup>2</sup>, М. К. Жабагин<sup>3</sup>,  
Р. Р. Асылгужин<sup>1</sup>, Г. Д. Султанова<sup>1</sup>, Ж. М. Сабитов<sup>4</sup>, Ю. В. Богунов<sup>2</sup>, Ж. А. Кагазежева<sup>2, 5</sup>,  
Н. В. Маркина<sup>5</sup>, А. Т. Агджоян<sup>2, 5</sup>, О. П. Балановский<sup>2, 5</sup>

<sup>1</sup>Институт стратегических исследований Республики Башкортостан, Уфа 450008 Россия

<sup>2</sup>Медико-генетический научный центр, Москва 115478 Россия

<sup>3</sup>Национальный центр биотехнологий, Астана 010000 Казахстан

<sup>4</sup>Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, Астана 010010 Россия

<sup>5</sup>Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва 119991 Россия

\*e-mail: ufa1980@yandex.ru

Поступила в редакцию

Междисциплинарное исследование связи родовой структуры и полиморфизма Y-хромосомы юго-западных башкир, проведенное по 64 SNP-маркерам, выявило в генофонде кланового объединения мин ( $N = 68$ ) 14Y-гаплогрупп. Наиболее частыми оказались субварианты “североевразийской” гаплогруппы N3a, охватившие треть генофонда минцев (34%). На втором по частоте месте – “паневразийские” гаплогруппы R1a и R1b (26%), распространенные у северной части минцев. “Центральноазиатская” гаплогруппа C2\* обнаружена с той же невысокой частотой (16%), что и “переднеазиатские” варианты гаплогрупп J, G, E. Впервые сделан вывод, что генофонд юго-западных башкир (минцев) сформировался на преобладающей основе коренного дотюркского населения региона. “Центральноазиатский” пласт генофонда минцев оказался минорным, но именно его носители могли играть структурообразующую роль в клановом объединении мин.

*Ключевые слова:* башкиры, генофонд, Уральский регион, коренные народы, родовая структура, кланы, Y-хромосома, SNP, междисциплинарный подход

DOI: 10.1134/S0016675818130222

Подход к сопряженному изучению родоплеменной структуры и полиморфизма Y-хромосомы, наследующихся по отцовской линии, прочно входит в арсенал междисциплинарных исследований. Основную роль в структуре юго-западных башкир играет родовое объединение мин, включающее множество кланов. К началу XX в. численность минцев достигла 76 тыс. человек, ареал их расселения охватывал долину р. Демы, нижнее течение р. Уфы, а также Татарстан, Самарскую и Саратовскую области [1]. Данные гуманитарных наук указывают на среднеазиатское происхождение минцев в ордынский и постордынский периоды с включениями кыпчакского и ногайского компонентов [2, 3]. Данные антропологии, напротив, отмечают сходство минцев с популяциями финно-угорских народов, а влияние Центральной Азии рассматривается как незначительное [4]. Анализ генофонда юго-западных башкир через призму их клановой системы привносит новые аргументы в решение междисциплинарного вопроса о роли автохтонного и мигрантного населения в их происхождении.

Сбор образцов венозной крови проведен в популяциях башкир Иглинского, Альшеевского, Давлекановского, Миякинского районов Республики Башкортостан с учетом клановой структуры и согласно принципам организации Биобанка народонаселения Северной Евразии [5]. Каждым участником обследования подписано информированное согласие под контролем Этической комиссии Медико-генетического научного центра. Суммарная выборка минцев ( $N = 68$ ) охватила шесть основных кланов: кобау ( $N = 8$ ), куль-мин ( $N = 18$ ), кырк-мин ( $N = 21$ ), меркит-мин ( $N = 3$ ), сарайлы-мин ( $N = 9$ ), чуби-мин ( $N = 9$ ). Все образцы генотипированы по единой панели 64 SNP-маркеров (M130, M217, M48, M174, M96, M35, M78, M123, M201, M285, P15, P18, M406, P303, M170, M253, P215, P37, M223, M304, M267, P58, M172, M47, M67, M92, M12, M317, M20, M214, LLY22g, M128, P43, M178, L708, B211, M2118, VL29, Z1936, F4205, B202, B479, M122, M242, M134, P31, M119, M242, M207, M198, M458, M343, P297, M73, M269, L23, L51, GG401, GG402, GG403, GG404, GG405, M124, M70) методом

**Таблица 1.** Частоты (%) гаплогрупп Y-хромосомы в генофонде юго-западных башкир (минцев)

| Гаплогруппы                | Мин    | Кобау | Куль   | Кырк   | Меркит | Сарайлы | Чуби  |
|----------------------------|--------|-------|--------|--------|--------|---------|-------|
|                            | N = 68 | N = 8 | N = 18 | N = 21 | N = 3  | N = 9   | N = 9 |
| Североевразийские          | 34     | 13    | 50     | 52     | 0      | 0       | 22    |
| N3a2-M2118                 | 1.5    | 12.5  | 0      | 0      | 0      | 0       | 0     |
| N3a4-Z1936                 | 29.4   | 0     | 39     | 52     | 0      | 0       | 22    |
| N3a5-F4205                 | 2.9    | 0     | 11     | 0      | 0      | 0       | 0     |
| Паневразийские             | 26     | 0     | 22     | 20     | 66     | 56      | 33    |
| R1a1a*-M198(xM458)         | 22.1   | 0     | 22     | 10     | 33     | 56      | 33    |
| R1b1a1a1-M73               | 1.5    | 0     | 0      | 0      | 33     | 0       | 0     |
| R1b1a1a2a1-L51             | 2.9    | 0     | 0      | 10     | 0      | 0       | 0     |
| Центральноазиатские        |        |       |        |        |        |         |       |
| C2*-M217(xM48)             | 16.2   | 0     | 28     | 10     | 0      | 0       | 44    |
| Переднеазиатские           | 16     | 88    | 0      | 15     | 33     | 0       | 0     |
| J1*-M267(xP58)             | 1.5    | 0     | 0      | 5      | 0      | 0       | 0     |
| J2*-M172(xM47, xM67, xM12) | 5.9    | 50    | 0      | 0      | 0      | 0       | 0     |
| G2a2b2a-P303               | 4.4    | 37.5  | 0      | 0      | 0      | 0       | 0     |
| E1b1b1a1-M78               | 4.4    | 0     | 0      | 10     | 33     | 0       | 0     |
| Западноевразийские         | 7      | 0     | 0      | 5      | 0      | 44      | 0     |
| I1-M253                    | 4.4    | 0     | 0      | 0      | 0      | 33      | 0     |
| I2a1-P37.2                 | 1.5    | 0     | 0      | 5      | 0      | 0       | 0     |
| I2a2a-M223                 | 1.5    | 0     | 0      | 0      | 0      | 11      | 0     |

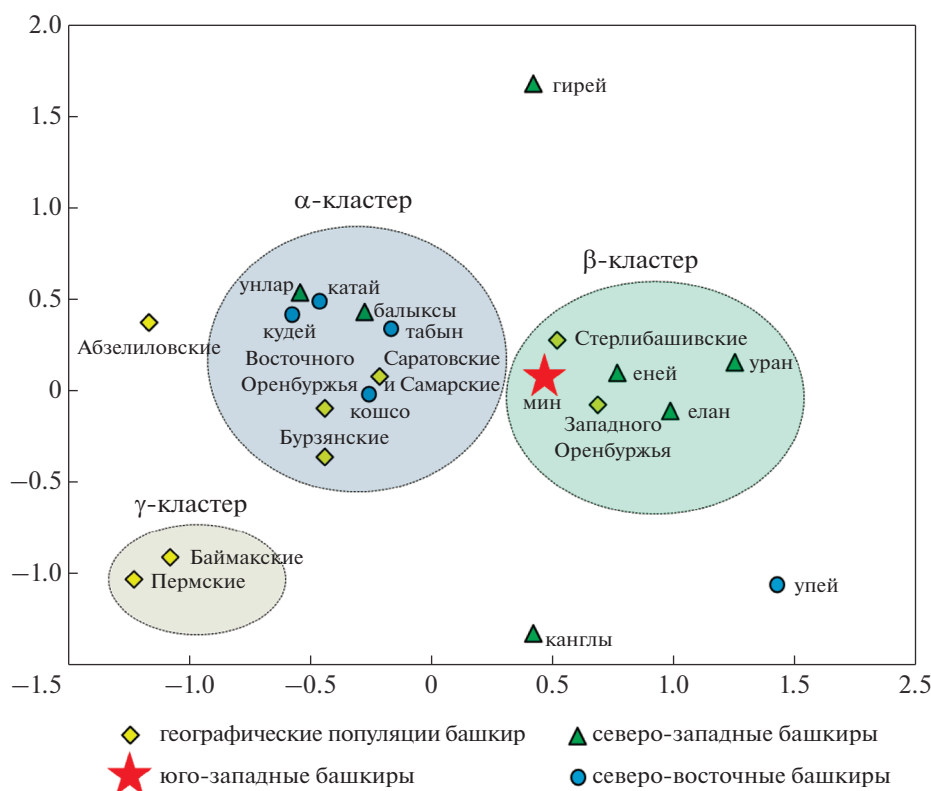
ПЦР в реальном времени на приборах StepOne-Plus и 7900HT (Applied Biosystems) с использованием технологии Taqman (Applied Biosystems). Номенклатура гаплогрупп (табл. 1) дана согласно ISOGG 2018 ([https://isogg.org/tree/ISOGG\\_YD-NATreeTrunk.html](https://isogg.org/tree/ISOGG_YD-NATreeTrunk.html)), а для субветвей гаплогруппы N3 – согласно [6]. Для сравнительного анализа привлечены материалы базы данных “Y-base” лаборатории популяционной генетики человека МГНЦ, разработанной под руководством О.П. Балановского, а также опубликованные данные о генофонде Волго-Уральского региона [7–9]. Генетические расстояния М. Нея рассчитаны с помощью программы DJgenetic ([www.genofond.ru](http://www.genofond.ru)) [10]. Визуализация данных проведена в программе Statistica 6.0 (StatSoft. Inc, 2001) методом многомерного шкалирования.

Из 14 выявленных у минцев гаплогрупп Y-хромосомы (табл. 1) наиболее частыми оказались субварианты “североевразийской” гаплогруппы N3a, охватившие треть генофонда минцев (34%). Причем преобладает субвариант N3a4-Z1936, который роднит их с северо-западными башкирами [9] и указывает на мощный пласт в генофонде минцев автохтонного компонента, восходящего к финно-угорскому миру Северной Евразии [11, 12]. На втором по частоте месте (26%) – варианты “паневразийских” гаплогрупп R1a и R1b, фикси-

руемые в большинстве изученных башкирских популяций [8, 9]. “Центральноазиатская” гаплогруппа C2\* обнаружена с очень невысокой частотой (16%). Ее субтипирование выявило генетическую близость минцев к племени шанышкылы, чьи предки относятся к монголам-нирунам [13, 14]. С такой же частотой (16%) встречены “переднеазиатские” варианты гаплогрупп J, G, E, возможно фиксирующие связь с регионами Кавказа. Наличие “паневразийских”, “центральноазиатских” и “переднеазиатских” гаплогрупп может отражать миграции кочевников на Южный Урал в XII–XV вв. Остальные 7% генофонда минцев составляют варианты “западноевразийской” гаплогруппы I.

По всей совокупности гаплогрупп Y-хромосомы минцы занимают центральное положение в генетическом пространстве башкирского генофонда (рис. 1). Основная часть башкир входит в “восточный”  $\alpha$ -кластер и “западный”  $\beta$ -кластер. Минцы вошли в  $\beta$ -кластер, но тяготеют и к  $\alpha$ -кластеру, возможно из-за некоторого влияния юго-восточных башкир и кочевых групп из южных территорий.

Совокупность полученных данных позволяет впервые сделать вывод, что генофонд юго-западных башкир (минцев) сформировался на преобладающей основе коренного дотюркского насе-



**Рис. 1.** Родовое объединение мин в генетическом пространстве башкирского генофонда. График многомерного шкалирования, построен на основе матриц генетических расстояний по частотам 14 гаплогрупп. Величина стресса – 0.15, алиенация – 0.17. Названия кланов даны курсивом с подчеркиванием.

ления Башкирского Предуралья. Генетический след пришлого населения орды невелик. Однако по данным гуманитарных наук можно предполагать, что именно носители гаплогруппы С2\* играли структурообразующую роль в клановом объединении минцев, сохранив и распространив историческую память о среднеазиатской прародине легендарных предков на другие кланы демской долины и близлежащих районов.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Асылгужин Р.Р. Расселение башкир родового объединения минг // История башкирских родов. Минг. Том 17. Ч. 1. Уфа: ИИЯЛ УНЦ РАН; Китап, 2016. С. 110.
2. Кузеев Р.Г. Происхождение башкирского народа. Этническая история и расселение. М.: Наука, 1974. С. 290.
3. Асылгужин Р.Р., Сабитов Ж.М., Хибатуллина Л.А., Юсупов Ю.М. Этническая история и расселение башкир племени Минг. Уфа: Идель Пресс, 2013. С. 16.
4. Антропология башкир / М.А. Бермишева, В.А. Иванов, Г.А. Киньябаева и др. СПб.: Алетейя, 2011. 496 с., ил.
5. Балановская Е.В., Жабагин М.К., Агджоян А.Т. и др. Популяционные биобанки: принципы организа-
- ции и перспективы применения в геногеографии и персонализированной медицине // Генетика. 2016. Т. 52. № 12. С. 1371–1387.
6. Ilumäe A.M., Reidla M., Chukhryaeva M. et al. Human Y chromosome haplogroup N: a non-trivial time-resolved phylogeography that cuts across language families // Am. J. Hum. Genet. 2016. V. 99. № 1. P. 163–173. doi 10.1016/j.ajhg.2016.05.025
7. Лобов А.С. Структура генофонда субпопуляций башкир. Автореф. ... канд. биол. наук. Уфа, 2009. 15 с.
8. Юсупов Ю.М., Схаляхо Р.А., Агджоян А.Т. и др. Родовые объединения северо-восточных башкир в свете данных геногеографии (по полиморфизму Y-хромосомы) // Вестн. АН Респ. Башкортостан. 2016. № 4. С. 16–25.
9. Балановская Е.В., Юсупов Ю.М., Схаляхо Р.А. и др. Генетические портреты семи кланов северо-западных башкир: генетический вклад финно-угорского компонента в генофонд башкир // Вестн. МГУ. Серия XXIII. Антропология. 2017. № 4. С. 94–103.
10. Nei M. Molecular Evolutionary Genetics. Amsterdam, 1975. 278 p.
11. Балановская Е.В., Агджоян А.Т., Схаляхо Р.А. и др. Генофонд новгородцев: между севером и югом // Генетика. 2017. Т. 53. № 11. С. 1338–1348.
12. Волков В.Г., Асылгужин Р.Р., Каримов А.А. и др. Происхождение и родственные связи башкирского рода Минг по данным генетических исследова-

ний // История башкирских родов. Минг. Т. 17. Ч. 1. Уфа: ИИЯЛ УНЦ РАН; Китап, 2016. С. 67–78.

13. *Сабитов Ж.М.* Казахская популяция с точки зрения исследований полиморфизма Y-хромосомы.

Приложение 1 // Труды евразийского общества генетической генеалогии: Генетическая история народов Евразии. Сборник статей. М.: Издательские решения, 2016. С. 205–246.

### **Y-Chromosome Gene Pool of Southwest Bashkirs: the Experience of Interdisciplinary Analysis**

**Y. M. Yusupov<sup>a, #</sup>, E. V. Balanovskaya<sup>b</sup>, M. K. Zhabagin<sup>c</sup>, R. R. Asilguzhin<sup>a</sup>,  
G. D. Sultanova<sup>a</sup>, Z. M. Sabitov<sup>d</sup>, Y. V. Bogunov<sup>b</sup>, Z. A. Kagazheseva<sup>b, e</sup>,  
N. V. Markina<sup>e</sup>, A. T. Agdzhoyan<sup>b, e</sup>, and O. P. Balanovsky<sup>e</sup>**

<sup>a</sup>*Institute of strategic research of the Republic of Bashkortostan, Ufa, 450008 Russia*

<sup>b</sup>*Research Centre for Medical Genetics, Moscow 115478 Russia*

<sup>c</sup>*National Center for Biotechnology, Astana 010000 Kazakhstan*

<sup>d</sup>*L.N.Gumilyov Eurasian National University, Astana, 010010 Kazakhstan*

<sup>e</sup>*Vavilov Institute of General Genetics, Russian academy of science Moscow 119991 Russia*

<sup>#</sup>*e-mail: ufa1980@yandex.ru*

Interdisciplinary study of the relationship between the clan structure and the Y chromosome polymorphism of southwestern Bashkirs, conducted on 64 SNP markers, revealed 16 Y-haplogroups in the gene pool of the clan association Ming ( $N = 68$ ). The most frequent were the subvariants of the “North Eurasian” haplogroup N3a that covered one-third of the gene pool of the Mings (34%). At the second most frequent place – the “Pan-Eurasian” haplogroups R1a and R1b (26%), common among the northern part of Mings. The “Central Asian” haplogroup C2\* was detected with the same low frequency (16%) as the “West Asian” variants of haplogroups J, G, E. It was concluded for the first time that the gene pool of southwestern Bashkirs (Mings) was formed on the predominant basis of the indigenous pre-Türkic population of the region. The “Central Asian” layer of the gene pool of the Mings turned out to be minor, but it was its bearers who could play a structure-forming role in the clan association Ming, preserving the historical memory of the Central Asian homeland of the legendary ancestors.

Keywords: Bashkirs, gene pool, Ural region, indigenous peoples, clan structure, clans, Y-chromosome, SNP, interdisciplinary approach.