Пять генофондов пяти субэтносов сибирских татар

Изучение Y-хромосомных генофондов сибирских татар выявило генетическое своеобразие каждого из пяти субэтносов. По степени различий между пятью популяциями сибирские татары лидируют среди изученных коллективом народов Сибири и Центральной Азии. Результаты позволяют говорить о разных путях происхождения генофондов сибирских татар (по данным об отцовских линиях): в каждом субэтносе проявляется свой субстрат (вклад древнего населения) и свой суперстрат (влияние последующих миграций). Не подтверждаются две возможные версии происхождения генофонда сибирских татар: ни версия «общетатарского мира» (исходного генетического единства популяций всех народов с этнонимом «татары»), ни «монгольская» гипотеза (исходный генетический пласт, полученный из Монголии).

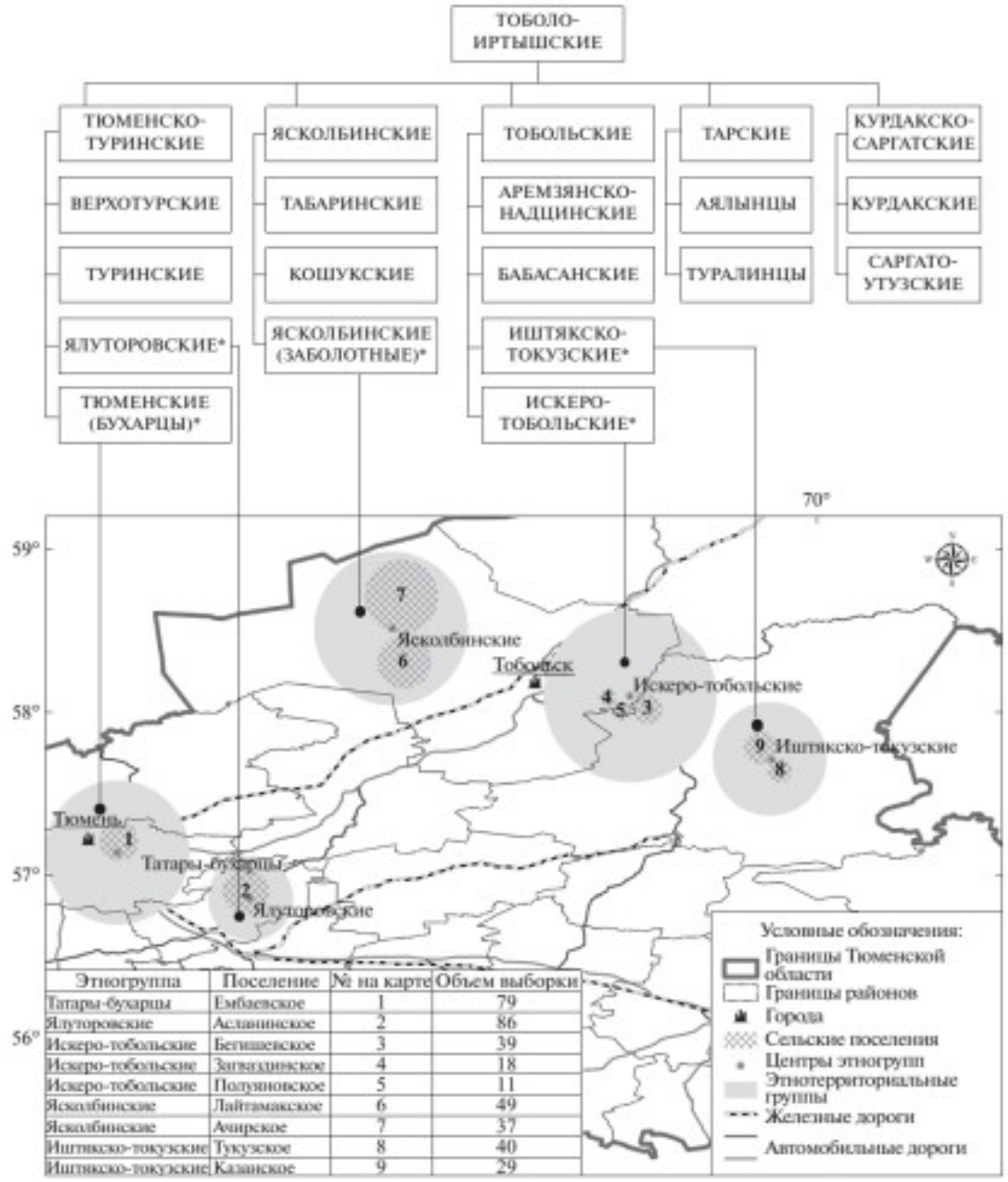
Читайте ниже в разделе «Мнения экспертов» комментарий канд. истор. наук Ю.Н. Квашнина, с.н.с. Института проблем освоения Севера СО РАН

В недавно опубликованном на нашем сайте обзоре статьи о генофонде татар Евразии дается ссылка на статью того же коллектива о генофонде сибирских татар в журнале «Молекулярная биология» (первый автор А.А. Агджоян). В этой статье с применением той же генетической системы – Y-хромосомы, и тех же методов – анализа по панели 50 SNP маркеров, подробно изучена одна из этнотерриториальных групп татар – сибирские татары (тоболо-иртышские). Во введении к статье авторы характеризуют сибирских татар – наиболее многочисленный тюркоязычный этнос Западной Сибири – как сложную иерархическую систему популяций с антропологическим, этнографическим и лингвистическим разнообразием. Миграции тюрков в Западную Сибирь были связаны с древними и средневековыми торговыми путями по рекам и степям. Историки, этнографы и археологи говорят о нескольких волнах миграций: в VI-X веках тюрки из Минусинской котловины (Южная Сибирь), Средней Азии и Саяно-Алтая, а в конце XVII века, на рубеже XVIII-XIX веков и в начале XX века – казанские татары, мишари, кряшены из Поволжья и Приуралья.

Исследователи поставили перед собой задачу составить «генетические портреты» отдельных субэтносов, как они пишут, «в надежде, что они могут стать ключом к пониманию путей формирования всей популяционной системы сибирских татар». Они подчеркивают, что проблема происхождения сибирских татар остается крайне сложной, и до сих пор нет ответа на основные вопросы: являются ли они устойчивой этнической общностью или их выделение этнографами основано лишь на территориальном принципе. Популяционная система сибирских татар построена иерархически: выделяют три основных группы — томские, барабинские и тоболо-иртышские татары (см. Рис.1). Самая многочисленная из этих трех групп – тоболо-иртышские татары — содержит пять ветвей, в свою очередь подразделенных на 15 субэтносов. В данной работе исследовали генофонд пяти из этих 15 субэтносов тоболо-иртышских татар.

В изученную выборку тоболо-иртышских сибирских татар общей численностью 388 человек вошли искеро-тобольские татары (68), ялуторовские (86), бухарские (79), иштякско-токузские (69) и заболотные (86) (см. Рис.1). Их генетический материал собирали под руководством проф. Е.В. Балановской в ходе комплексных экспедиций Медико-генетического научного центра, Института общей генетики, Кемеровского государственного университета и Тобольского пединститута в Тюменскую область в 2012–2014 гг. В число участников обследования, в соответствии с международными критериями, включали неродственных между собой мужчин, все предки которых в трех поколениях относили себя к сибирским татарам и проживали в ареале данного субэтноса. Полученные результаты сравнивали с результатами изучения других популяций Северной Евразии по маркерам Y-хромосомы, используя базу данных “Y-base”, разработанную под руководством проф. РАН О.П. Балановского.

Выделенную из венозной крови ДНК генотипировали по 50 SNP-маркерам Y-хромосомы методом ПЦР в реальном времени с применением TaqMan зондов. Следующими этапами работы были вычисление и визуализация генетических расстояний, анализ межпопуляционных различий и картографический анализ с помощью программы “GeneGeo”, разработанной под руководством д.б.н. О.П. Балановского.



Этногруппа	Поселение	№ на карте	Объем выборки
Татары-бухарцы	Ембаевское	1	79
Ялуторовские	Асламинское	2	86
Искеро-тобольские	Бегишевское	3	39
Искеро-тобольские	Заводоуковское	4	18
Искеро-тобольские	Полуяновское	5	11
Ясколбинские	Лайтамакское	6	49
Ясколбинские	Ачирское	7	37
Иштякско-токузские	Токузское	8	40
Иштякско-токузские	Казанское	9	29

Схема субэтносов тоболо-иртышских сибирских татар и карта обследованных популяций Тюменской области. Символом * на схеме отмечены изученные популяции. В таблице на карте дана информация о локальных выборках.

Пять субэтносов – пять «генетических портретов»

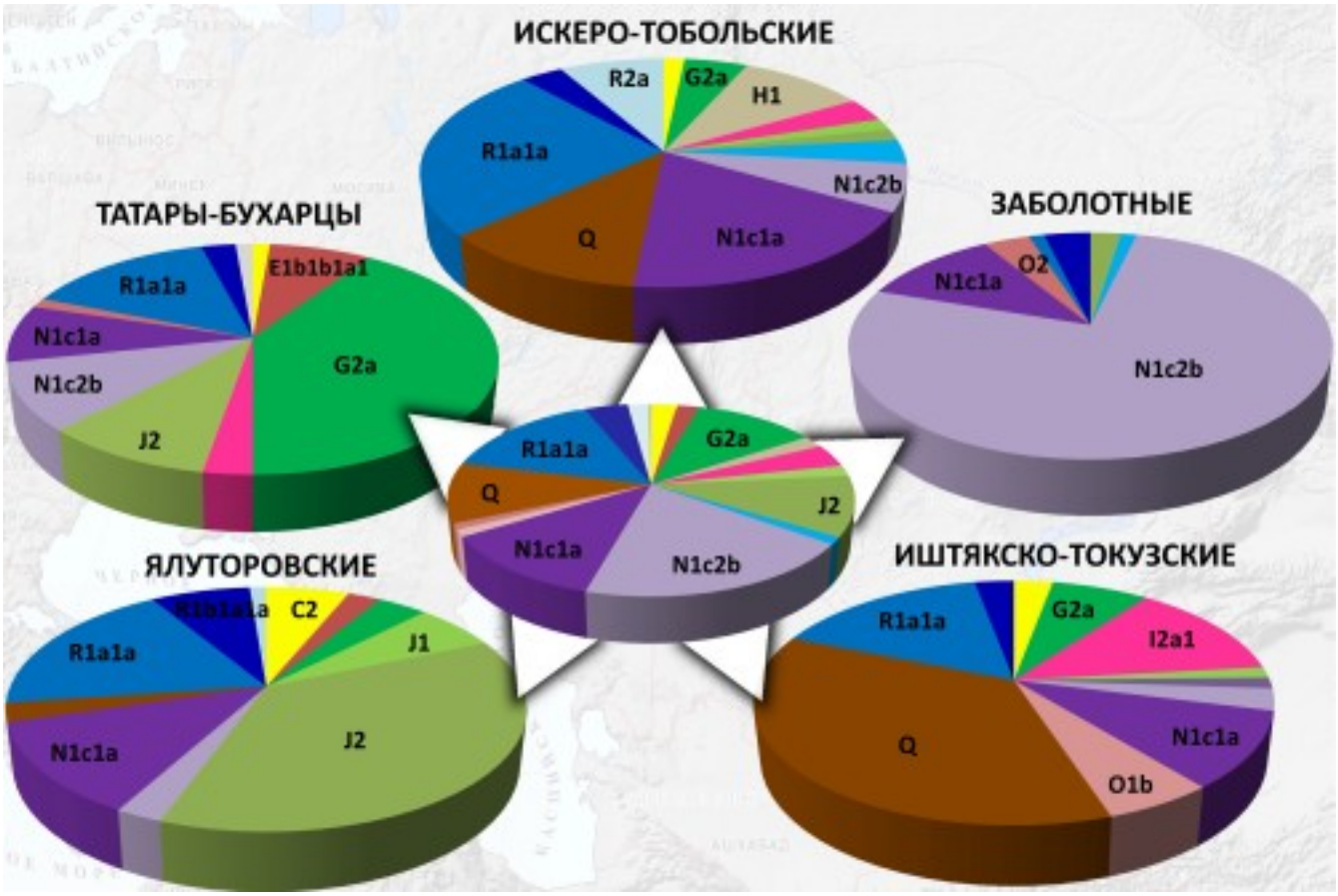
Основная черта генофонда тоболо-иртышских сибирских татар состоит в чрезвычайно высоких генетических различиях (по отцовским линиям) между его субэтносами: у каждого из пяти субэтносов вырисовывается свой собственный «генетический портрет» с собственной мажорной гаплогруппой Y-хромосомы. Лишь **искеро-тобольские татары** оказались гетерогенными: более половины их генофонда составлены тремя гаплогруппами – R1a1aM198 (24%), Q-M242 (16%) и N1c1a-M178 (15%). Авторы связывают такую особенность искеро-тобольских татар с поздними этапами истории, которые принесли мощный поток генов из Восточной Европы. Искеро-тобольские татары в наибольшей мере впитали генетический вклад от казанских татар, мигрировавших в Сибирь, начиная с XVII века. И именно у искеро-тобольских татар обнаружена некоторая генетическая близость к казанским татарам. След казанских татар проявляется в высоких долях гаплогрупп R1a1a и N1c1a. А суммарная частота гаплогрупп N1c2b (9%) и Q (16%) отражает сходство с генофондами хакасов-сагайцев, шорцев, тубаларов, алтай-кижи и теленгитов. Авторы делают вывод о формировании исходного генофонда искеро-тобольских татар на основе древнего населения Сибири, на который наложились последующие миграции с запада.

Неожиданный результат получен по генофонду **татар-бухарцев**. Судя по историческим преданиям, их считали потомками бухарских купцов, но Y-хромосомные линии не обнаруживают даже отдаленного сходства с генофондами разных групп узбеков, в том числе населения Бухары. Авторы нашли, что генофонд сибирских татар-бухарцев имеет сходство лишь с генофондами народов Западного Кавказа: черкесами, кабардинцами, абазинами, абхазами, балкарцами, карачаевцами. С генофондами Западного Кавказа татар-бухарцев сближает высокая частота гаплогруппы G2a (41%) и ряда других гаплогрупп, поэтому, видимо, именно на Западном Кавказе следует искать источник происхождения их генофонда, пишут авторы.

Удивительными оказались и генетические связи **ялуторовских сибирских татар**: они тянутся на юго-запад Евразии и демонстрируют сходство не только с крымскими татарами и караногайцами Дагестана, но и с населением Анатолии, Закавказья и Ирана. Об этом говорит высокая частота гаплогруппы J2 (36%) с прародиной в Передней Азии, а также еще три гаплогруппы со “средиземноморско-кавказским” ареалом. В итоге, почти половину Y-генофонда ялуторовских сибирских татар (49%) составляет генетический вклад, полученный, предположительно, в ходе миграций с Восточного Средиземноморья, Кавказа или же Передней Азии.

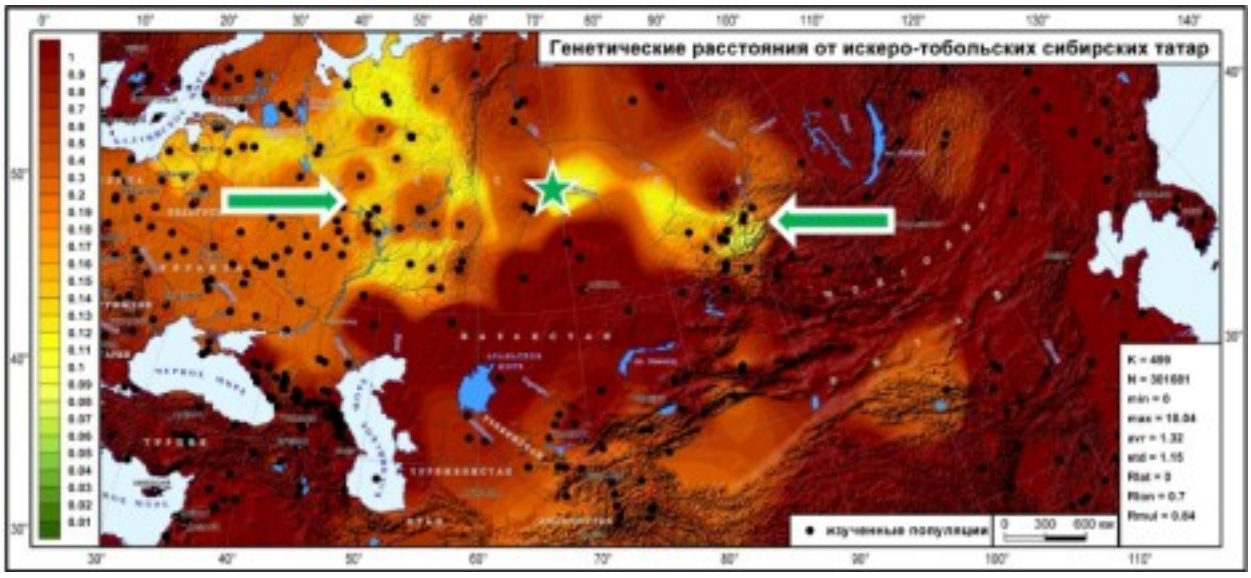
В генофонде **иштякско-токузских сибирских татар** обнаружены явные следы самодийского (Северный Урал) и палеосибирского населения: они демонстрируют тесное сходство с селькупами и кетами, а шлейф умеренно близких генофондов тянется в Южную Сибирь к северным алтайцам и тубаларам. Основа для этого сходства – высокая частота гаплогруппы Q (38%). Именно эта гаплогруппа маркирует генетический след палеосибирского населения. Основная гипотеза их этногенеза – сохранение значительной степени наследия палеосибирского населения вопреки многим ветрам миграций, пишут авторы.

Заболотные сибирские татары, отмечают авторы, представляют собой изолят, поскольку дорога по болотам есть только зимой, в остальное время года к ним можно добраться лишь вертолетами. Поэтому исходной гипотезой о причинах накопления высокой доли гаплогруппы N1c2b (80%) было предположение о дрейфе генов. Однако анализ генетических расстояний указывает на близость популяции заболотных татар к хантам, манси и лесным ненцам и несколько менее – к хакасам Южной Сибири. Из этого авторы делают вывод о генетическом вкладе угорского и самодийского населения в генофонде заболотных татар. Именно высокая частота гаплогруппы N1c2b, пишут авторы, связывает заболотных татар с народами и арктической полосы, и Южной Сибири: вероятно, она маркирует их общее генетическое наследие от древнего населения Северной Евразии.



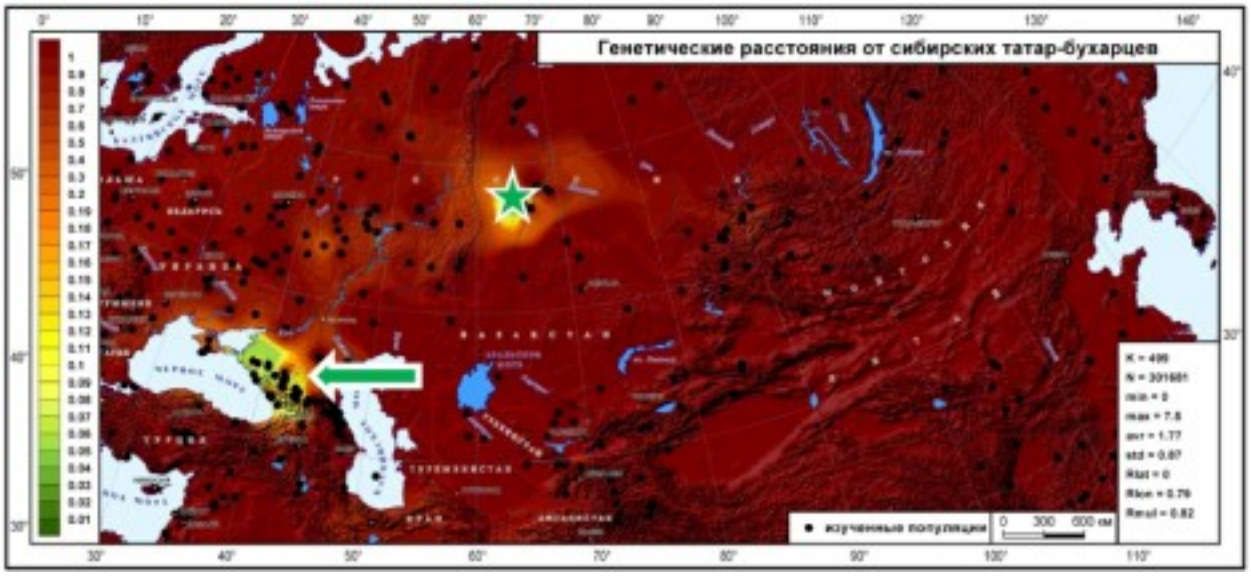
Спектр гаплогрупп Y-хромосомы («генетические портреты») сибирских татар в целом (в центре) и пяти разных субэтносов.

А.



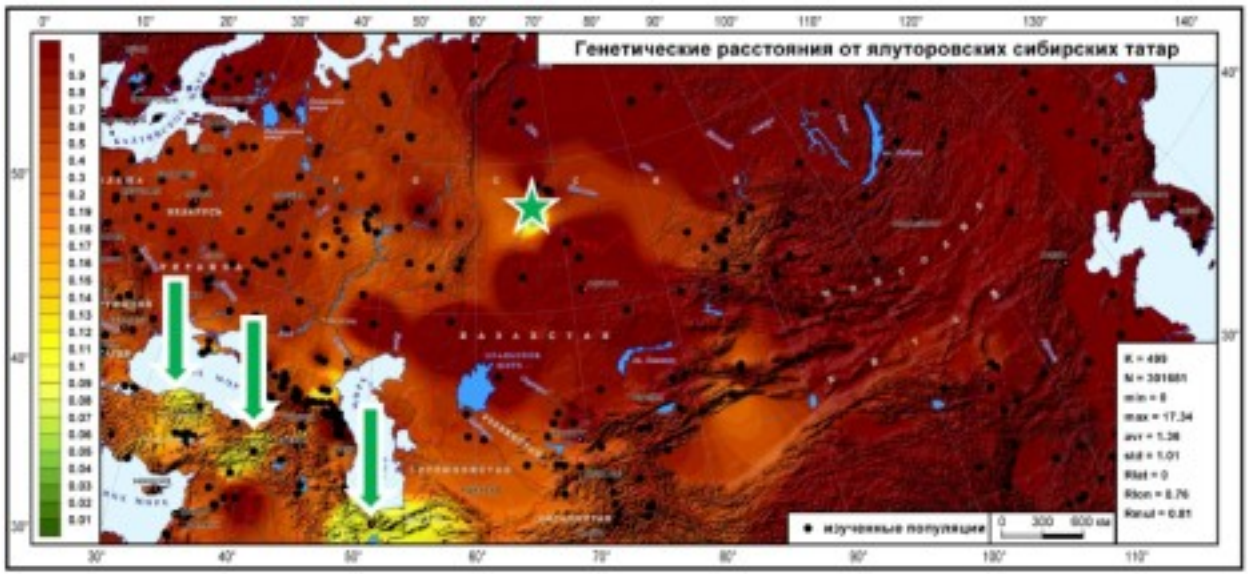
Карты генетических расстояний от искеро-тобольских сибирских татар до популяций Северной Евразии. Стрелки указывают на ареалы популяций, генетически наиболее близких к субэтносу, отмеченному звездочкой. Величина генетического расстояния соответствует цвету на шкале (коричневые тона — больше, зеленые тона — меньше).

Б.



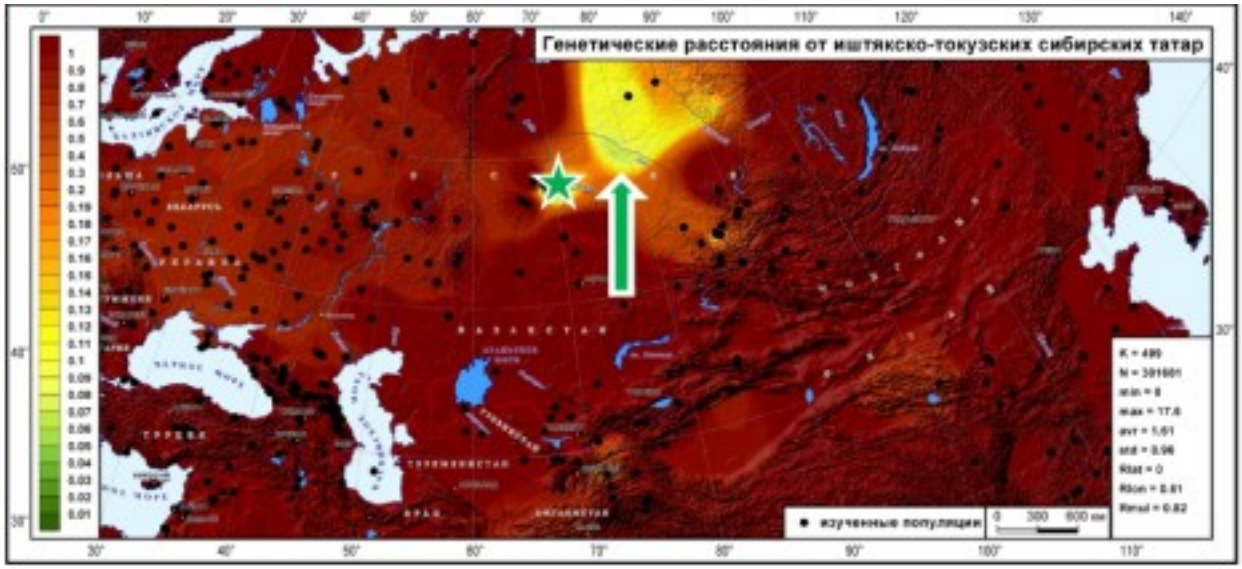
Карты генетических расстояний от татар-бухарцев до популяций Северной Евразии. Стрелки указывают на ареалы популяций, генетически наиболее близких к субэтносу, отмеченному звездочкой. Величина генетического расстояния соответствует цвету на шкале (коричневые тона — больше, зеленые тона — меньше).

В.



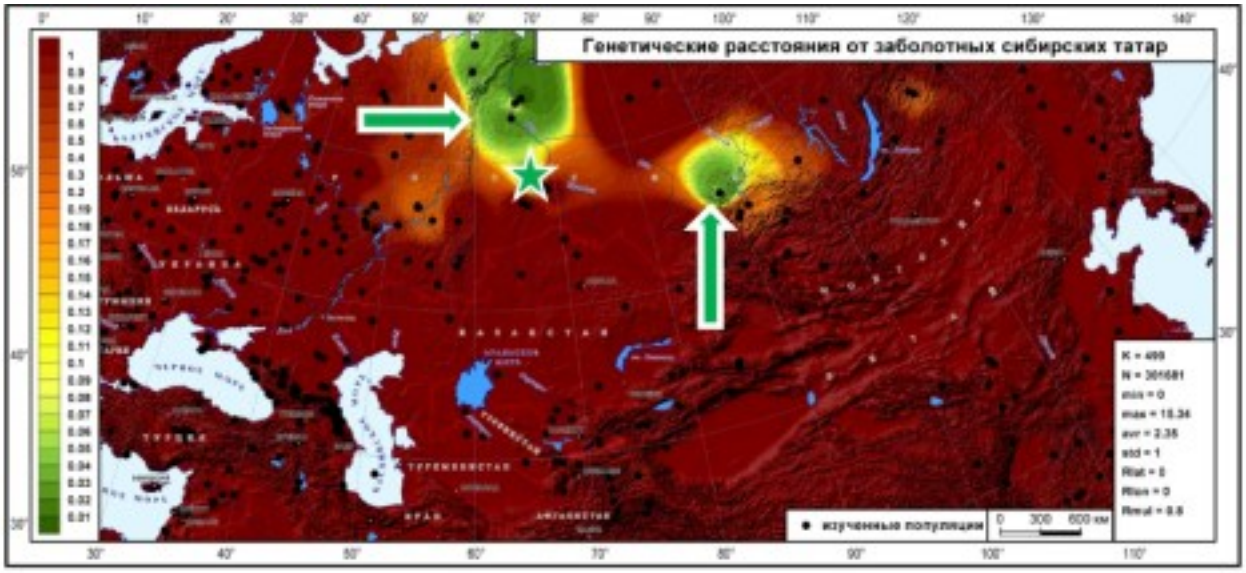
Карты генетических расстояний от ялуторовских сибирских татар до популяций Северной Евразии. Стрелки указывают на ареалы популяций, генетически наиболее близких к субэтносу, отмеченному звездочкой. Величина генетического расстояния соответствует цвету на шкале (коричневые тона — больше, зеленые тона — меньше).

Г.



Карты генетических расстояний от иштякско-токузских сибирских татар до популяций Северной Евразии. Стрелки указывают на ареалы популяций, генетически наиболее близких к субэтносу, отмеченному звездочкой. Величина генетического расстояния соответствует цвету на шкале (коричневые тона — больше, зеленые тона — меньше).

Д.

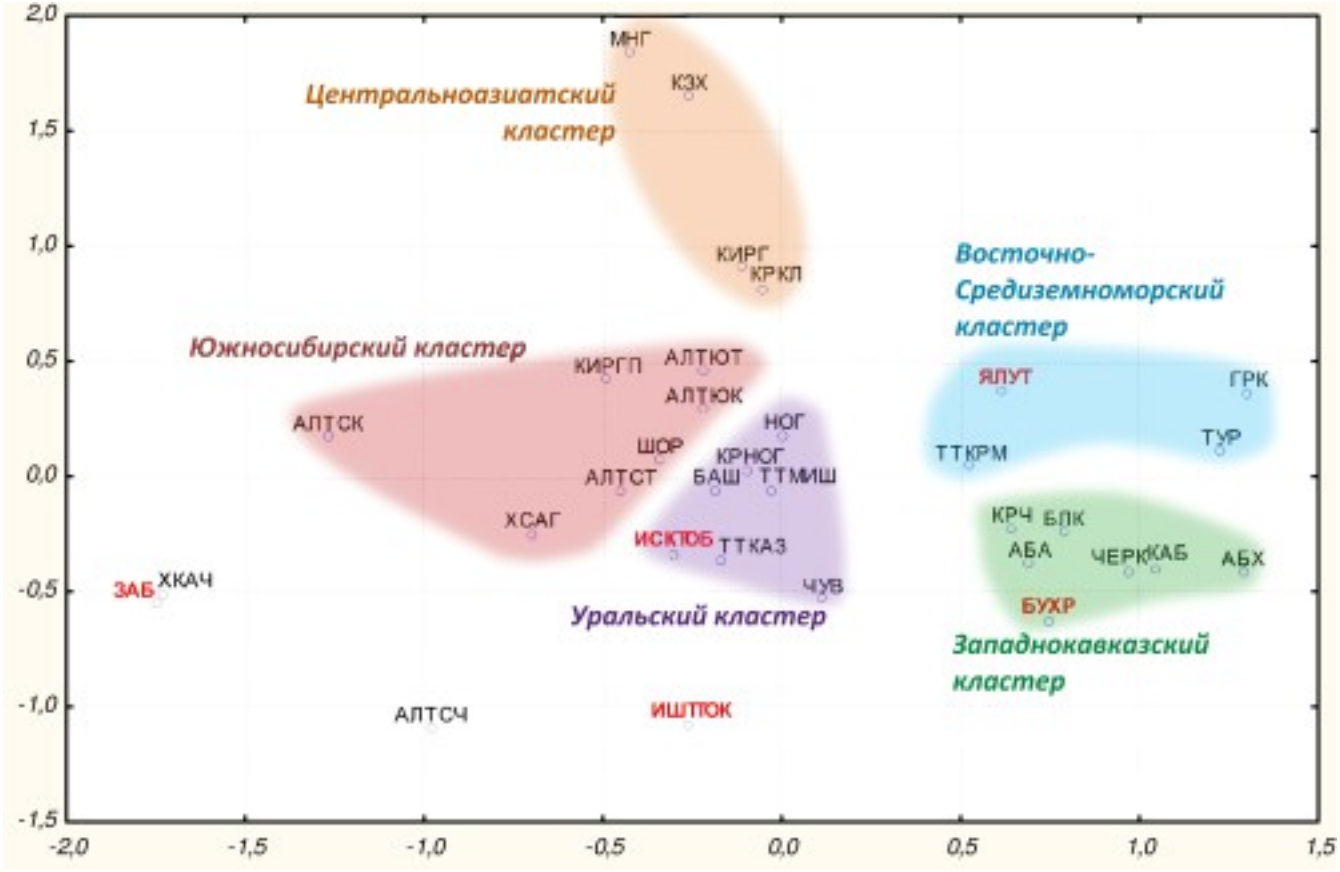


Карты генетических расстояний от заболотных сибирских татар до популяций Северной Евразии. Стрелки указывают на ареалы популяций, генетически наиболее близких к субэтносу, отмеченному звездочкой. Величина генетического расстояния соответствует цвету на шкале (коричневые тона — больше, зеленые тона — меньше).

Сибирские татары в генетическом пространстве Северной Евразии

Итак, Y-генофонды пяти популяций тоболо-иртышских татар оказались очень разными: по масштабу межпопуляционной изменчивости они лидируют среди изученных коллективом народов Южной Сибири и Центральной Азии.

Авторы рассмотрели пять генофондов сибирских татар в генетическом пространстве Северной Евразии. Генофонды всех рассмотренных популяций на графике многомерного шкалирования образовали пять кластеров: Центрально-азиатский, Южно-сибирский, Уральский, Западно-кавказский, Восточно-средиземноморский. Но четыре популяции оказались вне кластеров – заболотные и иштякско-токузские сибирские татары, хакасы-качинцы, алтайцы-челканцы. Подтверждается вывод, что пять субэтносов сибирских татар генетически далеки друг от друга. Три из них — в столь масштабном сравнении — входят в три разных кластера: Уральский (искеро-тобольские), Западно-кавказский (бухарцы) и Восточно-средиземноморский (ялуторовские), что позволяет предположить их связь по отцовским линиям с популяциями этих регионов. Кроме того, в генетическом окружении иштякско-токузских, заболотных и, отчасти, искеро-тобольских сибирских татар прослеживаются следы генофонда древнего населения Западной Сибири.



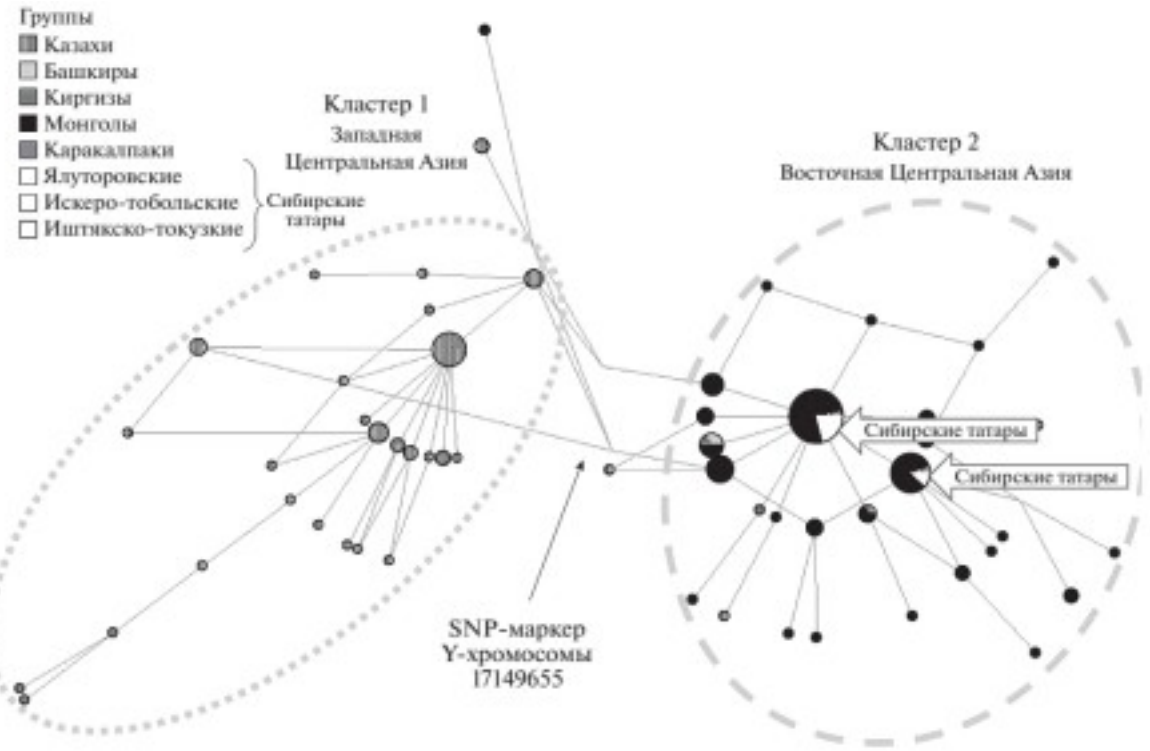
Положение пяти изученных групп сибирских татар в масштабе Северной Евразии. График многомерного шкалирования построен по частотам 20 гаплогрупп в 33 популяциях. Обозначения популяций сибирских татар: БУХР – сибирские татары-бухарцы; ЗАБ – сибирские татары заболотные; ИСКТОБ – сибирские татары искеро-тобольские; ИШТТОК – сибирские татары иштякско-токузские; ЯЛУТ – сибирские татары ялуторовские. Южно-сибирский кластер: АЛТСК – алтайцы северные кумандинцы; АЛТСТ – алтайцы северные тубалары; АЛТСЧ – алтайцы северные челканцы; АЛТЮТ – алтайцы южные теленгиты; АЛТЮК – алтайцы южные алтай-кижи; КИРГП – киргизы Памира; ШОР – шорцы горные; ХСАГ – хакасы сагайцы; ХКАЧ – хакасы ка-чинцы. Центрально-азиатский кластер: МНГ – монголы; КЗХ – казахи; КИРГ – киргизы Киргизии; КРКЛ – каракалпаки. Уральский кластер: НОГ – ногайцы кубанские; КРНОГ – караногайцы; БАШ – башкиры; ТТМИШ – мишари Татарстана; ТТКАЗ – казанские татары; ЧУВ – чуваши Татарстана. Восточно-средиземноморский кластер: ГРК – греки; ТТКРМ – крымские татары; ТУР – турки; Западно-кавказский кластер: АБА – абазины; АБХ – абхазы; БЛК – балкарцы; КАБ – кабардинцы; КРЧ – карачаевцы; ЧЕРК – черкесы.

Проверка гипотез происхождения

Генетики уделили особое внимание центрально-азиатской гипотезе происхождения татар, поскольку генетические корни народов с этнонимом «татары» зачастую связывают с влиянием тюркоязычного населения Центральной Азии. Однако в палитре гаплогрупп тоболо-иртышских татар центральноазиатские гаплогруппы (C2, O1b и O2) суммарно составили лишь 4%. Это означает, что генетическое влияние на них популяций Центральной Азии было очень слабым.

И тем не менее, для детального ответа на этот вопрос авторы использовали проведенный коллективом глубокий анализ одной из наиболее частых в популяциях Центральной Азии гаплогруппы C2 (определяется маркером M217). В ходе анализа данных полного секвенирования Y-хромосомы разных народов Северной Евразии были открыты новые ветви этой гаплогруппы и дана их датировка. И оказалось, что практически все тоболо-иртышские татары с гаплогруппой C2 принадлежат лишь к одной ветви (она образовалась путем мутации – замены нуклеотида — в позиции 17149655).

В пределах этой ветви гаплогруппы C2 провели филогенетический анализ гаплотипов по STR-маркерам (короткие тандемные повторы). По результатам этого анализа все три группы сибирских татар расположились в одном кластере. Этот кластер относится к звездчатому типу, в котором выделяется гаплотип-основатель. И выяснилось, что искеро-тобольские и ялуторовские татары вместе с монголами оказались в центре этого кластера, а иштякско-токузские татары, также вместе с монголами, отстоят от них на один мутационный шаг. То есть все образцы сибирских татар с центрально-азиатской гаплогруппой C2 характеризуются близостью к монголам (хотя её суммарная доля в генофонде тоболо-иртышских татар — всего 2%). Возраст возникновения ветви 17149655 – по данным полного секвенирования Y-хромосомы – составляет около 900 лет.



Филогенетическая сеть гаплогруппы C2b1b-M48, построенная по панели 17 STR-маркеров с учетом данных о внутренних субгаплогруппах. Образцы из кластера 1 относятся к предковой субгаплогруппе, образцы из кластера 2 принадлежат “дочерней” субгаплогруппе с мутацией 17149655.

Обсуждая все полученные результаты, авторы подчеркивают, что в генофондах изученных сибирских татар выделяются два генетических пласта – древний субстрат (след исконного населения Западной Сибири) и более поздний суперстрат (принесенный потоками миграций). Но и субстрат, и суперстрат в каждом изученном субэтносе тоболо-иртышских татар очень своеобразны. Эта особенность говорит о необходимости комплексного подхода к изучению происхождения сибирских татар, основанного на данных и гуманитарных, и естественных наук.

Итоги изучения генофонда сибирских татар свидетельствуют против двух возможных версий происхождения их генофонда: и версии происхождения от «общетатарского мира» (исходного генетического единства народов с этнонимом «татары»), и версии происхождения от «монгольского мира» (исходный генетический пласт, полученный из Монголии).

С первой версией не согласуется тот факт, что лишь один из субэтносов (искеро-тобольский) демонстрирует некоторую генетическую близость к казанским татарам, причем эта близость отражает не общее происхождение, а поздние миграции из Приуралья. А другой субэтнос (ялуторовский) генетически сходен с крымскими татарами лишь потому, что оба впитали потоки генов из Передней Азии. Генофонды остальных субэтносов оказались далеки не только друг от друга, но и от других народов с этнонимом «татары». Гипотезу генетического «общетатарского мира» не поддерживают и результаты другой статьи (изложенной на нашем сайте), в которой сравниваются генофонды разных этнотерриториальных групп татар в пределах Евразии.

Исходя же из версии «монгольского мира» как источника происхождения генофонда татар, рассуждают авторы, можно было бы ожидать, что монгольский генетический след окажется наиболее явным именно у сибирских татар, ареал которых ближе всего к Монголии. Однако среднее генетическое расстояние от сибирских татар до монголов больше, чем до греков или до черкесов. Лишь специально проведенное исследование позволило выявить монгольский след в генофонде сибирских татар, но и он слишком слаб (2% генофонда), чтобы лечь в основу «монгольской» версии происхождения их генофонда.

В заключение необходимо подчеркнуть, что в данной работе, как и в других работах коллектива под руководством Е.В.Балановкой и О.П.Балановского, изучаются лишь генофонды и обсуждаются лишь пути формирования генофондов. Притом, что этнос – это комплексное социокультурное понятие, и границы этноса определяются не генетикой, а этническим самосознанием.

Источник:

А.Т.Агджоян, Е.В.Балановская, А.Д.Падюкова и др. **Генофонд сибирских татар: пять субэтносов – пять путей этногенеза //** Молекулярная биология, 2016, т.50, № 6, с. 978-991.

DOI: 10.7868/S0026898416060021

Текст статьи можно скачать на сайте в разделе Библиотека http://генофонд.рф/?page_id=41

Там же Вы можете найти статьи Г.Т. Бакиевой и Ю.Н. Квашнина, посвященные этногенезу сибирских татар: **Поволжские татары в Западной Сибири: особенности расселения и этнокультурного развития** и **Тюрки, самодийцы и угры в Тобольском Прииртышье (к вопросу об этногенезе заболотных татар).**