

# Западные башкиры: анализ Y-хромосомного генофонда и происхождение кланов

[Елена Балановская](#)

**Продолжено комплексное изучение генетической истории башкир в связке: клановая структура и Y-хромосома. Обнаружено, что каждый из семи родов (кланов) северо-западных башкир отличается собственным генетическим портретом и рассмотрено, как эти генетические портреты согласуются с этнографическими гипотезами происхождения кланов и отражают периоды истории башкир. Юго-западные башкиры представлены шестью кланами минцев – крупнейшего кланового объединения башкир, занявшего центральное место в генетическом пространстве башкирских популяций и кланов. Основной вклад в генофонд и северо-западных, и юго-западных башкир, внесло дотюркское население Приуралья — генетический субстрат финно-угорских племен. Этот субстрат впитал генетические потоки от различных групп степных кочевников. Генетический вклад Центральной Азии оказался очень небольшим, однако, вероятно, именно его носители сыграли ключевую роль в формировании кланов Приуралья, особенно минских башкир.**

Башкиры относятся к народам с исторически сложившейся родовой (клановой) структурой общества. Специфика башкирских кланов связана с тем, что на обоих этапах истории башкирского народа — и Золотой орды, и Российской империи — кланы выступали главными субъектами права в земельных отношениях. Именно это позволило клановой структуре башкирского общества сохраниться до современности. Изучение генофонда народов с родовой структурой позволяет детально проследить переплетение биологических и социальных процессов в его истории. Принадлежность к роду наследуется по отцовской линии, так же, как и генетические маркеры Y-хромосомы, это позволяет генетикам и этнологам проводить комплексный анализ. Такой анализ генофонда и родовой структуры ранее уже был проведен в популяции северо-восточных башкир ([об этом можно прочитать на сайте](#)). Тем же коллективом, под руководством специалистов Медико-генетического научного центра, при участии Института стратегических исследований Республики Башкортостан и других научных учреждений, изучены и популяции северо-западных и юго-западных башкир. Результаты этих исследований опубликованы в статьях в журнале «Вестник Московского университета», серия XXIII «Антропология» (Балановская и соавт., 2017) и в журнале «Генетика» (Юсупов и соавт., 2018).

Исторический ареал *северо-западных башкир* охватывает территории правобережья средней Уфы, западного Башкортостана и восточного Татарстана. Основная причина выделения северо-западных башкир в отдельную историко-этнографическую группу – их интенсивное культурное взаимодействие с западными соседями: начиная с XVII века, они проживали на одной территории с пришлым тюркским и финно-угорским населением (марийцы, мишари, мокша, казанские татары, удмурты, чуваша, эзя). Это привело к формированию северо-западного диалекта башкирского языка, к особенностям хозяйственной деятельности и прикладного искусства северо-западных башкир. Комплексные антропологические исследования выявляют общий субстрат северо-западных башкир с финноязычными популяциями, очевидно, связанный с древним финно-угорским населением Прикамья и Приуралья (пьяноборская и бахмутинская археологические культуры). Лингвистами и этнографами установлено, что северная часть северо-западных башкир ближе к северо-восточным башкирам, южная – к юго-западным (минцам).

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. Данные гуманитарных наук указывают на среднеазиатское происхождение минцев в ордынский и постордынский периоды. По основной гипотезе минцы вошли в состав башкирского этноса с миграциями кыпчаков на Южный Урал в XIII – XIV вв. Другая гипотеза предполагает, что минцы – это конгломерат кочевых центральноазиатских племен, часть которых в позднеордынский период оказалась в Башкирии. Однако данные антропологии отмечают сходство минцев с популяциями финно-угорских народов, а влияние Центральной Азии считается незначительным. Совместный анализ родовой структуры и Y-хромосомного генофонда башкир был направлен на анализ этого противоречия.

В работе исследованы образцы венозной крови 230 неродственных мужчин северо-западных башкир из коллекций Биобанка Северной Евразии. В выборку вошли две этногеографические подгруппы: нижнебельские башкиры (N=152) и северные башкиры (N=78), охватившие семь кланов северо-западных башкир — балыксы, гирей, елан, еней, канглы, унлар, уран. Биологические образцы собирали в тех областях, которые менее всего подвергались миграциям в XVIII-XX вв. Выделенную ДНК генотипировали по 49 Y-хромосомным SNP маркерам и 17 STR маркерам.

Сбор образцов венозной крови юго-западных башкир проведен в популяциях Иглинского, Альшеевского, Давлекановского, Миякинского районов Республики Башкортостан. Суммарная выборка (N=68) охватила шесть основных кланов минцев: 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 были

генотипированы по единой панели 64 SNP-маркеров.

### Северо-западные башкиры – разнообразие генетических портретов

Как оказалось, две трети всего генофонда северо-западных башкир по Y-хромосоме составляют гаплогруппы **R1a** и **N3**: **R1a** доминирует на востоке ареала северо-западных башкир, **N3** – на западе и юге. Пяту часть генофонда составляют гаплогруппы **I1** и **G1**. Когда же авторы исследовали генетические портреты семи отдельных кланов, то были поражены их разнообразием.

#### *Четыре клана нижнебельской подгруппы*

Происхождение клана **гирей** этнологи связывают с кыпчаками (половцами) – тюркскими степными кочевниками, внесшими вклад в этногенез башкир. В Y-хромосомном портрете этого клана доминировала (75%) гаплогруппа **I1**, характерная для Скандинавии, распространенная в Северной Европе, а на востокеходящая до Приуралья.

Клан **канглы** – одно из крупнейших родовых объединений башкир. По одной из версий их происхождение связывают с военно-политическим союзом башкир с печенегами в VII–VIII вв., который затем распался под давлением кыпчакских и огузских племен. В генофонде канглы доминирующей (60%) оказалась гаплогруппа **G1**, не встреченная у других кланов башкир. Считается, что гаплогруппа **G1** происходит с Иранского и Армянского нагорий и первоначально была связана с носителями иранских языков, но впоследствии распространилась по всей евразийской степи. Ветвь **G1**, встреченная у башкир, несколько ближе к армянской ветви, чем к ветви казахов и монголов. Можно предположить, что в раннем железном веке и средневековье носители данной гаплогруппы были включены в кочевые миграции сармато-аланских племен и в Урало-Поволжье вошли в башкиро-печенежский союз.

Клан **еней** проживает на северо-западе ареала северо-западных башкир, соседствуя с казанскими татарами, удмуртами и марийцами. В историографии этот клан традиционно связывают с угорским кочевым населением Восточной Европы (его относят к союзу мажарских племен). В его генофонде доминировала (61%) гаплогруппа **N3**, распространенная по всему северу Евразии, от Скандинавии до Дальнего Востока, а в Восточной Европе характерная для финно-угорского населения. Анализ дочерних ветвей этой гаплогруппы показал удивительное своеобразие генофонда клана еней. Здесь практически отсутствует вариант **N3a1**, характерный для народов Приуралья, невысока и частота распространенной в Восточной Европе ветви **N3a4**. Но самой частой (44%) оказалась «восточносибирская» ветвь **N3a2**, отделившаяся от «уральской» ветви пять тысяч лет назад и отсутствующая у остальных кланов северо-западных башкир.

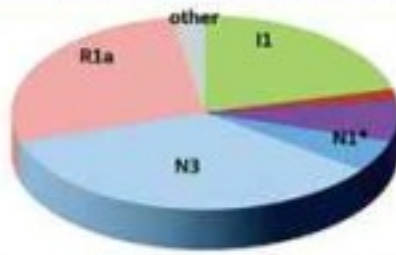
Клан **елан** – самый крупный у северо-западных башкир — проживает на юге их ареала. Одна из гипотез происхождения еланцев связывает их с кыпчаками, другая – с огузскими племенами. Однако хотя три четверти генофонда елан приходится на гаплогруппу **N**, но ожидаемый из «огузской» гипотезы вариант **N3b** у еланцев отсутствует. Преобладает в их генофонде (37%) иной вариант гаплогруппы **N** — **N3a4**. Он характерен для многих популяций севера Восточной Европы, с максимальными частотами встречается у западных финноязычных народов (вепсов, карел, финнов, эстонцев). Можно предполагать, что генофонд еланцев формировался преимущественно на основе местного финноязычного населения во взаимодействии с кочевыми группами Южного Урала.

#### Три клана северной подгруппы

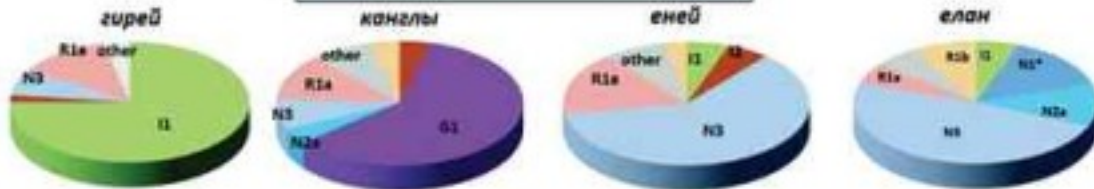
Происхождение клана **уран** связывают с влиянием других тюркских кочевых племен – кимаков — на Южное Приуралье. Практически весь генофонд клана уран представлен единственным вариантом – **N3a4** (до 90%), характерным для еланцев и встреченным в других кланах северо-западных башкир.

Кланы **унлар** и **балыксы** по данным генеалогий и исторических преданий связывают с табынским родовым объединением – с потомками предполагаемого первопредка всех табынцев Майкы-бия (XIII в.), одного из полководцев хана Батыя. В генофондах обоих кланов резко преобладает гаплогруппа **R1a**: весь генофонд унлар представлен этой гаплогруппой; она же составляет три четверти (77%) генофонда балыксы, все остальные гаплогруппы редки. На построенной филогенетической сети гаплогруппы **R1a** все ее носители из северных башкир сгруппировались с северо-восточными башкирами и оказались близки к табынскому родовому объединению. Таким образом, генеалогические предания этих кланов отражают реальную генетическую связь с табынцами. Скорее всего, верны и исторические предания, где говорится о переселении потомков Майкы-бия в северную Башкирию и создании союза кочевых племен.

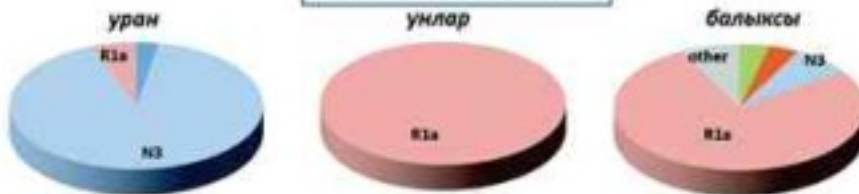
## Северо-западные башкиры



## Нижнебельская подгруппа



## Северная подгруппа



Y-хромосомные генетические портреты кланов северо-западных башкир.

Как оказалось, из семи генетических портретов кланов северо-западных башкир лишь два (унлар и балыксы) хорошо согласуются с гипотезами их происхождения, построенными по данным этнографии. Не противоречит этнографической версии происхождения и генетический портрет клана еней, хотя основной генетический вектор направлен не на запад, в Европу, как указывает историография, а на северо-восток Сибири. Генетический вектор для клана канглы также не противоречит этнографической гипотезе их происхождения, если предположить, что он опосредован миграциями сармато-аланских племен в Урало-Поволжье. Для остальных трех кланов (гирей, уран и елан) этнографическая и генетическая версии не согласуются. Этнографические версии предполагают их кыпчакское происхождение, а генетические портреты отражают связи с финно-угорским миром Восточной Европы.

Как отмечают авторы, различия между генофондами семи кланов северо-западных башкир оказались столь велики, что превысили различия между этнографическими подгруппами. Поэтому они пришли к выводу, что генетически нет оснований для их разделения и далее рассматривали северо-западных башкир в целом, без подразделения на этнографические подгруппы.

## Юго-западные башкиры (минцы)

В генофонде минцев «североазиатская» гаплогруппа **N3a** составляет треть (34%), причем преобладает субвариант **N3a4-Z1936** (29%), что роднит их с кланами северо-западных башкир (елан, уран, еней): ареал этой гаплогруппы занимает практически все Башкирское Предуралье. На евразийском пространстве ареал **N3a4-Z1936** охватывает северо-восточную Европу (пик частоты у карел, вепсов и финнов), Среднее Поволжье и Западную Сибирь.

«Паневразийская» гаплогруппа **R1a1a\*** в генофонде минцев составляет 22%. «Переднеазиатские» гаплогруппы **J2** и **G2** составляют 10% генофонда, но обнаружены только у клана кобау, причем практически у всех (90%) его изученных представителей. Наиболее вероятно, что появление носителей «переднеазиатских» гаплогрупп связано с кыпчакской миграционной волной на Южный Урал в XIII–XIV вв.

«Центральноазиатская» гаплогруппа **C2\*-M217(xM48)** наиболее важна для выявления миграций кочевого населения – однако ее частота составила лишь 16%, а ее носители обнаружены только в двух кланах. Субтипирование этой гаплогруппы выявило

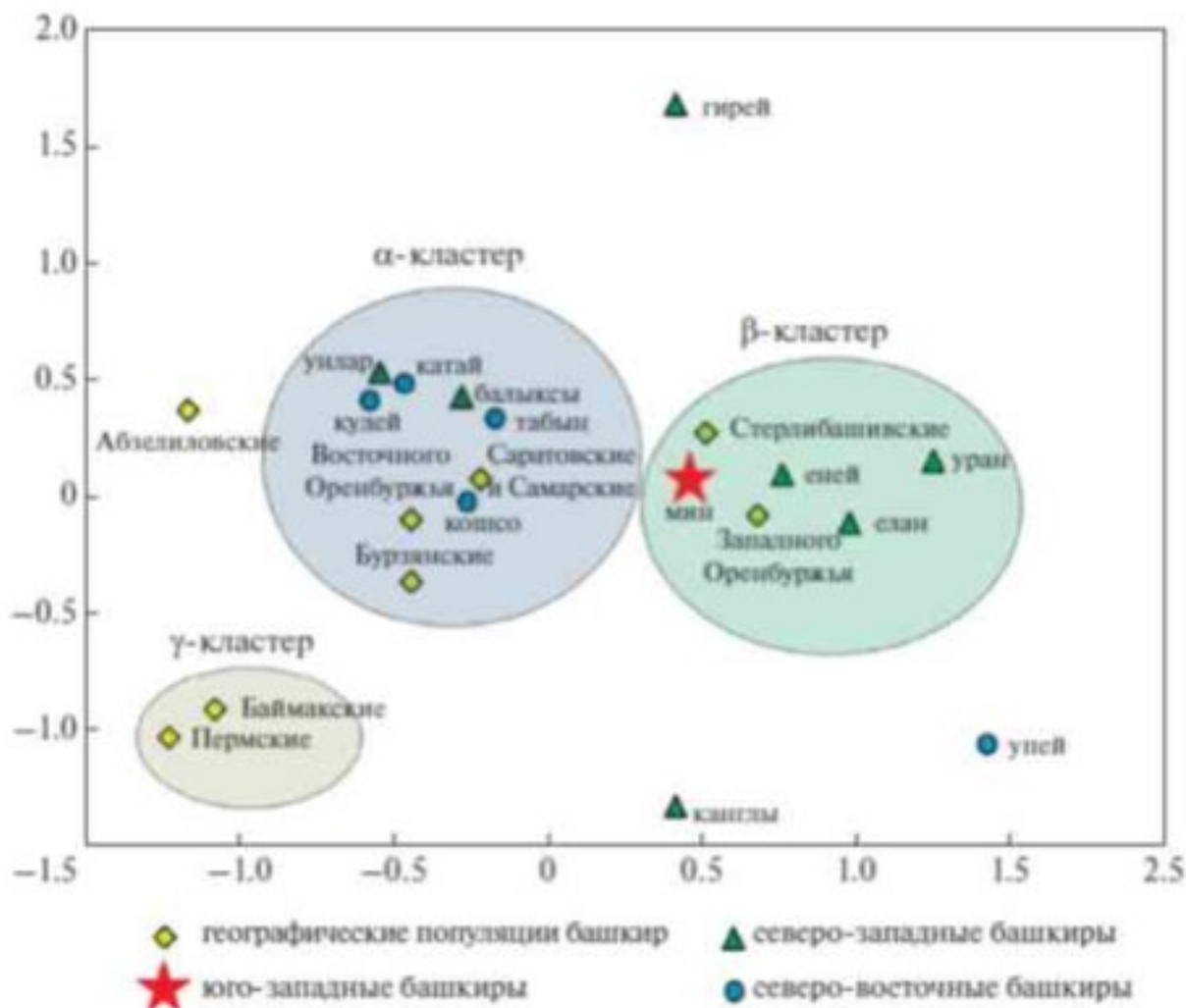
генетическую близость минцев к ряду родоплеменных объединений южного и юго-восточного Казахстана, предки которых восходят к монголам-нирунам.

Авторы выдвигают две версии появления гаплогруппы C2\* у башкир-минцев. Первая версия связывает ее со средневековым племенем минг-катаган и последующей миграцией в регион башкир казахского племени шанышкылы. Другая версия указывает на возможную связь с золотоордынским эмиром середины XIII века – Ордач-беком с прозвищем «Мин садаклы», что согласуется с шежере (традиционной генеалогией) башкир-минцев.

Исследователи впервые сделали вывод, что генофонд юго-западных башкир (минцев) сформировался на преобладающей основе коренного дотюркского населения Башкирского Предуралья. Большую часть генофонда минцев оставило автохтонное население, восходящее к финно-угорскому миру Уральского региона. Генетический след пришлого населения орды («центральноазиатский» пласт генофонда) минцев оказался невелик. Однако по данным гуманитарных наук можно предполагать, что именно носители гаплогруппы C2\* играли структурообразующую роль в клановом объединении минцев, сохранив и распространив историческую память о среднеазиатской прародине легендарных предков на другие кланы.

### Структура генофонда башкир в целом

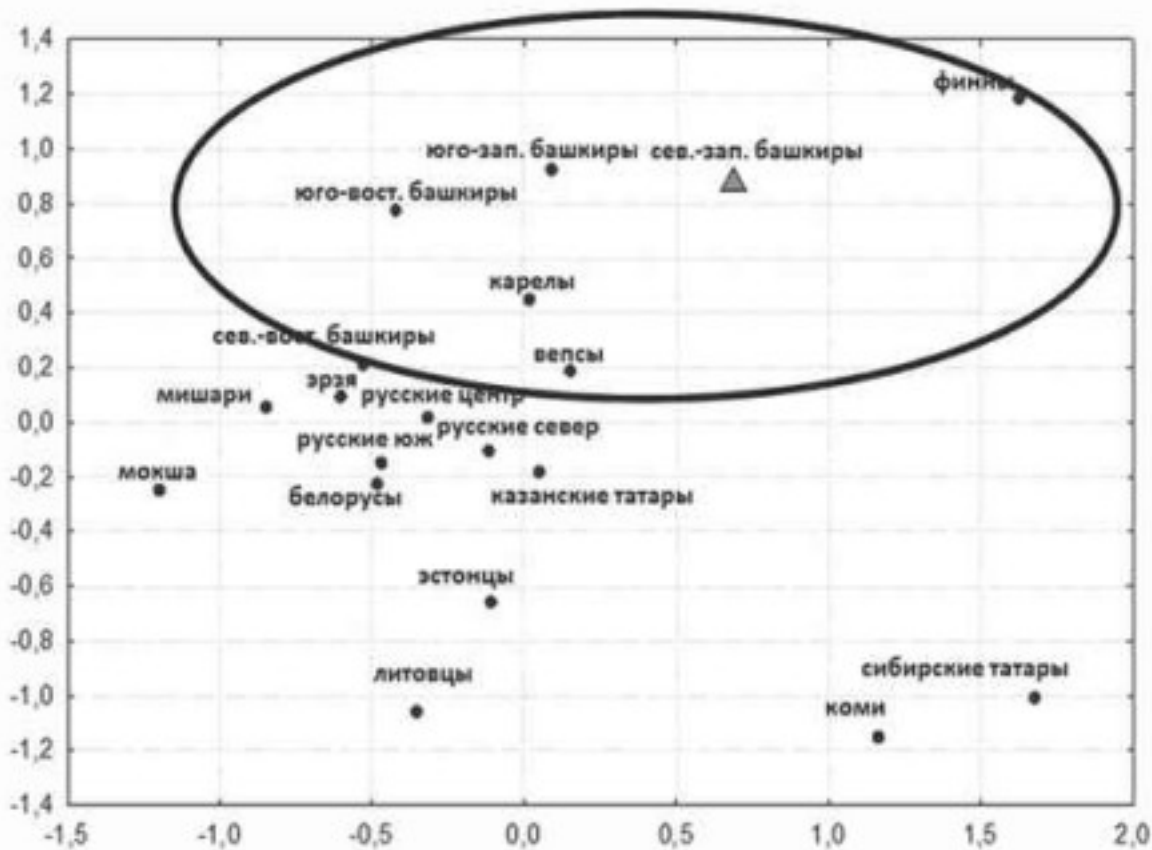
В генетическом пространстве башкирского генофонда (рисунок) основная часть башкир входит в «восточный»  $\alpha$ -кластер и «западный»  $\beta$ -кластер. Северо-восточные башкиры, за исключением клана упей, сгруппировались в кластере  $\alpha$ . Среди северо-западных башкир два клана – гирей и канглы – расположились отдельно от обоих кластеров, остальные кланы распределились между кластерами  $\alpha$  и  $\beta$ . Минцы занимают центральное положение в пространстве башкирского генофонда, они входят в кластер  $\beta$ , но тяготеют и к  $\alpha$ -кластеру, возможно из-за некоторого влияния юго-восточных башкир и кочевых групп из южных территорий, отмечают авторы работы.



Генетическое пространство башкирского генофонда (график многомерного шкалирования).

## Башкиры в генетическом пространстве Северной Евразии

В генетической системе координат среди окружающих популяций Северной Евразии северо-западные башкиры тяготеют к юго-западным башкирам, и значительно удалены от восточных башкир. Наиболее близки к северо-западным башкирам некоторые финноязычные народы (вепсы, карелы, финны, эрзя), а также северные и центральные русские популяции и западные соседи башкир — казанские татары, в генофонде которых имеется мощный генетический пласт, роднящий их с финноязычным населением Восточной Европы.



Положение башкир в генетическом пространстве популяций Северной Евразии (график многомерного шкалирования).

В целом, генофонд северо-западных башкир представляет собой сложную структуру, отражающую различные периоды этногенеза и истории башкир, пишут авторы. Основным генетическим субстратом северо-западных башкир, скорее всего, является генофонд финно-угорских племен. Более поздние влияния, отраженные в генетических портретах кланов, указывают на миграции кочевых групп в широком временном диапазоне – от раннего железного века до позднего средневековья. А тот факт, что в генофонде северо-западных башкир отсутствуют центральноазиатские гаплогруппы, говорит, что основной этап взаимодействия генофондов местных племен и пришлого населения происходил в домонгольское время.

Что касается юго-западных башкир (минцев), то, судя по полученным данным, их генофонд также в основном сформировался на основе коренного дотюркского населения Предуралья, а генетический след пришлого населения орды невелик. По-видимому, в юго-западной Башкирии шел активный процесс взаимной ассимиляции автохтонного населения и пришлого населения из центральноазиатских степей. И если в формировании генофонда основную роль играло многочисленное автохтонное население, то малочисленное пришлое население доминировало политически. Комплекс генеалогических и исторических преданий указывает на вхождение минцев в ордынскую политическую систему. Ордынская аристократия (в том числе носители гаплогруппы C2\*) могла стать ядром при формировании кланового объединения мин.

**Источники:**

Балановская Е.В., Юсупов Ю.М., Схляхо Р.А., Степанов Г.Д., Асылгужин Р.Р., Жабагин М.К., Балаганская О.А, Султанова Г.Д., Борисова Е.Б., Дараган Д.М., Балановский О.П. Генетические портреты семи кланов северо-западных башкир: вклад финно-угорского компонента в генофонд башкир // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. – 2017. – № 3.- С. 94–103.

Юсупов Ю.М., Балановская Е.В., Жабагин М.К., Асылгужин Р.Р., Султанова Г.Д., Сабитов Ж.М., Богунов Ю.В., Кагазежева Ж.А., Маркина Н.В., Агджоян А.Т., Балановский О.П. Генофонд юго-западных башкир по маркерам Y-хромосомы: опыт междисциплинарного анализа // Генетика 2018. Т.54. Приложение. с. S95–S98. DOI: 10.1134/S0016675818130222

Статьи можно скачать в [Библиотеке сайта](#).