Панорама народов на фоне Европы. Неславянские народы Восточной Европы (серия III).

Фрагмент из книги "Генофонд Европы"

Прежде, чем перейти к южным славянам и другим балканским народам, следует завершить обзор народов Восточной Европы. Не имея возможности анализировать все этносы, рассмотрим шесть карт генетических расстояний от народов Волго-Уральского региона. При этом ограничимся популяциями лишь четырех соседствующих друг с другом республик, пересекающих этот регион единой полосой с востока на запад: Башкортостан, Татарстан, Чувашия и Мордовия. Этого оказывается достаточно, чтобы увидеть всю сложность и загадочность генофонда восточного фланга Европы.

Каждая из первых двух серий карт обнаружила свой собственный генетический ландшафт, охватывающий обширные пространства Европы – ландшафт Северо-Восточной Европы (раздел 5.1) и ландшафт «северных славян» (раздел 5.2). Причем в каждой из серий все карты за единственным исключением строго следовали общей модели. Однако третья серия – Уральская – несмотря на много меньший охваченный ареал, обнаруживает совершенно разные паттерны для каждого из народов. Более того – генетические ландшафты всех шести рассмотренных этнических групп резко различны даже по размеру ареала генетически сходных с ними популяций — от сходства с популяциями половины Восточной Европы до очень локального варианта. Поэтому общую характеристику ландшафта этой серии можно обозначить как «многообразие восточного фланга Европы».

Все же приведем этот обобщенный ландшафт данной серии (рис. 5.22). Он ничем не сможет помочь нам отслеживать различия каждого из генофондов от общей картины. Мы видим на обобщенном ландшафте практически лишь две градации: а) генетически далекие популяции (оранжевые тона), занимающие огромный ареал Уральского региона, Восточной и Центральной Европы; б) совершенно генетически чуждые популяции остальной Европы и Кавказа. Эта карта дает понять, насколько генетически своеобразна каждая из шести рассмотренных этнических групп, хотя они и являются географическими соседями на относительно небольшом пространстве Поволжья и Южного Урала. А рассмотрение карт этой серии подчеркнет, что генофонд Уральского региона требует особо детального изучения и вдумчивого подхода.

На всех генетических ландшафтах серии самое нижнее течение Волги окрашено в тона генетически очень далеких популяций. Но на них пока не отражены генофонды астраханских ногайцев и астраханских татар: в момент написания книги их генотипирование нами еще не закончено. Но оно явно внесет коррективы в генетические ландшафты данной серии.

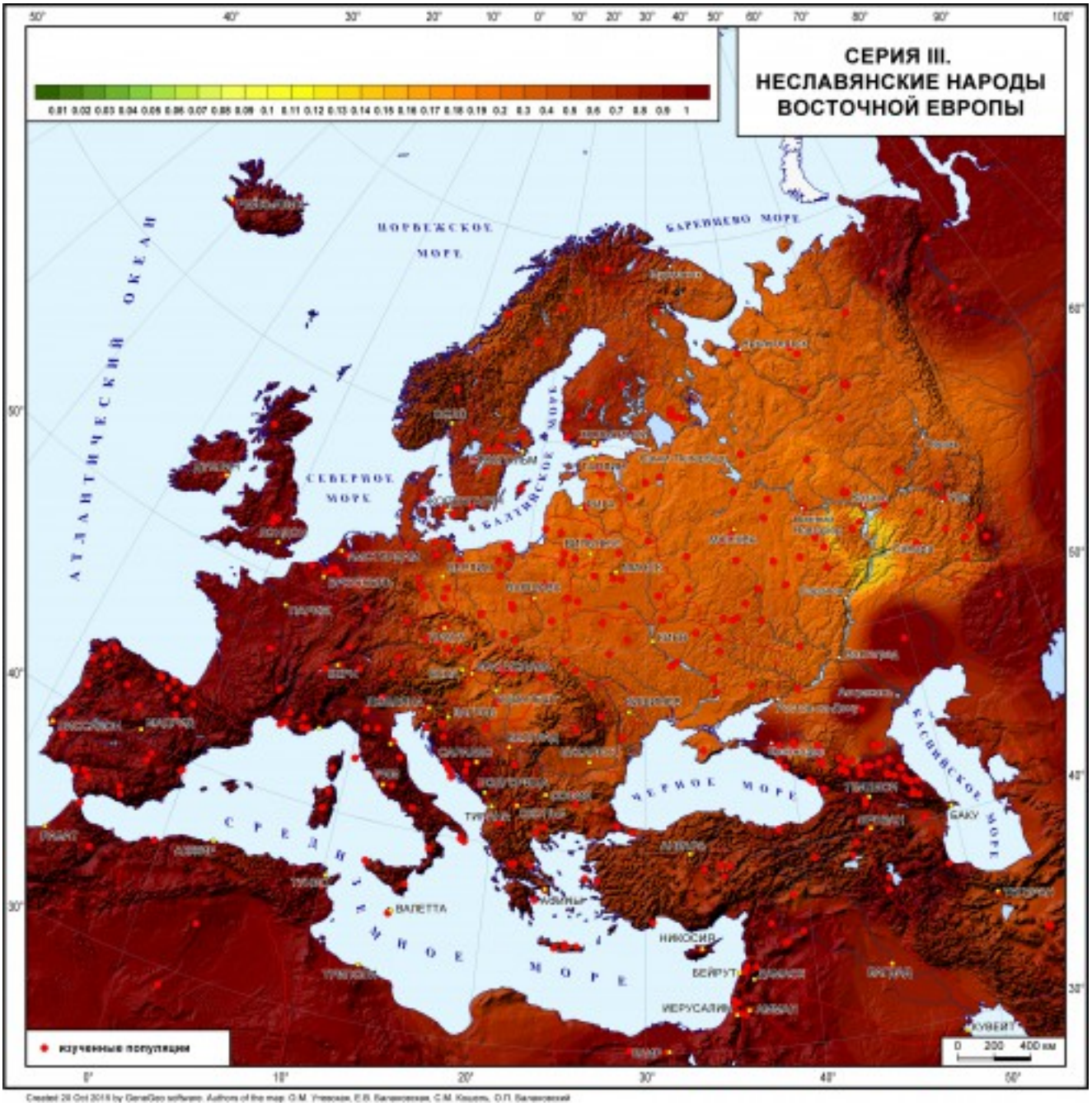

Рис. 5.22. Карта обобщенного генетического ландшафта неславянских народов Восточной Европы по гаплогруппам Y-хромосомы (построена как средняя по картам генетических расстояний от башкир, казанских татар, мишарей, мокши, чувашей, эрзи).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДОМ БАШКИР (рис. 5.23)

По данным переписи 2010 г. в России 1.6 млн. башкир, из них 1.2 млн. – в Башкортостане. Однако, несмотря на столь большую численность, ареал популяций, сходных с генофондом башкир, очерчен очень четко: он тянется по Уральским горам и их западным предгорьям вдоль Камы, занимая только ее левобережье, и далее продолжает путь на юг вдоль этого же меридиана, доходя до Казахстана. При этом южная часть ареала более широка и размыта, протягиваясь на запад почти до Волги, а на востоке вновь до ареала казахов. Максимальные значения генетических расстояний (темно-красные тона) окружают ареал башкир с востока, севера и юга, следуя изгибу Оби и ареалу казахов. На западе же от башкир – от Волги и нижнего Дона до крайнего европейского севера находятся оранжевые тона популяций, генофонды которых, конечно, далеки от башкир, но все же не настолько, как Сибирь и Казахстан.

Детальное изучение генофонда башкир и окружающих народов, проводимое сейчас нашим коллективом в содружестве с уфимскими коллегами (под руководством к.и.н. Ю.М. Юсупова) позволит вскоре значительно уточнить эту картину: уже прослеживаются важные генетические связи с рядом народов евразийской степи.

Из характерных черт генетического ландшафта отметим явные различия между генофондами башкир и татар. Впрочем, планируемое нами детальное изучение генофонда населения Татарстана позволит определить более точно и особенности каждого из этих двух генофондов, и их взаимодействие.

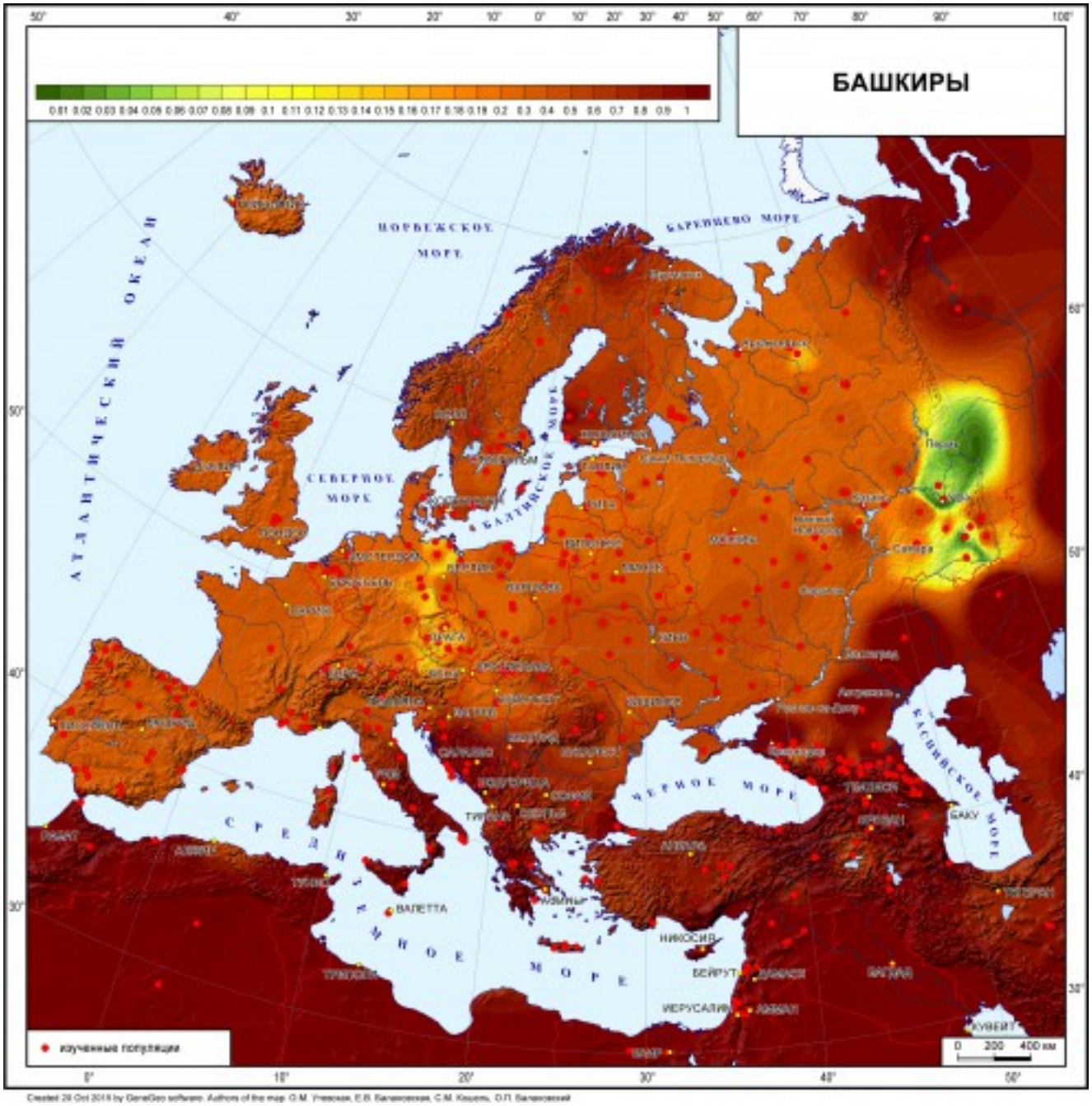

Рис. 5.23. Карта генетических расстояний от башкир (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДОМ КАЗАНСКИХ ТАТАР (рис. 5.24)

По данным переписи 2010 г. в Татарстане проживает 2 млн. татар. Но поскольку эти данные включают и мишарей, и кряшен, и тептярей, то численность казанских татар Татарстана, видимо, сопоставима с численностью башкир Башкортостана. Однако казанские татары характеризуются совершенно иным генетическим ландшафтом, чем башкиры – ареал популяций, генетически сходных с казанскими татарами, обширен и весь обращен к Северо-Восточной Европе.

Хотя область популяций, максимально сходных с казанскими татарами (темно-зеленые тона, показывающие минимальные генетические расстояния $0<d<0.05$) невелика, ареал популяций, окрашенных в желто-зеленые тона небольших генетических

расстояний (0.05<d<0.10), чрезвычайно обширен (рис. 5.24). Этот ландшафт почти полностью вторит ландшафту Северо-Восточной Европы (рис. 5.10), детально описанному в первой серии карт (раздел 5.1.). Вся северная и западная часть ареала сходных популяций практически та же (за исключением разве что побережья Баренцева моря) – она включает не только западных финнов и балтов, но и запад Фенноскандии (рис. 5.10). На юге этого ареала границей вновь служит Волга.

Но есть и разница. В отличие от народов Северо-Восточной Европы, область сходных генофондов охватывает Татарстан и часть популяций Башкортостана, указывая на наличие общего североевропейского субстрата и у них. Если бы надо было дать выразительное название наиболее характерным чертам этой карты, то ее можно было бы назвать ландшафтом «левобережья Волги» — так как Волга практически на всем своем течении ограничивает ареал генофондов, сыгравших наиболее важную роль в сложении генофонда казанских татар. И приходится отметить, что Y-хромосомный генетический ландшафт не подтверждает ни булгарскую, ни золотоордынскую версии этногенеза казанских татар, а вместо этого подчеркивает мощный североевропейский генетический субстрат в их генофонде.

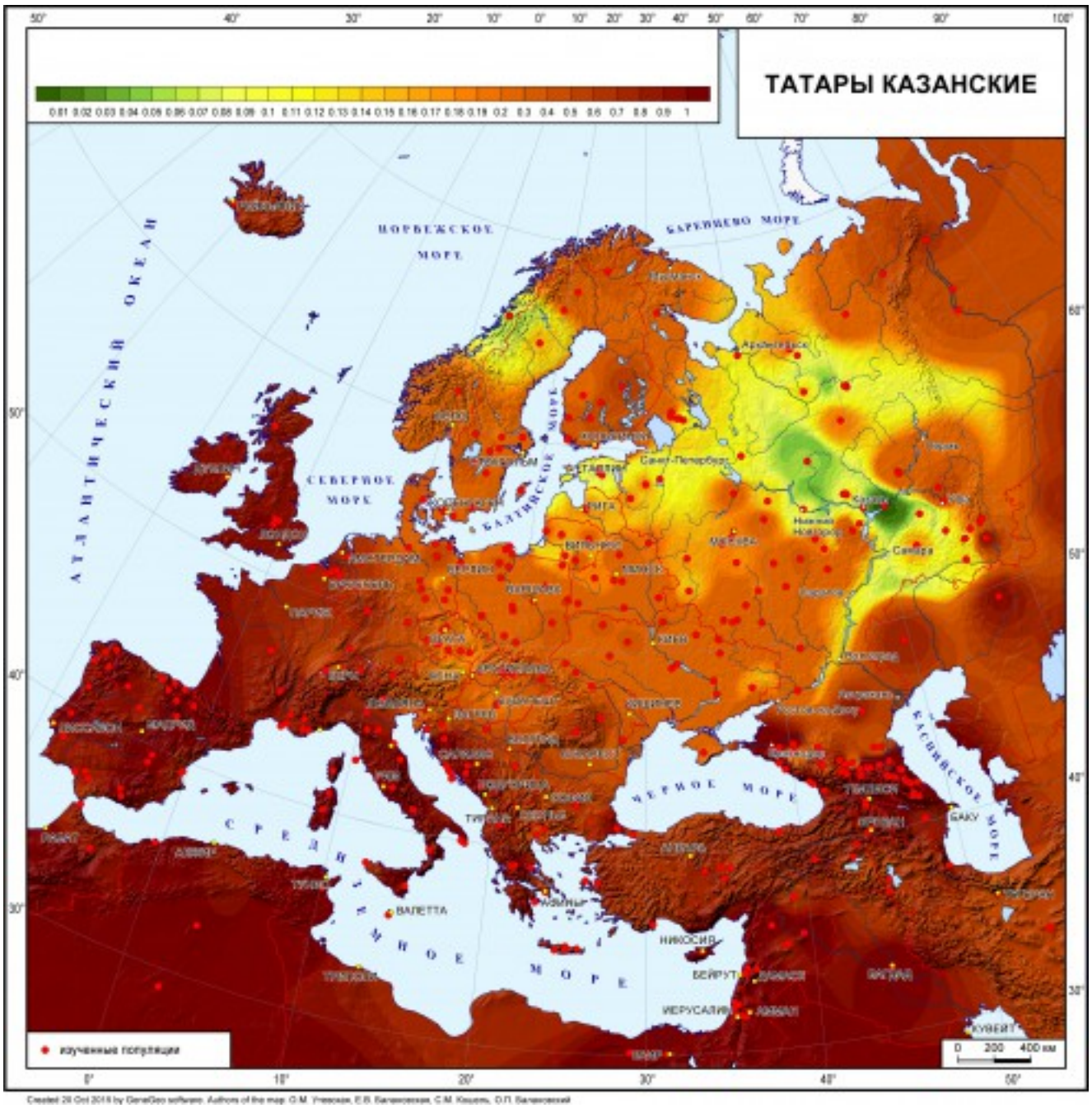

Рис. 5.24. Карта генетических расстояний от казанских татар (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДОМ МИШАРЕЙ (рис. 5.25)

Численность мишарей указать не просто, так как в последних переписях они не выделялись из совокупности татар, но в переписи 1926 года их численность оценивалась около 200 тыс. Из их обширного ареала к настоящему времени по Y-хромосоме изучены только популяции мишарей Татарстана. И хотя в Татарстане мишари явно уступают по численности казанским татарам, однако они обнаруживают новый, ранее еще невиданный, генетический ландшафт. Поражает его обширность – зона генетического сходства (минимальных и небольших расстояний) простирается от южного Урала до Белого и Балтийского морей (рис. 5.25). Но самая удивительная черта – это то, что здесь Волга не служит границей, как мы это видели практически на всех картах. Напротив, Волга является центром – во всем ее течении области генетически сходных популяций расположены на ее обоих берегах. Генетический ландшафт мишарей объединяет карты первой (рис. 5.10) и второй (рис. 5.21) серий. Но при этом генетический ландшафт мишарей ограничен с запада и с юга – в отличие от карт второй серии, зона генетического сходства в западном направлении доходит лишь до Прибалтики, но не покрывает ареал западных славян, не заходит она ни к украинцам, ни на юг России, но тянется широкой полосой светло-зеленых интервалов от Прибалтики до Поволжья и Южного Урала.

Неожиданность генетического ландшафта мишарей позволяет выдвинуть рабочую гипотезу, требующую тщательной проверки. Можно допустить, что «левобережно-волжская» часть ландшафта, практически повторяющая предыдущую карту (рис. 5.24) – генетического ландшафта казанских татар — связана с потоком генов к мишарям от более многочисленного генофонда казанских татар. В этом случае «правобережно-волжскую» часть можно считать «собственным» генетическим ландшафтом мишарей, который, возможно, несет следы древнего балтского генофонда.

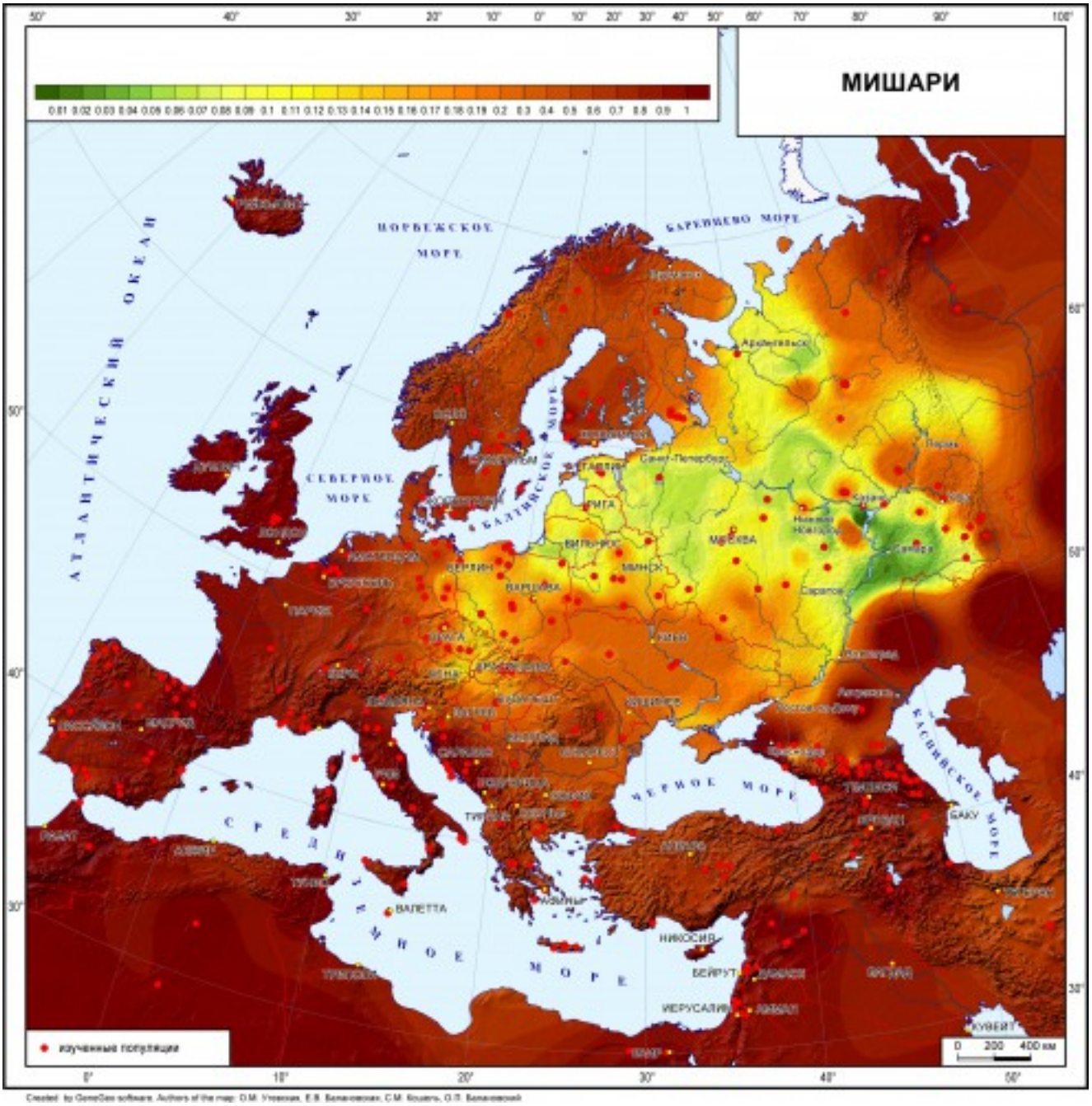

Рис. 5.25. Карта генетических расстояний от мишарей (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДОМ ЧУВАШЕЙ (рис. 5.26)

Следующий генофонд в нашем продвижении с востока на запад — чувашский, который в данных по широкой панели гаплогрупп Y-хромосомы пока представлен единственной популяцией, изученной на территории Татарстана. Но вопреки и ее географическому соседству с мишарями и казанскими татарами, и их общей принадлежности к тюркским языкам, и большой численности (по переписи 2010 года, чувашей в России около 1.5 млн. человек) чуваши являют собой генетический остров – мы вообще не обнаруживаем других популяций, генетически с ними сходных.

Сразу вспоминается, что чувашский язык – единственный уцелевший из булгарской ветви тюркских языков. Уникален он и тем, что ответвляется от общего ветви тюркских языков раньше всех и, похоже, первым проникает в Европу, двигаясь на запад с дальней прародины тюрков. Путь этот был не только длинным, но и долгим – с неизбежными контактами и заимствованиями на пути. Поэтому не удивительно, что в культуре чувашей предполагается значительный пласт, связанный с культурой древних земледельцев Передней Азии. Трудно об этом не вспомнить при взгляде на генетический ландшафт чувашей. Впервые, в отличие всех ранее рассмотренных карт, мы видим, что южные территории – Кавказа, Закавказья и Передней Азии – окрашены вовсе не в максимальные темно-красные тона генетических расстояний как на всех предыдущих

генетических ландшафтах, а в оранжевые тона умеренно больших генетических различий. И действительно, своеобразие генофонда чувашей задается в первую очередь резко повышенными (по сравнению со всеми соседями) частотами гаплогрупп **E** и **J**, типичных для Передней Азии.

В целом, генетический ландшафт чувашей не противоречит (в отличие от ландшафта казанских татар) «булгарской» версии их этногенеза. Однако для решительных выводов необходимо, конечно, детальное изучение всех трех этнографических групп чувашей, каждая из которых испытала влияние разных соседних этносов. Сложив эту мозаику, мы, возможно, сумеем разглядеть наиболее древний генетический пласт в генофонде чувашей.

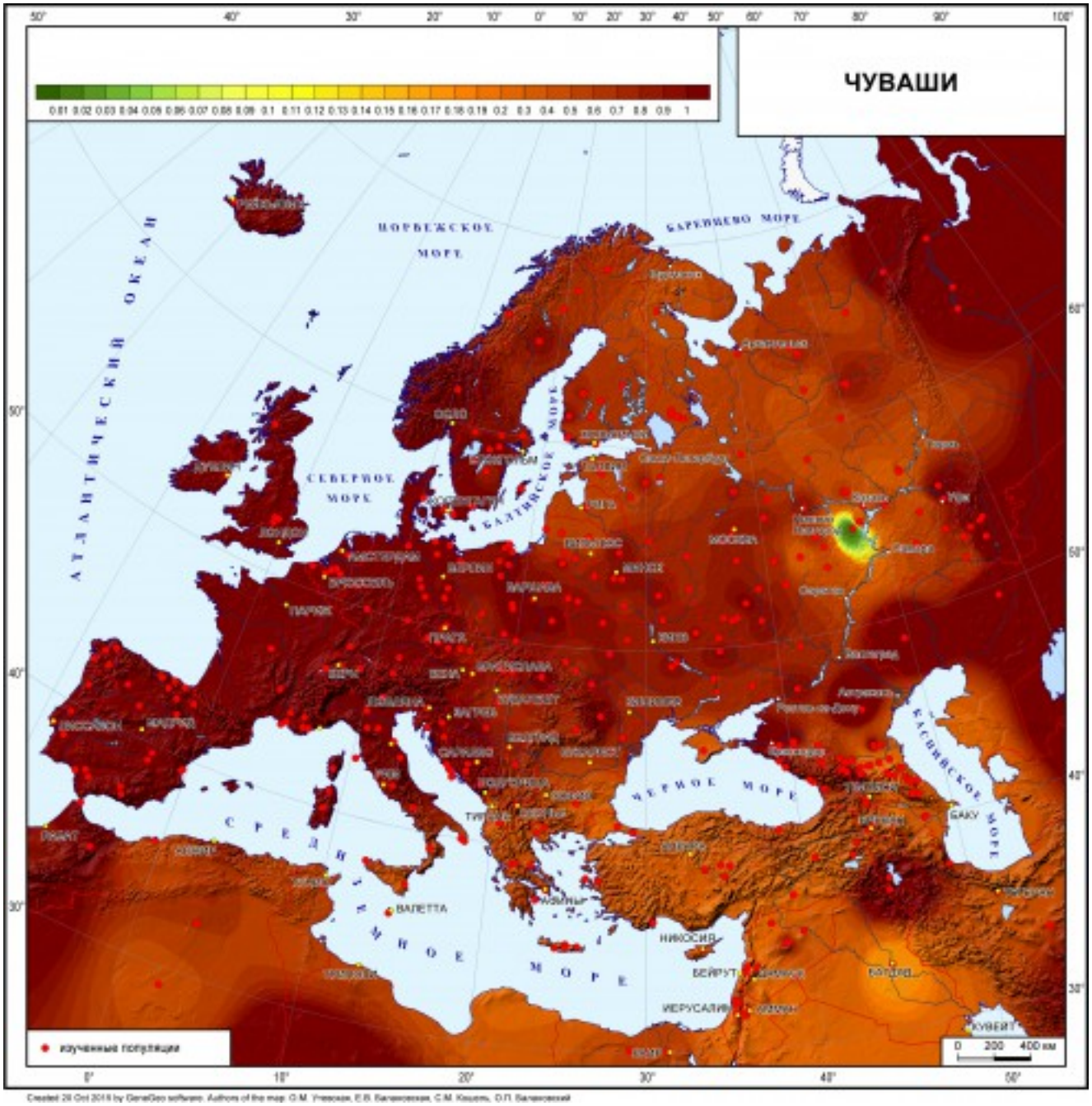

Рис. 5.26. Карта генетических расстояний от чувашей (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДАМИ МОКШИ (рис. 5.27) И ЭРЗЯ (рис. 5.28)

Часто возникающий вопрос о том, являются ли мокша и эрзя разными народами или же субэтническими группами одного этноса — мордвы – может быть адресован не к генетикам, а лишь к этнологам. Отметим лишь, что мордва – это экзоэтноним,

а мокша и эрзя – самоназвания. Лингвистика выделяет их языки как самостоятельные, а не диалекты — существенная разница в фонетическом строе, лексике и грамматике не позволяет их носителям понимать друг друга. Наиболее близкими к ним являются ныне мертвый мещерский язык , а также марийский и языки прибалтийских финнов. По данным переписи 1989 г. только в республике Мордовия насчитывалось более 180 тыс. мокшан. По данным последней переписи, 50 тыс. человек причислили себя к мокше, 80 тыс. человек — к эрзе, а 700 тыс. человек назвали себя мордвой.

Но генетика изучает популяции всех уровней этнической и субэтнической иерархии, и сходство или же различия их генофондов не могут служить указанием на то, кто из них является этносом, а кто — субэтнической группой. В первой серии карт мы уже видели, что части одного этноса могут быть генетически не схожи (как северная и южная части русского генофонда), в то время как разные этносы могут быть генетическими близнецами (как, например, центрально-южная половинка русского генофонда и белорусы). Определяющим фактором может быть лишь самосознание самих русских и белорусов, мокши и эрзя, и других подобных общностей. Поэтому, ни в коем случае не обращаясь к решению вопроса, являются ли мокша и эрзя самостоятельными этносами или же частями одного этноса — мордвы, рассмотрим их генофонды отдельно, поскольку для них характерны разные геногеографические ландшафты.

Генетический ландшафт мокши (рис. 5.27) указывает на яркое своеобразие их генофонда – область генетически близких значений охватывает лишь небольшой ареал популяций среднего течения Волги, строго ограничиваясь ее правобережьем.

Генетический ландшафт эрзян (рис. 5.28), напротив, поражает обширнейшим ареалом генетически близких популяций. Этот ареал уже хорошо узнаваем – это все тот же хорошо знакомый нам по второй серии карт (раздел 5.2.) генетический ландшафт «северных славян» (рис. 5.21). При этом ярко-зеленые области генетически близких значений включают в себя не только ареал белорусов, центральных и южных русских популяций, но и Польшу, и запад Германии, и Словакию, оставляя Украине и левобережью Волги область умеренно близких частот, окрашенных желтыми тонами. Обратим особое внимание, что в отличие от мокшан, генофонд эрзян генетически далек от крымских татар.

Такое яркое различие между генетическими ландшафтами мокши и эрзи служит важным аргументом, что при описании характеристик генофонда Мордовии недостаточно просто указание «мордва», и необходимо указывать, популяции мокши или же эрзи были включены в анализ.

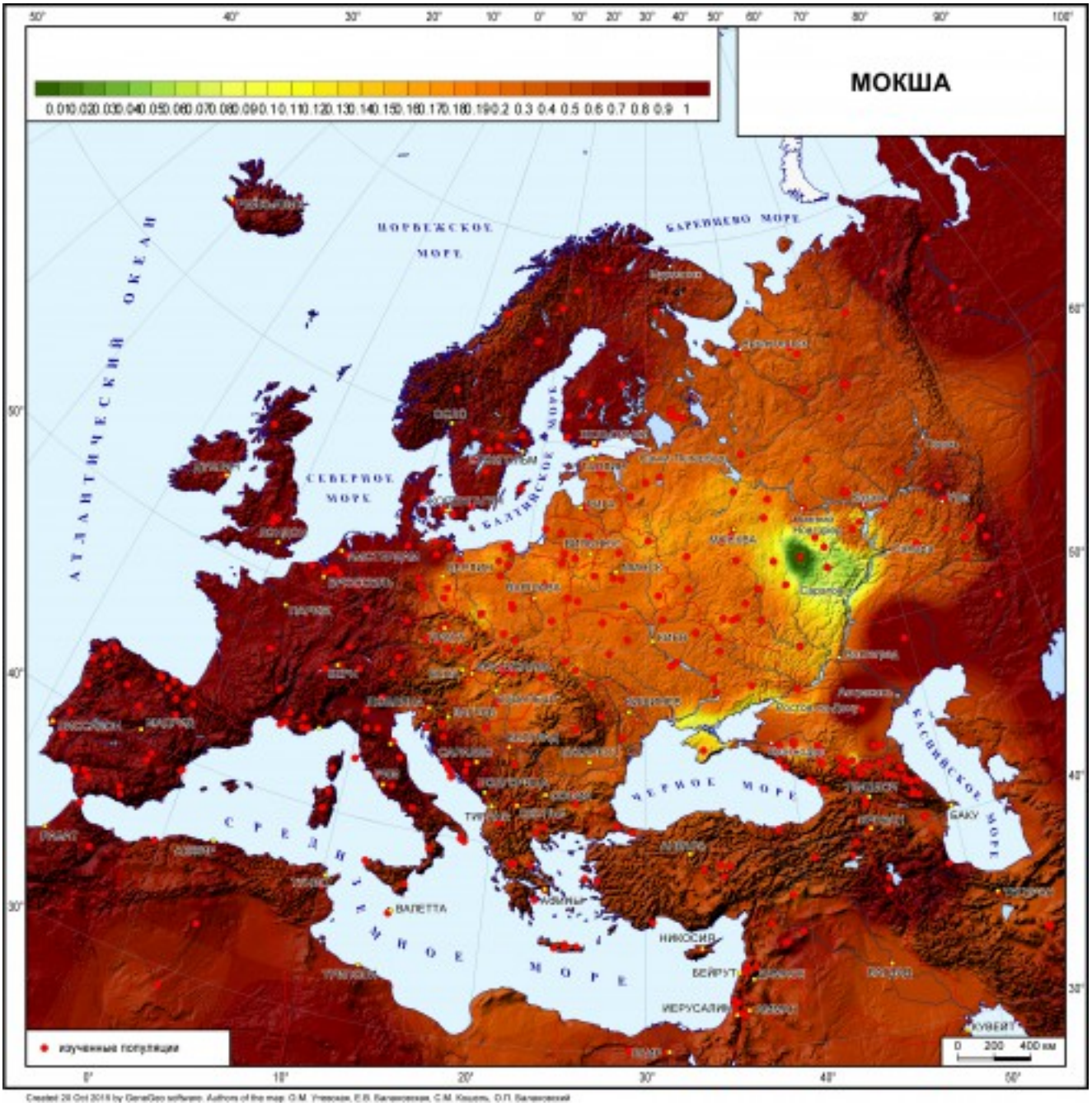

Рис. 5.27. Карта генетических расстояний от мокши (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

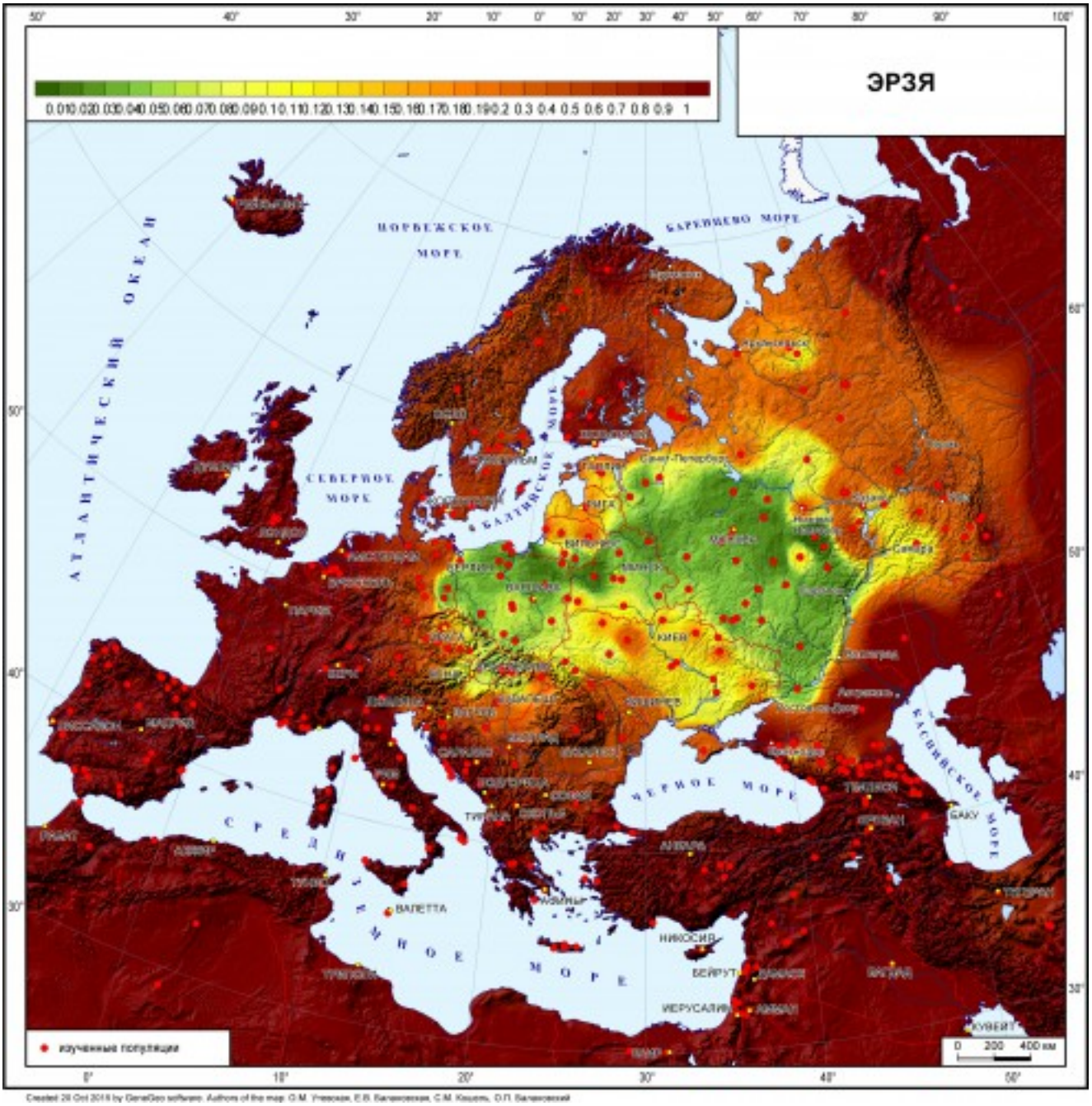

Рис. 5.27. Карта генетических расстояний от эрзян (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).