

Белорусские татары донесли до Европы гены Золотой Орды

Генетический анализ польско-литовских татар Белоруссии обнаружил след степных кочевников

Изучен генофонд популяции польско-литовских татар (липков), проживающих в Белоруссии. В их генофонде примерно две трети составляет западноевразийский компонент и одну треть – восточноевразийский. Очевидно, последний отражает влияние дальних миграций – степных кочевников Золотой Орды, поселившихся в Центральной и Восточной Европе. Поскольку эти мигранты переняли славянский язык, об их степных корнях свидетельствуют, главным образом, гены.

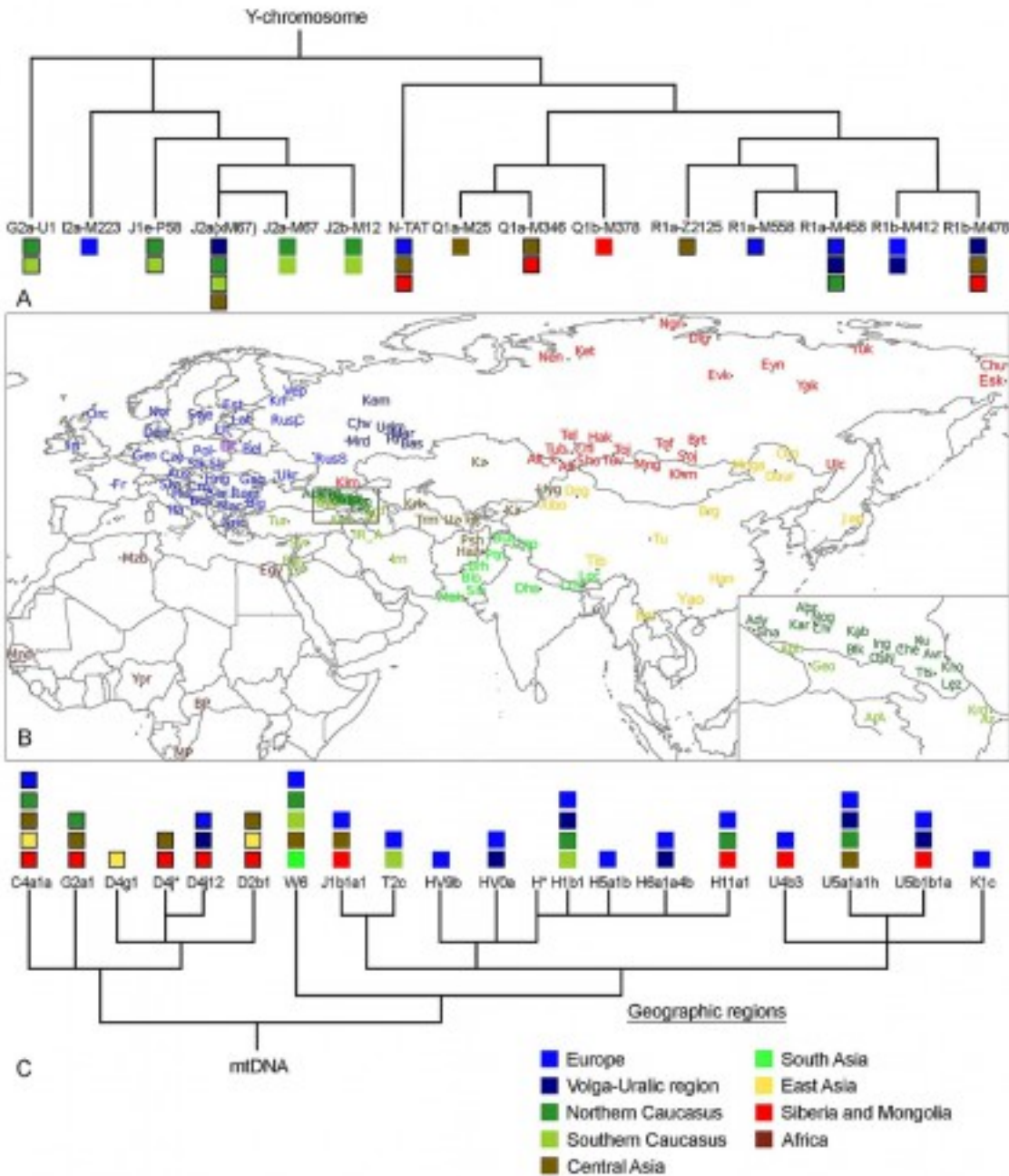
В статье, опубликованной в журнале Scientific Reports, приведены результаты генетического исследования польско-литовских татар (их именуют липками) на территории Белоруссии. Эта этническая группа сложилась в период средневековья в результате взаимодействия степных кочевых народов и оседлых народов Восточной Европы, и ее происхождение для генетиков очень интересно. Основные авторы статьи представляют Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси и Эстонский биоцентр в Тарту (первый автор Василий Панкратов, руководитель Алена Кушнаревич).

Кроме Белоруссии, татары-липки проживают также в Литве и Польше, их общая численность – около 12 тысяч человек, они говорят на славянском языке, по вероисповедованию преимущественно мусульмане-сунниты. По свидетельствам исторических источников, они пришли в Великое княжество Литовское из Золотой Орды в период с конца XIII в. до середины XVI в., основу этнической группы составили татары, поступившие на службу к литовским князьям. В процессе формирования на них также оказали влияние миграции из Крыма, Приазовья и с Дона. В этой этнической группе произошла смена языка — к началу XVII века липки сменили тюркский язык на славянский, но вероисповедание сохранили. В Белоруссии проживает самая большая популяция польско-литовских татар, которая насчитывает более 7 тысяч человек. Авторы статьи используют аббревиатуру БЛТ (белорусские липки-татары).

В работе анализировали 120 образцов полностью секвенированной мтДНК, включая 11 образцов БЛТ и другие образцы из 35 популяций; 1628 STR-гаплотипов из 81 популяции, включая 74 гаплотипа БЛТ; 1231 широкогеномный генотип из 87 популяций, включая 6 генотипов БЛТ.

Как показали результаты, Y-хромосомный генофонд БЛТ включает 15 гаплогрупп, некоторые из которых имеют четкую географическую привязку: Восточная Европа и Волго-Уральский регион (N-Tat, R1a-M458, R1a-M558, R1b-M412 и R1b-M478), Центральная Азия (R1a-Z2125 и Q-M242), Южная Сибирь (Q-M242 и R1b-M478), Кавказ и Ближний Восток (G2a-U1, J1-P58, J2a-M410 и J2b-M12). Так, гаплотипы Q1a-M346, R1b-M478 и R1a-Z2125 сходны у БЛТ с тюркоязычными популяциями Центральной Азии (киргизы, казахи, узбеки), а гаплотипы G2a-U1 и J1-P58 сходны с кавказскими популяциями. Что касается живущих с ними на одной территории белорусов, то хотя состав гаплогрупп БЛТ и белорусов перекрывается, по частотам гаплогрупп между ними имеются достоверные различия.

В митохондриальном генофонде БЛТ доминируют гаплогруппы C, G и D. Обнаруженные у БЛТ гаплотипы распространены в Центральной Азии (у казахов, киргизов), в Волго-Уральском регионе (волжские татары, калмыки), Сибири (якуты, эвенки) и даже в Восточной Азии (китайцы хань, тибетцы). Таким образом, как отцовские, так и материнские линии наследования хранят следы отдаленных генетических потоков, свидетельствующих о дальних миграциях в истории популяции.



А. Схема филогении гаплогрупп Y-хромосомы, обнаруженных у белорусских татар липок. В. Карта с указанием местоположения популяций, использованных в работе. Регион Кавказа выделен в рамку и показан в правом нижнем углу карты в большем масштабе. Популяция БЛТ обозначена фиолетовым цветом. С. Схема филогении митохондриальных гаплогрупп, обнаруженных у белорусских татар липок. Внизу обозначены цвета, соответствующие разным регионам.

На следующем этапе авторы анализировали широкогеномные (в пределах всего генома) данные по однонуклеотидному полиморфизму (SNP-маркерам) в образцах БЛТ и других популяций. На основе этих данных они провели анализ главных компонент PCA, который указал место БЛТ на генетической карте Евразии. На графике PCA белорусские татары липки формируют плотную группу, располагаясь между Центрально-Восточной Европой и Центральной Азией. Наименьшее генетическое расстояние между БЛТ и волжскими татарами, ногайцами с Северного Кавказа, таджиками и узбеками из Центральной Азии.

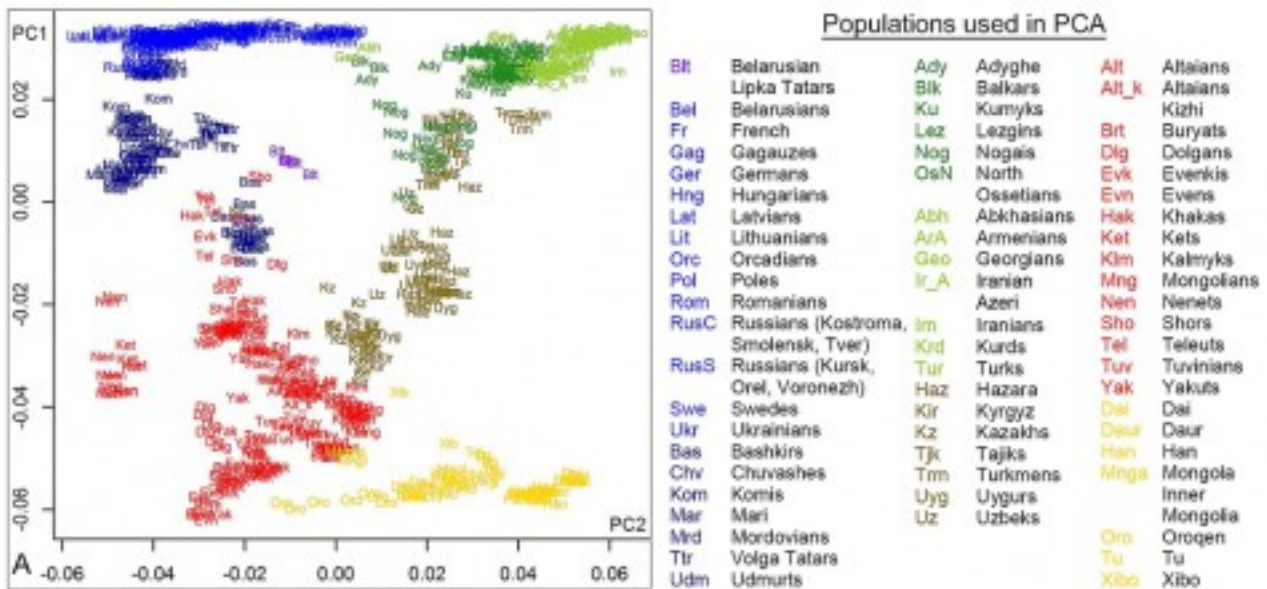


График анализа главных компонент (PCA), построенный по полногеномному разнообразию SNP-маркеров в 63 популяциях.

Для того, чтобы охарактеризовать спектр предковых компонентов в геноме БЛТ, авторы провели анализ ADMIXTURE. Задав условное число предковых популяций $k=6$, авторы показали, что две трети генома БЛТ состоят из европейского (синий) и ближневосточно-кавказского (голубой) компонентов. Оставшаяся треть принадлежит к двум вариантам восточноевразийского компонента: оранжевый характерен для китайцев хань, а желтый — для Сибири.

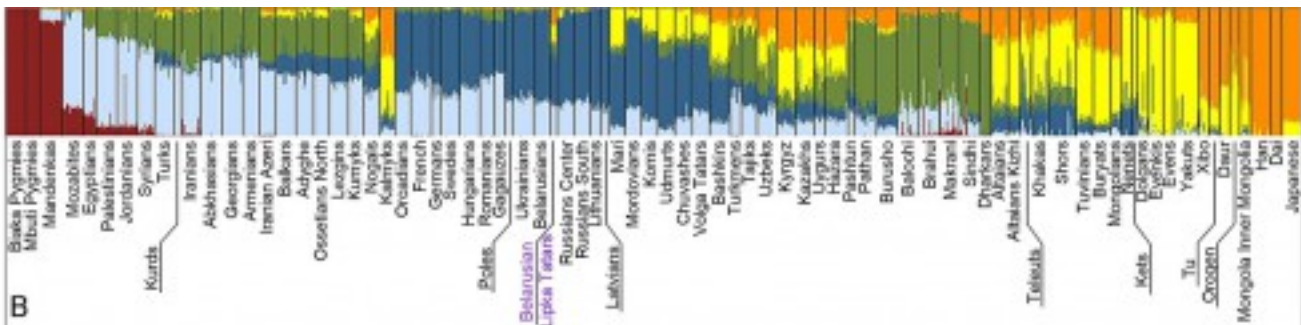


График ADMIXTURE – структура предковых компонентов у белорусских татар липок и других популяций (всего 81 популяция). Число предковых компонентов $k=6$.

Вместе взятые, методы PCA и ADMIXTURE свидетельствуют о том, что в аутосомных геномах БЛТ (не включая Y-хромосому и мтДНК) значительную долю представляют аллели, характерные для Восточной Евразии.

Еще один метод анализа, который использовали авторы, состоит в оценке числа сегментов общего происхождения (IBD сегментов) в геномах БЛТ и окружающих популяций. Оказалось, что наибольшее число сегментов общего происхождения БЛТ разделяют с популяциями Центральной и Восточной Европы, а на втором месте находятся популяции Волго-Уральского региона.

Наконец, оценка степени гомозиготности показала, что общее число и длина гомозиготных сегментов у БЛТ выше, чем у белорусов и сравнима с популяциями Южной Сибири (алтайцы, буряты, тувинцы), что говорит о высокой степени эндогамии (браков внутри своей группы).

Выводы

Итак, как показало исследование, хотя в генофонде БЛТ доминирует западноевразийский компонент, но содержится и довольно высокая доля (30%) восточноевразийского компонента. В этом отличие БЛТ от окружающих популяций –

белорусов, поляков, литовцев. Y-хромосомные и митохондриальные гаплотипы указывают на источники этого компонента -Центральная Азия, Сибирь, Монголия. Авторы делают вывод, что этот восточноевразийский компонент, скорее, является результатом дальних миграций, нежели длительной генетической диффузии.

Поскольку восточноевразийский компонент прослеживается не только по мужской линии наследования, но и по мтДНК и аутосомным маркерам, скорее всего популяцию БЛТ основали не только татарские легионеры, перешедшие на службу к литовским князьям, но и кочевые племена, переселившиеся в Восточную Европу и осевшие там целыми семьями.

В том, что этот компонент сохранился на протяжении всего проживания БЛТ в Европе, сыграла роль частичная генетическая изоляция популяции татар липок. Хотя с течением времени в их генофонде увеличивалась доля западноевразийского генетического вклада через потоки генов от местного населения. В исторических источниках зарегистрированы браки между мужчинами БЛТ и местными женщинами в период Великого княжества Литовского. А сходство между БЛТ, белорусами и поляками по гаплогруппе R1a-M458 указывает и на мужской поток генов от окружающих популяций к БЛТ.

Притом, что их предки говорили на тюркском языке, оказавшись в Восточной Европе, БЛТ довольно быстро сменили его на славянский. Тем не менее, подчеркивают авторы, сохранившиеся в их среде родовые названия восходят к тюркоязычным племенам Золотой Орды.

Польско-литовских татар можно рассматривать как уникальный пример мигрантов из евразийских степей в Европу, которые сменили кочевой образ жизни на оседлый, тюркский язык на славянский, но в своих генах сохранили память о степных предках.

текст Надежды Маркиной

Источник:

East Eurasian ancestry in the middle of Europe: genetic footprints of Steppe nomads in the genomes of Belarusian Lipka Tatars

Vasili Pankratov, Sergei Litvinov, Alexei Kassian, Dzmitry Shulhin, Lieve Tchebotarev, Bayazit Yunusbayev, Märt Möls, Hovhannes Sahakyan, Levon Yepiskoposyan, Siiri Roots, Ene Metspalu, Maria Golubenko, Natalia Ekomasova, Farida Akhatova, Elza Khusnutdinova, Evelyne Heyer, Phillip Endicott, Miroslava Derenko, Boris Malyarchuk, Mait Metspalu, Oleg Davydenko, Richard Villems & Alena Kushniarevich

