В генофонде тувинцев след монгольской экспансии незначителен

Республика Тыва находится на пересечении древних и современных миграционных путей, связывающих восток и запад Евразии. Поскольку история Тывы долгое время была связана с Монголией, историки предполагают значительное влияние монгольских племен на ее население. Но оставила ли монгольская экспансия свой след в генофонде тувинцев? Генетики попробовали выяснить это, изучив изменчивость Y-хромосомы двух тувинских родов, для которых предполагается наибольшее монгольское влияние. Спектры Y-хромосомных гаплогрупп обоих родов — *монгуш* и *ооржак* - оказались сходными. В среднем две трети их генофондов (63 %) составляют «североевразийские» гаплогруппы (N*, N1a2, N3a, Q), а «центральноазиатские» гаплогруппы (C2, O2) — менее пятой части (17 %) генофонда. Для монголов наблюдается прямо противоположное соотношение: 10 % «североевразийских» и 75 % «центральноазиатских» гаплогрупп. Анализ не выявил явного влияния монгольской экспансии на генофонд изученных тувинских родов и тувинцев в целом. Генетическое сходство этих родов с популяциями Хакасии и Алтая позволяет сделать вывод об формировании их генофондов на основе автохтонного населения (предположительно, самодийско-кетского).

Генофонд любого народа хранит его биологическую историю. Изучая его, можно прочитать, какие популяции и в какое время внесли свой вклад в формирование современного населения. Если же в структуре общества сохранилась родовая структура, она служит дополнительным ориентиром для генетиков, поскольку принадлежность к роду наследуется по мужской линии, так же как и Y-хромосома. К таким народам, с сохранившейся родовой структурой, относятся и тувинцы. Специалисты из нескольких научных центров — Кызыла (Республика Тыва), Москвы, Астаны (Казахстан), Уфы и Кемерово — исследовали генофонд тувинцев на примере двух наиболее многочисленных тувинских родов. Результаты исследования опубликованы в двух статьях: в «Вестнике Вавиловского общества генетиков и селекционеров» и в «Вестнике Тувинского государственного университета». В работе удалось найти ответ на один из главных вопросов этногенеза тувинцев – — каков вклад монгольской экспансии в из генофонд? А заодно продемонстрировать возможности комплексного подхода к изучению родовой структуры тувинцев.

Республика Тыва (Тува) расположена в самом сердце Азии – ее географическом центре, среди гор и предгорий Алтае-Саян. Через Тыву проходили и древние миграционные пути, и более поздние, соединявшие восток и запад Евразии. В течение длительного времени здесь происходило смешение различных племен, смена языков и культурно-религиозных практик. В разные исторические периоды территория современной Тувы входила в состав различных государственных образований: империи Хунну, Древнетюркского, Уйгурского, Древнекыргызского каганатов, Монгольской империи Чингизидов, маньчжурской империи Цин. Сейчас тувинцы говорят на языке тюркской семьи, при этом исповедуют буддизм, хотя среди населения сохраняются и традиционные практики (шаманизм). Очень интересно, как миграции и смешения отразились на генофонде тувинцев, в частности, степень монгольского влияния остается актуальной проблемой их этногенеза. Авторы работы напоминают, что историческая судьба в течение долгого времени объединяла тувинские и монгольские племена, входившие в рамках Внешней Монголии в состав Китая (империи Цин). Тувинский народ обрел независимость в 1921 году с возникновением Тувинской народной республики, впоследствии вошедшей в состав СССР.

Антропологическое исследование тувинцев показало, что население, с одной стороны, имеет сходство с казахами, алтайцами, киргизами, а с другой – с монголами и якутами. Анализ соотношения двух компонентов – южносибирского и центральноазиатского привел антропологов к выводу, что южносибирский пласт в этногенезе тувинцев был более ранним.

Гипотезы происхождения тувинских родов

Для исследования монгольского следа в генофонде тувинцев авторы работы выбрали именно те тувинские рода, для которых монгольское влияние предполагается наиболее значимым. Это семь из 26 тувинских родов, из которых два – наиболее многочисленны: *монгуш* и *ооржак* (суммарно они составляют треть численности всех тувинцев). Исходной территорией проживания этих родов служили западная и частично центральная Тыва. Сегодня представители рода *монгуш* (около 57.5 тысяч человек) проживают по всей республике, а рода *ооржак* (около 25 тысяч человек) – в основном в Западной Тыве.

В рамках историко-этнографического подхода нет однозначного мнения о происхождении этих родов — существуют две основные гипотезы: «монгольская» и «тюркская». В соответствии с монгольской гипотезой, этноним «монгуш» происходит непосредственно от этнонима «монгол», а этноним «ооржак» происходит от старомонгольского «огурчак» (брошенный, покинутый, одинокий) и современного монгольского «оорцог» (обособленный, отдельный). «Тюркская» гипотеза связывает этноним «ооржак» с тюркским «огур» (от которого впоследствии произошел «уйгур»). А этноним «монгуш», по мнению тюрколога-тувиноведа Б.И.Татаринцева, имеет близкие по звучанию соответствия в киргизском, башкирском, чувашском,

якутском и древнетюркском языках.

Таким образом, для обоих наиболее многочисленных родов тувинцев существуют две альтернативные версии их происхождения: одна возводит их этногенез к монголам или в целом к пришлому населению из Центральной Азии, вторая версия связывает их происхождение с автохтонным населением, которое позднее перешло на тюркский язык. Использованный в данной работе геногеографический подход позволил исследовать эту проблему с новой стороны — генетической.

Цель работы авторы сформулировали так – впервые по широкой панели SNP-маркеров Y-хромосомы изучить структуру генофонда наиболее многочисленных тувинских родов *монгуш* и *ооржак*, для которых предполагается значительный вклад «монгольского» компонента, выявить их генетические связи с народами Сибири и Центральной Азии и дать «верхнюю оценку монгольского влияния» на генофонд тувинцев в целом.

Была собрана выборка образцов венозной крови среди представителей родов *монгуш* и *ооржак* на территории Республики Тыва. Сбор образцов проходил в экспедициях, организованных под руководством д.б.н., профессора Медико-генетического научного центра Е.В.Балановской, при строгом соблюдении критериев: в выборку включали только неродственных между собой мужчин, все предки которых по отцовской линии до третьего поколения относили себя к данному роду и проживали на данной территории.

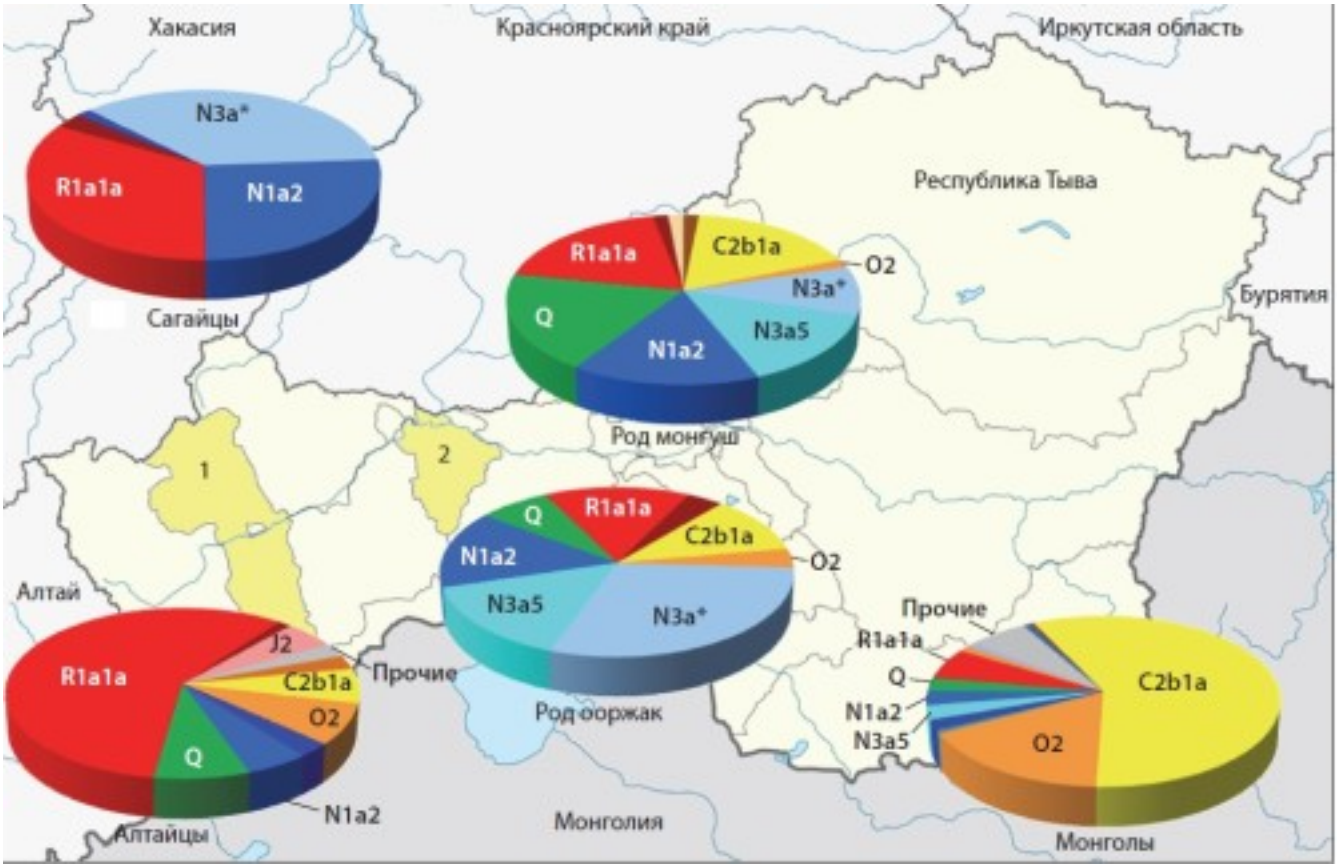
Было проведено генотипирование образцов по широкой панели SNP-маркеров, и на основе частот гаплогрупп Y-хромосомы в популяциях рассчитаны генетические расстояния. Для выявления генетических взаимоотношений между популяциями применили методы многомерного анализа.

Генетические портреты тувинских родов

В генофонде рода *монгуш* выявлено 10 гаплогрупп. Более трети генофонда (39 %) составили субветви гаплогруппы N. Из остальных гаплогрупп R1a1a, C2 и Q встречены с равными частотами (19 %).

В генофонде рода *ооржак* выявлено 9 гаплогрупп. С наибольшей частотой (30 %) встречена гаплогруппа N3a, с равными частотами (15 %) – гаплогруппы N1a2, N3a5, R1a1a. Более редки (7 %) гаплогруппы Q и C2b1a3.

Авторы подчеркивают, что в целом генофонды двух родов характеризуются сходным спектром гаплогрупп, хотя и различаются по их частотам. Две трети Y-генофондов обоих родов (в среднем 63 %) представлены «североевразийскими» гаплогруппами N и Q, тогда как «центральноазиатские» гаплогруппы C2 и O в генофондах тувинских родов, напротив, занимают весьма скромное место – в среднем 17 %.



Спектры гаплогрупп Y-хромосомы в генофондах тувинских родов ооржак, монгуш и соседних популяций Южной Сибири и Центральной Азии. Секторы на диаграммах отражают долю гаплогрупп в генофонде. 1 – Барун-Хемчикский кожуун (место сбора образцов представителей рода ооржак); 2 – Чаа-Хольский кожуун (место сбора образцов представителей рода монгуш).

Рассматривая отдельно каждую из встреченных в тувинских родах гаплогрупп, авторы отмечают следующие закономерности.

Гаплогруппа C2 достигает максимума в Центральной Азии, хотя ее варианты распространены и у других народов Сибири и Дальнего Востока. У изученных тувинских родов частота гаплогруппы C2 невелика – 19 % у *монгуш* и 11 % у *ооржак*, в то время как у монголов она составляет почти две трети генофонда и состоит из различных генетических линий (субгаплогрупп).

Гаплогруппа O, которую также можно считать характерной для популяций Центральной Азии, у тувинских родов редка: и у рода *монгуш*, и у рода *ооржак* обнаружено лишь по одному носителю этой гаплогруппы, тогда как у монголов она является второй по частоте.

Таким образом, условно «центральноазиатские» гаплогруппы C и O, составляющие три четверти генофонда монголов (75 %), встречаются с низкой частотой в генофонде даже тех тувинских родов, для которых предполагается максимальное влияние монгольской экспансии. Поэтому для генофонда тувинцев в целом можно ожидать, что частота этих гаплогруппп будет существенно ниже. Эти результаты позволяют считать, что невысокая доля «центральноазиатского» компонента в генофонде тувинских родов отражает небольшой генетический пласт, предположительно маркирующий следы монгольской экспансии, пишут авторы статьи.

Гаплогруппа N, распространенная по всему северу Евразии от Скандинавии до Дальнего Востока, в генофонде изученных тувинцев была представлена двумя ветвями – N1a2 и N3a.

Ветвь N1a2 максимальной частоты достигает в популяциях Западной Сибири и Южной Сибири. У тувинцев ее частота достигает 16 % у рода *монгуш* и 15 % у рода *ооржак*, тогда как у монголов ее частота в три раза меньше (5 %). Предполагается, что гаплогруппа N1a2 может отражать вклад самодийского компонента в генофонд тувинских родов.

Ветвь N3a является мажорной для рода *ооржак*, составляя почти половину его генофонда (45 %), и представлена двумя субветвями – **N3a** и **N3a5**. Эти же субветви характерны для рода *монгуш*, хотя и встречены с меньшими частотами: N3a – 9 %, N3a5 – 14 %.

Гаплогруппа Q. Основной ареал распространения гаплогруппы Q – Западная и Южная Сибирь. Гаплогруппа Q составляет

пятую часть генофонда рода *монгуш*, тогда как у монголов она встречена с частотой лишь 3 %. Наличие гаплогруппы Q в генофонде тувинских родов может отражать генетический вклад самодийских и палеосибирских племен.

Таким образом, в генофонде тувинских родов *ооржак* и *монгуш*, для которых предполагается наибольшее влияние монгольской экспансии, две трети генофонда представлены типичными «североевразийскими» гаплогруппами (58 % у *монгуш* и 67 % у *ооржак*). Это подтверждает гипотезу о значительном автохтонном компоненте в генофондах тувинских родов, тем более что N3a пока нигде не отмечена, кроме популяций Южной Сибири.

Гаплогруппа R1a1a. В пределах паневразийской гаплогруппы R1a1a выделяют две крупные генетические линии (субгаплогруппы): «европейскую» (маркер M458) и «азиатскую» (маркер Z93), почти отсутствующую на территории Европы (Балановский, 2015) и с наибольшей частотой встречающуюся в Южной Сибири и в северном Индостане. Она составляет ощутимую часть генофондов тувинских родов (19 % у *монгуш*, 15 % у *ооржак*); у монголов ее частота значительно ниже (6 %).

Это также свидетельствует в пользу гипотезы преобладания автохтонного компонента даже в генофонде тех тувинских родов, для которых предполагается наибольшее монгольское влияние. Если «североевразийские» гаплогруппы дополнить вариантами R1a1a, то на долю такого «не-центральноазиатского» компонента придется в среднем четыре пятых генофонда тувинских родов (*монгуш* – 77 %, *ооржак* – 81 %), в то время как у монголов – всего лишь 16 % их генофонда, что явно противоречит гипотезе о значительной роли монгольской экспансии в формировании генофонда тувинцев.

Тувинцы в генетическом пространстве Сибири и Центральной Азии

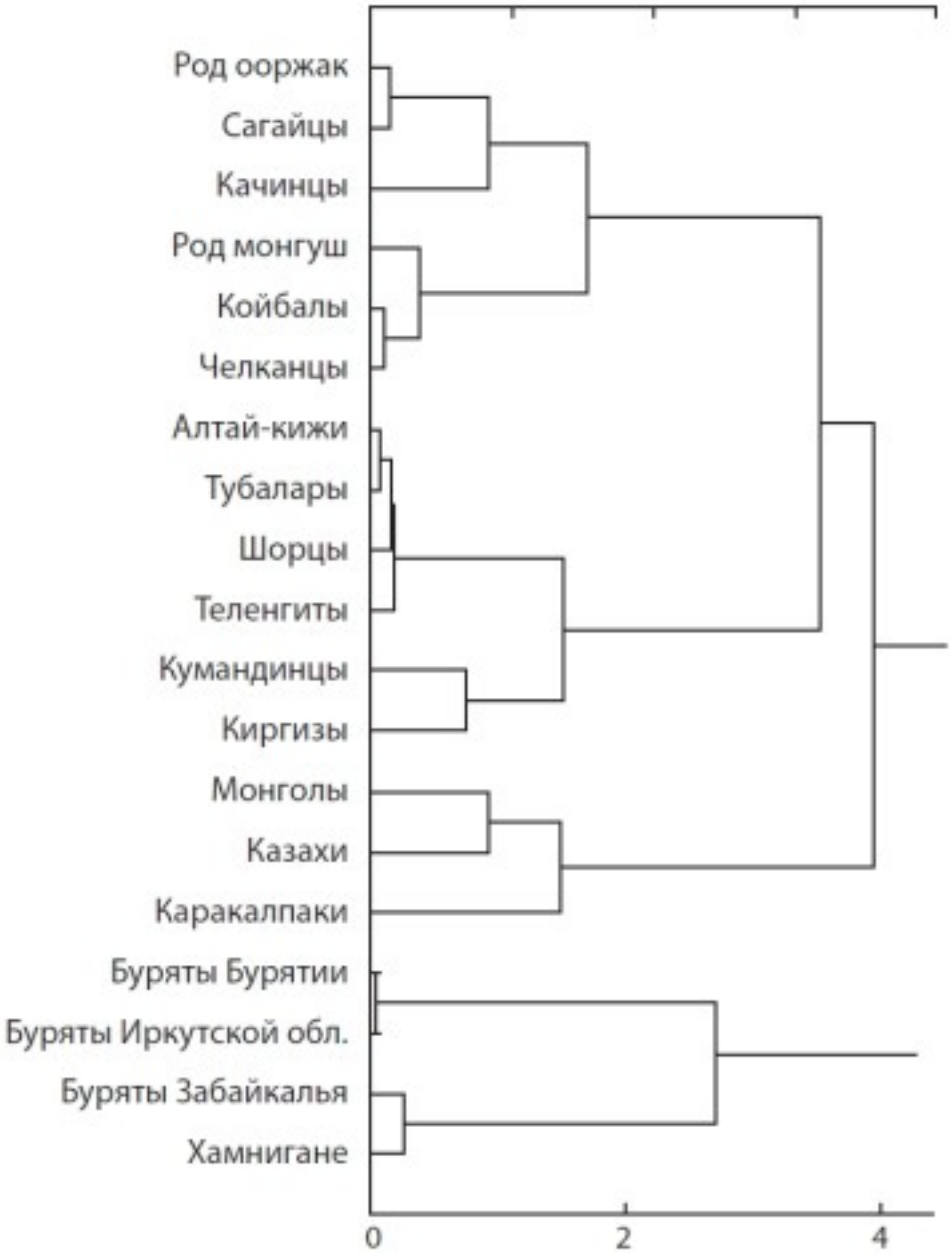
Изученный Y-хромосомный генофонд двух тувинских родов с помощью расчета генетических расстояний сравнили с генофондами других популяций Сибири и Центральной Азии. Все популяции разделили на генетически близкие к тувинцам (генетическое расстояние $d<1$) и генетически далекие (генетическое расстояние $d>1$).

В целом к изученным тувинским родам оказались генетически близки популяции хакасов, шорцев, северных алтайцев. Интересно, что хакасы-сагайцы почти в два раза генетически ближе к роду *ооржак* ($d = 0.16$), чем два тувинских рода друг к другу ($d = 0.28$), а другие группы хакасов – койбалы и кызыльцы – столько же генетически близки к роду *монгуш* ($d = 0.26$), как и сами тувинские рода друг к другу ($d = 0.28$). Буряты Забайкальского края (в среднем $d = 0.98$) фактически столь же генетически далеки от тувинцев, как и монголы (в среднем $d = 1.01$).

Монголы открывают список популяций, генетически удаленных от тувинцев в среднем ($d > 1$), однако род *монгуш* в два раза генетически ближе к монголам ($d = 0.65$), чем род *ооржак* ($d = 1.36$). Это указывает на относительно больший генетический вклад «центральноазиатского» компонента в генофонд рода *монгуш*, что согласуется с данными этнографии. Однако по абсолютной величине этот вклад остается малым по сравнению с генетическим вкладом автохтонного населения региона.

На основе величины генетических расстояний между популяциями авторы построили дендрограмму генетического взаиморасположения популяций.

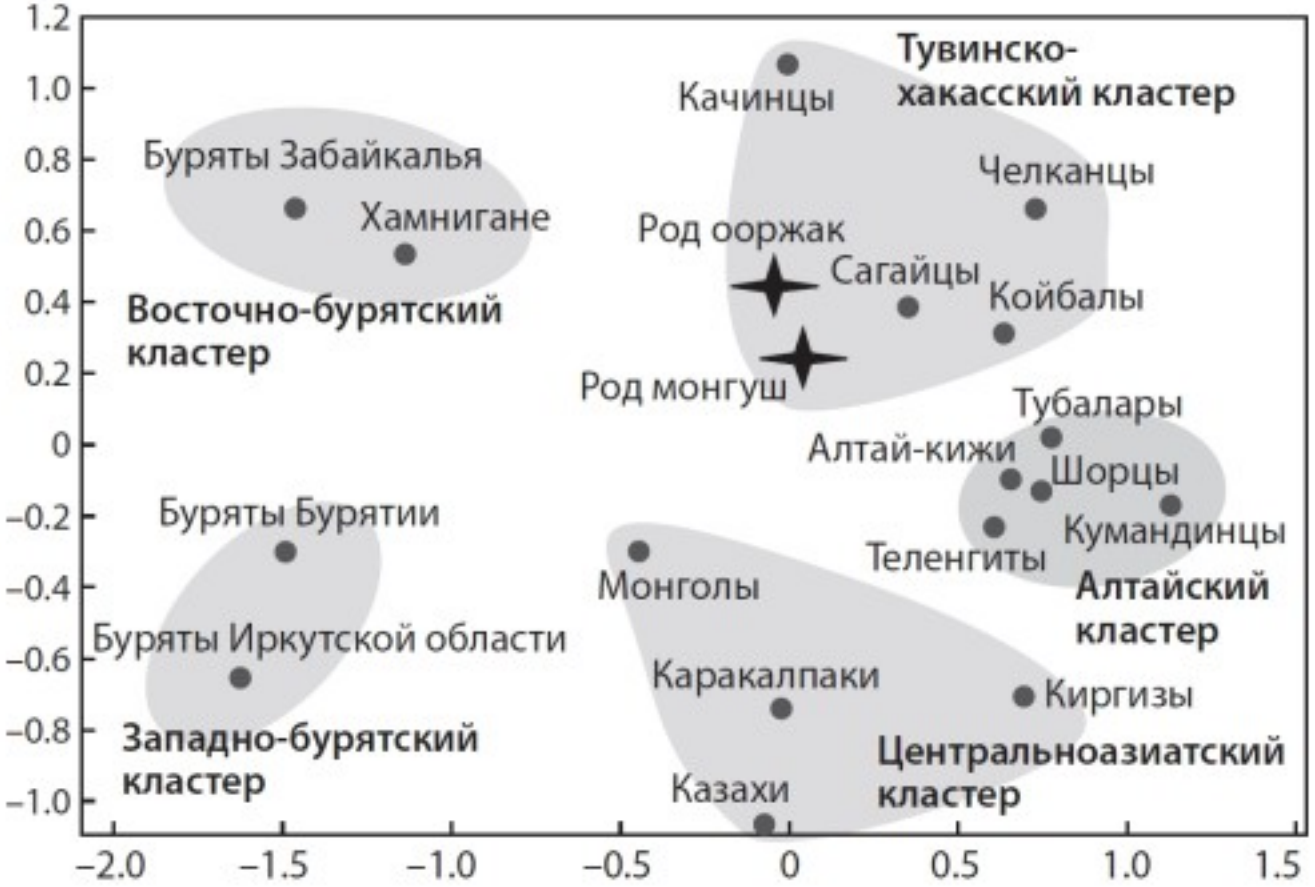
б



Дендрограмма генетического взаиморасположения популяций, построенная по величинам генетических расстояний.

На дендрограмме род *ооржак* вошел в генетический кластер с сагайцами и качинцами Хакасии, а род *монгуш* – в кластер с койбалами Хакасии и челканцами Северного Алтая. В соседний кластер вошли шорцы и другие группы алтайцев с присоединившимися к ним киргизами. Монголы же объединились вместе с казахами и каракалпаками в отдаленный от тувинцев кластер. Буряты и хамнигане образовали еще более генетически далекий кластер. Таким образом, дендрограмма хорошо иллюстрирует вывод о преобладании в генофонде тувинцев компонента, унаследованного от автохтонного населения, генетически сходного с западными соседями – современным населением Хакасии и Алтая, но далекого от современных южных и восточных соседей – монголов и бурят.

Наконец, авторы построили график многомерного шкалирования, наглядно представляющий генофонд изученных тувинских родов в генетическом пространстве Южной Сибири и Центральной Азии.



Генофонды тувинских родов монгуш и ооржак в контексте популяций Южной Сибири и Центральной Азии. Популяции тувинцев: род ооржак, род монгуш; народности Хакасии: качинцы, сагайцы, койбалы; северных алтайцев: челканцы, тубалары, кумандинцы; южных алтайцев: алтай-кижи, теленгиты. График многомерного шкалирования построен по частотам 75 гаплогрупп Y-хромосомы в 19 популяциях Южной Сибири и Центральной Азии.

В этом генетическом пространстве выделились пять кластеров. Огромное генетическое разнообразие популяций бурят отразилось в наличии двух четко отличающихся кластеров – западно-бурятского и восточно-бурятского. Монголы образовали центральноазиатский кластер вместе с каракалпаками, казахами и киргизами. Наиболее близки друг к другу в генетическом пространстве Сибири и Центральной Азии тувинско-хакасский и компактный алтайский кластеры.

В целом в столь масштабном контексте подтверждается та же картина – наибольшая генетическая близость обоих тувинских родов к популяциям Хакасии и Алтая, и слабый след центральноазиатского компонента, несколько более выраженный для рода *монгуш*, нежели для рода *ооржак*.

В заключении авторы подчеркивают, что сходные спектры гаплогрупп Y-хромосомы двух тувинских родов указывают на единство их происхождения. Однако проявившаяся несколько большая генетическая близость рода *монгуш* к монгольским популяциям может указывать на то, что они испытали большее влияние своих южных соседей. Причем остается открытым вопрос: являются ли центральноазиатские гаплогруппы C2 и O2 в генофонде родов *монгуш* и *ооржак* генетическим следом поздней монгольской экспансии (XIII-XIVвв.) или же более ранних миграций из Центральной Азии? Для ответа на этот вопрос будут проведены дальнейшее выявление новых субветвей Y-хромосомы и скрининг населения Северной, Центральной и Восточной Азии по SNP-маркерам этих новых субветвей.

Но самое главное, в работе однозначно показано, что основная часть генофонда тувинских родов, которые этнографы связывают с монгольской экспансией, унаследована от автохтонного населения Алтае-Саянского нагорья. По мнению авторов, преобладание в их генофонде «североевразийских» гаплогрупп Q, N1a2, N3a позволяет предположить, что он сформировался на основе самодийско-кетских племен, населявших территорию современной Тывы с эпохи неолита (VI–III тысячелетия до н. э.). Этот вывод согласуется с данными антропологов о древнем южносибирском пласте в формировании тувинцев.

Работа по исследованию Y-хромосомного генофонда двух тувинских родов – это первый шаг в реконструкции взаимодействия коренного населения Южной Сибири и Центральной Азии. Еще больше информации дает анализ генофондов народов Южной Сибири и Центральной Азии по широкогеномным панелям аутосомных маркеров, который

ведется в настоящее время.

Источники:

Дамба Л.Д., Балановская Е.В., Жабагин М.К., Юсупов Ю.М., Богунов Ю.В., Сабитов Ж.М., Агджоян А.Т., Короткова Н.А., Лавряшина М.Б., Монгуш Б.Б., Кавай-оол У.Н., Балановский О.П. Оценка вклада монгольской экспансии в генофонд тувинцев // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2018. 22(5):611-619
DOI 10.18699/VJ18.402

Дамба Л.Д., Айыжы Е.В., Монгуш Б.Б., Жабагин М.К., Юсупов Ю.М., Сабитов Ж.М., Агджоян А.Т., Маркина Н.В., Доржу Ч.М., Балановская Е.В., Балановский О.П. Комплексный подход в изучении родовой структуры тувинцев республики Тыва на примере родов монгуш и ооржак // Вестник Тувинского государственного университета. №2 Естественные и сельскохозяйственные науки. 2018. Т.37. №2. С. 37-44.

Тексты статей можно найти в Библиотеке сайта