

УДК: [39:398: 809.434.3:94/99:572]:470.57  
ББК: 63.5:82:81:63.3(2 Рос. Баш.):28.71

**Научное издание**

**Ответственные редакторы:**

д.ф.н., проф. Ф.Г. Хисамитдинова, д.г.н. А.В. Псянчин

**Редакционная коллегия:** д.ф.н. М.Х. Надергулов, д.и.н. Р.Н. Сулейманова, к.ф.н. Г.Р. Хусаинова, к.и.н. А.Ф. Илимбетова, к.и.н. М.М. Маннапов, к.и.н. З.И. Минибаева, к.и.н. З.М. Давлетшина, к.ф.н. Р.А. Сулейманова, к.и.н. Ш.Н. Исянгулов, к.филос.н. Р.Г. Шарипов, к.и.н. Я.В. Рафикова, к.и.н. Ю.А. Абсалямова, к.и.н. В.Г. Котов

**Рецензенты:** д.филос.н. А.Р. Янгузин, к.и.н. А.И. Кортуннов

**Этногенез. История. Культура: Вторые Юсуповские чтения.** Материалы Международной научной конференции, посвященной памяти Рината Мухаметовича Юсупова, г. Уфа, 13 ноября 2014 г. Уфа: ИИЯЛ УНЦ РАН, 2014. 348 с.

ISBN 978-5-91608-117-6

В сборнике материалов конференции опубликованы статьи участников Международной научной конференции «Этногенез. История. Культура: Вторые Юсуповские чтения», посвященной памяти Рината Мухаметовича Юсупова. В докладах отражены актуальные проблемы исторической антропологии, этногенеза, этнической истории, материальной и духовной культуры башкир и других народов Евразии.

Книга предназначена для антропологов, этнологов, археологов, филологов, литературоведов, а также всех интересующихся историей и культурой башкир и народов Евразии.

ISBN 978-5-91608-117-6

#### Литература и источники:

1. Ахметова Г.Ф. Башкирская женщина и современный город: конфликт или гармония? Уфа, 2001.
2. Женщины Башкирии. Уфа, 1968.
3. Красная Башкирия. 1931. 8 марта.
4. Красная Башкирия. 1931. 15 марта.
5. Красная Башкирия. 1932. 6 июля.
6. Красная Башкирия. 1932. 23 декабря.
7. Очерки по истории Башкирской АССР. Т. II. Уфа, 1966.
8. Резолюции областных конференций Башкирской партийной организации и Пленумов обкома КПСС (1917–1940 гг.). Уфа, 1959.
9. Сулейманова Р.Н. Использование женского труда в промышленности Башкирии в 1919-1940 гг. // История науки техники. 2008. № 6.
10. Труды Института истории, языка и литературы Уфимского научного центра Российской академии наук. Вып. III. Башкиры в Башкортостане в XX столетии: Исторические очерки. / Отв. редактор Р.Н. Сулейманова. Уфа: 2009.
11. Формирование и развитие советского рабочего класса Башкирской АССР. Ч. 1. Уфа, 1971.
12. ЦАОО РБ. Ф. 122. Оп. 12. Д. 530. Л. 111.
13. ЦАОО РБ. Ф. 122. Оп. 14. Д. 11. Л. 266, 274.
14. ЦАОО РБ. Ф. 122. Оп. 7. Д. 127. Л. 152.
15. Шкурат А.И. Женский труд в промышленности БАССР // Социалистическое хозяйство Башкирии. 1933. № 7–8.

Схаляхо Р.А., Агджоян А.Т., Балановская Е.В. (Москва)  
Юсупов Ю.М., Рыскулов Р.М. (Уфа)  
Мустафаева Л.А. (Симферополь)  
Жабагин М.К. (Астана, Казахстан)

#### ЭТНОГЕНЕТИКА: ИГНОРИРОВАТЬ НЕЛЬЗЯ ИСПОЛЬЗОВАТЬ? (ОПЫТ АНАЛИЗА ГЕНОФОНДОВ КАЗАХОВ, БАШКИР, ТЮРКОВ КАВКАЗА И КРЫМСКИХ ТАТАР)

Тенденцией современной науки является все возрастающее количество междисциплинарных исследований. На этом пути становится все более очевидным, насколько сложно найти гармонию в подходах гуманитарных и естественных наук при ответах на одни и те же вопросы даже тогда, когда все исследователи стремятся к консенсусу. Ярким примером такого успешного взаимодействия служит ученый, которому посвящена данная конференция. Р.М. Юсупов поднял на высокий уровень не только антропологию тюркских кочевых народов, но и показал эффективность совместных научных проектов с этнографами, историками, генетиками и т.д. Поскольку методология междисциплинарного взаимодействия вырабатывается в диалоге между представителями разных наук, в данной работе мы представляем опыт совместной работы генетиков и этнографов на том общем поле, где им друг без друга никак не обойтись. Эту область теперь часто называют этногенетикой.

Этногенетика является разделом популяционной генетики, имеет свои особые задачи и математические модели. Однако с точки зрения этнографа здесь важно иное – способность этногенетики реконструировать древние исторические пласты, выявляя динамику генофонда в пространстве и времени. При этом этногенетика умеет отличать (с определенной долей ошибок, конечно) факты от гипотез, и, что еще важнее, имеет инструмент для верификации гипотез. Цель данной публикации - очертить возможности этногенетики и попробовать поставить запятую в заголовке нашей статьи. Для этого мы бегло рассмотрим, могут ли генетики сказать этнологам что-то интересное или важное о четырех этнокультурных группах тюркоязычного мира Евразии - казахах, башкирах, тюрках Кавказа и крымских татарах, объединенных языковым сходством, но отличающихся по структуре генофонда. Однако сначала - несколько общих замечаний.

Во-первых, этногенетику не следует путать с генетической генеалогией, которая больше занимается историей отдельных семей и кланов, чем народов, и, в связи с этим, в числе ее последователей много любителей, тогда как среди популяционных генетиков практически все являются представителями академической науки. При этом генетическая генеалогия и этногенетика взаимно полезны друг другу: этногенетика, изучая широкий круг популяций, дает необходимую информацию для ДНК-генеалогии; но и ДНК-генеалоги, целенаправленно собирая информацию о важном для них варианте генома, владеют порой уникальной коллекцией научных фактов. Однако лишь четко различая академические научные исследования и их общественное (порой весьма искаженное) эхо, можно избежать профанации результатов этногенетики и скатывания в дебри фольклористики.

Во-вторых, большинство лабораторий, работающих в области этногенетики, пытаются вовлекать в свои исследования если не самих представителей других наук, то хотя бы результаты их исследований. В этом отношении наш коллектив имеет длительный и обширный опыт работы со специалистами различных научных направлений: лингвистами, антропологами, географами, биоинформатиками, археологами и, конечно же, этнографами. Причем, учитывая специфику этногенетики, именно в союзе с этнографами предстоит преодолеть, как мы надеемся, последние рубежи недопонимания и методологических нестыковок между гуманитариями и генетиками.

Для этого вкратце очертим научные аспекты и категории, необходимые для взаимопонимания генетиков и этнографов.

1. Первое важное положение, на котором настаивает этногенетика, что она сама - лишь *один из* источников изучения народов. Она не конкурирует и не может конкурировать с традиционной этнографией (этнологией, социальной антропологией и пр.), а лишь представляет гуманитарным наукам новую объективную информацию, позволяя – в рамках их собственных гипотез и методологий - глубже взглянуть на структуру этноса, его этногенез, его генетическое прошлое. Антрополог М.В. Витов нашел в свое время очень точные слова: говоря о физической антропологии как об историческом источнике он писал, что она предоставляет очень обильный, но очень однообразный материал, касающийся лишь биологической истории популяций, и то в основном лишь миграций и смешения с другими народами. Это в полной мере относится и к этногенетике.

2. Второе положение связано с современными тенденциями в этнографии – выходом ряда работ об использовании методов конструктивизма, инструментализма в современных историко-этнографических исследованиях. Насколько мы изучаем современный этнос, а не его мифологизированную экстраполяцию из прошлого и насколько эта экстраполяция объективна? Формирование национальной парадигмы на рубеже XVIII–XIX вв. на Западе повлияло на формирование аналогичных национальных институтов и в Евразии. Модель нациестроительства в России полностью заработала после падения монархии и крушения социально-сословной структуры общества Российской империи. Однако то, что мы видели во Франции и Пруссии, где разрушалась местная региональная идентичность и формировалась новая единая нация, здесь не произошло по объективным причинам. Россия в XX в. не оказалась котлом народов, выплавлявшим новую нацию, а сохранила самобытность народов и, что более важно, это позволило вполне органично перейти традиционной идентичности в новую национальную форму. Это важно учитывать, поскольку для нас принципиально увидеть в современных этносах его традиционный «облик» до того, как он включился в модернистский проект современного мира - тот «облик», который сформировался на базе предыдущей «донациональной» этнической парадигмы. Например, при изучении генофонда мишарей мы пытаемся проследить историю давнего этнического образования, а при исследовании генофонда казахских, башкирских и ногайских родов - увидеть составные части ушедших с исторической арены народов: кыпчаков, печенегов, огузов и т.д. Благодаря выдающимся трудам корифеев этнографии мы получаем возможность рассматривать субстраты этносов в их исторической ретроспективе.

3. Третья черта этногенетики, которую важно учитывать этнографам: эффективность результатов этногенетики при изучении внутренней структуры

этнического образования напрямую зависит от характера и степени дифференциации исследуемой популяции. Поэтому большой интерес – и поле совместных исследований генетиков и этнографов - представляет родовая дефиниция, которая позволяет, как пазл, сложить генетическую историю популяции (этнического образования). Однако далеко не у всех народов сохранилась память о родовом образовании. В этих случаях все зависит от профессиональных навыков этнографа и степени изученности этноса. Если родовую организацию удмуртов можно восстановить, основываясь на архивных документах XVI–XIX вв., то у их соседей - казанских татар – выявить родовую структуру уже практически невозможно. В этих случаях генетики изучают структуру генофонда, дифференцируя этнос на историко-этнографические области, языковые группы или субстраты.

В плане этнографического изучения структуры этноса наибольшее внимание привлекают популяции потомков кочевых и полукочевых народов. Поэтому объектами наших исследований последних лет стали популяции казахов и башкир, дифференцированных по родовому (клановому) признаку.

### ГЕНОФОНД КАЗАХОВ.

Структура генофонда казахов является одним из ярких примеров, где предмет исследования генетиков «популяция» и этнографов «иерархическая градация этнических категорий» сходятся в один научный аспект «исследования родоплеменной структуры». Так, многолетние этнографические исследования Института истории, археологии и этнографии им. Ч.Ч. Валиханова, начатые с середины 50-х годов группой талантливых исследователей (В. Востров, Х. Аргынбаев, Е. Масанов, М. Муканов, О. Исмагулов) являются важной вехой и в развитии этнографической науки Казахстана, и в изучении его генофонда.

Первой публикацией, открывшей дискуссию об изучении генофонда казахских родов, стала работа 2009 года: «A Y-Chromosomal Comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary)» [Biro et al., 2009]. Представленные в ней генетические расстояния между 38 популяциями Евразии показывали, что маджары Казахстана генетически ближе к мадьярам Венгрии, нежели к своим географическим соседям. Однако в этом первом исследовании были проигнорированы несколько важных моментов. Во-первых, наличие двух разных субветвей (G1 и G2) внутри одной гаплогруппы G в изучаемых популяциях мадьяр и маджаров, что резко отдаляет эти популяции друг от друга. Во-вторых, для казахского рода маджар в сравнение были включены слишком далекие географические соседи. В-третьих, не был учтен факт, что маджары являются ветвью родовой группы аргын, в связи с этим необходимо было включить в сравнительное исследование других представителей аргынов. Эти факторы были учтены в нашей работе «Deep phylogenetic analysis of Y-chromosomal haplogroup G1 reveals migrations of Iranic speakers between South-West Asia and the Eurasian steppe» [Balanovsky et al., 2014], где с помощью более совершенного генетического инструмента (на основе полных геномов Y-хромосомы) была изучена родовая группа аргын по всем под родам (бесмейрам, жетимомын, токал-аргын). Результаты исследования выявили единое происхождение и тесное генетическое родство всех под родов аргынов, в том числе и маджар, являющихся лишь одной из генеалогических линий токал-аргынов. Таким образом, по мере совершенствования генетического инструментария и более тесного сотрудничества с этнографами, появляется возможность реконструкции истории казахского народа.

Другое направление исследования генофонда казахов связано с одной из самых популярных публикаций генетиков - о «гаплотипе Чингисхана» [Zerjal et al., 2003]. Этот гаплотип Y-хромосомы («star-cluster», вариант гаплогруппы C3\*) встречается с частотой 8% в населении Азии. Однако оказалось, что он достигает частоты 76,5% у кереев - родовой группы казахов [Abilev et al., 2012], позволяя выдвигать гипотезу об генетической близости кереев к чингизидам. Мы решили резко расширить рамки анализа и изучить спектр гаплотипов в тех популяциях, где есть носители гаплогруппы C3\*. Наши обширные ДНК-коллекции позволили по единой панели маркеров изучить 11 таких популяций Евразии (казахи, монголы, киргизы, теленгиты, черкесы, балкарцы, темиргоевцы, карачаевцы, южные эвенки, алтай-кижи, пуштуны) и выявить 687 гаплотипов в пределах гаплогруппы C3\*. Среди них с частотой 12% встречается ранее

описанный в литературе «star-cluster» («гаплотип Чингисхана»), а также ряд кластеров, отличающихся от него всего лишь на один мутационный шаг. Оказалось, что они встречаются в тех субпопуляциях различных народов Центральной Азии, в которых их распространение могло быть связано с положительным социальным отбором [Жабагин и др., 2013]. Это позволяет выдвинуть (и затем проверить) гипотезу, что Чингисхан был всего лишь одним из успешных распространителей «прото-монгольского» гаплотипа «star-cluster», который встречается также и у других древних племен, таких как керей и баргут, которые восходят к одному предку [Zhabagin et al., 2013].

Уже реализовано и третье направление исследования связи изменчивости Y-хромосомы (наследующейся по мужской линии) и родовой структуры - изучение генофонда степной аристократии и духовенства казахов [Жабагин и др., 2014]. При этом были генетически изучены два рода (торе и кожа), которые не входят в иерархию казахских родовых образований «Шежире», хотя полностью идентифицируют себя казахами. При этом оба рода занимали привилегированное положение в казахском обществе, и по происхождению одни – торе – вели свою генеалогию от Чингисхана, другие – кожа – вели свою генеалогию от миссионеров из Аравии. Исследование их генофондов показало, что не все ныне существующие генеалогические линии этих родов восходят к единому предку. Однако у торе обнаруживаются высокие частоты монгольских гаплогрупп, а у рода кожа – высокие частоты ближневосточных гаплогрупп Y-хромосомы. Таким образом, этногенетика подтверждает этнографические данные о происхождении этих родов и позволяет выявить те генеалогические линии, которые связаны лишь «юридическим», но не «фактическим» (кровным) родством с основателем рода.

В целом, сегодня для большинства казахских родов (уже изучено около 2000 образцов Y-хромосомы) обнаруживается ярко выраженное накопление для каждого рода характерных для него вариантов Y-хромосомы, подтверждая не только монофилетичность этих родов и сложный этногенез казахского народа, но и блестящие перспективы совместной работы этнологов и этногенетиков.

#### ГЕНОФОНД БАШКИР.

Изучение генофонда башкирских популяций базируется на работах таких известных этнографов и антропологов, как С.И. Руденко, Р.Г. Кузеев, Н.В. Бикбулатов, С.Н. Шитова, Р.М. Юсупов и др. Богатый этнографический материал позволяет дифференцировать башкирский этнос по различным категориям (географическим, историко-этнографическим и др.). В плане изучения полиморфизма Y-хромосомы (передаваемой только по мужской линии) также, как и для казахских популяций, принципиально важную роль играет клановая структура башкирского этноса.

Исследования, проведенные нашим коллективом, уже охватили все четыре историко-этнографические области башкир, позволяя сделать несколько общих выводов о формировании генофонда башкир.

Основной гаплогруппой для северо-восточных и юго-восточных башкир оказалась гаплогруппа **R1a-M198**, составляя более двух третей генофонда этих групп башкир. Среди северо-восточных башкир, представленных родами катый, кудей, табын, кошсо, упей и др., наиболее характерна гаплогруппа **R1a-M198**. Среди юго-восточных башкир наибольшая частота **R1a-M198** встречена в родах кыпчак и тамъян, где параллельно отмечено повышение частоты и другой гаплогруппы - **R1b-M73** [Юсупов и др., 2013].

Для гаплогруппы **R1a-M198** была построена филогенетическая сеть ее гаплотипов, включившая популяции северо-восточных и юго-восточных башкир. При этом на сети образовалось два кластера гаплотипов, которые отчетливо соотносятся с северо-восточными башкирами и кыпчаками. Анализ генофондов этих популяций указывает не только на различия в происхождении северо-восточных кланов башкир и кыпчаков, но и на различный характер их миграций на Южный Урал. Высокий уровень гаплотипического разнообразия в северо-восточном кластере наталкивает на мысль о долговременной миграции на эту территорию. Вполне вероятно, что мы имеем дело с результатом миграций кочевых племен эпохи раннего железного века и средневековья. Данная гипотеза может быть верифицирована в дальнейшем при выделении субветвей в рамках этого большого кластера и при сравнении с другими популяциями Сибири и Центральной Азии [Юсупов и др., 2013. С. 28].

Отдельного упоминания заслуживает родовое объединение тамьян. Более половины его генофонда охватывает гаплогруппа **R1a-M198**, внутри которой есть и северо-восточные, и кыпчакские кластеры гаплотипов. Однако центральная семейно-родовая группа тамьянцев характеризуется преобладанием иной гаплогруппы - **R1b-M73**. Это позволяет выдвинуть гипотезу о том, что род тамьян интенсивно ассимилировал своих географических соседей – части катаякских и кыпчакских башкир, являющихся носителями гаплогруппы **R1a-M198** [Юсупов и др., 2013. С. 34].

В генофонде башкир Южного Приуралья, в отличие от более восточных популяций, обнаружено значительное разнообразие гаплогрупп Y-хромосомы. Однако основной их чертой является высокая частота гаплогруппы **N1c-M178**, которая наиболее характерна для родового объединения мин [Асылгужин и др., 2014]. В целом минские рода также характеризуются большим гаплотипическим разнообразием, указывая, что они являются конгломератом различных родов местного (приуральского) и степного происхождения.

Таким образом, выводы этногенетики демонстрируют высокую эффективность и перспективность использования результатов этнографического изучения башкирских родов. Сохранение традиционных ареалов проживания башкирского населения, даже при утрате родовой идентичности, позволяет не только увидеть основные черты генофонда определенного родового объединения, но и вычленил наиболее специфичные для него семейно-родовые группы.

### ГЕНОФОНД ТЮРКОВ КАВКАЗА.

Иной подход использован при анализе генофонда тюркоязычного населения Кавказа, где данные антропологии указывают, что на мощный автохтонный пласт древних народов Кавказа наложилось более слабое влияние пришлого тюркоязычного населения. Уникальность нашего генетического исследования [Схалыхо и др., 2013] связана с тремя его особенностями: во-первых, им охвачены все тюркоязычные народы Кавказа (азербайджанцы, балкарцы, караногайцы, карачаевцы, кубанские ногайцы, кумыки); во-вторых, предварительно нашим коллективом были исследованы генофонды практически всех остальных (не-тюркоязычных) народов Северного Кавказа [Balanovsky et al., 2011]; в-третьих, благодаря обширным собственным ДНК-коллекциям, мы могли сравнить тюрков Кавказа и других народов Евразии по одним и тем же панелям маркеров Y-хромосомы. Это позволило дать максимально объективный ответ на вопрос, какой именно пласт доминирует в генофондах тюрков Кавказа и к каким народам они наиболее близки генетически.

Из 39 обнаруженных гаплогрупп Y-хромосомы доминирующими в генофонде тюрков Кавказа оказались четыре: **R1a-M198** (24%), **G2a-P15** (16%), **R1b-M269** (14%), **J2-M172** (12%). У тюрков горных районов Кавказа половину генофонда составили гаплогруппы, характерные для смежного автохтонного населения Кавказа: на западе у балкарцев и карачаевцев – гаплогруппы **G2a-P15** и **J2-M172**; на востоке у азербайджанцев и кумыков – гаплогруппы **J1-M267** и **J2-M172**. Тюрки степных предгорий Кавказа - кубанские ногайцы и караногайцы Дагестана - отличаются наличием «азиатских» гаплогрупп **N1-LLY22** и **C-M130**, причем, несмотря на географическую отдаленность, к ним оказались близки генофонды степных популяций Урала и Азии.

Сравнение генофонда тюрков Кавказа с широким спектром народов Кавказа и Евразии в целом показали, что карачаевцы и балкарцы объединяются с генофондами других народов Западного Кавказа, а кумыки и азербайджанцы - с генофондами народов Восточного Кавказа. Это согласуется с данными антропологии и свидетельствует о преобладании местного субстратного населения в формировании их генофонда по сравнению с пришлым тюркоязычным. Кубанские ногайцы и караногайцы обнаруживают четкое сходство с генофондами степных народов Евразии, что также согласуется с данными антропологии.

Этот общий анализ «валового» сходства генофондов (по всему спектру гаплогрупп) был дополнен детальным анализом отдельных гаплогрупп. И геногеографическая карта гаплогруппы **R1b-M73** выявила миграцию от территории Алтая и Поволжья до Кавказа, где в генофонде караногайцев эта гаплогруппа составляет заметную часть генофонда.

Анализ быстро мутирующих STR маркеров Y-хромосомы и построенные на их основе филогенетические сети гаплотипов выявили высокую гетерогенность генофонда тюрков Кавказа, которая объясняется наличием в их этногенезе различных потоков миграций и наслаиваний генетических пластов различного происхождения. Например, сеть для гаплогруппы R1a продемонстрировала древнюю генетическую общность тюрков Кавказа с тюрками Алтая и Поволжья, фиксируя степной компонент, а сеть гаплогруппы G2a позволила выявить связь с ираноязычными осетинами.

Таким образом, при изучении генофонда тюрков Кавказа мы не выявили доминирующего варианта Y-хромосомы, то есть той гаплогруппы, которую можно было бы на Кавказе считать «тюркской». Большая часть местного населения в значительной мере сохранила свой генофонд (вернее, два исходных генофонда: автохтонного населения восточного и западного Кавказа), даже после такого интенсивного взаимодействия с мигрантами, которое привело к заимствованию их языка. Иными словами, данные антропологии о происхождении тюрков Кавказа подтверждены этногенетикой, что позволяет отринуть множество спорных исторических версий и гипотез, рожденных разгоряченными национальными чувствами.

### ГЕНОФОНД КРЫМСКИХ ТАТАР.

Самый западный из упоминаемых здесь тюркоязычных народов – крымские татары – обладает многослойной, порой трагической историей. Отметим, что исследования генофонда крымских татар крайне скудны: они представлены лишь в одном из первых обзоров изменчивости «отцовских» маркеров (Y-хромосомы) для широкого спектра популяций Евразии [Wells et al. 2001], где были изучены всего лишь 22 представителя крымских татар из Узбекистана (без указания принадлежности к субэтническим группам) и по малой (и потому слабоинформативной) панели генетических маркеров. В такой ситуации наше исследование генофонда крымских татар по репрезентативной выборке (суммарно более 300 человек, практически равномерно представляющих все три субэтнические группы) стало как нельзя более актуальным. Благодаря международному сотрудничеству, нам удалось провести анализ маркеров не только «отцовской» линии, но и «материнской» (полные митохондриальные геномы), и даже изучить многотысячные панели современных полногеномных маркеров аутосомного генома (полученных сразу от обоих родителей).

Результаты исследования по всем трем подходам выявили одинаковую закономерность, что подтверждает ее объективность. Закономерность состоит в том, что генофонд степного субэтнуса крымских татар генетически приближен к народам Евразийской степи и Приуралья а генофонд горных и южнобережных крымских татар сходен с популяциями Восточного Средиземноморья (в особенности греков и турков). При этом сходство крымских татар с их ближайшими географическими соседями – русскими и украинцами - не выявляется [Агджоян и др., 2014].

Полученные результаты мы рассматриваем как подтверждение удивительной сохранности генофонда крымских татар. Ведь, несмотря на депортацию и длительное проживание в Средней Азии, труднейшее возвращение в Крым, где по понятным причинам репатрианты далеко не всегда могли вернуться в дома своих предков, народ все-таки сохранил те особенности генофонда, которые антропологи фиксировали век назад. «Генетические портреты» субэтносов крымских татар свидетельствуют о путях этногенеза данного народа, в котором находит отражение многослойная история населения Крымского полуострова. Но подчеркнем - ни в коем случае различия между генофондами степной, горной и южнобережной групп крымских татар не могут интерпретироваться в свете их этнических различий. Этногенетика свидетельствует лишь о биологическом прошлом популяции. Современное единое этническое самосознание крымских татар свидетельствует об едином крымскотатарском этносе. Здесь уже вступают в свои права не просто различия между биологическим и социальным, а подчиненность биологического социальному: гены – как щепки в потоке истории – указывают на пути и водовороты исторического процесса, но не могут определять исторический процесс. Этногенетика выявляет лишь черты биологической природы социального сообщества. Каждый народ существует как социальная общность, благодаря этническому самосознанию своих представителей, а каждый человек,

указывая свою принадлежность к народу, реализует священное право своей личности – свободу выбора.

В заключение отметим, что при детальном анализе генофонда и при совместной работе генетиков и этнографов появляется уникальная возможность соотнесения структуры генофонда с этнографическим, топонимическим, археологическим и даже фольклорным материалом, открывая новые возможности в интерпретации проблемных аспектов исторической этнографии. Более того, хотя объектами исследований выступают современные популяции, обоснованная дифференциация этнических образований различной иерархии, выработанный категориальный аппарат, методика исследований, позволяющая отслеживать динамику популяций, дают возможность реконструировать генофонды и события давно ушедших времен. Конечно же, избегая при этом утрирования и спекуляций по политическим и национальным мотивам.

Мы надеемся, что изложенный опыт изучения генофондов столь разных тюркских народов подтверждает, что этногенетика может служить одним из исторических источников при реконструкции происхождения народов. Представляя гуманитарным наукам новую объективную информацию, этногенетика позволяет этнографам по-новому взглянуть на структуру этноса, его этногенез, его генетическое прошлое. И тогда правильно поставленная запятая в названии данной публикации становится двигателем тесной совместной работы генетиков и этнографов.

Упомянутые выше генетические исследования не были бы возможны без акад. Р. Виллемса, д.б.н. О.П. Балановского, проф. Э.А. Почешковой, проф. Л.А. Атраментовой, к.и.н. Ж. Сабитова и состоялись при поддержке грантов РФФИ №13-06-00670\_a, №14-06-31331\_мол-а, программы Президиума РАН «Динамика и сохранение генофондов», Программно-целевого финансирования ЦНЖ Назарбаев Университет, а также грантов Государственной научно-технической программы Республики Башкортостан «История социально-экономического и политического развития Башкортостана с древнейших времен до наших дней» и Государственной программы Республики Башкортостан «Башкиры Российской Федерации» по теме «Башкиры Пермского края: особенности этнокультурного развития в поликультурной среде».

#### Литература и источники:

1. Abilev S., Malyarchuk B., Derenko M. et al. The Ychromosome C3\* star-cluster attributed to Genghis Khan's descendants is present at high frequency in the Kerey clan from Kazakhstan. // *Human Biology*. 2012. V. 84. Iss. 1. Article 4.
2. Balanovsky O., Dibirova K., Dybo A., Mudrak O., Frolova S., Pocheshkhova E., Haber M., Platt D., Schurr T., Haak W., Kuznetsova M., Radzhabov M., Balaganskaya O., Romanov A., Zakharova T., Soria Hernanz D.F., Zalloua P., Koshel S., Ruhlen M., Renfrew C., Wells R.S., Tyler-Smith C., Balanovska E., The Genographic Consortium. Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region // *Molecular biology and evolution*. 2011. Oct. V.28(10). P 2905-2920.
3. Balanovsky O., Zhabagin M., Agdzhoyan A., Chukhryaeva M., Zaporozhchenko V., Utevska O., Highnam G., Sabitov Zh., Greenspan E., Dibirova Kh., Skhalyakho R., Kuznetsova M., Koshel S., Yusupov Yu., Nymadawa P., Zhumadilov Zh., Pocheshkhova E., Haber M., Zalloua P.A., Yepiskoposyan L., Dybo A., Tyler-Smith C., Balanovska, E. Deep phylogenetic analysis of Y-chromosomal haplogroup G1 reveals migrations of Iranic speakers between South-West Asia and the Eurasian steppe. *Ploze One* ( на рецензировании)
4. Biro A., Zalan A., Volgyi A., Pamjav H. Y-chromosomal comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary). // *Am. J. Phys. Anthropol.* 2009. V.139(3). P.305-310
5. Zhabagin M., Tarlykov P.V., Sabitov Zh.M., Dibirova H.D., Bogunova A.A., Tazhigulova I.M., Frolova S.A., Isakova Zh., Nymadawa P., Zakharov I.A., Balanovsky O. P.. The possible role of social selection in the distribution of the "Proto-Mongolian" haplotype in Kazakhs, Kyrgyz, Mongols and other Eurasian populations // *American Society of Human Genetics 63rd Annual Meeting*. Boston. USA. October 22–26, 2013 P.236

6. Wells R.S., Yuldashева N., Ruzibakiev R., Underhill P.A., Evseeva I., et al. (2001) The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. Proc Natl Acad Sci U S A 98: 10244-10249.
7. Zerjal T., Xue Y., Bertorelle G. et al. The genetic legacy of the Mongols. // Am. J. Hum. Genet. 2003. V.72(3). - P. 717-21.
8. Агджоян А.Т., Чухряева М.И., Дибирова Х.Д., Утевская О.М., Кушнеревич Е.И., Атраментова Л.А., Виллемс Р., Балановская Е.В., Балановский О.П. Генофонд народов Крыма по данным анализа Y-хромосомы, мтДНК и полногеномных панелей маркеров // VI Съезд Вавиловского Общества Генетиков и Селекционеров. Ростов-на-Дону. 15-20 июня 2014. С. 86.
9. Асылгужин Р.Р., Сабитов Ж. М., Юсупов Ю.М., Агджоян А.Т., Дибирова Х.Д., Балановская Е.В. Этнополитическая история и расселение минских родоплеменных объединений // Ватандаш. 2014. С. 34-43.
10. Жабагин М.К., Дибирова Х.Д., Фролова С.А., Сабитов Ж.М., Юсупов Ю.М., Утевская О.М., Тарлыков П.В., Тажигулова И.М., Балаганская О.А., Нимадава П., Захаров И.А., Балановский О.П. Связь изменчивости Y-хромосомы и родовой структуры: генофонд степной аристократии и духовенства казахов // Вестн. Моск. ун-та. Сер. XXIII . Антропология, 2014. № 1. С. 96-101
11. Жабагин М.К., Сабитов Ж., Балаганская О., Богунова А., Фролова С., Тажигулова И., Нимадава П., Захаров-Гезехус И.А., Балановский О.П. Возможная роль социального отбора в распространении мажорных гаплотипов Y-гаплогруппы С3\* у народов Центральной Азии // 5-ая международная конференция "Алексеевские чтения" памяти академиков Т.И. Алексеевой и В.П. Алексеева. Москва. 11/2013. С. 38.
12. Схаляхо Р.А. Геногеография тюркоязычных народов Кавказа: анализ изменчивости Y-хромосомы: Автореф. дисс. канд. биол. наук. Москва: 2013. 24 с.
13. Схаляхо Р.А., Почешхова Э.А., Теучеж И.Э., Дибирова Х.Д., Агджоян А.Т., Утевская О.М., Юсупов Ю.М., Дамба Л.Д., Исакова Ж.О., Кузнецова М.А., Фролова С.А., Коньков А.С., Балановская Е.В., Балановский О.П. Тюрки Кавказа: сравнительный анализ генофондов по данным о Y-хромосоме // Вестник Московского университета. Серия XXIII "Антропология". 2013. №2. С. 34-49.
14. Тюркские народы Крыма: Караимы. Крымские татар. Крымчаки / Отв. ред. С. Я. Козлов, Л. В. Чижова. М.: Наука, 2003. 459 с. (Народы и культуры)
15. Юсупов Ю.М., Гумерова А.Я., Балаганская О.А., Дамба Л.Д., Сабитов Ж.М., Жабагин М.К., Почешхова Э.А., Балановская Е.В. Трансуральский путь миграций кочевых племен (по данным о полиморфизме Y-хромосомы у башкирских кланов) // 5-ая международная конференция "Алексеевские чтения" памяти академиков Т.И. Алексеевой и В.П. Алексеева. Москва. 11/2013. С. 28.
16. Юсупов Ю.М., Гумерова А.Я., Шайхеев Р.Р., Дибирова Х.Д., Балановская Е.В. Кыпчакский субстрат в этногенезе башкир: анализ Y-хромосомы // Молодежная конференция «Популяционная генетика и геногеография: наука и практика». Москва. 11/2013 г. С. 34.

Ушницкий В.В. (Якутск)

## ПРОБЛЕМА ПРОИСХОЖДЕНИЯ АЛТАЙСКОГО НАРОДА

Обычно процесс этногенеза народов приурочивают с современной территорией обитания. Поэтому регионом формирования алтайской народности считается Горный Алтай, горные районы которого изолированы от степной зоны. В горных районах, обычно веками сохраняется древнее население. Прекрасным примером является Северный Кавказ. Следовательно, и в Горном Алтае могли сохраниться реликтовые этнические группы.

В I половине н.э. именно в Горном Алтае происходил процесс формирования древних тюрков, его можно назвать прародиной древних тюрков. Поэтому в Горном Алтае до сих пор можно найти прямых потомков древних тюрков, часть которых осталась на своей родине, после ухода большей части в степи Центральной Азии. Так, кумандинцы состояли из родов со и куманды. В куманды можно увидеть потомков