

УДК 575.174.015.3

В. С. ПАНКРАТОВ<sup>1</sup>, Е. И. КУШНЕРЕВИЧ<sup>2</sup>, член-корреспондент О. Г. ДАВЫДЕНКО<sup>1</sup>

**ПОЛИМОРФИЗМ МАРКЕРОВ Y-ХРОМОСОМЫ В ПОПУЛЯЦИИ БЕЛОРУССКИХ ТАТАР**

<sup>1</sup>Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск

<sup>2</sup>Эстонский биоцентр, Тарту

Поступило 27.01.2014

**Введение.** Проведенное ранее масштабное исследование генетической структуры популяции белорусов по маркерам Y-хромосомы и мтДНК [1] позволило ответить на ряд вопросов относительно их популяционной истории. Однако население современной Беларуси представлено не только белорусами, но и другими этносами, что необходимо учитывать как в генетических исследованиях, так и в приложении результатов таких исследований на практике.

Одной из этнических групп, генетическая структура которых может существенно отличаться от таковой белорусов, являются белорусские (литовские) татары. По данным последней переписи населения, в Беларуси проживает более 7 тысяч людей, идентифицирующих себя как белорусские татары. Согласно историческим сведениям, основа татарской популяции на территории Великого Княжества Литовского сформировалась в конце XIV в. в результате миграций из Золотой Орды, в частности, с территории Крыма и Приазовья [2]. Определенный вклад в формирование белорусских татар внесли и другие, как более ранние, так и более поздние миграционные события [2].

Цель работы – изучение генетической структуры современной популяции белорусских татар с тем, чтобы выявить их генетическое сходство и возможное родство с другими народами и определить степень взаимного генетического влияния белорусов и белорусских татар.

**Материалы и методы исследования.** Забор биологического материала осуществлялся у представителей популяции белорусских татар (всего 74 человека) на основании их добровольного информированного согласия и при условии, что их предки в первом и втором поколении идентифицировали себя татарами, не являлись прямыми родственниками по мужской и женской

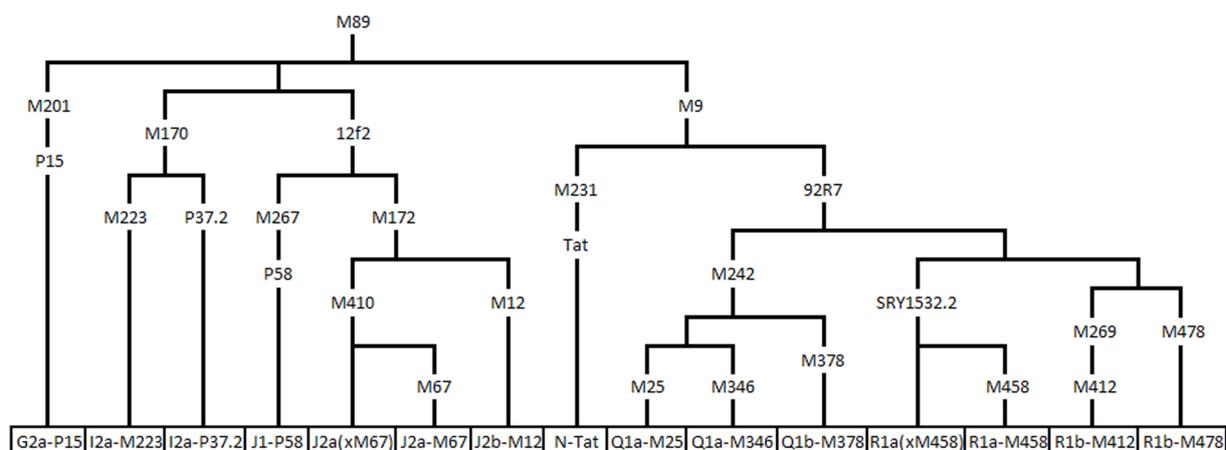


Рис. 1. Маркеры Y-хромосомы, использованные в работе, и филогенетические связи соответствующих гаплогрупп. Обозначения J2a(xM67) и R1a(xM458) используются для Y-хромосом, несущих производные аллели маркеров M410 и SRY1532.2, но предковые аллели маркеров M67 и M458 соответственно

линиям и проживали на территории Беларуси. ДНК выделяли из соскоба буккального эпителия с использованием протеиназы К и хлороформ-фенольной экстракции [3].

Маркеры, по которым проводилось генотипирование, а также филогенетические связи соответствующих гаплогрупп Y-хромосомы приведены на рис. 1. Генотипирование осуществлялось путем рестрикционного анализа либо прямого секвенирования. Для всех образцов было проведено также генотипирование 17 STR-локусов Y-хромосомы с помощью набора Y-filer производства Applied Biosystems.

Анализ главных компонент на основе частот гаплогрупп Y-хромосомы проводился с помощью алгоритма popstr (<http://harpending.humanevo.utah.edu/popstr/>). Вычисление медианных сетей для отдельных гаплогрупп проводилось с помощью программы Network 4.6.0.0 (<http://www.fluxus-engineering.com/index.htm>) с использованием алгоритма Median Joining [4]. Для построения сетей использовалась программа Network Publisher (<http://www.fluxus-engineering.com/index.htm>).

**Результаты и их обсуждение.** Гаплогруппа и гаплотип Y-хромосомы были определены для 74 мужчин, не являющихся близкими родственниками. Данные о частотах гаплогрупп в этой выборке, а также о числе разных гаплотипов каждой гаплогруппы приведены в табл. 1.

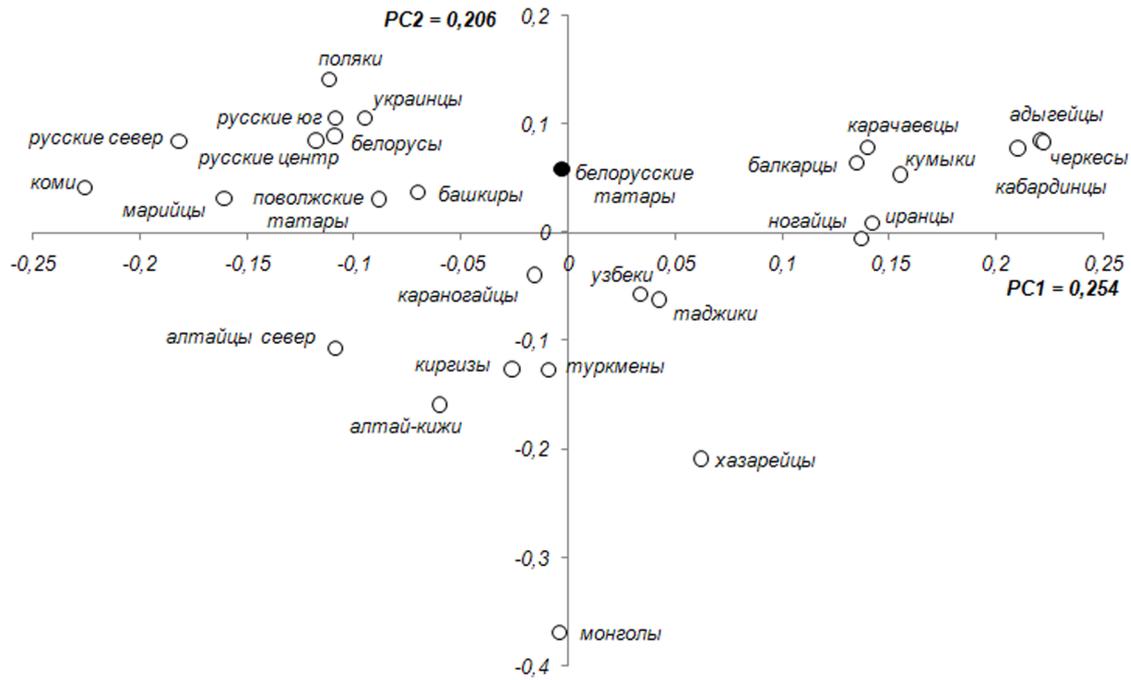
Таблица 1. Состав выборки белорусских татар по маркерам Y-хромосомы. Для сравнения приведены частоты соответствующих гаплогрупп у белорусов [1]

Гаплогруппа	Число образцов	Частота в выборке	Число гаплотипов	Частота гаплогруппы у белорусов
G2a-P15	3	0,041	2	0,014
I2a-M223	1	0,014	1	0,012
I2a-P37.2	0	0	0	0,172
J1a-P58	4	0,054	2	0,012*
J2a(xM67)	12	0,162	8	0,027*
J2a-M67	1	0,014	1	
J2b-M12	2	0,027	2	
N1c-Tat	2	0,027	2	0,096
Q1a-M25	1	0,014	1	0,002*
Q1a-M346	3	0,041	3	
Q1b-M378	2	0,027	1	
R1a(xM458)	20	0,27	12	0,361
R1a-M458	16	0,216	11	0,145
R1b-M478	2	0,027	2	0,004
R1b-M412	5	0,068	2	0,057*
Общее число	74		50	

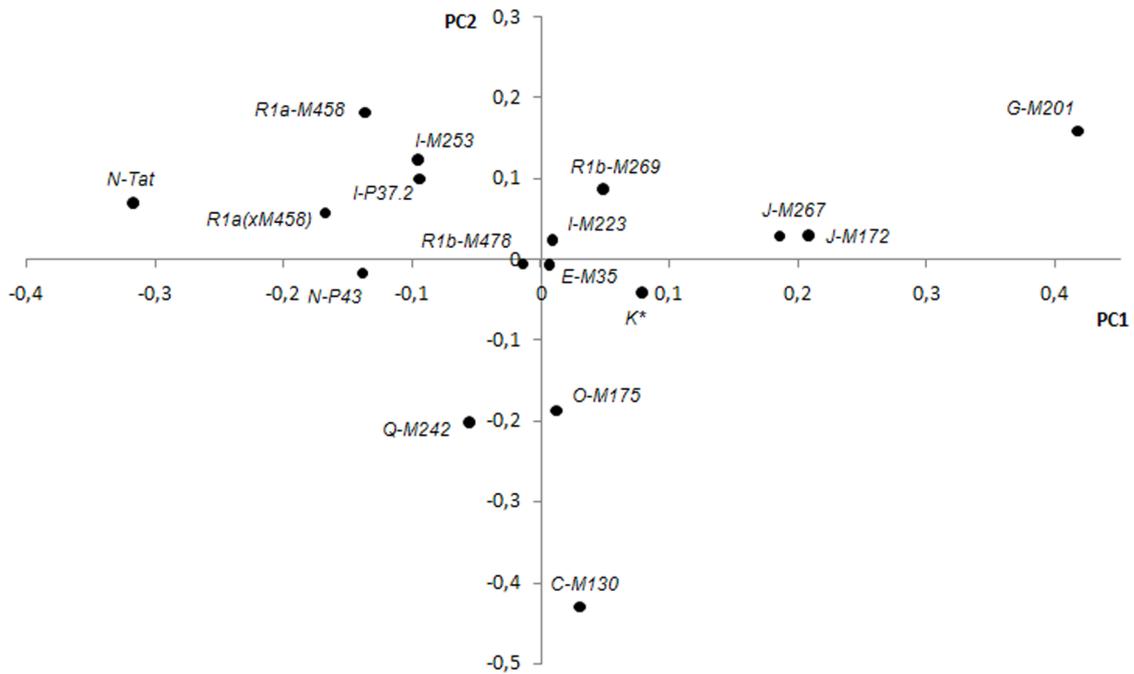
Примечание. \* – приведены частоты гаплогрупп J1-M267, J2-M172, Q-M242 и R1b-M269 соответственно, так как более глубокое генотипирование Y-хромосомы белорусов не проводилось.

Как видно, большая часть разнообразия Y-хромосомы в популяции белорусских татар приходится на гаплогруппы R1a(xM458), R1a-M458, J2a(xM67) и различные варианты гаплогруппы Q (табл. 1). С более низкой частотой встречаются гаплогруппы R1b-M412, J1a-P58, G2a-P15, J2b-M12, N1c-Tat и R1b-M478. Гаплогруппы I2a-M223 и J2a-M67 в нашей выборке представлены единичными образцами. При сравнении пула Y-хромосомы белорусских татар и белорусов видно, что в популяции белорусских татар значительную долю составляют гаплогруппы J2-M172 и Q-M242, редкие у белорусов, и практически отсутствуют характерные для генофонда белорусов гаплогруппы I2a-P37.2 (в нашей выборке отсутствует) и N1c-Tat (представлена двумя образцами). С другой стороны, для обеих популяций характерна довольно высокая доля обоих вариантов гаплогруппы R1a-SRY1532.2.

Для выяснения сходства композиции Y-хромосомы белорусских татар с таковой популяций Восточной Европы, Волго-Уральского региона (ВУР), Кавказа и Центральной Азии был проведен анализ главных компонент для частот гаплогрупп Y-хромосомы. Графики, отражающие распределение проанализированных популяций по отношению к первым двум главным компонентам, а также вклад разных гаплогрупп в это распределение, приведены на рис. 2.



а



б

Рис. 2. Анализ главных компонент на основании частот Y-хромосомы: а – распределение анализируемых популяций в плоскости первых двух главных компонент; б – вклад разных гаплогрупп Y-хромосомы в распределение популяций в плоскости двух главных компонент. Примечание: в связи с разным разрешением, с которым определялись гаплогруппы в различных работах, в анализе главных компонент использовались частоты следующих вариантов: С-М130, Е-М35, G-М201, I-М223, I-Р37.2, I-М253, J-М267, J-М172, К\* (производный аллель маркера М9, но предковые аллели маркеров М231, М175и 92R7), О-М175, N-Tat, N-Р43, Q-М242, R1a(xM458), R1a-М458, R1b-М478 и R1b-М269 [1; 5–14]

На графике главных компонент популяция белорусских татар занимает промежуточное положение между популяциями Кавказа (карачаевцы, балкарцы, ногайцы, караногайцы), Ирана (иранцы), Средней Азии (узбеки, таджики), ВУР (башкиры, поволжские татары) и Восточной Европы (белорусы, украинцы, русские), при этом не тяготея ни к одной из групп популяций.

Для выяснения филогенетических связей гаплотипов в пределах гаплогрупп Y-хромосомы строились медианные сети, однако в данной работе приведены лишь сведения о выявленных группах филогенетически близких гаплотипов белорусских татар (табл. 2). При построении медианной сети для гаплогруппы R1a-M458, характерной для населения Восточной Европы [7] и присутствующей с неожиданно высокой частотой (21,6 %) у белорусских татар, был выявлен ряд одинаковых гаплотипов у представителей разных географических регионов, сведения о которых приведены в табл. 3.

**Т а б л и ц а 2. Группы филогенетически близких гаплотипов белорусских татар, образующие кластеры на медианных сетях**

Гаплогруппа	Число кластеров (групп филогенетически близких гаплотипов)	Число гаплотипов в кластере (в скобках приведено число образцов)
J2a(xM67)	1	6 (10)
R1a(xM458)	3	5 (7); 2 (4); 1 (3)
R1a-M458	4	5 (7); 2 (3); 2 (2); 1 (2)
Q1a-M346	1	3 (3)
R1b-M412	1	2 (5)
I1a-P58	1	2 (4)
G2a-P15	1	2 (3)

**Т а б л и ц а 3. Общие гаплотипы гаплогруппы R1a-M458 для популяции белорусских татар, также популяций Восточной и Центральной Европы и Кавказа [1; 8; 9; 14]**

Гаплотип*	Популяция (в скобках приведено число образцов)
16,13,16,25,10,11,13,14,11,11,20,17,16,12	поляки (6), белорусы (4), украинцы (3), лужичане (1), немцы (1), словаки (1), белорусские татары (1)
16,13,16,25,10,11,13,14,11,11,20,17,17,12	поляки (2), белорусы (2), белорусские татары (1)
16,13,16,24,10,11,13,14,11,11,20,17,16,12	белорусы (2), белорусские татары (1)
16,13,16,25,10,11,13,14,11,11,20,16,16,12	поляки (1), украинцы (1), лужичане (2), немцы (2), белорусские татары (3)
16,14,16,25,10,11,13,14,11,11,20,17,16,12	белорусы (1), лужичане (1), белорусские татары (1)
17,13,17,25,10,11,13,14,11,10,20,16,17,12	поляки (5), лужичане (3), караногайцы (2), белорусские татары (1)
17,13,16,25,10,11,13,14,11,11,20,17,16,12	белорусы (1), поляки (1), караногайцы (2), ногайцы (3)
17,13,17,25,10,11,13,14,11,12,20,16,16,12	белорусы (2), украинцы (1), шапсуги (1)

Примечание. \* – STR-локусы приведены в следующем порядке: DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458 и H4.

*Общая характеристика пула Y-хромосомы белорусских татар.* Состав гаплогрупп Y-хромосомы белорусских татар (табл. 1), а также их положение между популяциями Кавказа, Средней Азии, ВУР и Восточной Европы на графике главных компонент (рис. 2, а) свидетельствуют о смешанном происхождении их Y-хромосомального пула. В частности, в нем присутствуют гаплогруппы, характерные для всех перечисленных выше регионов, а также для Сибири (гаплогруппа Q-M242).

Также стоит отметить высокую долю родственных гаплотипов в генофонде белорусских татар, что особенно характерно для гаплогрупп J2a(xM67), R1a(xM458) и R1a-M458 (табл. 2). Это может быть интерпретировано как результат участия в изначальной миграции на территорию современной Беларуси группы родственников по мужской линии (семейная или клановая миграция), либо экспансией отдельных гаплотипов и их последующей диверсификацией уже после миграции. В любом случае можно говорить об эффекте основателя для основных гаплогрупп генофонда белорусских татар.

Еще одна особенность генофонда белорусских татар – отсутствие в нем гаплогруппы С-М130. Один из ее вариантов, С-М217, имеет наибольшую частоту у монголов, коренных народов Восточной Сибири, хазарейцев и казахов, однако также встречается у алтайцев, ногайцев, крымских татар, адыгов, волжских татар, башкир и народов Средней Азии [5; 6; 10; 13; 16]. Это, скорее всего, связано с распространением данной гаплогруппы кочевниками, в частности, во время экспансии Монгольской империи. Предполагается, что Y-хромосома Чингисхана относилась к данной гаплогруппе, и следовательно, как минимум часть ее носителей в популяциях Средней Азии, ВУР и Кавказа могут быть его прямыми потомками по мужской линии [15]. Учитывая происхождение белорусских татар от кочевников, населявших Золотую Орду, отсутствие гаплогруппы С-М130 в их генофонде несколько неожиданно, и, вероятно, является следствием сильного генетического дрейфа.

*Происхождение основных гаплогрупп, входящих в генофонд белорусских татар.* С популяциями Кавказа и Закавказья белорусских татар сближает наличие в их генофонде гаплогрупп G-P15, J-P58 и J-M172, суммарная доля которых составляет 29,7 % (табл. 1). Анализ медианных сетей показал, что 2 гаплотипа G2a-P15 белорусских татар наиболее близки к гаплотипу из популяции кабардинцев. В случае гаплогруппы I1a-P58, гаплотипы, близкие к таковым белорусских татар, из изученных популяций встречаются у жителей Закавказья (армяне) и Ирана (иранские азербайджанцы, иранцы). Что касается различных вариантов гаплогруппы J-M172, среди опубликованных данных гаплотипов, близких к гаплотипам белорусских татар, обнаружено не было.

Около 8 % пула Y-хромосомы белорусских татар представлено тремя различными вариантами гаплогруппы Q, характерной для населения Сибири и Средней Азии [5; 13]. STR-гаплотипы одного из вариантов (Q1a-M346) белорусских татар филогенетически близки к гаплотипам тувинцев и хакасов, что указывает на их общее происхождение.

Гаплогруппа R1b-M478 встречается в различных популяциях, в частности, у башкир, караногайцев, балкарцев и северных алтайцев ее частота превышает 8 % [6; 10; 13]. STR-гаплотипы белорусских татар наиболее близки к гаплотипу из популяции поволжских татар, а также к двум гаплотипам из популяций Средней Азии.

Существенная часть (около 27 %) пула Y-хромосомы белорусских татар представлена гаплогруппой R1a(xM458) (табл. 1), имеющей очень широкое географическое распространение: она с высокой частотой встречается в Восточной Европе, ВУР, Средней Азии (особенно у киргизов), Южной Сибири (алтайцы), а также у индоевропейских народов Индии [1; 5–7]. Сравнение STR-гаплотипов не выявило общих вариантов, характерных для белорусских татар и других популяций, а построенная для данной гаплогруппы медианная сеть имеет большое количество ретикуляций, что не позволяет определить, какие гаплотипы наиболее близки к таковым белорусских татар. Однако тот факт, что гаплотипы белорусских татар образуют несколько далеко отстоящих друг от друга кластеров, позволяет предположить, что разные гаплотипы R1a(xM458) имеют различное происхождение.

Гаплогруппа R1a-M458, как считается, имеет восточно-европейское происхождение [7], поэтому ее наличие в генофонде белорусских татар может рассматриваться как результат потока генов от белорусов. Однако STR-гаплотипы, характерные для популяций Восточной и Центральной Европы, обнаружены не только у белорусских татар, но и у кубанских ногайцев, караногайцев и шапсугов, проживающих на Северном Кавказе (табл. 3), поэтому данная гаплогруппа могла как изначально присутствовать в генофонде предков белорусских татар, так и попасть в него позднее, после переселения в Восточную Европу.

Таким образом, наличие в генофонде белорусских татар гаплогрупп, характерных для популяций разных географических регионов, относительно удаленных как друг от друга, так и от территории Беларуси, может быть объяснено тем, что белорусские татары сформировались в результате нескольких независимых миграций из регионов Кавказа, Средней Азии и Южной Сибири. С другой стороны, возможно, что популяция, из которой выделились предки белорусских татар, была изначально генетически гетерогенной и содержала указанные варианты Y-хромосомы, что согласуется с представлениями о масштабных миграциях в пределах монгольской империи и сформировавшихся после ее распада государств.

*Поток генов между популяциями белорусских татар и белорусов.* Совместное проживание различных по происхождению этнических групп зачастую сопровождается изменением одного генофонда под действием другого или же взаимным влиянием генофондов друг на друга. Однако степень и направленность такого влияния могут сильно различаться, что во многом зависит от культурных особенностей взаимодействующих популяций. Учитывая длительную историю контакта между белорусами и белорусскими татарами (более 6 столетий), существенное культурное влияние этих народов друг на друга (в первую очередь, проявившееся в очень раннем переходе татар на белорусский язык) и исторические сведения о браках между мужчинами-татарами и белорусками [2], интересно рассмотреть вопрос об интенсивности и направленности потока генов по мужской линии между этими двумя популяциями.

В генофонде белорусов в небольшом количестве присутствуют гаплогруппы Y-хромосомы, характерные для популяций Причерноморья, Кавказа, Закавказья, Урала и Сибири (G-M201, J1-M267, J2-M172, Q-M242 и R1b-M478) [1], которые могли бы указывать на генетический поток от татар к белорусам. Однако анализ более глубоких маркеров и STR-гаплотипов свидетельствует о том, что данные варианты Y-хромосомы довольно сильно различаются у белорусов и белорусских татар, таким образом, их перенос от татар к белорусам маловероятен. С другой стороны, в изученной выборке белорусских татар либо отсутствуют, либо имеют очень низкую долю гаплогруппы I2a-P37.2 и N1c-Tat соответственно (табл. 1), которые занимают второе и третье место по частоте у белорусов [1]. Имеющиеся на настоящий момент данные, как уже обсуждалось, не позволяют сделать вывод об общем или различном происхождении гаплогрупп R1a(xM458) и R1a-M458 – наиболее частых как у белорусов, так и у белорусских татар. Таким образом, вклад белорусских татар в пул Y-хромосомы белорусов незначителен, а вопрос об обратном влиянии остается открытым, хотя если такой процесс и происходил, то затронул лишь отдельные гаплогруппы.

## Выводы

1. В генофонде белорусских татар присутствуют гаплогруппы, встречающиеся в современных популяциях Кавказа, Закавказья, Ирана, Средней Азии, Южной Сибири и Восточной Европы, что указывает на сложную генетическую структуру популяции, предковой по отношению к белорусским татарам, а также, возможно, на вклад нескольких миграций в этногенез белорусских татар.

2. Для основных гаплогрупп генофонда белорусских татар (J2a, R1a(xM458) и R1a-M458) характерно присутствие большого количества одинаковых или близких гаплотипов, что говорит о значительном эффекте основателя по мужской линии и может быть результатом семейной миграции.

3. На основании полученных нами данных можно заключить, что поток генов по мужской линии от белорусских татар к белорусам был незначительным. В генофонде же самих белорусских татар есть гаплогруппы (R1a(xM458) и R1a-M458), которые потенциально могли попасть к ним от восточнославянских популяций, однако пока имеющиеся данные не позволяют сделать однозначного вывода.

Работа выполнена при финансовой поддержке программы аспирантских исследований и интернационализации DoRa Европейского Социального Фонда.

## Литература

1. *Kushniarevich A. et al.* // PLoS One. 2013. Vol. 8(6).
2. Энцыклапедыя гісторыі Беларусі / пад рэд. Г. П. Пашкова [і інш.]. Мінск, 2001. Т. 6.
3. *Mathew C. G.* // Methods Mol. Biol. 1985. Vol. 2. P. 31–34.
4. *Bandelt H.-J., Forster P., Röhl A.* // Mol. Biol. Evol. 1999. Vol. 16. P. 37–48.
5. *Di Cristifaro J., Pennarun E. et al.* // PlosOne. 2013. Vol. 8(10).
6. *Yunusbaev B., Metspalu M., Jarve M. et al.* // Mol. Biol. Evol. 2012. Vol. 29(1). P. 359–365.
7. *Underhill P. A. et al.* // Eur. J. Hum. Genet. 2010. Vol. 18(4). P. 479–484.
8. *Rebala K. et al.* // Forensic Sci. Int. Genet. 2011. Vol. 5. P. 17–20.

9. *Mielnik-Sikorska M.* et al. // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2013. Vol. 7(1). P. 200–203.
10. *Лобов А. С.* Структура генофонда субпопуляций башкир: автореф.... канд. биол. наук. Уфа, 2009.
11. *Balanovsky O.* et al. // *Am. J. Hum. Genet.* 2008. Vol. 82. P. 236–250.
12. *Tambets K.* et al. // *Am. J. Hum. Genet.* 2004. Vol. 74. P. 661–682.
13. *Dulik M. C.* et al. // *Am. J. Hum. Genet.* 2012. Vol. 90(2). P. 229–246.
14. *Balanovsky O.* // *Mol. Biol. Evol.* 2011 Vol. 28(10). P. 2905–2920.
15. *Zerjal T.* et al. // *Genetika.* 2010 Vol. 46(9). P. 1276–1277.

*V. S. PANKRATOV, A. I. KUSHNIAREVICH, O. G. DAVYDENKO*

vasilipankratov@gmail.com; lkushniarevich@gmail.com; davydenko@tut.by

**GENETIC POLYMORPHISM OF Y-CHROMOSOME MARKERS IN THE POPULATION  
OF BYELORUSSIAN TATARS**

**Summary**

Byelorussian tatars appeared in the territory of modern Belarus not later than the end of the 14<sup>th</sup> century and they are thought to be descendants of the inhabitants of the Golden Horde. Genetic relationships between Byelorussian Tatars and other Turkic peoples, as well as modern Byelorussians are not well understood. In order to address this question we studied the genetic structure of the population of Byelorussian Tatars using Y-chromosomal biallelic and STR markers. The study revealed the presence of genetic components typical for the populations of Northern and Southern Caucasus, Central Asia, and South Siberia.