УДК 929.51

ЛИТОВСКИЕ ТАТАРЫ. ДНК-РОДОСЛОВНЫЕ И ИХ КОРНИ В СТЕПЯХ ЕВРАЗИИ

И.Л. Рожанский

Академия ДНК-генеалогии (Цукуба, Япония)
e-mail: igorrozhanskii@gmail.com

Авторское резюме

Анализ репрезентативной выборки данных Y-ДНК литовских татар позволил заключить, что (i) не менее 2/3 от ее представителей ведут свой род от народов, населявших степную часть Золотой Орды, говоривших на кыпчакских языках и представлявших в основном различные ветви гаплогрупп R1a, J2, Q1a и R1b; (ii) принципиальные генеалогические линии литовских татар восходят к скифским племенам, заселявшим в эпоху железа зону евразийских степей; и (iii) возникновение кыпчакской ветви тюркских языков может быть связано с тюркизацией одной их групп скифских по происхождению племен, как можно судить по преобладанию ветвей одного и того же субклада R1a-Z2125 среди всех без исключения народов этой группы. Последний тезис предполагает критический пересмотр и модификацию существующих моделей этногенеза кыпчаков.

Ключевые слова: Литовские татары, Литва, татары, ДНК, кочевники.

THE LITHUANIAN TATARS. DNA ANCESTRY TRACED TO THE EURASIAN STEPPES

Igor Rozhanskii

Academy of DNA-Genealogy (Tsukuba, Japan)
e-mail: igorrozhanskii@gmail.com

Abstract

Analysis of the representative Y-DNA dataset of the Lithuanian Tatars has led to the conclusions that (i) at least 2/3 of its members descend paternally from the inhabitants of the steppes belt of the Golden Horde, who spoke Kipchak languages and belonged to various branches of haplogroups R1a, J2, Q1a and R1b; (ii) the principal Y-DNA lineages of the Lithuanian Tatars originate from the Scythian tribes, who occupied a zone of Eurasian steppes during the Iron Age; and (iii) a formation of the Kipchak group of the Turkic languages can be assigned to the language shift to Turkic for certain Scythian tribes, as it follows from the dominance of closely related branches of R1a-Z2125 subclade among all Kipchak-speaking peoples. The latter proposal presumes the critical re-evaluation of existing models of Kipchak ethnic history.

Keywords: Lithuanian Tatars, Lithuania, Tatars, DNA, nomads.

* * *

В центре Европы, в окружении белорусов, поляков и литовцев живет небольшой (около 12 тысяч человек) народ, фактом своего существования ломающий общепринятые определения этнологии. Это литовские (они же польско-литовские) татары, ничем по образу жизни и внешности не отличающиеся от соседей, утратившие свой исходный тюркский язык более 400 лет назад, а затем в значительной мере отошедшие от своей веры (ислама суннитского толка), но сохранившие национальное самосознание и память о своих корнях. По многочисленным документальным данным, они – потомки уроженцев Золотой Орды, переходивших на службу в Великое Княжество Литовское (ВКЛ) преимущественно в конце XIV – начале XV веков. Полки легкой татарской конницы оказались ценным дополнением к тяжеловооруженной кавалерии, составлявшей основу польско-литовской армии той эпохи. Это далеко не единственный случай, когда кочевники из евразийских степей переходили на службу к европейским монархам и селились на территории их стран, но только литовским татарам удалось не раствориться среди окружавших их народов и сохранить свою национальную идентичность. Этот феномен привлекал внимание историков, начиная со времен, когда некоторые хронисты пытались оправдаться в поражении Тевтонского Ордена в Грюнвальдской битве тем, что немецким рыцарям якобы противостояли неисчислимые татарские орды.

Хотя история отдельных литовско-татарских шляхетских родов известна по документам, начиная с перехода их предков на литовскую службу, в целом сохранилось мало сведений о том, из каких мест обширного степного региона происходили предки литовских татар и к каким народам принадлежали. Для решения этой загадки недавно стали привлекать данные популяционной генетики, как собранные в ходе полевых исследований (Pankratov 2016), так и полученные на коммерческой основе в рамках Lithuanian Tatars Nobility Project (Думин 2016). Обе работы отмечали вклад Y-хромосомных линий центрально- и восточноазиатского происхождения, но расходились в оценке доли этого вклада, а также в происхождении других генеалогических линий.

Однако в этой проблеме есть еще один аспект, что может представлять интерес не только для узких специалистов по ВКЛ, но и для всех историков-медиевистов. В силу довольно ранней изоляции от родственных им степных народов литовские татары должны были во многом сохранить тот набор генеалогических линий, что существовал в степной части Золотой Орды времен ее возникновения и расцвета. Поскольку переселение татар в ВКЛ было довольно массовым, на уровне нескольких тысяч профессиональных военных, то генеалогические линии их потомков можно считать «зондом», зафиксировавшим их состояние на момент миграции. В свою очередь, их анализ предоставляет независимые данные при реконструкции этнического состава и происхождения народов, в значительной степени определявших ход истории Восточной Европы и Северного Кавказа в X-XV веках. Несмотря на большой объем имеющегося исторического и лингвистического материала, на многие вопросы по этой теме до сих пор нет однозначных ответов. В частности, нет по-настоящему убедительной теории этногенеза кыпчакских народов, языки которых за короткое по историческим меркам время вытеснили все остальные, что были в ходу на территории Великой Степи. В настоящей работе будет проведен анализ доступных на сегодняшний день данных по Y-ДНК литовских татар с целью дать дополнительный материал для решения перечисленных выше проблем.

В качестве исходного материала использовались две независимые выборки. Первая была собрана на условиях анонимности в Белоруссии среди людей, предки которых до 3-го поколения были литовскими татарами. Это 74 гаплотипа в 17-маркерном формате YFiler (Pankratov 2016). Вторая выборка, опубликованная на проекте Lithuanian Tatars Nobility, состоит из 42 гаплотипов в форматах от 12 до 111 маркеров. Администраторы проекта персонально отобрали участников с подтвержденным литовско-татарским происхождением, а также сделали доступными их фамилии. Всего их насчитывается 32, причем не все однофамильцы оказались близкими родственниками по результатам тестов на Y-ДНК, и, наоборот, линии с недавним общим предком, как правило, состояли из участников с разными фамилиями. Поскольку одно из принципиальных условий отбора образцов, а именно отсутствие близкого родства, не контролировалось в коммерческом ДНК-проекте, то необходима дополнительная проверка, насколько правомерно ее использование для поставленной задачи. В качестве критерия можно использовать распределение гаплотипов по гаплогруппам. Если их доли окажутся одними и теми же в пределах погрешности, то обе выборки можно считать равнозначными по репрезентативности и соответствующими принципу случайного отбора. Статистика приведена ниже.

Гаплогруппа	**Pankratov 2016**	**Lithuanian Tatars Nobility**
G2a	3	4
I2a2	1	0
J1	4	1
J2	15	8
N	2	2
Q	6	6
R1a	36	17
R1b	7	4
Всего	74	42

В обеих выборках присутствует один и тот же набор гаплогрупп, причем для наиболее представленной в них R1a относительные доли равны 50% и 40%, соответственно. Вторая по численности гаплогруппа J2 дает по 20% в обеих, а некоторый разброс в минорных линиях находится в пределах статистической погрешности. Критерий проверки можно считать выполненным, а это позволяет провести совместный анализ обеих выборок как единого целого. Суммарное количество в 116 образцов Y-ДНК дает плотность тестирования 1 к 500 для этнической группы численностью около 12 тысяч человек. Это высокий показатель, превосходящий данные из многих работ популяционных генетиков, что принято считать «классическими». При анализе выборки литовских татар в исследовании популяционных генетиков из Белоруссии (Pankrftov 2016) привлекались также данные по Y-ДНК других тюркоязычных народов: ногайцев, казанских татар, азербайджанцев, чувашей, и др. Эти данные также будут использоваться, по мере возможности.

Прежде всего, следует рассмотреть статистику по основным гаплогруппам и субкладам в выборке литовских татар и сопоставить ее с данными по релевантным народам. Она представлена в графической форме на рис. 1, где для литовцев, поляков, украинцев и казахов источником послужили проекты, доступные на сайте Family Tree DNA (https://www.familytreedna.com/projects.aspx), а для белорусов (Рожанский 2013), крымских татар (Муратов 2016) и киргизов (Di Cristofaro 2013) – опубликованные полевые выборки.

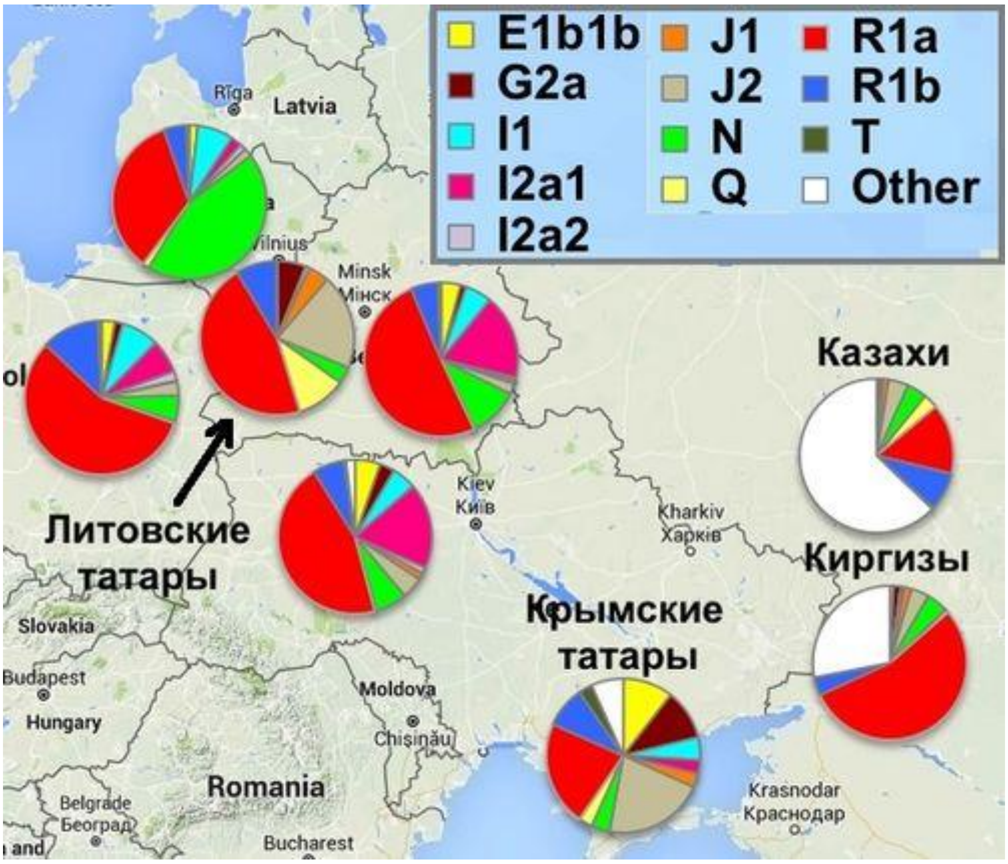

Рис. 1. Распределение 12-ти основных гаплогрупп и субкладов Европы в выборках литовских татар, окружающих их народов и народов степной зоны Евразии

Если подходить к полученной статистике формально, то литовские татары займут промежуточное положение между восточными славянами и тюркскими народами, как это и было заявлено по результатам анализа по принципиальным компонентам (ПКА) в статье популяционных генетиков (Pankratov 2016, Supplementary Fig. 1). Авторы сделали вывод, что «*результаты ПКА указали на смешанное происхождение патрилинейного пула у литовских татар, так как он содержит гаплогруппы, типичные для Кавказа, Средней Азии и Сибири, наряду с теми, что в настоящее время обычны у европейцев*». Чтобы понять, так ли это в действительности, и какова реальная степень смешения Y-хромосомных линий, следует применить не усредняющий всё и вся ПКА, а методы ДНК-генеалогии. Предваряя анализ, следует обратить внимание, что в имеющейся выборке литовских татар отсутствуют представители восточноазиатских гаплогрупп C2-M217 и O-M175, которые помещены в категорию «прочие» на рис. 1 и составляют заметную долю у казахов и киргизов. Этот факт понадобится при последующем обсуждении.

Почти половина литовских татар из совместной выборки принадлежит к гаплогруппе R1a, представленной субкладами Z2125, M458 и Z280. Распределение 17-маркерных гаплотипов по ветвям приведено на рис. 2.

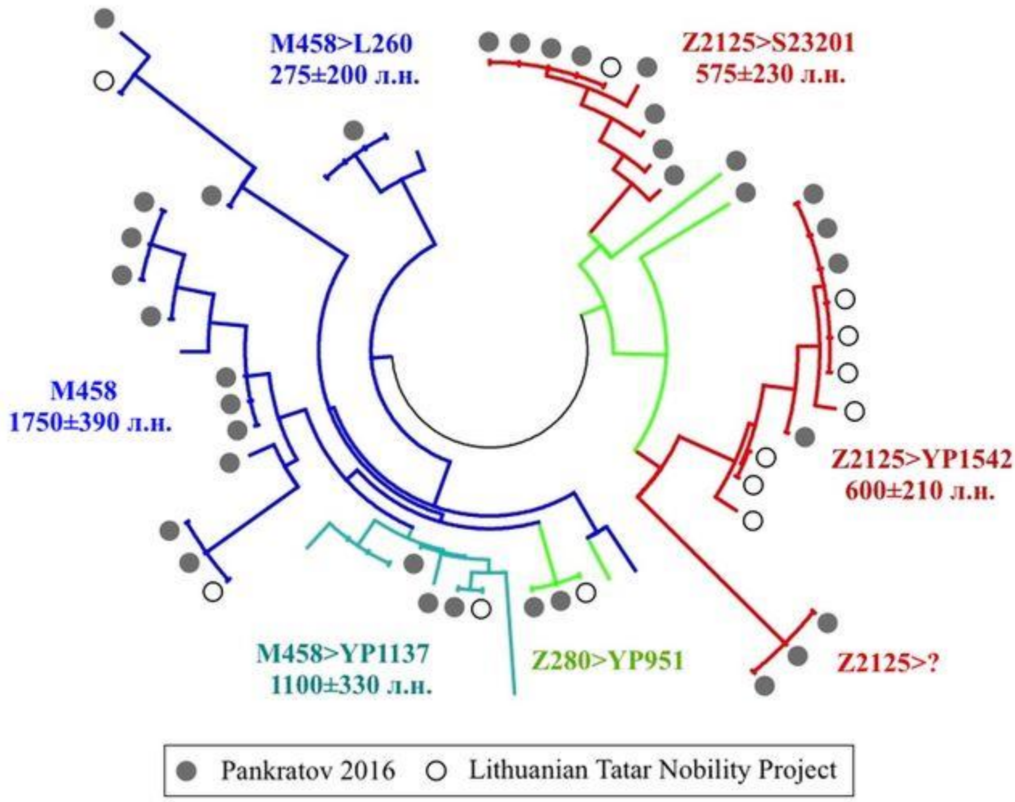

Рис. 2. Дерево 17-маркерных гаплотипов литовских татар из гаплогруппы R1a. Не маркированы гаплотипы ногайцев и волжских татар, добавленные из списка в (Pankratov 2016).

Как следует из структуры дерева, одни и те же ветви присутствуют в обеих выборках, причем у семи участников проекта Lithuanian Tatar Nobility обнаружились точные совпадения по общим маркерам с гаплотипами, собранными на условиях анонимности в Белоруссии. Это обстоятельство позволило уточнить отнесение нескольких линий из полевой выборки, которую типировали только на 26 снипов.

Азиатский субклад Z2125 представлен двумя ветвями, времена жизни предков которых соответствуют времени возникновения литовских татар как отдельной этнической группы. Группа из 11 гаплотипов в правой части дерева принадлежит к ветви YP1542, широко распространенной у киргизов и алтайцев. Ее базовый 17-маркерный гаплотип расходится на 2 мутации с базовым гаплотипом основной ветви киргизов из полевой выборки (Di Cristofaro 2013), начало роста которой датируется 1400±300 годами назад:

Литовские татары	13 25 15 11 11 14 10 14 11 32 15 14 21 12 15 11 23
Киргизы	13 25 16 11 11 14 10 14 11 32 15 14 21 12 16 11 23

Соседняя с ней группа из 9 гаплотипов относится к очень редкой ветви S23201, носители которой найдены у венгерских секлеров, молдаван, русских, украинцев, казанских татар, чеченцев, а также на Британских Островах. Из-за малого числа гаплотипов и больших дистанций между ними время жизни предка родительской ветви можно оценить лишь приблизительно как 3500±1000 лет назад. Их базовые гаплотипы, соответственно:

Литовские татары	13 23 17 11 11 14 11 14 11 32 16 14 20 12 16 11 23
R1a-S23201	13 23 17 11 11 14 10 14 11 32 16 14 20 12 16 11 23

Обе ветви принадлежат к субкладу S23592, что является параллельным к хорошо изученному Z2123, широко распространенному на Индийском субконтиненте и у ряда тюркоязычных народов. Следует также отметить, что родительская ветвь S23592 была определена в образце ископаемой ДНК под кодовым номером RISE495 из Красноярского края, отнесенном к Карасукской культуре бронзового века (Allentoft 2015; В. Таганкин, частное сообщение). Таким образом, не вызывает сомнений факт, что обе рассмотренные линии литовских татар восходят к народам, заселившим восточную часть евразийских степей со времен бронзы в ходе миграций ариев.

Однако степные ветви гаплогруппы R1a уступают по представленности в данной выборке центрально-европейскому субкладу M458, что дало основание авторам статьи в Scientific Reports сделать вывод о смешанном происхождении Y-хромосомных линий литовских татар. При всей очевидности подобного утверждения, оно вступает в противоречие с рядом фактов. Во-первых, на дереве 17-маркерных гаплотипов можно выделить две компактные ветви, которые сходятся к датировкам, существенно превышающим время появления татарских поселений в ВКЛ. Если бы они возникли в результате смешения с окружающим славянским населением, то либо времена жизни их предков были порядка 600 лет назад и позднее, либо они были бы близки к датировкам этих ветвей у славян, то есть около 2300-2700 лет назад. Во-вторых, образец Blt27 в верхней части диаграммы находится в близком родстве с караногайцами из Дагестана и волжскими татарами, никак не связанными с Белоруссией. С этой группой из 5 гаплотипов совпадает по общим маркерам группа из трех казанских татар с татарского проекта FTDNA, общий предок которых жил 400±170 лет назад, и у которых подтверждена западно-славянская ветвь L260. Очевидно, все они происходят от предка-татарина, дальнейшая родословная которого пока неизвестна. В-третьих, то же самое можно сказать о группе из литовских татар, караногайцев, кубанского ногайца и волжского татарина в нижней части диаграммы. Для одного из ее представителей была определена следующая цепочка снипов: M458 > PF7521 > CTS11962 > L1029 > YP417 > YP418 > YP1137.

Согласно данным с гаплогруппного проекта FTDNA, родительская к YP1137 ветвь YP418 выделяется из всей центрально-европейской ветви (CTS11962) тем, что она крайне редко встречается у западных славян, но доминирует у русских, украинцев и болгар, среди которых, в свою очередь, мала доля других ветвей. Как и в случае с «татарской» линией L260, предок этой ветви также, очевидно, принадлежал к одному из тюркоязычных народов. Наконец, сценарий с недавним переносом линий субклада M458 от белорусов к литовским татарам вступает в противоречие с необычной «избирательностью» такого переноса. Ветви субклада M458, прежде всего центрально-европейская, широко распространены у белорусов, но их доля (около 15%) уступает субкладу R1a-Z280 (35%) и сопоставима с вкладами ветвей N1c-L1025 и I2a-CTS10228. В выборке литовских татар на 19 гаплотипов R1a-M458 приходится 5 R1a-Z280, один или два N1c-L1025 и ни одного I2a-CTS10228. В популяционной генетике подобный дисбаланс принято объяснять «эффектом основателя», но это объяснение сродни хрестоматийному «веревка есть вервие простое». Следует искать трактовку, не страдающую трюизмами и натяжками.

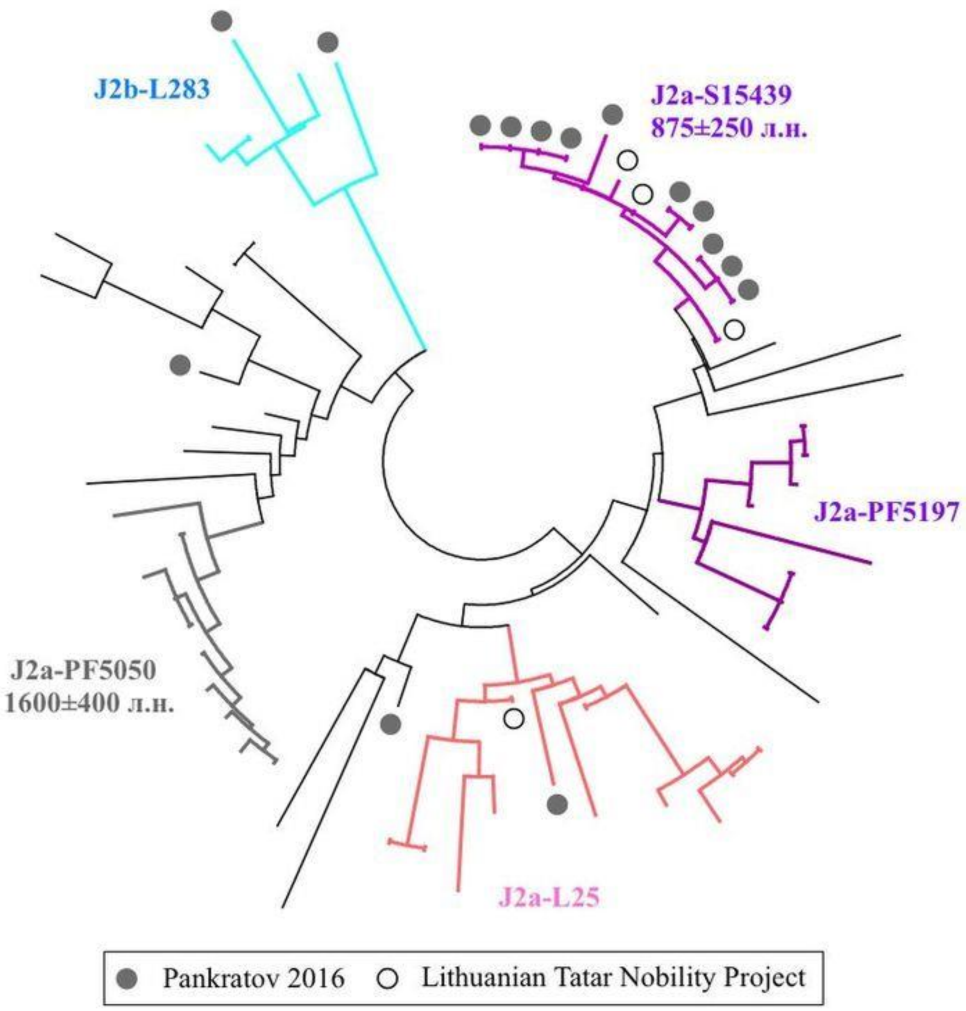

Рис. 3. Дерево 17-маркерных гаплотипов литовских татар из гаплогруппы J2. Не маркированы гаплотипы ногайцев, волжских татар, мордвы, марийцев, чувашей и башкир, добавленные из списка в (Pankratov 2016).

Вторая по представленности гаплогруппа в выборке – J2-M172. Ее существенная доля (23 из 114 гаплотипов), очевидно, внесла основной вклад в расчет методом ПКА, сблизившим литовских татар с народами Северного Кавказа. Однако прямолинейный подход здесь неприемлем, поскольку гаплогруппа J2 расходится на десятки далеко отстоящих ветвей, многие из которых не имеют отношения к Кавказу. В цитируемой работе (Pankratov 2016) вопрос об отнесении к той или иной ветви гаплогруппы J2 фактически был вынесен за скобки, что обесценивает сделанные авторами выводы. Видимо, чтобы как-то скомпенсировать этот недостаток, при рассмотрении гаплогруппы J2 авторы привлекли большое количество гаплотипов, найденных у других народов: ногайцев, волжских татар, мордвы, марийцев, чувашей и башкир. Сводное дерево для всей многонациональной выборки приведено на рис. 3.

Вопреки графикам популяционных генетиков, у литовских татар практически не оказалось ветвей, характерных для Северного Кавказа. В левой и в нижней частях диаграммы находятся 6 разрозненных гаплотипов, относящихся, согласно оценке, к субкладам J2b-L283, J2a-PF5197, J2a-M67 и J2a-L25. Отнесение четырех 12-маркерных гаплотипов с проекта Lithuanian Tatar Nobility, не включенных в дерево, неясно, за исключением одного, идентифицированного как J2a-L192. Остальные 13 гаплотипов формируют компактную ветвь с предком, жившим в эпоху гегемонии кыпчаков в евразийских степях. Эта генеалогическая линия стоит особняком среди других представителей гаплогруппы J2 в Восточной Европе, поскольку она не относится ни к одному из характерных для нее субкладов L283, M67 и L25. По результатам анализа J-M172 SNP Pack для нее определена такая последовательность снипов: L26 > PF5087 > Z2221 > PF5197 > PF5172 > PF5191 > FGC16096 > S15439. На проекте гаплогруппы J2 (https://www.familytreedna.com/groups/j2-m172/about) зарегистрировано всего 3 участника с подтвержденным снипом S15439, для 9 участников определен эквивалентный ему L198, еще для 6 гаплотипов подтвержден находящийся выше по иерархии FGC16096. Остальные представители этих ветвей были включены администраторами проекта по сходству протяженных гаплотипов. Структура и география ветви FGC16096 представлена на следующей схеме (рис. 4).

Можно оценить, насколько далеко расходятся три компактные линии ветви S15439 из Саудовской Аравии (1000±200 лет до предка), Швейцарии (875±210 лет) и Литвы (850±260 лет). Вот их базовые 37-маркерные гаплотипы, в той же последовательности:

12 23 14 10 13-15 11 13 12 13 11 29 15 9-9 11 11 26 15 20 29 13-13-15-15 11 10 19-22 14 14 16 16 34-38 11 9

12 23 14 10 14-15 11 13 13 13 11 29 15 9-9 11 11 26 15 19 30 13-15-16-16 10 11 19-22 15 14 17 15 35-38 11 9

13 23 14 10 13-18 11 15 13 14 11 30 17 9-9 12 11 24 15 21 32 14-15-16-16 11 11 19-22 15 13 16 17 34-34 12 9

Они образуют треугольник со сторонами в 31, 29 и 14 мутаций, где короткая сторона соответствует дистанции между арабской и швейцарской группой. Это означает, что литовско-татарская ветвь разошлась с другими 7300 лет назад или ранее. Поскольку она принадлежит к субкладу J2a-PF5197, что является специфическим для Передней и Южной Азии, то в качестве наиболее вероятных вариантов можно рассматривать Среднюю Азию и примыкающий к ней пояс степей.

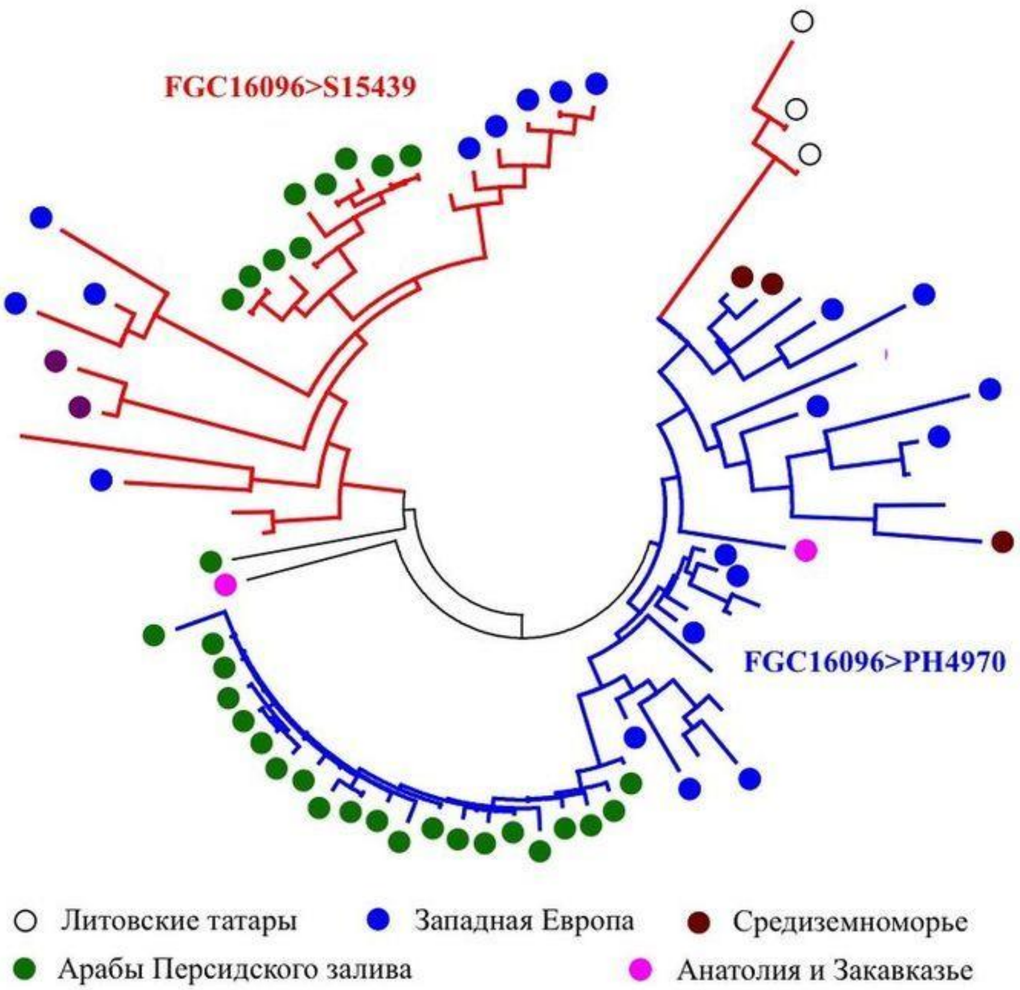

Рис. 4. Дерево 37-маркерных гаплотипов субклада J2-FGC16096

Остальные гаплогруппы, найденные в выборке литовских татар, заметно уступают по численности R1a и J2, но среди них также есть ряд линий, которые могут дать информацию о месте происхождения этой этнической группы. Они представлены в графической форме на рис. 5.

Ветви гаплогрупп Q, R1b-M73 и R1b-Z2103, отмеченные на рис. 5, встречаются у многих народов Великой Степи, а потому их появление у литовских татар вполне закономерно. Любопытно, что все 3 представителя субклада R1b-M73, по-видимому, принадлежат к той же самой ветви, что была идентифицирована в останках знатных монголов времен Монгольской Империи и произвела сенсацию у не слишком знакомых с предметом журналистов (Lkhagvasuren 2016). Происхождение молодой линии из ветви G2a-L1264 не столь очевидно. Если буквально трактовать статистику по современным народам, то эту линию следовало бы отнести к недавним мигрантам с Северного Кавказа, поскольку ветвь L1264 является одной из основных генеалогических линий адыго-абхазских народов, а также распространена в Грузии. Однако, находки гаплогруппы G2 (субклад не определялся) в захоронениях донских алан VIII века н.э. показывают, что за 600-700 лет до переселения татар в ВКЛ эта гаплогруппа была представлена на территории будущей Золотой Орды (Афанасьев 2015). О том же косвенно свидетельствует география ветви G2a-L1264 за пределами Кавказа. Она рассеяна с низкой частотой среди восточных славян, татар и евреев-ашкенази, что больше согласуется с ранним степным происхождением этих редких линий, чем с относительно недавней миграцией с Северного Кавказа. Гаплогруппа N представлена в выборке всего тремя гаплотипами, из которых один принадлежит к распространенному у тюркских народов субкладу P43. Отнесение двух других неясно из-за низкого разрешения. О происхождении единственного носителя редкой для Восточной Европы гаплогруппы I2a2-M223 сложно делать какие-либо выводы.

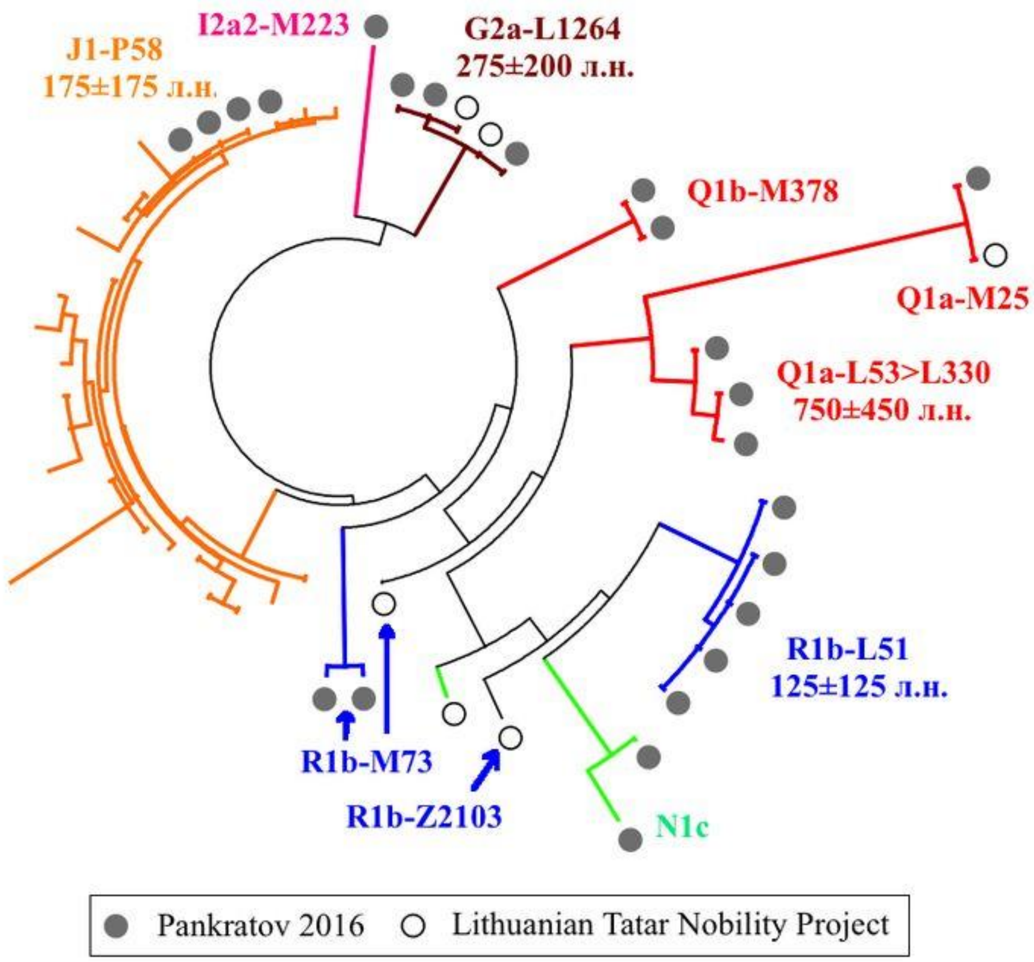

Рис. 5. Дерево 17-маркерных гаплотипов литовских татар из минорных гаплогруппы. Не маркированы гаплотипы армян и азербайджанцев, добавленные из списка в (Pankratov 2016).

Наконец, остаются две группы, состоящие из близких родственников, для которых маловероятно как степное, так и славянское происхождение. Первую, из гаплогруппы J1-P58, авторы цитируемой статьи попытались вывести с Кавказа, руководствуясь, видимо, расчетом ПКА. Поскольку им не удалось обнаружить представителей субклада P58 на Северном Кавказе (там доминирует параллельный ему Z1828), то для сравнения брали гаплотипы армян и азербайджанцев. По неизвестной причине вне поля зрения остался народ, в течение последних 600 лет живший в тех же самых населенных пунктах, что и литовские татары – евреи-ашкенази. Базовый гаплотип одной из ашкеназийских ветвей гаплогруппы J1, а именно J-FGC5206, точно совпадает с базовым гаплотипом группы литовских татар:

12 23 14 10 13 17 11 13 11 31 17 14 20 11 15 10 20

Очевидно, родословная этой семейной линии восходит к восточно-европейским евреям, но ее детали пока неизвестны. Происхождение второй линии из западноевропейского субклада R1b-L51 пока остается неясным из-за низкого разрешения.

По результатам проведенного анализа можно сделать вывод, что от 65% до 85% литовских татар из совместной выборки по своим мужским родословным восходят к народам, населявшим территорию Золотой Орды на рубеже XIV–XV вв. Разночтения касаются в основном гаплотипов из субклада M458 в низком разрешении. В пользу того, что их носители также восходят к переселенцам из евразийских степей, говорит статистика по ногайцам (Схаляхо 2013) и черкесам (Balanovsky 2011), у которых были найдены гаплотипы R1a-M485, не типироввшиеся на более глубокие снипы, а также единичный пока гаплотип балкарца с карачаево-балкарского проекта[1] (кит № 307200), принадлежащий к очень редкой родительской ветви M458. Кажущаяся очевидной версия о недавнем происхождении от кубанских и терских казаков не согласуется ни с фактами истории тюркоязычных народов Северного Кавказа, ни с датировками ветвей, найденных в исследованной выборке (рис. 2).

При сравнении с современным распределением представленных в выборке гаплогрупп и данными ископаемой ДНК весь набор степных генеалогических линий можно условно поделить на «западную» и «восточную» части. К первой относятся ветви G2a-L1264, R1a-M458, R1b-Z2103, J2b-L283, а также, возможно, некоторые участники из ветвей R1a-Z280 и J2a. Ко второй – R1a-S23592, J2a-S15439, Q1a, Q1b и R1b-M73. Современное количественное соотношение этих линий, принципиально важное при расчетах ПКА, имеет второстепенное значение при реконструкции методами ДНК-генеалогии. За 600 лет существования татарского субэтноса в ВКЛ исходные пропорции неоднократно менялись – какие-то линии из исходного набора росли быстрее, какие-то медленнее, а многие пресеклись, не оставив потомков в современной популяции. То есть происходило то, что называется генетическим дрейфом. По этой причине принципиальную информацию об истории народов

[1] https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults

Золотой Орды несут не проценты той или иной генеалогической линии в современной выборке, а само наличие таких линий и времена жизни их предков.

«Восточная» группа ветвей роднит литовских татар с народами, говорящими на кыпчакских языках – киргизами, казахами, башкирами, карачаевцами и балкарцами, у которых они также имеются, хотя и в других соотношениях. Происхождение «западной» группы, вероятно, следует связывать с населением Восточной Европы, вновь заселившим степную зону после демографического кризиса рубежа III-II тысячелетий до н.э. Об этом свидетельствуют времена жизни предков соответствующих ветвей гаплогрупп G2a, J2b, R1a и R1b, что попадают в узкий интервал 4200-3800 лет назад. По археологическим данным, в степной зоне Европы исчезают захоронения в промежуток времени между 4200 и 4000 годами назад, но появляются на Южном Урале, маркируя синаштинскую культуру (Anthony 2007). Палеоклиматологи фиксируют необычной силы засуху на Ближнем Востоке, начавшуюся около 4200 лет назад и длившуюся около 100 лет (DeMenocal 2001). К следствиям резкого изменения климата, помимо падения Аккадского царства в Месопотамии и Древнего Царства в Египте, относится, видимо, и уход людей из степей, превратившихся в пустыню. Когда засуха закончилась, люди вернулись, но это были уже другие племена, потомки которых продолжали жить там вплоть до очередной радикальной смены населения на закате Золотой Орды. За прошедшее с эпохи бронзы время их генеалогические линии во многом перемешались с линиями, что пришли с востока, в том числе и теми, что, сделав круг, вернулись в места, которые когда-то покинули.

В силу исторических обстоятельств, смешанный характер населения причерноморских степей позднего Средневековья во многом «законсервировался» у литовских татар. В этом уникальность их положения, поскольку у других родственных им народов замещение исходных генеалогических линий происходило намного интенсивнее. Так, у казанских татар преобладают автохтонные линии Поволжья, среди тюркоязычных народов Северного Кавказа – местные кавказские гаплогруппы, а в этногенез (и фенотип) казахов значительный вклад внесли монгольские племена, предки современных калмыков (Каржавин 2009). Первое, на что следует обратить внимание – это отсутствие в выборке гаплогрупп восточноазиатского происхождения (C2 и O), а также очень низкую долю гаплогруппы N, которая служит меткой миграций с Алтая у многих тюркских народов. Хотя их исчезновение можно отнести за счет генетического дрейфа, подобная избирательность, скорее всего, говорит о том, что в исходной популяции их также было мало, что повышает вероятность «вымывания» таких линий. Гаплогруппы Q1b, Q1a-M25 и R1b-M73, хотя и присутствуют на Алтае и в Монголии, но, согласно статистике, больше тяготеют к Средней Азии, где, вероятно, и зародились. О возможном среднеазиатском происхождении ветви J2a-S15439 уже говорилось выше, а миграционные пути ариев из ветви R1a-Z93, предковой к Z2125, с Русской равнины на восток надежно реконструируются по сумме имеющихся данных (Клёсов 2016).

Поскольку существуют весомые свидетельства, что изначальный язык литовских татар принадлежал к кыпчакской группе тюркских языков (Pankratov 2016, Supplementary Information Text), то, очевидно, основной вклад в их формирование внесли кыпчакские народы, известные в древнерусских источниках под собирательным названием «половцы», с ударением на последнем слоге (Зализняк 2014, с. 649). Их этногенез во многом остается загадкой, и консенсус специалистов существует только относительно места формирования тюркских языков, зафиксированных в самых ранних письменных источниках. На основе палеографического материала и средневековых хроник исходный ареал обитания тюркских народов, как правило, помещают в верховья Оби и Енисея, где в настоящее время живут говорящие на языках этой группы тувинцы, хакасы, чулымцы, карагасы (тофалары), шорцы, тубалары, кумандинцы, челканцы, алтай-кижи[1]. Несмотря на языковое родство, по набору Y-хромосомных линий они показывают существенные отличия друг от друга (Derenko 2008, Балаганская 2011, Dulik 2012, Underhill 2014). В различных, зачастую контрастирующих пропорциях у коренных народов Алтая и Саян представлены гаплогруппы C2, D, O2, Q1a-L53, N, R1a и R1b, причем для многих из них можно выделить молодые ветви с датами жизни предков 1000-1500 лет назад. При анализе доступных 17-маркерных гаплотипов (Dulik 2012, Underhill 2014) выяснилось, что в выборке литовских татар из них присутствуют только субклады R1a-S23592 и Q1a-L53 (ветвь L330), а также единичный гаплотип из субклада N-P43.

Из этого наблюдения можно сделать предварительный вывод, что либо население Алтая претерпело радикальные изменения в послемонгольскую эпоху, когда литовские татары уже осели на своих новых землях, либо вклад жителей этого региона в этногенез кыпчакских народов был сравнительно небольшим. Если исходить из данных по ископаемой ДНК, то первый вариант вполне вероятен, поскольку в захоронениях, от эпохи бронзы до раннего Средневековья, обнаружено несколько десятков носителей гаплогруппы R1a, но лишь единичные образцы из гаплогрупп C (Keyser 2009, образец S07), J2a-PF5050 (Allentoft 2015, C. Rottensteiner, частное сообщение, образец RISE602), N-P43 (Пилипенко 2015) и Q1a-M25 (Allentoft 2015, образцы RISE600 и RISE601). Имеющаяся статистика, однако, не позволяет пока оценить, насколько значительным был перевес «скифских» ветвей R1a-Z93 в регионе и на какое время приходится их частичное замещение на восточноазиатские гаплогруппы C2, O2, N-P43 и Q1a-L53. Вероятность второго варианта, о происхождении кыпчаков за пределами Алтая, напрямую зависит от пока еще фрагментарных данных по ископаемой ДНК степных народов Евразии в Средние Века. Она тесно переплетена с проблемой т.н. «аланского наследства», что является одной из горячих тем в истории Северного Кавказа.

Оба варианта, однако, сходятся в одном – родословные подавляющего большинства литовских татар, как, очевидно, и половцев, «срезом» с которых их можно считать, восходят к народам, населявшим степную зону Евразии с эпохи бронзы и создавшим культурную общность, материальные признаки которой оставили след на всем ее пространстве. В различных источниках они известны как скифы (Σκύθοι), «сака», «шака», «ашкуза», «ишкуза», «*шатс» (蔡). Как следует из современных данных по Y-ДНК, скифы и половцы (предки литовских татар, согласно данной концепции) оказываются очень близкими народами, потомками арийских

[1] https://www.ethnologue.com/country/RU/languages

племен, начавших движение с Русской равнины на восток около 4000 лет назад. От них они унаследовали генеалогические линии из субклада R1a-Z93, которые по мере контактов с окружавшими народами дополнились ветвями из гаплогрупп G2, J2, R1b, а впоследствии R1a-Z282 и гаплогруппами восточноазиатского происхождения. На каком из этапов своей истории они перешли с исходного индоевропейского языка на тюркский, еще только предстоит выяснить. На примере литовских татар мы имеем редкий случай движения по спирали в виде возврата к языку индоевропейской семьи.

Таким образом, исследование Y-хромосомных линий литовских татар позволяет сделать выводы, что (i) не менее 2/3 мужчин в репрезентативной выборке ведут свой род от народов, населявших степную часть Золотой Орды и говоривших на кыпчакских языках; (ii) принципиальные генеалогические линии литовских татар восходят к скифским племенам, заселявшим в эпоху железа обширные пространства от Днепра до Алтая; и (iii) возникновение кыпчакской ветви тюркских языков может быть связано с тюркизацией одной их групп скифских по происхождению племен, как можно судить по преобладанию ветвей одного и того же субклада R1a-Z2125 среди всех без исключения народов этой группы. Последний тезис нуждается в дополнительной поддержке, в первую очередь, со стороны лингвистики. Для локализации места, времени и масштаба этого события, если оно подтвердится, необходимо также переосмыслить материал, собранный археологами и специалистами в источниковедении.

Наконец, ДНК-генеалогия позволяет понять, за счет чего литовские татары сохранили свою национальную идентичность в условиях, когда многие подобные этнические группы неизбежно бы ассимилировались. Помимо религиозных и сословных барьеров, не меньшую, а может быть, и большую роль сыграло то, что они сохраняли преемственность традиций от отца к сыну, что всегда стояла на первом месте у кыпчаков, и проявление которой наблюдаем на примере очень высокой доли предковых линий. Ее не смогли поколебать ни утрата языка, ни многочисленные браки на славянках, ни даже переход в христианскую веру.

ЛИТЕРАТУРА

Афанасьев 2015 - *Афанасьев Г.Е. и др.* Новые археологические, антропологические и генетические аспекты в изучении донских алан // Краткие сообщения Института археологии. Вып. 237. 2015. С. 64-79.

Балаганская 2011 - *Балаганская О.А. и др.* Генетическая структура по маркерам Y хромосомы народов Алтая (России, Казахстана, Монголии) // Вестник Московского государственного университета. Серия XXIII. «Антропология». 2011. № 2. С. 25-39.

Думин и др. 2016 - *Думин С.В., Волков В.Г., Сабитов Ж.М.* Этногенетические связи литовских татар: исторические корни литовско-татарского дворянства // Золотоордынская цивилизация. № 9. С. 309-325.

Зализняк 2014 - *Зализняк А.А.* Древнерусское ударение: Общие сведения и словарь. М.: Языки славянской культуры, 2014. 728 с.

Каржавин 2009 - *Каржавин С.П.* Роль калмыков в формировании генетического портрета казахского этноса. Опыт имитационного моделирования исторического развития популяции // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Т. 2. 2009. № 4. С. 670-746.

Клёсов 2016 - *Клёсов А.А.* Миграции ариев по данным ДНК-генеалогии // Исторический формат. 2016. № 2. С. 127-156.

Муратов 2016 - *Муратов Б.А.* ДНК-генеалогия татарских фамилий – 2. Крымские татары // БЭИП «Суюн». 2016. Т. 3. № 1 [1,2]. С. 28-79.

Пилипенко и др. 2015 - *Пилипенко А.С., Трапезов Р.О., Полосьмак Н.В.* Палеогенетическое исследование носителей пазырыкской культуры из могильника Ак-Алаха-1 (Горный Алтай) // Археология, этнография и антропология Евразии. Т. 43. 2015. № 4. С. 147-153.

Рожанский и др. 2013 - *Рожанский И.Л. и др.* Белорусы: этногенез и связь с другими славянскими народами с позиции ДНК-генеалогии // Наука и инновации. Научно-практический журнал (Минск). 2013. № 3 (121). С. 55-62.

Схаляхо 2013 - *Схаляхо Р.А.* Геногеография тюркоязычных народов Кавказа: анализ изменчивости Y-хромосомы. Автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата биологических наук. М., 2013. 24 с.

Allenloft 2015 - *Allenloft M.E. et al.* Population genomics of Bronze Age Eurasia // Nature. 2015. V. 522. S. 167-172.

Anthony 2007 - *Anthony D.W.* The Horse, the Wheel, and Language: How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World. Princeton and Oxford: Princeton University Press, 2007. 554 p.

Balanovsky 2011 - *Balanovsky O.P. et al.* Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. S. 2905-2920.

DeMenocal 2001 - *DeMenocal P.B.* Cultural Responses to Climate ChangeDuring the Late Holocene // Science. 2001. V. 292. S. 667-673.

Derenko 2006 - *Derenko M. et al.* Contrasting patterns of Y-chromosome variation in South Siberian populations from Baikal and Altai-Sayan regions // Hum. Genet. 2006. V. 118. S. 591-604.

Di Cristofaro 2013 - *Di Cristofaro J. et al.* Afghan Hindu Kush: Where Eurasian Sub-Continent Gene Flows Converge // PLoS ONE. 2013. V. 8(10): e76748. doi:10.1371/journal.pone.0076748.

Dulik 2012 - *Dulic M.C. et al.* Mitochondrial DNA and Y Chromosome Variation Provides Evidence for a Recent Common Ancestry between Native Americans and Indigenous Altaians // Am J Hum Genet. 2012. V. 90. S. 229-246.

Keyser 2009 - *Keyser C. et al*. Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people // Hum. Genet. 2009. V. 126. S. 395-410.

Lkhagvasuren 2016 - *Lkhagvasuren G. et al.* Molecular Genealogy of a Mongol Queen's Family and Her Possible Kinship with Genghis Khan // PLoS ONE. 2016. 11(9): e0161622. doi:10.1371/journal.pone.0161622.

Pankratov 2016 - *Pankratov V. et al.* East Eurasian ancestry in the middle of Europe: genetic footprints of Steppe nomads in the genomes of Belarusian Lipka Tatars // Scientific Reports. 2016. V. 6: 30197. doi:10.1038/srep30197.

Underhill 2014 - *Underhill P.A. et al.* The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a // Eur. J. Hum. Genet. 2014. 23. S. 1-8.

REFERENCES

Afanas'ev 2015 - *Afanas'ev G.E. i dr.* Novye arheologicheskie, antropologicheskie i geneticheskie aspekty v izuchenii donskih alan [New archaeological, anthropological and genetic aspects in studying Don Alan], in: Kratkie soobshhenija Instituta arheologii. Vyp. 237 [Short messages of Institute of archeology. Release 237], 2015, pp. 64-79 [in Russian].

Allenloft 2015 - *Allenloft M.E. et al.* Population genomics of Bronze Age Eurasia, in: Nature, 2015, V. 522, pp. 167-172 [in English].

Anthony 2007 - *Anthony D.W.* The Horse, the Wheel, and Language: How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World. Princeton and Oxford, Princeton University Press Publ., 2007, 554 p. [in English].

Balaganskaja 2011 - *Balaganskaja O.A. i dr.* Geneticheskaja struktura po markeram Y hromosomy narodov Altaja (Rossii, Kazahstana, Mongolii) [Genetic structure on markers Y chromosomes of the people of Altai (Russia, Kazakhstan, Mongolia)], in: Vestnik Moskovskogo gosudarstvennogo universiteta. Serija XXIII. «Antropologija» [Bulletin of Moscow State University. Series XXIII. «Anthropology»], 2011, № 2, pp. 25-39 [in Russian].

Balanovsky 2011 - *Balanovsky O.P. et al.* Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region, in: Molecular Biology and Evolution, 2011, V. 28, pp. 2905-2920 [in English].

DeMenocal 2001 - *DeMenocal P.B.* Cultural Responses to Climate ChangeDuring the Late Holocene, in: Science, 2001, V. 292, pp. 667-673 [in English].

Derenko 2006 - *Derenko M. et al.* Contrasting patterns of Y-chromosome variation in South Siberian populations from Baikal and Altai-Sayan regions, in: Hum. Genet., 2006, V. 118, pp. 591-604 [in English].

Di Cristofaro 2013 - *Di Cristofaro J. et al.* Afghan Hindu Kush: Where Eurasian Sub-Continent Gene Flows Converge, in: PLoS ONE, 2013, V. 8(10): e76748. doi:10.1371/journal.pone.0076748 [in English].

Dulik 2012 - *Dulic M.C. et al.* Mitochondrial DNA and Y Chromosome Variation Provides Evidence for a Recent Common Ancestry between Native Americans and Indigenous Altaians, in: Am J Hum Genet., 2012, V. 90, pp. 229-246 [in English].

Dumin i dr. 2016 - *Dumin S.V., Volkov V.G., Sabitov Zh.M.* Jetnogeneticheskie svjazi litovskih tatar: istoricheskie korni litovsko-tatarskogo dvorjanstva [Ethnogenetic linkages of the Lithuanian Tatars: historical roots of the Lithuanian-Tatar nobility], in: Zolotoordynskaja civilizacija [Zolotoordynsky civilization], № 9, pp. 309-325 [in Russian].

Karzhavin 2009 - *Karzhavin S.P.* Rol' kalmykov v formirovanii geneticheskogo portreta kazahskogo jetnosa. Opyt imitacionnogo modelirovanija istoricheskogo razvitija populjacii [Role of Kalmyks in formation of a genetic portrait of the Kazakh ethnos. Experience of imitating modeling of historical development of population], in: Vestnik Rossijskoj Akademii DNK-genealogii. T. 2 [Bulletin of the Russian Academy of DNA genealogy. Volume 2], 2009, № 4, pp. 670-746 [in Russian].

Keyser 2009 - *Keyser C. et al*. Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people, in: Hum. Genet., 2009, V. 126, pp. 395-410 [in English].

Kljosov 2016 - *Kljosov A.A.* Migracii ariev po dannym DNK-genealogii [Migrat ions of the Aryans in Light of DNA Genealogy], in: Istoricheskij format [Historical Format], 2016, № 2, pp. 127-156 [in Russian].

Lkhagvasuren 2016 - *Lkhagvasuren G. et al.* Molecular Genealogy of a Mongol Queen's Family and Her Possible Kinship with Genghis Khan, in: PLoS ONE, 2016, 11(9): e0161622. doi:10.1371/journal.pone.0161622 [in English].

Muratov 2016 - *Muratov B.A.* DNK-genealogija tatarskih familij – 2. Krymskie tatary [DNA genealogy of the Tatar surnames – 2. Crimean Tatars], in: BJeIP «Sujun» [BEIP «Suyun»], 2016, T. 3, № 1 [1,2], pp. 28-79 [in Russian].

Pankratov 2016 - *Pankratov V. et al.* East Eurasian ancestry in the middle of Europe: genetic footprints of Steppe nomads in the genomes of Belarusian Lipka Tatars, in: Scientific Reports, 2016, V. 6: 30197. doi:10.1038/srep30197 [in English].

Pilipenko i dr. 2015 - *Pilipenko A.S., Trapezov R.O., Polos'mak N.V.* Paleogeneticheskoe issledovanie nositelej pazyrykskoj kul'tury iz mogil'nika Ak-Alaha-1 (Gornyj Altaj) [Paleogenetichesky research of carriers of pazyryksky culture from a burial ground of Ak-Alakha-1 (Mountain Altai)], in: Arheologija, jetnografija i antropologija Evrazii. T. 43 [Archeology, ethnography and anthropology of Eurasia. Volume 43], 2015, № 4, pp. 147-153 [in Russian].

Rozhanskij i dr. 2013 - *Rozhanskij I.L. i dr.* Belorusy: jetnogenez i svjaz' s drugimi slavjanskimi narodami s pozicii DNK-genealogii [Belarusians: ethnogenesis and communication with other Slavic people from a DNA genealogy position], in: Nauka i innovacii. Nauchno-prakticheskij zhurnal (Minsk) [Science and innovations. Scientific and practical magazine (Minsk)], 2013, № 3 (121), pp. 55-62 [in Russian].

Shaljaho 2013 - *Shaljaho R.A.* Genogeografija tjurkojazychnyh narodov Kavkaza: analiz izmenchivosti Y-hromosomy. Avtoreferat dissertacii na soiskanie uchenoj stepeni kandidata biologicheskih nauk [Genogeografiya of the Turkic-speaking people of the Caucasus: analysis of variability of a Y-chromosome. The abstract of the thesis for a degree of Candidate of Biology], Moscow, 2013, 24 p. [in Russian].

Underhill 2014 - *Underhill P.A. et al.* The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a, in: Eur. J. Hum. Genet., 2014, 23, pp. 1-8 [in English].

Zaliznjak 2014 - *Zaliznjak A.A.* Drevnerusskoe udarenie: Obshhie svedenija i slovar' [Old Russian accent: General information and dictionary], Moscow, Jazyki slavjanskoj kul'tury Publ., 2014, 728 p. [in Russian].

Рожанский Игорь Львович – Кандидат химических наук,
член научного совета Академии ДНК-генеалогии (Цукуба, Япония).
Igor Rozhanskii – Candidate of chemical sciences,
Member of scientific council of the Academy of DNA-Genealogy (Tsukuba, Japan).
E-mail: igorrozhanskii@gmail.com