

Тюрин А.М.

ООО «ВолгоУралНИПИгаз», г. Оренбург, Россия

E-mail: tiurin2007@rambler.ru

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОРТРЕТ ЛИТОВСКИХ ТАТАР И ФЕНОМЕН «МОНГОЛЬСКИЕ ЗАВОЕВАНИЯ 13 ВЕКА»

В Традиционной истории имеется феномен «Монгольские завоевания 13 века». Применительно к Восточной Европе это завоевания Батые и формирование Улуса Джучи. Но российские геногеографы Е.В. Балановская и О.П. Балановский (2009 г.) по результатам исследований генофонда русских не нашли у них генетических маркеров монголов. В статье приведены результаты поиска генетических маркеров монголов у литовских татар. Они, как субэтнос, сформировались из военного сословия политических образований 15 века – Большой Ногайской орды, Малой Ногайской орды и Крымского ханства, являющихся осколками Улуса Джучи 13–14 веков. Обособились в Великом княжестве Литовском в начале 16 века. Рассмотрены четыре массива данных: гаплогруппы Y-хромосомы дворянских родов, гаплогруппы Y-хромосомы и мтДНК научных выборок, а также широкогеномные данные по однонуклеотидному полиморфизму. Наличие генетических маркеров монголов по мужской линии в предках литовских татар исключается. Такое могло быть только в одном случае – монголы не приходили в Восточную Европу и сопредельные регионы Азии ранее 16 века. Судя по генетическому портрету литовских татар, военное сословие «степных» политических образований 15 века было сформировано в основном носителями линий гаплогруппы R1a – «славянской» и «степной», передне- и южноазиатской линией гаплогруппы J2, линиями гаплогруппы Q, возможно локализованными на периферии Большой Ногайской орды. Отличительной особенностью военного сословия являются значимые частоты гаплогруппы Q и редкой ветви S23201 гаплогруппы R1a.

**Ключевые слова:** монгольские завоевания 13 века, литовские татары, Великое княжество Литовское, геногеография, геногенеалогия.

В Традиционной истории имеется феномен «Монгольские завоевания 13 века». Применительно к Восточной Европе это завоевания Батые и формирование Улуса Джучи. Монгольский исследователь Чойсамба Чойжилжавын [15] рассмотрел исторические свидетельства и мнения историков о численности войск Батые. Его заключение: «историки называют приблизительно три группы цифр: от 30 до 40 тыс., от 50 до 70 тыс. и от 120 до 150 тыс. ... На наш взгляд, с учётом мобилизации старших сыновей и покорённых народов, в армии Батые насчитывалось от 40 до 50 тыс. воинов.» Вопрос о численности собственно монголов остался открытым. Но с учетом того, что в монгольских семьях произведена мобилизация старших сыновей, монголов в армии не могло быть сильно меньше половины ее состава. После походов монголы остались в Улусе Джучи. Они сформировали его аристократию и часть военного сословия. Потомки тех монголов, которые отправили в поход в Европу своих сыновей, сегодня живут в Монголии. Один из военнополитических центров Улуса находился на Нижней Волге. Его в русских свидетельствах называли Ордой или Большой Ордой. Из Орды

осуществлялось татаро-монгольское иго над русскими княжествами.

Но в 2009 г. российскими геногеографами Е.В. Балановской и О.П. Балановским [3], был нанесен серьезный удар по феномену «Монгольские завоевания 13 века». По результатам исследований генофонда популяций Восточной Европы они категорически констатировали «отсутствие у русских генетических следов «монгольского ига». «Что же касается второй из крупных миграций, связанных с монгольским завоеванием средневековых русских княжеств, то ее генетические следы обнаружить не удастся. И вновь этот вывод взаимно подтверждается анализом мтДНК, и Y-хромосомы, и данными антропологии. Например, суммарная частота восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК в русских популяциях не достигает и 2%: эта же частота характерна и для западноевропейских народов. Для Y-хромосомы типичным «монгольским» маркером является гаплогруппа C (ее носителем был, как считается, Чингисхан) – эта гаплогруппа является самой частой у монголов и родственных им народов. Однако в русских популяциях гаплогруппа C практически не встречается (частота не достигает 1%, т. е.

с формально-генетических позиций полиморфизм по этому признаку в русских популяциях отсутствует, и русское население может считаться полностью «генетически европейским»»).

Мы проверили вывод авторов публикации [3], сформулировав проблему в более широком контексте: «Имеются ли генетические следы монгольских завоеваний 13 века в популяциях Восточной Европы, Среднего Востока, Кавказа и Балкан?» Для ответа на этот вопрос выполнен анализ гаплогрупп Y-хромосомы популяций Евразии, передающихся по мужской линии [13]. По современным популяциям монголов сформированы генетические маркеры-индикаторы события «Монгольские завоевания 13 века». Это гаплогруппы С (ее частоты среди монголов порядка 60%), а также О и D (встречаются у монголов с небольшими частотами, но нехарактерны для популяций Восточной Европы). Эти же гаплогруппы выделили авторы публикации [4]: «Наличие в генофонде народов гаплогрупп С, D и О рассматривается как свидетельство об экспансии монгольских племен».

Крайне низкое число носителей гаплогруппы С у русских (примерно 3 на 1000 человек) свидетельствует о том, что их предки не являлись участниками события «Монгольские завоевания 13 века» и его следствия – татаро-монгольского ига 13–15 веков [13]. Это же относится к украинцам, среди которых маркеры-индикаторы рассматриваемого события не выявлены [14]. Значимые частоты монгольских гаплогрупп имеются только в 3 европейских популяциях – у караногайцев, кубанских ногайцев и крымских татар. По новым данным у караногайцев 8% носителей гаплогруппы С, у кубанских ногайцев частоты С – 3%, О – 1% [10], у крымских татар частоты С примерно 5% [2]. Нами сделано предположение, что предки этих популяций находились в тесном контакте с калмыками (генетически это монголы), пришедшими в Северный Прикаспий в 17 веке, и от них получили эти гаплогруппы [13].

После публикации выводов геногеографов историкам пришлось вносить коррективы в феномен «Монгольские завоевания 13 века». Некоторые из них пошли по пути «гомеопатии». Генетических монголов в войске Батые было совсем мало. Они являлись суперменеджерами, которые только организовали степных пастухов

не монголов в великую армию. «Неизвестно, сколько именно монгольских семей переселилось на казахстанские и поволжские просторы. Во всяком случае, средневековые источники оперируют совершенно мизерным числом по сравнению с туземными кипчаками – даже не десятками, а единицами тысяч. Кочевники-пришельцы в течение первых полутора столетий существования Золотой Орды и Чагатайского улуса ассимилировались в огромной массе местных жителей» [12]. Но и в этом случае часть аристократии и военного сословия Улуса Джучи, Орды и постордынских формирований должна была состоять из потомков моголов по мужской линии.

В соответствии с феноменом «Монгольские завоевания 13 века» предки караногайцев, кубанских ногайцев и крымских татар являлись «титულიной нацией» Улуса Джучи и постордынских формирований 15 – начала 17 веков: Большой Ногайской орды (среднее и нижнее течение Урала, Эмба, Орь, Иргиз, Самара, Большой и Малый Узени, в отдельные периоды и правобережье Волги), Малой Ногайской орды (степи между Каспием и Азовским морем) и Крымского ханства (Крым и северо-западное Причерноморье). Если это так, то часть монгольских гаплогрупп, отмеченных в этих популяциях, получена непосредственно от монголов 13 века. Другая часть – от калмыков. То есть, рассматривая только генетические портреты монголов, калмыков, караногайцев, кубанских ногайцев и крымских татар, ничего нельзя сказать о феномене. Однако выход из этой ситуации имеется. Есть еще одна популяция, предки которой являлись «титულიной нацией» Улуса Джучи и постордынских формирований. Это литовские татары. Нужно посмотреть характеризующие их генетические данные.

В период с конца 14 и до начала 16 веков в Великом княжестве Литовском постепенно формируется субэтнос «литовские татары». Это, главным образом, служилые люди. Среди них «были выходцы из Крыма, из Большой (Заволжской) орды, из ногайских племен. Довольно пестрым был и социальный состав татар, принятых на литовскую службу. Среди них мы находим и ордынских царевичей (солтанов) – сыновей и братьев ханов, и потомков младших линий Чингизидов – уланов (огланов), а также

князей и мурз – представителей родовой и служилой знати, владевшей в Орде улусами (в ВКЛ они сохраняли свои титулы наравне с литовско-русскими князьями), и рядовых ордынцев, простых воинов. Последние составляли основную массу служилых татар» [5]. Все литовские татары пользовались шляхетскими правами, а впоследствии получили права российского дворянства [16]. Сегодня потомки знатных родов и простых воинов живут в Белоруссии, Польше, Литве и на Украине. Всего литовских татар около 12 тысяч. Основная их часть (более 7 тысяч) проживает в Белоруссии. Этнонимы последних – «белорусские татары» или «липки». Этноним литовских татар Польши – «польские татары». Здесь важно то, что предки литовских татар ушли в Литву раньше прихода калмыков в Северный Прикаспий. То есть, среди них не может быть потомков калмыков.

Литовские татары имеют свои ДНК-проекты [18], [19]. В публикации [5] приведены результаты тестирования представителей 35 родов знатных литовских татар. Доминируют разные линии гаплогруппы R1a – 13 родов. Гаплогруппа R1b – 3 рода, G2a3b – 4 рода, J2a – 7 родов, J2b – 1 род, N1 – 2 рода, Q – 5 родов. Автор публикации [8] привел ту же самую выборку, но в ней 42 образца. Среди родов знатных литовских татар не имеется носителей монгольских гаплогрупп.

Генетический портрет белорусских татар по гаплогруппам Y-хромосомы (74 образца) приведен в публикации [6]. Носителей монгольских гаплогрупп среди них нет. Авторы отметили; «Учитывая происхождение белорусских татар от кочевников, населявших Золотую Орду, отсутствие гаплогруппы C-M130 в их генофонде несколько неожиданно, и, вероятно, является следствием сильного генетического дрейфа». Генетический портрет татар отличается от портрета белорусов. У последних крайне мало носителей гаплогрупп J1, J2, Q и R1b (суммарно 2,7%). У татар J1 – 5,4%, J2 – 20,3%, Q – 8,1%. Частоты носителей гаплогруппы R1a у татар и белорусов близки – 48,6 и 50,6%. Для гаплогруппы R1a-M458 авторы выполнили сопоставление 8 гаплотипов (14 локусов) татар и популяций Европы. Получено их совпадение с гаплотипами белорусов, поляков, украинцев, лужичан, словаков, немцев, караногайцев, кубанских ногайцев и шапсугов.

В публикации [17] приведены результаты более глубокого анализа гаплогрупп Y-хромосомы белорусских татар (те же 74 образца). Выполнена их привязка к регионам. Гаплогруппы N-Tat, R1a-M458, R1a-M558, R1b-M412 и R1b-M478 – Восточная Европа и Волго-Уральский регион, R1a-Z2125 и Q-M242 – Центральная Азия, G2a-U1, J1-P58, J2a-M410 и J2b-M12 – Кавказ и Ближний Восток. Гаплогруппы татар Q1a-M346, R1b-M478 и R1a-Z2125 сходны с гаплогруппами популяций Центральной Азии (киргизы, казахи, узбеки), а гаплогруппы G2a-U1 и J1-P58 – с гаплогруппами кавказских популяций.

Гаплогруппы мтДНК передаются по женской линии. Авторы публикации [7] сформировали выборку из 79 образцов, характеризующих белорусских татар. По результатам сопоставления с гаплогруппами из банков данных сделан следующий вывод. «Генофонд белорусских татар по маркерам мтДНК характеризуется сочетанием Восточно-Евразийских и Западно-Евразийских гаплогрупп. Исходным источником Восточно-Евразийского компонента являются популяции Средней Азии, Восточной и Южной Сибири, в то время как происхождение Западно-Евразийского компонента может быть связано как с белорусской, так и с другими восточно-европейскими популяциями». То есть, собственно монгольских гаплогрупп не выявлено. В другой публикации [17] приведены результаты анализа 120 мтДНК популяций Евразии, в том числе 11 образцов, характеризующих белорусских татар. В генофонде последних доминируют гаплогруппы, распространенные в Центральной Азии (казахи, киргизы), Волго-Уральском регионе (волжские татары, калмыки), Сибири (якуты, эвенки) и Восточной Азии (китайцы хань, тибетцы).

Для 87 популяций получены широкогеномные данные по однонуклеотидному полиморфизму (SNP-маркерам) [17]. Всего 1231 генотипов, в том числе, 6 – белорусских татар. Эти генетические маркеры передаются и по мужской, и по женской линиям. В поле главных компонент белорусские татары сформировали «плотный» кластер, расположенный между популяциями Центральной и Восточной Европой, а также Центральной Азией. По генетическим расстояниям их ближайшие родственники –

волжские татары, кубанские ногайцы, таджики и узбеки.

Белорусские татары с конца 14 века жили среди белорусов. Может быть им они передали гаплогруппы монголов? Нет. По результатам анализа гаплогрупп **Y-хромосомы, характеризующих белорусов (1086 образцов), выявлено всего 9, которые можно отнести «к линиям центрально- и восточноазиатского происхождения. ... С3 (M217), G1 (M342), N1b (P43, N1c2b в текущей нотации), Q1a2 (M25) и R1b1a1 (M73)» [9].**

Автор публикации [8] выполнил поиск предков литовских татар классическим методом ДНК-генеалогии – путем построения деревьев гаплотипов **Y-хромосомы. Общая выборка** включает 116 гаплотипов (74+42). Из них 53 (45,7%) относятся к гаплогруппе R1a. Она представлена субкладами Z2125, M458 и Z280. Субклад Z2125 имеет две ветви. Одна (11 гаплотипов) широко распространена у киргизов и алтайцев. Ее иногда называют «степной». Вторая (9 гаплотипов) очень редкая ветвь S23201, встречается у венгерских секлеров, молдаван, русских, украинцев, казанских татар, чеченцев, а также на Британских островах. Субклад M458 характерен для русских, белорусов и украинцев. Его условно называют «славянским». Но автор рассматриваемой публикации привел аргументы в пользу того, что этот субклад попал к литовским татарам не от славян, среди которых они проживают последние столетия. Субклад Z280 не рассмотрен, поскольку представлен только 5 гаплотипами.

К гаплогруппе **J2 относится 23 (19,8%) гаплотипа.** Можно предполагать, что она попала к литовским татарам от народов Северного Кавказа. Но по результатам анализа дерева гаплотипов в ней не оказалось ветвей, характерных для этого региона. Одна из ветвей (13 гаплотипов) характерна для Передней и Южной Азии, другая (3 гаплотипа) – Западной Европы и Средиземноморья. Остальные ветви четко не идентифицированы. Четко не идентифицированы и гаплотипы минорных гаплогрупп.

Аномалией в генетическом портрете литовских татар являются относительно высокие частоты гаплогруппы Q (в суммарной выборке 10,3%). Авторы публикации [5] предположили,

что часть их предков была выходцами с региона Алтая. Но авторы [17] прямо указали на то, что линии этой гаплогруппы сходны с ее линиями у киргизов, казахов и узбеков. Новые данные позволяют обосновать возможные другие источники этой гаплогруппы у литовских татар. У туркмен йомудов (83 образца), проживающих в Каракалпакстане, по частотам доминирует гаплогруппа Q (73%) [11]. Этот регион являлся юго-западной периферией Большой Ногайской орды. Высокие частоты гаплогруппы Q и у двух из пяти изученных популяций сибирских татар [1]: искеро-тобольские – 16,7%, иштыякско-токузские – 37,7%. Сегодняшняя их локализация находится вблизи северо-восточной периферии Большой Ногайской орды по ее состоянию на начало 17 века. То есть, носители гаплогруппы Q могли попасть в Литву с ее периферийных территорий.

Генетический портрет литовских татар характеризует этнические корни военного сословия политических образований 15 века – Большой Ногайской орды, Малой Ногайской орды и Крымского ханства, являющихся осколками Улуса Джучи 13–14 веков. Наличие генетических монголов по мужской линии в предках литовских татар исключается. Это однозначно свидетельствует о том, что монголы не принимали участие в формировании военного сословия «степных» политических образований 13–15 веков. Такое могло быть только в одном случае – монголы не приходили в Восточную Европу и сопредельные регионы Азии ранее завершения обособления литовских татар, то есть, ранее начала 16 века. Этот однозначный вывод является киллер-аргументом против феномена Традиционной истории под названием «Монгольские завоевания 13 века».

Военное сословие «степных» политических образований 15 века было сформировано в основном носителями линий гаплогруппы R1a – «славянской» (M458) и «степной» (Z2125), передне- и южноазиатской линией гаплогруппы J2, линиями гаплогруппы Q, возможно локализованными на периферии Большой Ногайской орды. Отличительной особенностью его генетического портрета являются значимые частоты гаплогруппы Q (10,3%) и редкой ветви S23201 гаплогруппы R1a (7,8%).

21.04.2017

**Список литературы:**

1. Генофонд сибирских татар: пять субэтносов – пять путей этногенеза / А.Т. Агджоян и др. // Молекулярная биология. – 2016. – Т. 50. – №6. – С. 978–991.
2. Татары Евразии: своеобразие генофондов крымских, поволжских и сибирских татар / Е.В. Балановская и др. // Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология. – 2016. – №3. – С. 75–85.
3. Балановская, Е.В. Генетические следы исторических и доисторических миграций: континенты, регионы, народы / Е.В. Балановская, О.П. Балановский // Вестник ВОГиС. – 2009. – Том 13. – №2. – С. 401–409.
4. Монгольский след в генофонде народов вдоль степной полосы Евразии / О.А. Балаганская и др. // Современные проблемы науки и образования. – 2016. – №4. – С. 211.
5. Думин, С.В. Этногенетические связи литовских татар: исторические корни литовско-татарского дворянства / С.В. Думин, В.Г. Волков, Ж.М. Сабитов // Золотоордынская цивилизация. – 2016. – №9. – С. 309–325.
6. Панкратов, В.С. Полиморфизм маркеров Y-хромосомы в популяции белорусских татар / В.С. Панкратов, Е.И. Кушнеревич, О.Г. Давыденко // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2014. – Т. 58. – №1. – С. 94–100.
7. Формирование пула митохондриальной ДНК белорусских татар: дальние миграции и смешение генофондов / В.С. Панкратов и др. // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2014. – Т. 58. – №3. – С. 82–87.
8. Рожанский, И.Л. Литовские татары. ДНК-родословные и их корни в степях Евразии / И.Л. Рожанский // Исторический Формат. – 2016. – №4. – С. 89–105.
9. Белорусы: этногенез и связь с другими славянскими народами с позиции ДНК-генеалогии / И. Рожанский и др. // Наука и инновации. – 2013. – Т. 3. – №121. – С. 55–62.
10. Генофонды ногайцев в контексте населения степного пояса Евразии (по маркерам Y-хромосомы) / Р.А. Схалыхо и др. // Золотоордынская цивилизация. – 2016. – №9. – С. 326–333.
11. Генофонд туркмен Каракалпакстана в контексте популяций Центральной Азии (полиморфизм Y-хромосомы) / Р.А. Схалыхо и др. // Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология. – 2016. – №3. – С. 86–96.
12. Трепавлов, В.В. История Ногайской Орды / В.В. Трепавлов. – 2-е изд., испр. и доп. – Казань: Издательский дом «Казанская недвижимость», 2016. – 764 с.
13. Тюрин, А.М. Имеются ли генетические следы монгольских завоеваний 13 века? / А.М. Тюрин // Электронный сборник статей «Новая Хронология». – Выпуск 10. – 2010.
14. Истоки формирования украинского генофонда по данным об Y-хромосоме / О.М. Утевская и др. // Вісник Харківського університету. – 2013. – Вип. 18 (№1079). – С. 87–98.
15. Чойсамба Чойжилжавын Завоевательные походы Бату-хана / Чойсамба Чойжилжавын. – М.: Идея-Пресс, 2008. – 168 с.
16. Dumin, S. Szlachta tatarska w Wielkim Księstwie Litewskim i zmiany w jej sytuacji prawnej w XVI–XVIII w. / S. Dumin // Roczniki Historyczne. – Rocznik LVII. – 1991. – P. 147–163.
17. East Eurasian ancestry in the middle of Europe: genetic footprints of Steppe nomads in the genomes of Belarusian Lipka Tatars / V. Pankratov et al. // Sci Rep. – 2016 Jul 25;6:30197. – doi: 10.1038/srep30197.
18. Lithuanian Tatar Nobility DNA Project [Электронный ресурс]. – Режим доступа: [https://www.familytreedna.com/public/Lithuanian\\_Tatar\\_Nobility/](https://www.familytreedna.com/public/Lithuanian_Tatar_Nobility/).
19. Polish Tatars DNA Project [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://www.familytreedna.com/public/polishtatars/>.

**Сведения об авторе.**

**Тюрин Анатолий Матвеевич**, заведующий лабораторией геофизики отдела геологии и геофизики  
ООО «ВолгоУралНИПИгаз», кандидат геолого-минералогических наук  
E-mail: [tiurin2007@rambler.ru](mailto:tiurin2007@rambler.ru)