

# ГЕНЕЗИС КРУПНЕЙШЕЙ РОДОПЛЕМЕННОЙ ГРУППЫ КАЗАХОВ – АРГЫНОВ – В КОНТЕКСТЕ ПОПУЛЯЦИОННОЙ ГЕНЕТИКИ

М.К. Жабагин<sup>1</sup>, Ж.М. Сабитов<sup>2</sup>, А.А. Агджоян<sup>3,4</sup>, Ю.М. Юсупов<sup>5</sup>, Ю.В. Богунов<sup>3</sup>,  
М.Б. Лавряшина<sup>6</sup>, И.М. Тажигулова<sup>7</sup>, А.Р. Акильжанова<sup>1</sup>, Ж.Ш. Жумадилов<sup>1</sup>,  
О.П. Балановский<sup>3,4</sup>, Е.В. Балановская<sup>4</sup>

<sup>1</sup>*National Laboratory Astana, Назарбаев Университет, Астана, Казахстан*

<sup>2</sup>*Евразийский национальный университет им. ЛН. Гумилева, Астана, Казахстан*

<sup>3</sup>*ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*

<sup>4</sup>*ФГБНУ Медико-генетический научный центр, Москва, Россия*

<sup>5</sup>*ГАНУ «Институт стратегических исследований Республики Башкортостан», Уфа, Россия*

<sup>6</sup>*ФГБОУ ВО Кемеровский государственный университет, Кемерово, Россия*

<sup>7</sup>*Центр судебной экспертизы Министерства юстиции Республики Казахстан, Астана, Казахстан*

Аргыны являются крупнейшим родоплеменным объединением казахов, однако их генезис до сих пор остается дискуссионным. Эти дискуссии можно свести к противостоянию двух точек зрения об истоках их происхождения – от тюркоязычных или же монгольязычных народов, и к противоречию между версией традиционной генеалогии казахов (шежире) об едином биологическом предке аргынов и версией, что аргыны являются союзом племен различного происхождения. Цель нашего исследования: представить генетический портрет аргынов по данным полиморфизма Y-хромосомы и рассмотреть версии генезиса аргынов с точки зрения их генофонда.

Были созданы генетические портреты девяти родов аргынов (N=384) по маркерам Y-хромосомы (17 STR и 44 SNP), их генофонд проанализирован в евразийском генетическом контексте, рассмотрены различные историко-этнографические версии происхождения аргынов в их проекции на генофонд. Показано, что генофонд прото-аргынов маркируется Y-гаплогруппой **G1** и по отцовской линии восходит к наследию народов индоиранской языковой семьи. По генетическим расстояниям аргыны наиболее близки к народам Ирана (ассирийцы, белуджи, ирани, мазендаранцы, курды), а самый древний из известных на сегодня носителей гаплогруппы **G1** найден в Западном Иране. Версии происхождения, основанные на анализе сходства этнонимов не находят генетического подтверждения. Комплексное изучение генеалогии и генофонда аргынов позволяет предполагать, что их основным родоначальником является золотоордынский эмир Караходжа (XIV век) или его ближайшие предки. Филогенетические датировки субветвей гаплогруппы **G1** позволяют предполагать, что уже с раннего железного века **G1** присутствовала в пространстве Евразийской степи (среди предков казахов, башкир, монголов). Экспансия **G1** в генофонде казахов датируется интервалом 750–470 лет назад, а специфическим маркером **G1** для казахов и для аргынов является маркер L1323.

Ключевые слова: популяционная генетика, Y-хромосома, филогеография, генофонд, родоплеменное объединение, род, Центральная Азия, казахи, аргыны

## Введение

Родоплеменная структура – главный социальный и политический институт обществ с кочевым типом хозяйствования. Это обязательный элемент кочевой цивилизации, первичное звено для построения более крупных политических систем. Весьма гибкая родовая структура позволяла складываться в государственные образования большим количеством родоплеменных сообществ и вновь рассыпаться при необходимости, сохраняя при этом родоплеменную идентичность. Устойчивость этого института повсеместно отражается в демографической истории региона и архитектонике генофонда. Родоплеменная структура представляла собой иерархию кланов, в основе которой лежал род. Функционирование этой структуры обуславливало представление об общности происхождения («шежире») членов рода. Однако «шежире» – социальное понятие, где генеалогическая цепочка рода может равновероятно иметь и не иметь отражение в генетическом портрете рода (по отцовской линии) [Chaix et al., 2004]. Традиция передачи в цепи поколений названия «рода» имеет тот же характер наследования, что и передача наследственной информации Y-хромосомы: от отца к сыну, что делает комплексное исследование родовой и генетической структуры популяций наиболее эффективным инструментом исследований структуры генофонда и миграций [Abilev et al., 2012; Жабагин с соавт., 2014; Богунов с соавт., 2015; Схаляхо с соавт., 2016]. В работе проведено междисциплинарное (с участием генетиков и этнографов) исследование одной из проблем формирования казахского этноса – генезиса крупнейшего родоплеменного объединения казахов аргыны.

Ареал аргынов охватывает обширное пространство от Тургайского плато до Восточного Казахстана. Численность аргынов в конце XIX в. достигала 450–500 тыс. чел., составляя 15% от общей численности казахов (3055–3340 тыс. чел.) [Масанов, 2011]. В переписи населения современного Казахстана родоплеменная группа не учитывается, поэтому точных данных нет, но оценочная численность составляет 19% от общего числа казахов (около 11 млн) [Ракишев, 2013]. Хотя аргыны являются одним из этнообразующих компонентов казахов, этноним «аргын» не упоминается ни в одном из древних исторических источников [Исаева, 2013]. При поиске истоков их этнонима среди древних и средневековых этнообозначений выдвинуты различные версии происхождения протоаргынов (табл. 1), сводящиеся к противостоянию двух точек зрения – тюркоязычного и монголо-

язычного генезиса. Столь же противоречат друг другу версия традиционной генеалогии казахов (шежире), возводящая всех потомков к общему предку, и версия аргынов как о «союзе племен» различного происхождения [Джанузаков, 1982].

В научной литературе представлены два исследования генофонда аргынов: в первом изучен один род аргынов – маджар – в связи с проблемой его генетической близости к венграм (мадьерам) [Birø et al., 2009]; во втором рассмотрен «мажорный» компонент генофонда аргынов – гаплогруппа G1-M285 [Zhabagin et al., 2013; Balanovsky et al., 2015]. Однако целостный генетический портрет аргынов до сих пор не представлен, а вопрос об их генезисе не раскрыт. Данная работа посвящена попытке освещения этой проблемы по данным о полиморфизме Y-хромосомы.

## Материалы и методы

Материалом для исследования послужили образцы венозной крови представителей родоплеменного объединения аргын (N=384), собранные авторами настоящего исследования в ходе экспедиций по формированию Биобанка народонаселения Северной Евразии (региональный раздел Центральной Азии [Балановская с соавт., 2016]), а также данные Казахстанского генеалогического проекта [Сабитов, 2015], генеалогического проекта FTDNA-G1 [FTDNA] и базы данных по литературным источникам «Y-base», созданной под руководством О.П. Балановского [Балановский, 2015]. Сбор биологического материала (венозная кровь) осуществлялся с письменного информированного согласия обследуемого под контролем Этической комиссии ФГБНУ «МГНЦ» и Center for Life Sciences, Назарбаев Университет.

Фрагментный анализ 17 STR локусов проведен на приборе ABI 3130xl (Applied Biosystems) с использованием набора Y-filer PCR Amplification Kit (Life technologies). Генотипирование 44 SNP маркеров проведено на приборе 7900HT Real-Time PCR System (Applied Biosystems) с использованием TaqMan зондов. Классификация гаплогрупп представлена согласно ISOGG (Version: 11.177; Date: 27 June 2016) [ISOGG]. Филогенетический анализ, расчет генетических расстояний Нея и визуализация их на графике многомерного шкалирования проведены также, как в предыдущих наших работах [Жабагин с соавт., 2014; Схаляхо с соавт., 2016]. Для сравнения популяций использовались материалы базы данных «Y-base», разработанной под руководством О.П. Балановского [БД Y-base].

**Таблица 1. Основные историко-этнографические версии происхождения родоплеменного объединения аргын**

№	Предполагаемый предок	Предполагаемая прародина	Предполагаемые родственные популяции	Источник
1.	Тюркское племя Байырку	Северная Монголия	хакасы, тувинцы, буряты, баргуты	[Тынышпаев, 2009]
2.	Тюркское племя Басмыл	Алтай, Джунгария	алтайцы	[Аристов, 1896; Грумм-Гржимайло, 1926; Гумилев, 1970]
3.	Тюркское племя Карлук	Алтай, Джунгария	уйгуры, узбеки	[Тынышпаев, 2009; Ашимбаев, Хлюпин, 2008; Востров, Муканов, 1968]
4.	Население, живущее на реке Аргун (Кавказ)	Чечня	чеченцы, кавказские популяции	[Тынышпаев, 2009]
5.	Население, живущее на реке Аргунь (Дальний Восток)	Дальний Восток	тунгусо-манчжурские и монгольские народы	[Тынышпаев, 2009]
6.	Население, живущее на реке Аргун	Алтай	алтайцы	[Тынышпаев, 2009]
7.	Аргун-ага из монгольского племени ойрат	Монголия	калмыки, торгоуты, хошоуты, элюты, дербеты и другие западномонгольские народности	[Кудайбердыулы, 1990]
8.	Могульское племя Аркинут (Аркенуд)	Семиречье, Восточный Казахстан	киргизы, уйгуры	[Аристов, 1896; Пищулина, 1977]
9.	Кыпчаки	Территория степей Казахстана, России, Украины	кыпчаки, проживающее среди казахов, башкир, киргизов, каракалпаков	[Масанов, 2011]
10.	Енисейские киргизы	Хакасия	хакасы, киргизы	[Мусаев, 1999]
11.	Племя Аргу (тюрки либо тюркизированные согдийцы)	Южный Казахстан	узбеки, таджики	[Махпиров, 1977; Бартольд, 1968]

## Результаты

### *Генетические портреты родов аргынов*

Впервые представлен полный генетический портрет аргынов (рис. 1): определены частоты гаплогрупп и филогенетические кластеры STR гаплотипов. Среди выявленных 11 кластеров резко преобладает кластер гаплотипов, соответствующий гаплогруппе **G1-M285**, которая составляет две трети (67%) генофонда аргынов.

В кластере **G1-M285** оказались представители всех девяти изученных родов аргынов. Возраст кластера составляет  $600 \pm 200$  лет (по данным 15 Y-STR). На рисунке 2 представлен детальный спектр всех линий Y-хромосомы в соответствии с генеалогией аргынов.

Высокая частота гаплогруппы **G1** практически во всех генеалогических линиях аргынов (рис. 2, красный тон) указывает на реальность существования их единого биологического предка. Возраст

общего кластера **G1** казахов и монголов составил 3000 лет [Balanovsky et al., 2015]. Это указывает, что гаплогруппа **G1** существовала в Евразийской степи с раннего железного века. Начало ее экспансии в генофонде казахской популяции датируется интервалом 470–750 лет (по данным полного секвенирования Y-хромосомы) и совпадает со временем жизни генеалогического предка аргынов, указанного в исторических источниках – золотоордынского эмира Караходжа (XIV век) [Balanovsky et al., 2015]. Экспансия может быть связана с отбором на основе социального престижа [Zerjal et al., 2003].

В этот же кластер **G1** входит генеалогическая сублиния мадjar (группа токал аргын). В работе [Birg et al., 2009] высказано мнение о генетическом родстве мадjar с мадьярами (венграми), однако линия **G1-M285** отсутствует в популяции мадьяр [Volgyi et al., 2008]. Ошибочная видимость сходства генофондов мадьяр и мадjar в работе [Birg et al., 2009] возникла из-за объединения при

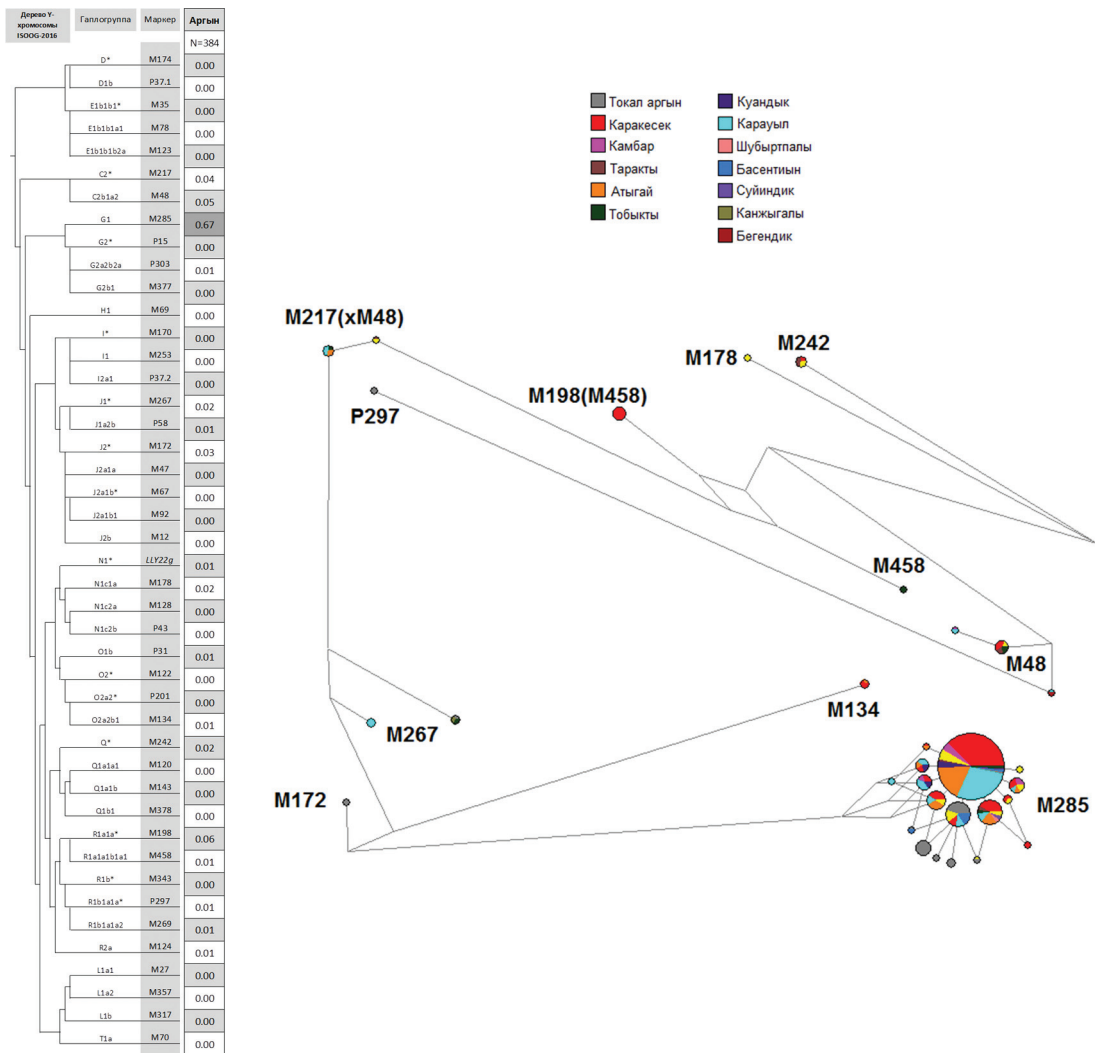


Рис. 1. Генетический портрет родоплеменного объединения «Аргын»: частоты гаплогрупп (слева) и филогенетическая сеть (справа)

Примечания. Цвет круга указывает на род аргынов, размер круга пропорционален количеству встреченных гаплотипов (одиночные гаплотипы не представлены)

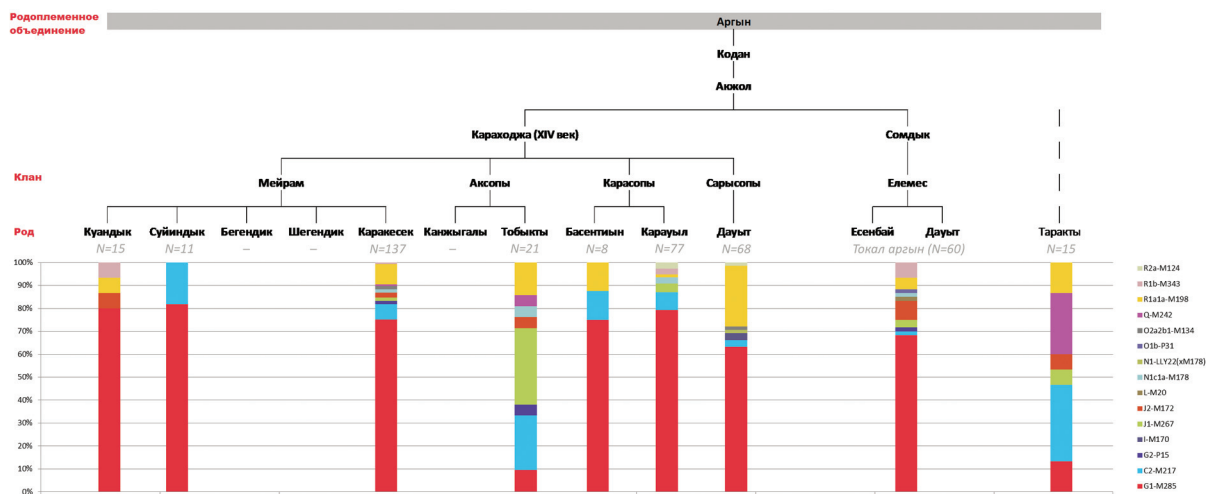


Рис. 2. Спектр линий Y-хромосомы для разных генеалогических линий аргынов

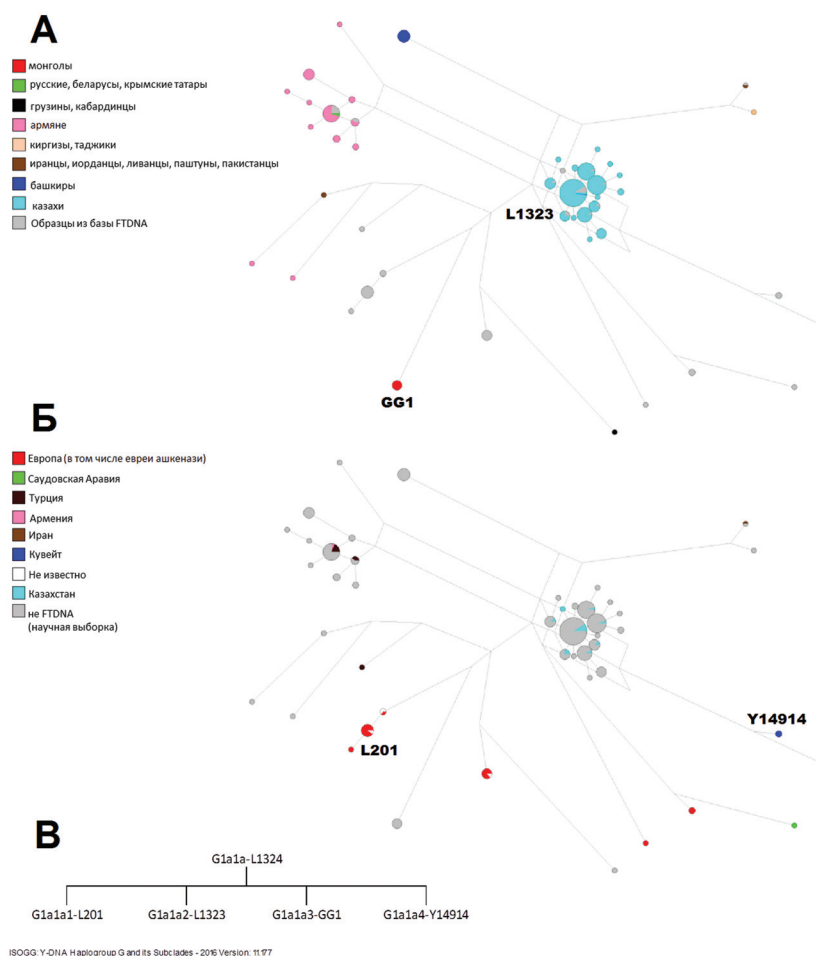


Рис. 3. Филогенетическая сеть субгаплогруппы G1a-CTS11562 (построена по 14 STR маркерам Y-хромосомы): А – филогенетическая сеть популяционных (научных) выборок; Б – филогенетическая сеть генеалогических проектов (данные FTDNA-G1 [FTDNA]); В – условное древо субгаплогруппы G1a1a-L1324

Примечания. Цвет круга отражает региональную принадлежность, размер – пропорционален числу встреченных гаплотипов (одиночные гаплотипы не представлены)

расчетах данных о гаплогруппе G1 и ее родственной гаплогруппе G2. Но расхождение этих линий произошло около 20 тыс. лет назад ( $19000 \pm 6000$  лет) [Rootsi et al., 2009], т.е. на много тысячелетий раньше, чем возможное время возникновения родства венгров-мадьяров и казахов-аргынов.

В спектре предковых линий (рис. 2) особняком стоят два рода – тобыкты и таракты. Согласно генеалогическим преданиям, основатель рода Таракты был не родным, а «названным сыном Аргына»: его потомки связаны с аргынами только по материнской линии [История родоплеменных объединений казахов, 2007]. Генетические данные подтверждают правоту этой версии.

Еще меньшая частота гаплогруппы G1 (рис. 2, красный тон) обнаружена у другого рода – тобыкты. У них преобладает субгаплогруппа **J1-M267(xP58)**

(рис. 2, зеленый тон), крайне редкая у представителей других родов аргынов. Субгаплогруппа **J1-M267(xP58)** характерна для народов Восточного Кавказа (пик у кубачинцев Дагестана 99%) [Balanovsky et al., 2011], а также для ассирийцев Ирака (18%), Турции (16%), Ирана (10%), [Chiaroni et al., 2010], что указывает на переднеазиатские корни генофонда и этого рода (по отцовской линии).

#### *Генофонд аргынов в евразийском контексте*

Филогенетическая сеть гаплогруппы **G1** (рис. 3) выявляет характерную для казахов субветвь (рис. 3В), определяемую маркером **L1323** (валидирован на четырех образцах казахов, проанализированных компанией FTDNA). Ближайшие субветви

встречены у монголов (маркер **GG1**, рис. 3А, 3В), евреев ашкенази (маркер **L201**, рис. 3Б, 3В), населения Кувейта и Сирии (маркер **Y14914**, рис. 3Б, 3В) [ISOGG]. Филогенетическая сеть на рисунке 3 представлена в двух вариантах. Рисунок 3А отражает данные научных популяционных исследований и представляет собой обновление филогенетической сети из работы [Balanovsky et al., 2015], где были выявлены четыре кластера с ярко выраженной этногеографической специфичностью – казахов, монголов, башкир и армян. Все новые образцы **G1** аргынов, полученные в данной работе, вошли в «казахский» кластер. Рисунок 3Б, отражающий данные коммерческого анализа (генеалогических проектов FTDNA) выявляет еще не менее трех новых кластеров: европейский (евреи ашкенази, **L201**), арабов Кувейта (**Y14914**) и арабов Саудовской Аравии (**CTS11562**, далее не дифференцировано). В один кластер вошли выборка FTDNA из Турции и популяционная выборка армян, представленная амшенами (хемшинами), ныне проживающими в России, но исторически происходящими из Трабзона (территория современной Турции). Все образцы аргынов из выборки FTDNA вошли в состав казахского кластера, выявленного по популяционным данным. Эти результаты, во-первых, свидетельствуют о том, что осторожное включение в анализ данных коммерческих и генеалогических проектов (при контроле их данными научных популяционных проектов) расширяет возможности географического анализа, и во-вторых, указывают на необходимость дальнейшего исследования данного кластера **G1** (рис. 3В), важного для реконструкции миграций из Передней Азии в Евразийские степи.

Если самый высокий пик частоты **G1** обнаружен в степной зоне Центральной Азии (преимущественно у аргынов), то второй пик располагается в Ирано-Армянском нагорье [Balanovsky et al., 2015]. Связь между двумя пиками прослеживается на глубине 8000 лет и сопровождается снижением гаплотипического разнообразия от западного Ирана к востоку Юго-Западной Азии и далее на север к Евразийским степям, что делает западную часть Ирано-Армянского нагорья наиболее вероятным кандидатом на роль прародины гаплогруппы **G1** [Balanovsky et al., 2015]. Новые данные палеогенетики подтверждают эту гипотезу, ранее выдвинутую нашим коллективом: в западном Иране (Seh Gabi) обнаружен самый древний из известных на сегодня носитель гаплогруппы **G1** (образец I1674), относящийся к эпохе энеолита (4500–3500 до н.э.) [Lazaridis et al., 2016].

Две другие гаплогруппы, наиболее частые в генофонде аргынов (**C2** (9%) и **R1a1a** (7%)), отличаются на порядок меньшей частотой, чем **G1**

(67%). Если появление **C2** связывается с экспансией монголов [Zerjal et al., 2003], то появление **R1a1a** возможно, по крайней мере, из двух источников, описанных ранее в [Underhill et al., 2015; Karmin et al., 2015]. Первый (маркируемый **Z2125**), обнаружен у киргизов и пуштунов Афганистана (>40%), ряда популяций Ирана и Кавказа (>10%), у казахов (1,5%) [Underhill et al., 2015]. Второй (маркируемый **M780**) обнаружен в Южной (Индия, Пакистан, Афганистан, Гималаи) и Западной (Иран) Азии, у казахского клана Сарысопы (генеалогическая сублиния Бабасан) [Сабитов, 2012, Karmin et al., 2015].

#### *Генетическая верификация версий происхождения аргынов*

У каждой линии Y-хромосомы есть своя история происхождения и распространения. Однако на основе «летописи» любой линии Y-хромосомы нельзя реконструировать всю историю ни родоплеменного объединения, ни всей популяции. Обычно разные линии Y-хромосомы мигрируют единым ансамблем из одного регионального очага, привнося свою информацию уже в существующий котел «генетических элементов» местной популяции. Поэтому важно проследивать генофонд отцовских (Y-хромосомных) линий в целом, и уже по совокупности данных истории, этнографии, археологии, антропологии и генетики реконструировать происхождение популяции. С этой целью мы рассчитали и визуализировали генетические расстояния (рис. 4) от аргынов именно до тех популяций, родство с которыми постулируется разными историко-этнографическими версиями генезиса аргынов (табл. 1).

На графике многомерного шкалирования выявляются четыре кластера, положение которых согласуется с географией: «Западный» кластер включает народы Кавказа и Ирана; «Центральный» – народы Центральной Азии; «Юг Восточного» – народы Алтая и Сибири; «Север Восточного» – народы Алтая и Монголии. Аргыны оказались в окружении соседних популяций казахов (наиболее близки к ним казахи Алтая,  $d=1,19$ ), что подчеркивает единый исторический путь формирования казахского генофонда. Наиболее генетически близки к аргынам популяции Ирана: ассирийцы ( $d=1,45$ ), белуджи ( $d=1,67$ ), ирани (Бандарин) ( $d=1,69$ ), мазендеранцы ( $d=1,69$ ), курды ( $d=1,75$ ). Также генетически близки к аргынам и монголы ( $d=1,57$ ), отражая генетическое влияние их экспансии в XII–XV вв. Такая картина не может служить подтверждением ни одной из этнографических версий происхож-

Популяции	Код	Генетическое расстояние
Аргыны	ARG	0.00
Казахи (Ю-З.Алтай)	KZH_SW_A	1.19
Ассирийцы (Иран)	ASS	1.45
Монголы (Ю-В. Монголия)	MON3	1.57
Белуджи (Иран)	BAL	1.67
Ирани (Бандарин-Иран)	BAN	1.69
Мазендеранцы (Иран)	MAZ	1.69
Курды (Иран)	KUR	1.75
Киргизы (Ю-З. Киргизия)	KGZ4	1.79
Киргизы (Ц. Киргизия)	KGZ1	1.79
Ирани (Хорасан)	PER2	1.82
Тувинцы (Тере-хольский)	TUV2	1.87
Казахи кыпчаки	KZH_K	1.87
Монголы (С-З. Монголия)	MON2	1.90
Казахи (Ю-В. Алтай)	KZH_SE_A	1.93
Ирани (Фарс)	PER1	1.94
Монголы (Ц. С-В. Монголия)	MON1	1.95
Киргизы (С. Киргизия)	KGZ3	1.99
Узбеки (Афганистан)	UZB2	1.99
Буряты (Эхирит-Булагатский)	BUR2	2.00
Киргизы (В. Киргизия)	KGZ2	2.00
Гилянцы (Иран)	GIL	2.02
Армяне (Иран)	ARM	2.03
Лурцы (Иран)	LUR	2.04
Узбеки (Афганистан)	UZB1	2.05
Ю. Алтайцы	S_A	2.05
Тувинцы (Чаа-Хольский)	TUV1	2.06
Башкиры кыпчаки	BAS_K	2.13
Зороастрийцы	ZOR	2.22
Азербайджанцы	AZE	2.26
С. Алтайцы	N_A	2.27
Хакасы (Матур)	KHS2	2.29
Хакасы (Полтаков)	KHS3	2.38
Ирани (Кешм)	GHE	2.41
Венгры	HUN	2.45
Хакасы (Кызлас)	KHS1	2.46
Ирани (Иезд)	PER3	2.48
Адыги	CRS	2.51
Туркмены (Иран)	TUR	2.57
Чеченцы (Ингушетия)	CHE3	2.58
Даргинцы	DRG	2.61
Арабы (Иран)	ARA	2.65
Хакасы (Усть-Чуль)	KHS6	2.68
Буряты (Дульдургинский)	BUR1	2.71
Чеченцы (Чечня)	CHE1	2.72
Абхазы	ABK	2.73
Лезгины	LZG	2.73
Тувинцы (Тоджинский)	TUV3	2.74
Аварцы	AVA	2.83
Чеченцы (Дагестан)	CHE2	2.83
Хакасы (Топанов)	KHS5	2.88
Хакасы (Малый Спирин)	KHS4	2.88
Ингуши	ING	2.97
Кайтагцы	KTG	2.99
Осетины (Дигорцы)	OST1	3.39
Осетины (Иронцы)	OST2	3.68
Шапсуги	SHP	3.94

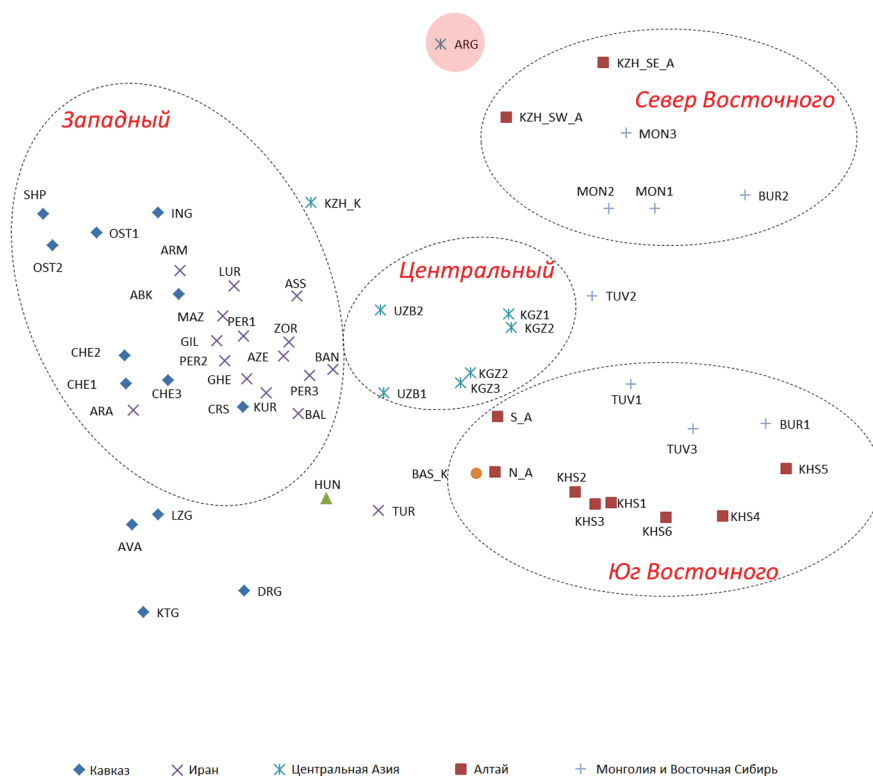


Рис. 4. Аргыны в генетическом пространстве предполагаемых родственных популяций согласно различным историко-этнографическим версиям (табл. 1). Матрица генетических расстояний от аргынов (слева) и график многомерного шкалирования (справа): стресс 0,18, алиенация 0,17

дения аргынов. Генетическая близость изученной группы казахов к народам Иранского нагорья указывает на значительный общий компонент («субстрат»), который мог быть привнесен в генофонд прото-аргынов миграцией с юго-запада от ираноязычных народов или их потомков. Сходство генофондов аргынов с казахами Алтая и монголами говорит о более позднем генетическом компоненте («суперстрате»), привнесенном в генофонд аргынов миграциями тюркоязычных и монголоязычных народов. Однако в то время, когда общность потомков прото-аргынов приняла социокультурный характер родоплеменной общности и стала отождествлять себя в качестве потомков единого предка Аргына, они уже были, вероятнее всего, тюркоязычной группой также, как и сам генеалогический основатель клана Караходжа. Об этом свидетельствуют исторические источники эпохи Золотой Орды [Султанов, 1982]. Таким образом,

генофонд аргынов по отцовской линии несет основное наследие от народов индоиранской языковой семьи или их потомков, и только на поздних этапах включил ряд иных элементов от генофондов других тюркоязычных и монголоязычных народов.

### Выводы

В рамках междисциплинарного подхода обобщены историко-этнографические сведения об аргынах, результаты изучения их генофонда и впервые составлен генетический портрет родов аргынов. Совокупность этих результатов позволяет сформулировать ряд выводов.

1. Ни одна из этнографических версий происхождения прото-аргынов (от монголоязычных или от тюркоязычных сообществ) не находит

полного генетического подтверждения по данным полиморфизма Y-хромосомы и требует дальнейшего комплексного исследования по другим генетическим системам. Наибольшая генетическая близость аргынов по отцовской линии к народам Иранского нагорья определяется мажорным компонентом их генофонда (гаплогруппой **G1**), унаследованной от народов индоиранской языковой семьи (вероятнее их потомков, перешедших на тюркский язык). Близость генофондов аргынов к казахам Алтая и монголам указывает на более позднее генетическое наследие тюркоязычных и монголоязычных народов.

2. Генетическая общность родов аргынов находит полное отражение в резком преобладании гаплогруппы **G1-M285** в генофондах большинства родов и составляет две трети общего генофонда аргынов. Комплексное изучение генеалогии и генофонда аргынов позволяет предполагать, что основным родоначальником аргынов (носителей гаплогруппы **G1**) является золотоордынский эмир Караходжа с гаплогруппой **G1** (XIV в.) или его ближайшие предки. Тем самым тезис о том, что аргыны – это союз племен, различных по происхождению, не находит генетического подтверждения.
3. Получила новые подтверждения гипотеза о прародине гаплогруппы **G1** на Ирано-Армянском нагорье. Ее появление в пространстве Евразийской степи датируется ранним железным веком (3000 лет тому назад), а время ее экспансии в генофонде казахов – 470–750 лет назад.
4. Специфическим для казахов и для аргынов является маркер **G1-L1323**. Ближайшие линии Y-хромосомы встречаются у монголов (маркер **GG1**), евреев ашкенази (маркер **L201**), населения Кувейта и Сирии (маркер **Y14914**).

### Благодарности

Авторы выражают благодарность всем участникам, предоставившим свои образцы для исследования. Работа выполнена при поддержке грантов РНФ 14-14-00827, РФФИ №16-06-00303\_а и Программ Президиума РАН «Молекулярная и клеточная биология», «Динамика генофондов», Программно-целевого финансирования МОН РК (№0114РК00492) Назарбаев Университет.

### Библиография

- Аристов Н.А.* Заметки об этническом составе тюркских племен и народностей и сведения об их численности // Живая старина, 1896. Вып. III–IV. С. 277–456.
- Ашимбаев Д., Хлюпин В.* Казахстан: история власти. Опыт реконструкции. Алматы: Credos, 2008. 920 с.
- Балановская Е.В., Жабагин М.К., Агджоян А.Т. и др.* Популяционные Биобанки: Принципы организации и перспективы применения в геногеографии и персонализированной медицине // Генетика, 2016. Т. 5. № 12. С. 1–17.
- Балановский О.П.* Генофонд Европы. М.: Товарищество научных изданий КМК, 2015. 338 с.
- Бартольд В.В.* Двенадцать лекций по истории турецких народов Средней Азии. Собрание сочинений. Том 5. М.: Наука. Главная редакция восточной литературы, 1968. 757 с.
- БД Y-base [Электронный ресурс] и компьютерная сеть лаборатории популяционной генетики человека МГНЦ. URL: <http://www.genofond.ru/genofond.ru/default26d8e.html?s=0&p=346>. (дата обращения: 27 июня 2016).
- Богунов Ю.В., Мальцева О.В., Богунова А.А., Балановская Е.В.* Нанайский род самар: структура генофонда по данным маркеров Y-хромосомы // Археология, этнография и антропология Евразии, 2015. Т. 43. № 2. С. 146–152.
- Востров В.В., Муканов М.С.* Родоплеменной состав и расселение казахов (конец XIX–начало XX в.). Алмата: Наука, 1968. 255 с.
- Грумм-Гржимайло Г.Е.* Западная Монголия и Урянхайский край. Том 2. Исторический очерк этих стран в связи с историей Средней Азии. Ленинград: Издание ученого комитета Монгольской Народной Республики, 1926. 906 с.
- Гумилев Л.Н.* Поиски вымышленного царства: легенда о государстве пресвитера Иоанна. М.: Наука, 1970. 431 с.
- Джанузаков Т.* Очерк казахской ономастики. Алма-Ата: Наука, 1982. 176 с.
- Жабагин М.К., Дибирова Х.Д., Фролова С.А. и др.* Связь изменчивости Y-хромосомы и родовой структуры: генофонд степной аристократии и духовенства казахов // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2014. № 1. С. 96–101.
- Исаева А.И.* К вопросу об этногенезе и этнической истории племени аргын // Вестник КазНУ. Серия Историческая, 2013. № 4. С. 111–118.
- История родоплеменных объединений казахов. Аргын. Том 9. Книга 3. / Под ред. Х.М. Габжалилова, Т. Омарбекова, Б.Б. Карибаева, К.М. Зарлы. Алматы: Алаш, 2007. 660 с. (на казахском).
- Кудайбердыулы Ш.* Родословная тюрков, киргизов, казахов и ханских династий. Алма-Ата: СП Дастан, 1990. 120 с.
- Масанов Н.Э.* Кочевая Цивилизация казахов: основы жизнедеятельности кочевничества. Алматы: Print-S., 2011. 740 с.
- Махпиров В.У.* Имена далеких предков: Источники формирования и особенности функционирования древнетюркской ономастики. Алматы: Институт востоковедения МН-АН РК, 1997. 302 с.
- Мусаев К.С.* Истории Великой Кыргызской империи. Бишкек, 1999. 182 с.



- Пищулина К.А. Юго-Восточный Казахстан в середине XI – начале XVI вв. // Вопросы политической и социально-экономической истории. Алма-Ата: Наука, 1977. 287 с.
- Ракишев Б.Р. Размещение головных родов казахов по областям и их приблизительная численность // Доклады национальной академии наук Республики Казахстан, 2015. № 3 (301). С. 193–198.
- Сабитов Ж.М. Казахская популяция с точки зрения исследований полиморфизма Y-хромосомы // Труды Евразийского общества генетической генеалогии. Генетическая история народов Евразии, 2015. С. 173–246.
- Сабитов Ж.М. О происхождении рода бабасан // Russian Journal of Genetic Genealogy (русская версия), 2012. Т. 4. № 2. С. 9–12.
- Султанов Т.И. Кочевые племена Приаралья в XV–XVII вв. М.: Наука, 1982. 133 с.
- Схаляхо Р.А., Жабагин М.К., Юсупов Ю.М. и др. Генофонд туркмен Каракалпакстана в контексте популяций Центральной Азии (полиморфизм Y-хромосомы) // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2016. № 3. С. 83–93.
- Тынышпаев М. История казахского народа. Алматы: Санат, 2009. 280 с.
- Abilev S., Malyarchuk B., Derenko M. et al. The Y-Chromosome C3\*Star-Cluster Attributed to Genghis Khan's Descendants Is Present at High Frequency in the Kerey Clan from Kazakhstan // Hum. Biol., 2012. Vol. 84(1). P. 79–89. DOI: 10.3378/027.084.0106.
- Balanovsky O., Dibirova K., Dybo A. et al. Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region // Mol. Biol. Evol., 2011. Vol. 28 (10). P. 2905–2920. DOI: 10.1093/molbev/msr126.
- Balanovsky O., Zhabagin M., Agdzhoyan A. et al. Deep phylogenetic analysis of haplogroup G1 provides estimates of SNP and STR mutation rates on the human Y-chromosome and reveals migrations of Iranian speakers // PLoS One, 2015. 10(4): e0122968. DOI: 10.1371/journal.pone.0122968.
- Biró A.Z., Zalan A., Volgyi A., Pamjav H. A Y-chromosomal comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary) // Am. J. Phys. Anthropol., 2009. Vol. 139 (3). P. 305–310. DOI: 10.1002/ajpa.20984.
- Chaix R., Austerlitz F., Kheday T. et al. The genetic or mythical ancestry of descent groups: lessons from the Y chromosome // Am. J. Hum. Genet., 2004. Vol. 75 (6). P. 1113–1116. DOI: 10.1086/425938.
- Chiaroni J., King R.J., Myres N.M. et al. The emergence of Y-chromosome haplogroup J1e among Arabic-speaking populations // Eur. J. Hum. Genet., 2010. Vol. 18 (3). P. 348–353. DOI: 10.1038/ejhg.2009.166.
- G-M285 Project by Family Tree DNA. Электронный ресурс. URL: <https://www.familytreedna.com/public/M342/default.aspx?section=yresults> (дата обращения: 27 июня 2016).
- International Society of Genetic Genealogy (ISOGG). Электронный ресурс. URL: <http://isogg.org/tree/index.html> (дата обращения: 27 июня 2016).
- Karmin M., Saag L., Vicente M. et al. A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture // Genome Res., 2015. Vol. 25 (4). P. 459–466. DOI: 10.1101/gr.186684.114.
- Lazaridis I., Nadel D., Rollefson G. et al. The genetic structure of the world's first farmers (Preprint bioRxiv 059311; DOI: 10.1101/059311).
- Rootsi S., Myres N.M., Lin A.A. et al. Distinguishing the co-ancestries of haplogroup G Y-chromosomes in the populations of Europe and the Caucasus // Eur. J. Hum. Genet., 2012. Vol. 20 (12). P. 1275–1282. DOI: 10.1038/ejhg.2012.86.
- Underhill P.A., Poznik G.D., Rootsi S. et al. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a // Eur. J. Hum. Genet., 2015. Vol. 23 (1). P. 124–131. DOI: 10.1038/ejhg.2014.50.
- Volgyi A., Zalan A., Szvetnik E., Pamjav H. Hungarian population data for 11 Y-STR and 49 Y-SNP markers // Forensic Sci. Int. Genet., 2009. Vol. 3 (2):e27–8. DOI: 10.1016/j.fsigen.2008.04.006
- Zerjal T., Xue Y., Bertorelle G. et al. The genetic legacy of the Mongols // Am. J. Hum. Genet., 2003. Vol. 72 (3). P. 717–721. DOI: 10.1086/367774.
- Zhabagin M., Sabitov Z., Tazhigulova I. et al. The gene pool of Argyn in the context of generic structure of Kazakhs according to data on SNP-Y-chromosome markers // Europ. Human Genet. Conf. Paris, France, 2013. Vol. 06. P. 570.

## Контактная информация:

Жабагин Максат Кизатович: e-mail: mzhabagin@gmail.com;  
Сабитов Жаксылык Муратович: e-mail: babasan@yandex.ru;  
Агджоян Анастасия Торосовна: e-mail: aagdzhoyan@gmail.com;  
Юсупов Юлдаш Мухамматович: e-mail: ufa1980@yandex.ru;  
Богунев Юрий Васильевич: e-mail: forbogunov@inbox.ru;  
Лавряшина Мария Борисовна: e-mail: lmb2001@mail.ru;  
Тажигулова Инкар Мешитбаевна:  
e-mail: inkar.tazhigulova@gmail.com;  
Акильжанова Айнура Рахметуловна: e-mail: akilzhanova@nu.edu.kz;  
Жумадилов Жаксыбай Шаймарданович:  
e-mail: zzhumadilov@nu.edu.kz;  
Балановский Олег Павлович: e-mail: balanovsky@inbox.ru;  
Балановская Елена Владимировна: e-mail: balanovska@mail.ru.

## GENESIS OF THE LARGEST TRIBAL-CLAN GROUP OF KAZAKHS – ARGYNS – IN THE CONTEXT OF POPULATION GENETICS

M. Zhabagin<sup>1</sup>, Zh. Sabitov<sup>2</sup>, A. Agdzhoyan<sup>3,4</sup>, Y. Yusupov<sup>5</sup>, Y. Bogunov<sup>3</sup>, M. Lavryashina<sup>6</sup>, I. Tazhigulova<sup>7</sup>, A. Akilzhanova<sup>1</sup>, Zh. Zhumadilov<sup>1</sup>, O. Balanovsky<sup>3,4</sup>, E. Balanovska<sup>4</sup>

<sup>1</sup>National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan

<sup>2</sup>LN Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

<sup>3</sup>Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

<sup>4</sup>Research Centre for Medical Genetics, Moscow, Russia

<sup>5</sup>Institute of Strategic Studies of the Republic of Bashkortostan, Ufa, Russia

<sup>6</sup>Kemerovo State University, Kemerovo, Russia

<sup>7</sup>Forensic science centre of the Ministry of Justice of the Republic of Kazakhstan, Astana, Kazakhstan

*Argyns are the largest tribal-clan group of Kazakhs, but their genesis remains debatable. This discussion may be reduced to two opposing points of view of their origin – Turkic or Mongolian, and to a confrontation of traditional versions of the genealogy of Kazakhs (Shezhire) with a single biological ancestor of Argyns and a version that Argyns are a union of tribes of different origin. Objective of research: to present a genetic portrait of Argyns based on Y-chromosome polymorphism and to consider different versions of Argyn genesis in terms of their gene pool.*

*Genetic portraits of nine lineages of Argyns were created during the work (N=384) based on Y-chromosome markers (17 STR and 44 SNP); their genetic pool was analyzed in the Eurasian genetic context, various historical and ethnographic versions of Argyn origin were considered in the gene pool plane. Conclusion: the gene pool of the proto-Argyns (paternal line) is marked by haplogroup G1 of Y-chromosome and goes back to peoples of the Indo-Iranian language family. According to the genetic distances, the Argyns are close to the Iranian peoples (Assyrians, Baluchis, Iranians, Mazanderani, Kurds); and the oldest known today carrier of haplogroup G1 was found in western Iran. Versions of the origin that are based on ethnonym similarities have not been confirmed by the genetic analysis. Comprehensive study of the genealogy and the Argyns' gene pool suggests that the Argyn's ancestor with haplogroup G1 is the Golden Emir Karahodzha (XIV century), or his immediate ancestors. Phylogenetic dating of haplogroup G1 branches suggests that G1 was already present in the Eurasian Steppes (among Kazakh, Bashkir, and Mongol ancestors) starting from the early Iron Age. The expansion of G1 within Kazakhs' gene pool is dated from 750 to 470 years ago. G1 marker, specific for Kazakhs and Argyns, is the L1323 marker.*

**Keywords:** *population genetics, Y-Chromosome, phylogeography, gene pool, tribal-clan group, lineage, Central Asia, Kazakhs, Argyns*