

## ЭТНОГЕНЕЗ КАЗАХОВ С ТОЧКИ ЗРЕНИЯ ПОПУЛЯЦИОННОЙ ГЕНЕТИКИ

**Сабитов Жаксылык Муратович**

PhD, Доцент кафедры Политологии,  
Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева,  
[babasan@yandex.kz](mailto:babasan@yandex.kz)

**Жабагин Максат Кизатович**

Младший научный сотрудник,  
Лаборатория прикладной генетики и этногенетики,  
Центр наук о жизни, Назарбаев Университет,  
г. Астана, Казахстан  
[maxat.zhabagm@nu.edu.kz](mailto:maxat.zhabagm@nu.edu.kz)

Современная популяционная генетика в целом и исследования полиморфизма Y-хромосомы в частности развиваются семимильными шагами. Качественное развитие и удешевление технологий полного и частичного сиквенса Y-хромосомы делает эту технологию доступной для широких масс исследователей, при этом освобождая от необходимости содержать дорогостоящие лаборатории. На данный момент в научном мире признан стандарт Big Y (появился в 2013 году), который позволяет установить родство по прямой мужской линии с минимальными погрешностями. На данный момент опубликованы всего две статьи с использованием этого стандарта. Первая изучала группу евреев-Ашкенази, вторая статья изучала популяции Казахских Аргынов. Кроме этого используя другие виды изучения полного сиквенса Y-хромосомы, были опубликованы другие работы с новыми вариантами филогенетических древ для одной или многих гаплогрупп. Тут стоит отметить, что помимо лабораторных работ, получающих «сырые» данные, очень важен и анализ данных. На данный момент исследователи дошли до этого этапа, когда «вручную» это делать практически не возможно. К примеру, BAM-файл Big Y одного образца в среднем занимает до 1 гигабайта информации, а данные одного Генома в среднем могут занимать до 400 Гигабайт информации. На данный момент одним из самых распространенных инструментов анализа информации является сайт [www.yfdll.com](http://www.yfdll.com). Использование этого инструмента позволяет иерархизировать SNP-маркеры на основе общемировой базы данных, выделить приватные (характерные для этого человека и его ближайших родственников) и общие SNP-маркеры (характерные для каких-либо популяций и групп населения). Кроме этого данный инструмент позволяет извлечь более 400 STR-маркеров (предыдущий научный формат позволял исследовать 17-23 STR-маркеров). Чтобы было более ясно, стоит пересказать те результаты статьи, в которых на основе данных истории и казахских шежиры

был сделан вывод о высокой степени достоверности Казахских шежире (устные генеалогии). Казахские Аргыны, согласно шежире, считают себя потомками Акжоло (Даир-ходжи), который имел двух сыновей: Кара-ходжу (от него происходят такие подроды как Куандык, Бегендык, Суюндык, Шегендык, Каракесек, Атыгай, Караул, Канжигалы, Басетиин, Тобыкты и др.) и Сомдыка (от него происходят Токал-Аргыны (или Томен и Жогарышекты) - «младшие Аргыны»). Нами были исследованы данные по более чем 240 казахам, принадлежащим к роду Аргын. Респонденты предоставили свое шежире для исследователей. Из них было выбрано 9 образцов ДНК, которые были проанализированы с помощью полного сиквенса Y-хромосомы (BigY). Стандартизированный тест Big Y показывает, что одна однонуклеотидная замена («мутация») происходит примерно раз в 4 поколения. То есть мы можем датировать жизнь предка целого рода на основе качественной выборки, исследованной с помощью теста BigY. Результаты исследования Казахских Аргынов (к сожалению, не были исследованы Крымские Аргыны) позволяют датировать время жизни первого общего предка для этой популяции примерно 1355 годом (плюс минус ПО лет), что очень сильно коррелирует с данными шежире рода Аргын [2]. В среднем у каждого протестированного было около 5 частных SNP-мутаций, что в среднем дает примерно 20 поколений до первого общего предка. Это коррелирует с данными казахских шежире. Полученные результаты похожи на генеалогические таблицы, с той лишь разницей, что они в 4 раза короче («1 мутация на 4 поколения») и вместо реальных имен могут быть написаны однонуклеотидные замены в конкретных участках ДНК (или стандартизированные названия мутаций). Таким образом, для любителей генеалогических исследований появилась реальная возможность с огромной долей вероятности проверять те или иные гипотезы о генеалогии рода или конкретного человека.

Если говорить о полиморфизме Y-хромосомы, стоит отметить, что в методологическом плане данная научная дисциплина достигла определенного потолка, дальнейший прирост научного знания в этой отрасли будет происходить не из-за улучшения методов и методик, а из-за накопления научных данных.

Стоит также отметить, что одним из новейших направлений популяционно-генетических исследований является исследование аутомосомных маркеров (то есть изучение генетического вклада всех предковых линий, а не только прямой мужской или прямой женской). Первичные результаты исследования аутомосомных маркеров дают следующие результаты. Генетиками были датированы времена, когда смешались этногенетические компоненты в современных тюркских народах. Условно говоря, данная дата это примерное появление на свет народа (этногенетической общности) в генетическом плане (название). То есть народ мог сменить название или сохранить старое название от народа, который отличался этногенетически от него, но с этой даты («дата генетического смешения») данная общность не менялась кардинально в этногенетическом плане. Но тут стоит отметить, до сих пор малые выборки в этих исследованиях, а также малое количество данных. На данный момент данные исследования отстают от исследований полиморфизма Y-хромосомы.

Можно выделить три основных направления популяционно-генетических исследований:

1. Исследования аутомосомных маркеров.
2. Исследования митохондриального ДНК.
3. Исследования полиморфизма Y-хромосомы.

1. В первом направлении пока делаются первые шаги. Ласточкой этих исследований стала совместная статья ряда популяционных генетиков «Генетическое наследие экспансии тюркоязычных кочевников в Евразии». В данной публикации на основе минимальных выборок, смогли вычислить время «смешения», то есть время появления на свет того этногенетического коллектива, который существует и поныне (до этого смешения существовали предковые популяции): Период 1230-1340 годов был ключевым для таких народов как татары, башкиры, казахи, уйгуры [6]. Здесь стоит сразу обозначить различие в сложении единого этногенетического коллектива сложившегося в определенный период и

историю этнонима. К примеру, название ногайцы сложилось раньше. Ногайский этнос существовал и ранее 1670 года. В то время из-за разгрома и раскола Ногайской Орды численность ногайцев катастрофически снизилась, большая часть ногайцев могла войти в состав таких народов как каракалпаки, казахи, татары, башкиры и т.д. Оставшиеся ногайцы смогли выжить и именно с этого периода можно датировать сложение тех ногайцев, которые существуют и поныне. Что касается казахов, то этноним сложился только в XV веке, хотя этногенетический коллектив сложился раньше, чем этноним (изначально бывший экзоэтнонимом).

2. В 2005 году Березина Г.М. защитила Докторскую диссертацию по исследования митохондриальных ДНК среди казахов.

Согласно ее результатам, казахи отличаются высокой внутрипопуляционной гетерогенностью, то есть среди них присутствует генетические следы почти всех народов Евразии. Кроме того рассматривая соотношение восточноазиатских и западноевразийских генетических линий, Березина Г.М. пришла к выводу, что казахи на 55 % состоят из носителей восточноазиатских митохондриальных ДНК и на 41 % из носителей западноевразийских митохондриальных ДНК [8, с. 254]. Это повторяет и подтверждает данные как Оразака Исмагулова (хотя цифра восточноазиатских генетических линий немного ниже чем монголоидный компонент среди казахов) так и наши данные по полиморфизму Y—хромосомы (цифра очень близка).

При проведении популяционно-генетических исследований, очень важно привлечение специалистов-историков, которые могли бы формировать выборку и интервьюировать участников генетических исследований. Научная ценность таких междисциплинарных научных коллективов очень высока. Примером могут служить работы по казахам. С 1999 года (выход одних из первых работ по полиморфизму Y—хромосомы казахов) до 2009 года (выход первой статьи по казахам с учетом родоплеменной структуры), ни одна из работ генетиков не представляла особой научной ценности для историков.

Исследования казахов начались еще в 1999 году. Вплоть до 2009 года было проведено множество исследований казахов, но при этом зарубежными учеными не брались в учет квазигенетические маркеры казахов (родоплеменную идентификацию). Но в последнее время появились работы популяционных генетиков, учитывавшие родоплеменное деление казахов. К примеру, появились публикации о тургайских Мадиярах ( $n^{10}=45$ ) [3], Керях ( $n=51$ ) [1], Найманах ( $n=67$ ) [4]. Также появились работы с данными Казахского ДНК-проекта ( $n=100$ ) [5], которые также учитывают родоплеменную структуру казахов. В 2013 году количество протестированных казахов в базе данных Family Tree DNA увеличилось до 270 человек и на основе этих данных была написана еще одна работа [10]. На данный момент в базе данных Family Tree DNA известны 631 гаплогрупп. Помимо этого в данной работе используются 285 гаплогрупп из научной выборки. В итоге выборка равна 916 образцам. Ниже можно увидеть распределение гаплогрупп среди разных казахских родов:

Род	C2	G1	J2	N1	O	Q	R1a	R1b1a1	R1b1a2	R2	Other	Всего
Alshyn	149	2	4	1	1	2	12	4	2	0	8	185
Argyn	9	85	1	2	2	0	22 <sup>11</sup>	2	0	1	13 <sup>*</sup>	137
Kanly	0	0	0	0	0	4	1	0	0	0	0	5
Kerei	26	1	0	2	0	0	0	0	0	0	1	30
Konyrat	28	0	0	2	1	0	2	1	1	0	0	35
Kozha	5	3	11	5	2	3	24	1	7	3	18	82
Kypshak	3	2	25 <sup>o</sup>	1	1	1	2	8	3 <sup>14</sup>	0	2	48

**n** — в данном случае выборка - количество протестированных.

**14** из них относятся к клану Бабасан

**7** из них относятся к клану Тобыкты и гаплогруппе Л

Naiman	14	4	1	7	30	3	2	0	. <sup>15</sup>	0	4	74
Shanyshkyly	26	0	2	1	0	0	1	1	1	0	0	32
Tabyn	. <sup>16</sup>	0	0	3	1	0	. <sup>17</sup>	0	0	0	1	29
Tama	7	0	0	0	0	0	2	0	0	0	1	10
Uisyn	62	1	5	. <sup>18</sup>	0	0	3	2	0	0	14	104
Zhagalbaily	1	2	0	1	6	0	0	1	1	0	1	13
Zhalair	6	0	3	0	1	1	2	0	0	0	0	13

Помимо данных результатов, стоит отметить такие данные как возраста предков основных казахских родов, рассчитанные по разным методам и на основе разных выборок [7].

Род	Субклад	n	Число STR локусов	TMRCА, лет	TMRCА, лет	TMRCА, лет
Торе	C2a2b-F1756	9	62	650±190	690±200	900±600
Аргын	G1a1a2-L1323	27	63	730±230	750±240	700±300
Алшын	C2a1a-M48	23	60	790±210	890±210	1700±400
Найман	03-M134	8	63	590±220	590±250	500±300
Коньрат	C2b1c1-M407	16	33	1290±420		1100±400
Кыпшак	R1b1a1-M73	7	33	870±300		1200±600
Шанышкылы	C2a3-F4002	16	33	690±210		
Уйсын	C2a3-F4002	11	33	1130±270		1400±800

Таким образом, мы видим, что и по аутосомным маркерам и по данным полиморфизма Y—хромосомы, формирование Казахского этноса относится к периоду 13-15 веков, а именно к эпохе Золотой орды.

Подводя итоги статьи, стоит отметить, что генетические данные дополняют исторические, не противореча антропологическим исследованиям казахов. Современные казахи 20 века, по данным Оразака Исмагулова, антропологически сформировались в 13 веке и ничем не отличается от кочевого населения Золотой Орды 13 века [9, с. 218]. Эти выводы подтверждаются данными Яблонского Л.Т., который провел кластерный анализ, в результате которого кочевникам Золотой Орды (Нижнее Поволжье) наиболее близки оказались современные казахи, в то время как современные татары, узбеки и чувашаи, оказались более близки городскому населению Золотой орды [11, с. 281].

Резюмируя, все вышесказанное, мы можем утверждать, что казахи в генетическом и антропологическом планах являются одними из основных «наследников» Золотой орды.

#### Список литературы:

1. Abilev S., Malyarchuk B., Derenko M., Wozniak M., Grzybowski T., Zakharov I. «The Y-chromosome C3\* star-cluster attributed to Genghis Khan's descendants is present at high frequency in the Kerey clan from Kazakhstan»//Human Biology: Volume 84: Issue 1, Article 12.
2. Balanovsky O., Zhabagin M., Agdzhoyan A., Chukhryayeva M., Zaporozhchenko V., Utevska O., Highnam G., SabitovZh., Greenspan E., Dibirova Kh., Skhalyakho R., Kuznetsova M., Koshel S., Yusupov Yu., Nymadawa P., ZhumadilovZh., Haber M., Zalloua P., Yepiskoposyan L., Tyler-Smith C, Balanovska E. Deep phylogenetic analysis of the Y-chromosomal haplogroup G1 reveals migrations of Iranic speakers

23 из 25 относятся к ттодроду Бултынкышпак

Все трое принадлежат к ттодроду Торыкышпак

6 из них относят к ттодроду Баганалы, 3 к ттодроду Торткара.

Большая часть, относящихся к этой гаплогруппе относятся к подродам Шомышты и Таракты

Все 7 относятся к подроду Тартулы

15 из 17 относятся к роду Сргелы

- between South-West Asia and the Eurasian steppe//PLoS ONE, Published: April 7, 2015. <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0122968>
3. Biro A., Zalan A., Volgyi A., Pamjav H. A Y-chromosomal comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary) // American Journal of Physical Anthropology. 2009. Volume 139 Issue 3, P. 305-310.
  4. Tarlykov P., Zholdybayeva E., Akilzhanova A., Nurkina Zh., Sabitov Zh., Rabyrbekov T., Ramanculov E. «Mitochondrial and Y-chromosomal profile of the Kazakh population from East Kazakhstan)// Croatian Medical Journal 2013; 54: 17-24
  5. Turuspekov Y., Sabitov Zh., Daulet B., Sadykov M., Khalidullin O. «The Kazakhstan DNA project hits first hundred Y-profiles for ethnic Kazakhs)// Russian Journal of Genetic Genealogy. 2011. 3. № 1. P. 69-84.
  6. Yunusbayev B., Metspalu M., Metspalu E., Valeev A., Litvinov S., Valiev R., Akhmetova V., Balanovska E., Balanovsky E., Turdikulova S., Dalimova D., Nymadawa P., Bahmanimehr A., Sahakyan H., Tambets K., Fedorova S., Barashkov N., Khidiyatova I., Mihailov E., Khusainova R., Damba L., Derenko M., Malyarchuk B., Osipova L., Voevoda M., Yepiskoposyan L., Kivisild T., Khusnutdinova E., Villems R. The Genetic Legacy of the Expansion of Turkic-Speaking Nomads Across Eurasia//PLoS ONE, Published: April 21, 2015. <http://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1005068>
  7. Адамов Д. Сабитов Ж.М. Расчет ТМРСА казахских родов//ТЪе Russian Journal of Genetic Genealogy. Volume 7, No 2 (2015). С.14-19.
  8. Березина Г.М. Генетико-демографические процессы в сельских популяциях Казахстана и их генетическая дифференциация по митохондриальной ДНК : Дис. ... д-ра биол. наук : 03.00.15 Алматы, 2005 307 с.
  9. Исмагулов О. Сихымбаева К.Б. Исмагулова А.О. Этническая дерматоглифика казахов. Алматы, 2007. 240 с.
  10. Сабитов Ж.М. Этногенез казахов с точки зрения популяционной генетики// The Russian Journal of Genetic Genealogy. Volume 4, No 2 (2012)/Volume 5, No 1 (2013).С. 29-47.
  11. Яблонский Л.Т. К палеоантропологии средневекового населения Поволжья//Степи Европы в эпоху средневековья. Том № 6. Донецк. 2008. С. 269-286.