

«Стар-кластер Чингисхана» поставили под сомнение

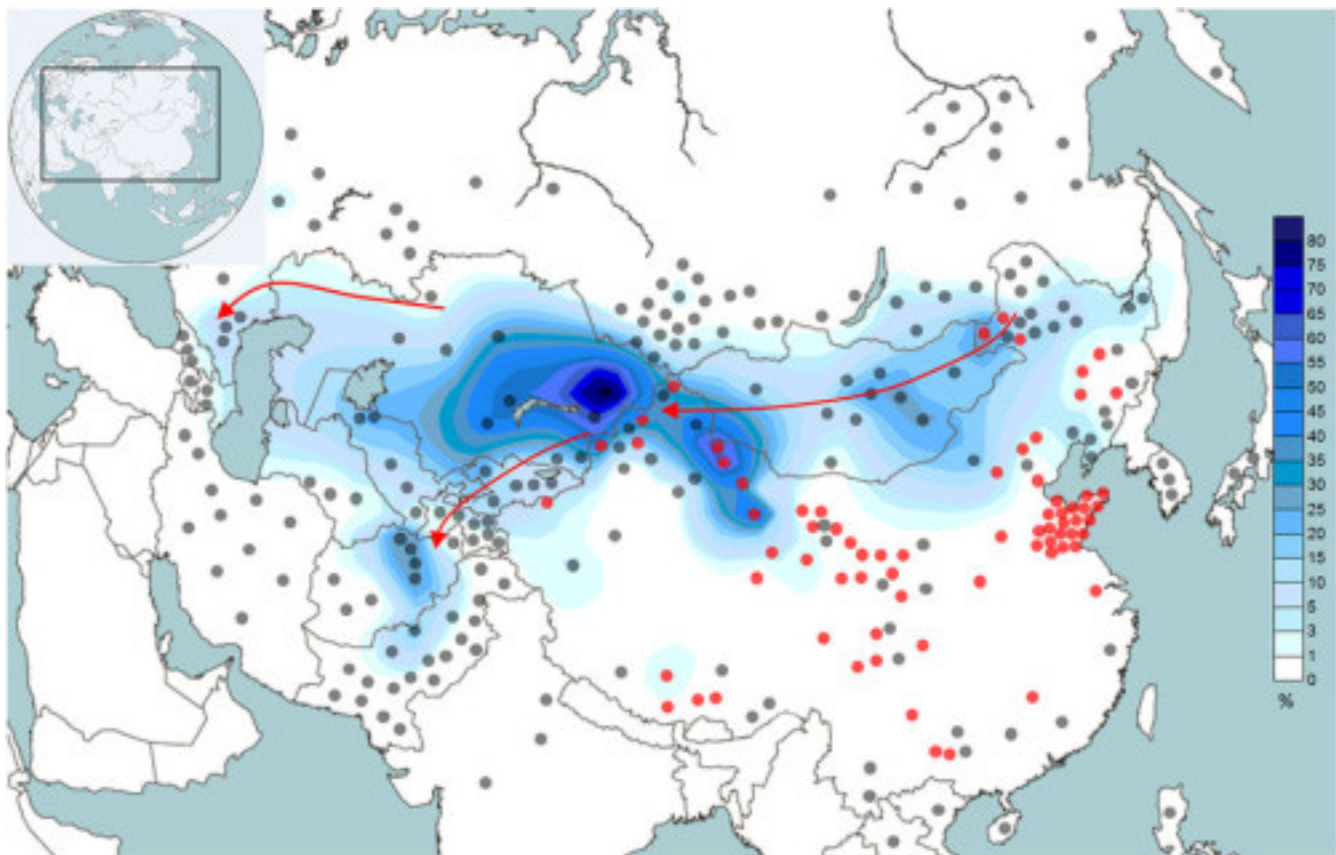
Исследование Y-хромосом более 800 человек, носителей так называемого «стар-кластера» C3* (по новой номенклатуре C2*), известного как «гаплогруппа Чингисхана», показало, что его происхождение и распространение по Евразии, скорее, связано с древними монголоязычными племенами, нежели с Чингисханом.

Y-хромосомную гаплогруппу C3* — знаменитый «стар-кластер» — многие специалисты традиционно связывают с Чингисханом и его соплеменниками. Впервые эта гипотеза появилась в статье Zerjal et al., 2003. Эта линия с заметной частотой (около 8%) распространена в популяциях Центральной и Юго-Восточной Азии. Время жизни общего предка носителей этой гаплогруппы в работе Zerjal было оценено в 1000 ± 300 лет, что совпадает со временем жизни Чингисхана (1162–1227 н.э.), а ее распределение в популяциях совпадает с территорией Великой монгольской империи. Это послужило основанием для того, чтобы связать распространение этой линии с походами великого завоевателя и его потомков по Евразии.

В новой работе, [опубликованной в журнале European Journal of Human Genetics](#) китайскими генетиками (первый автор — Lan-Hai Wei), получены данные, которые заставляют пересмотреть эту довольно красивую гипотезу. На основании своих результатов авторы построили уточненное филогенетическое дерево Y-хромосомы и переименовали стар-кластер C3* в стар-кластер C2*(C2*-ST).

Авторы упоминают, что некоторые уже опубликованные ранее данные (работы И.А. Захарова-Гезехуса) не укладываются в обсуждаемую гипотезу. В частности, высокая частота C2*-ST отмечена у казахского рода керей, члены которого не относятся к родственникам Чингисхана. Кроме того, гаплотип непосредственного потомка Чингисхана Даян-Хана (определенный прямым тестированием его потомков) — C2c1a1a1-M407 — не относится к стар-кластеру. Так что в задачи работы вошла проверка связи стар-кластера с Чингисханом на основе новых геномных данных, в том числе по полному секвенированию, с обширной территории.

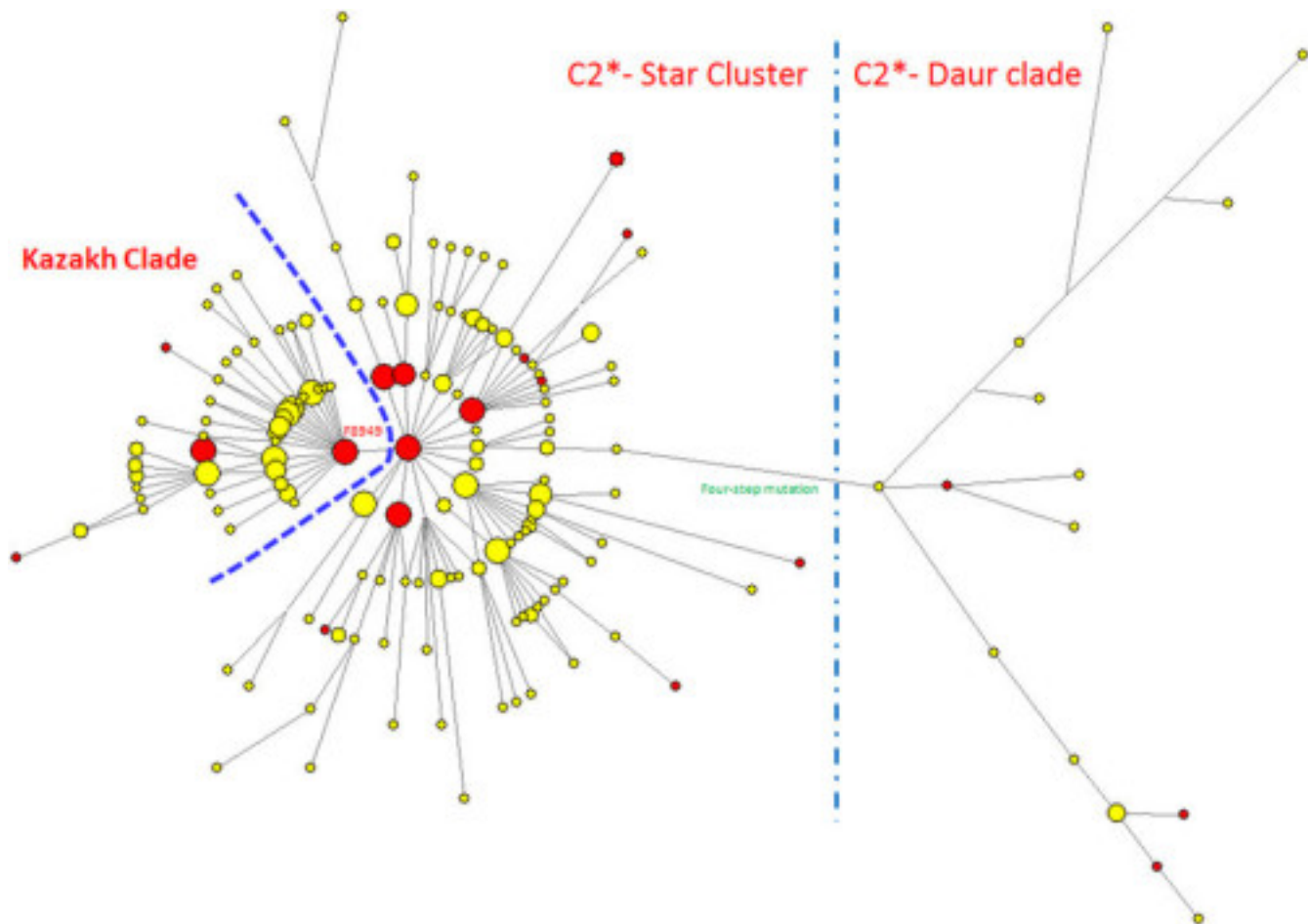
Авторы изучили гаплотипы 18 210 индивидов из 292 популяций Восточной Евразии, в том числе впервые представили данные по 6348 человек из 74 популяций. Среди обширной выборки 809 индивидов были отнесены к C2*-ST, всего 685 гаплотипов. Географическое распределение C2*-ST показано на карте.



Распределение Y-хромосомной гаплогруппы C2*-ST по Евразии. Черные точки обозначают популяции по данным литературы, красные точки – изученные в данной работе. Цвет показывает частоту гаплогруппы в популяциях в соответствии со шкалой.

Самая высокая частота C2*-ST отмечена в нескольких популяциях казахов в Юго-Восточном Казахстане, затем идут популяции Северо-Западного Китая, Монголии, Бурятии и Узбекистана. В Казахстане с частотой более 50% C2*-ST встречается у родоплеменных групп старшего жуза (одна из трёх исторических социально-территориальных групп) и рода керей. А вот в популяциях, не относящихся к алтайской семье языков, частота C2*-ST довольно низка, за исключением хазарейцев в Афганистане (ираноязычный народ монгольского происхождения), которых по историческим источникам считают потомками Чингисхана.

Исследователи построили сеть гаплотипов C2*-ST, основанную на 15 STR (коротких тандемных повторах). Образцы, Y-хромосома которых была полностью секвенирована (всего 17 образцов), отмечены красными кружками. На сети выделяется обширно ветвящаяся казахская клада.



Сеть Y-STR гаплотипов стар-кластера C2*-ST, построенная на основе 15 STR. Гаплотипы полностью секвенированных образцов показаны красными кружками.

По данным секвенирования 17 Y-хромосом авторы работы построили уточненное филогенетическое дерево, на котором все гаплотипы «стар-кластера» легли в пределах ветви C2b1a3a1-F3796, из чего авторы делают вывод что мутация F3796 — ключевая мутация (маркер) стар-кластера.

Оценочный возраст стар-кластера C2*- ST в данной работе – 2576 лет – много больше, чем возраст Великой монгольской империи. Авторы выдвигают гипотезу, что линия C2*- ST возникла в северном регионе Большого Хингана и распространилась в процессе расселения древних монголоязычных популяций. Таким образом, это исходно доминирующая гаплогруппа «протомонголов». Генетики не нашли убедительных доказательств связи гаплогруппы C2*- ST с Чингисханом либо его родственниками по мужской линии. Хотя, поскольку и род нирун, к которому принадлежал Чингисхан, ведет начало из этих древних монгольских племен, они не отвергают возможности того, что Чингисхан, был носителем C2*- ST.

Пока что прямых подтверждений этого нет. Как пишут авторы, ни один из доноров ДНК, несущих C2*- ST, не вел свою генеалогию от Чингисхана, и ни один из тех, кто считал себя потомками Чигисхана, не относился к C2*- ST. Как уже говорилось, прямой потомок Чингисхана Даян-Хан имел другую гаплогруппу (C2c1a1a1-M407).

Тем не менее, китайские генетики не закрывают данный вопрос, а оставляют его открытым в ожидании будущих исследований прямых подтвержденных потомков Чингисхана в широком географическом регионе.

текст Надежды Маркиной

Источник:

[Whole-sequence analysis indicates that the Y chromosome C2*-Star Cluster traces back to ordinary Mongols, rather than Genghis Khan](#)

Lan-Hai Wei et al.

European Journal of Human Genetics

<https://doi.org/10.1038/s41431-017-0012-3>