

# Генетики подтвердили происхождение большинства казахов Западного Казахстана от средневекового общего предка

Изучив Y-хромосомный генофонд 330 мужчин из трех кланов западных казахов, генетики проверили несколько гипотез относительно их происхождения. Для этого они провели исследование гаплотипического разнообразия по SNP и STR маркерам в пределах доминирующей у них гаплогруппы C2a1a2-M48. Три линии доказательств указывают на то, что кланы алимулы и байулы (но не клан жетыру) происходят от общего отца-основателя, время его жизни от 700 до 500 лет назад. Это согласуется с представлениями традиционной казахской генеалогии, которая возводит происхождение этих кланов к эмиру Алау, жившему 650 лет назад.

Традиционные представления об истории народа, сохраняющиеся в легендах, зачастую можно проверить путем исследования разнообразия Y-хромосомных линий, передающихся от отца к сыну. Этот анализ наиболее информативен в случае, когда общество сохраняет клановую структуру: принадлежность к клану передается по мужской линии, так же, как и Y-хромосома. Так, иногда методами генетики можно установить, действительно ли родоначальником клана является некий легендарный персонаж.

Все это в полной мере относится к казахам, поскольку принадлежность к клану – это ключевой элемент казахской культуры, а казахская популяция иерархически структурирована по кланам и субкланам. Исследование Y-хромосомного разнообразия кланов западных казахов в сопоставлении с данными генеалогии и истории провели казахские и российские ученые, статья с результатами этой работы [опубликована в журнале Journal of Human Genetics](#), первый автор работы Максат Жабалин, Национальный центр биотехнологии, Нур-Султан, ведущий автор – профессор Е.В.Балановская, Медико-генетический научный центр, Москва.

Популяция казахов состоит из трех крупных социально-территориальных исторических объединений – старший, средний и младший жуз. Население Западного Казахстана относится к младшему жузу, он включает три больших клана: алимулы, байулы и жетыру. К концу XIX века члены этих кланов составляли свыше трети всей популяции казахов, сегодня, по оценкам демографов, общая численность кланов алимулы, байулы и жетыру составляет 2,5 миллиона человек, около 20% популяции.

Существует несколько гипотез происхождения кланов младшего жуза. Первая гипотеза предполагает, что все субкланы внутри этих кланов возникли независимо друг от друга. В соответствии со второй гипотезой, кланы алимулы и байулы имеют общее происхождение, их основателем народная генеалогия считает эмира Алау, правителя Золотой Орды в то время как жетыру – это сообщество семи субкланов, которые происходят из кланов среднего жуза, объединенных Тауке ханом (1680–1715). Третья гипотеза считает, что эмир Алау – отец-основатель всех трех кланов. Четвертая гипотеза предполагает, что алимулы и байулы – потомки калмыков из клана торгут.

В ранее проведенном той же группой [исследовании генетического ландшафта Трансоксианы](#) было показано, что в генофонде указанных трех кланов высока частота гаплогруппы C2a1a2-M48 (66%), с этим согласуются и данные гражданской науки — генетической генеалогии. Гаплогруппа C2a1a2-M48 широко распространена по Центральной и Северной Азии с пиком частоты в монголо- и тюркоязычных популяциях.

Цель данной работы состояла в исследовании Y-хромосомных портретов кланов младшего жуза, включая глубокий филогенетический анализ гаплогруппы C2a1a2-M48, и интерпретации полученных данных с учетом клановой организации, народной генеалогии, истории и этнографии.

Для выделения ДНК было собрано 330 образцов крови от мужчин, проживающих в Западном Казахстане, обследование проходило с соблюдением принципов сбора биологических образцов, принятых в популяционной генетике. ДНК была генотипирована по 40 Y-хромосомным SNP маркерам и 17 STR маркерам. В анализе использованы также [ранее опубликованные данные](#) по 662 образцам ДНК казахов Южного Казахстана.



Ареал младшего жуза и изученные кланы на карте Казахстана. Красные точки указывают на местоположение изученных образцов.

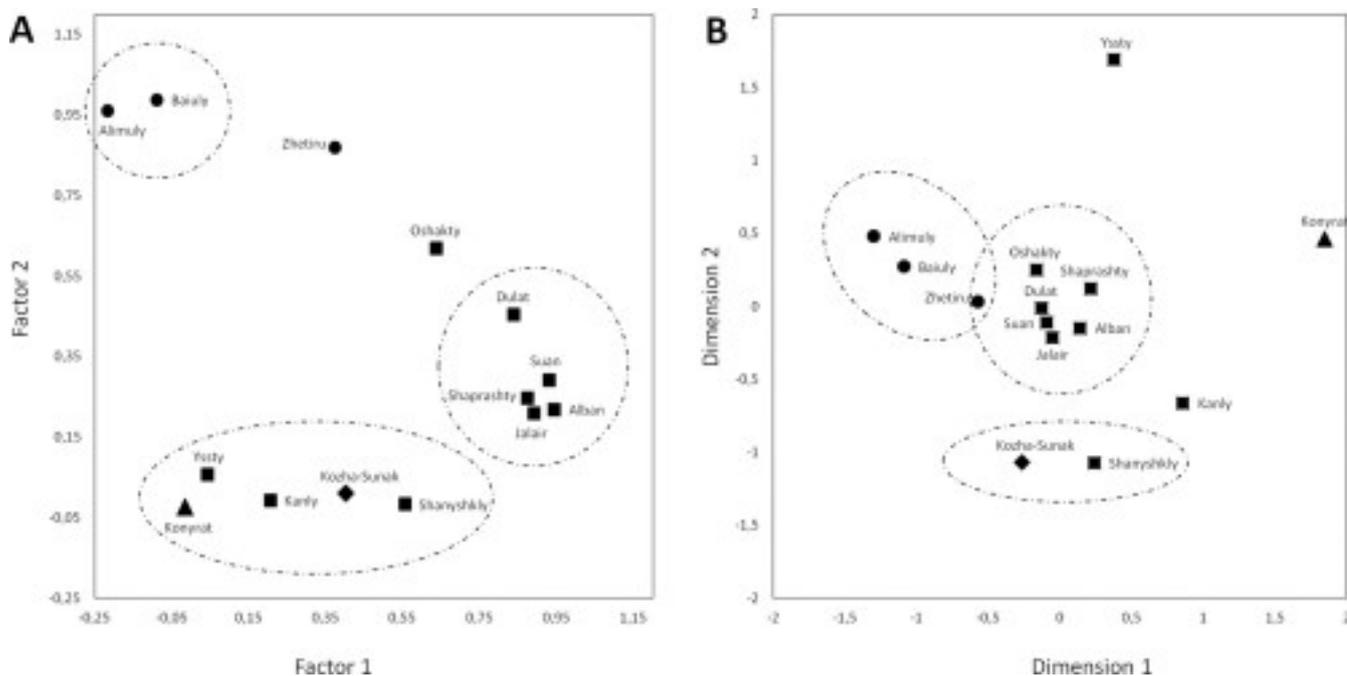
### Генетические портреты кланов западных казахов

В 330 образцах из трех кланов западных казахов в общей сложности было найдено 25 Y-хромосомных гаплогрупп. Две трети генофонда (76%) было представлено гаплогруппой C2-M217. Это согласуется с данными генетической генеалогии, которые также говорят о том, что 87% этой гаплогруппы у западных казахов составляет ее ветвь C2a1a2-M48. Однако исследование показало, что высокая частота C2a1a2-M48 характерна только для двух кланов: алимулы и байулы (77% и 71%, соответственно), в третьем клане жетыру ее частота составляет 29%.

Анализ субкланов показал, что их генетические портреты могут отличаться от общего портрета клана. Так, для субклана торткара-алим характерна аккумуляция гаплогруппы Q-M242 (36%), а среди семи представителей субклана ысык-байулы вообще не оказалось носителей C2a1a2-M48, которая доминировала в остальных субкланах байулы. Также этой ветви не оказалось в субклане телеу клана жетыру.

Генетические портреты трех кланов западных казахов проанализировали в контексте предыдущих исследований 11 кланов из других частей Казахстана. На графиках многомерного шкалирования кланы алимулы и байулы образуют отдельный кластер (I). Генетическое расстояние между этими кланами минимально. Кластер II на графике многомерного шкалирования

сформирован кланами группы уйсун, клан жетыру расположен посередине между кластерами I и II, по генетическому расстоянию он ближе к кластеру I. Клань кожа-сунак и шаньшкылы образуют кластер III, отдельно расположились кланы канлы, ысты и коньрат.

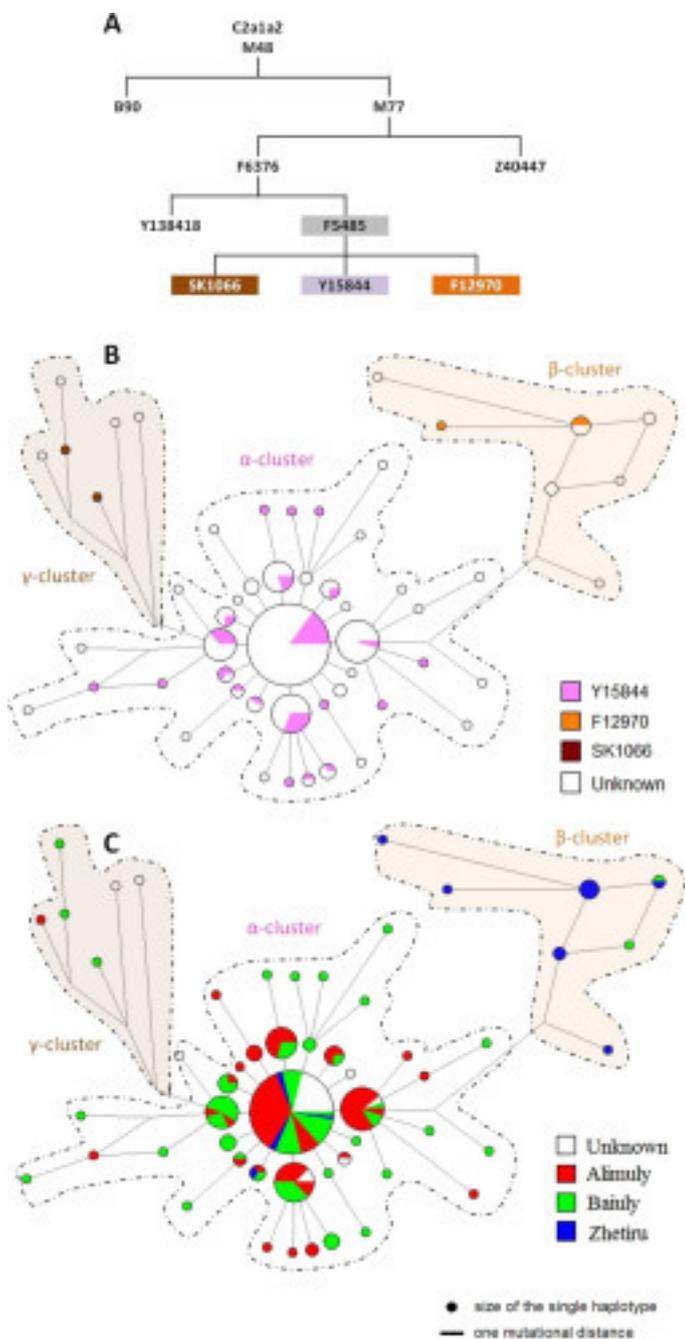


Графики анализа главных компонент (А) и многомерного шкалирования (В), построенные по частотам гаплогрупп в разных кланах.

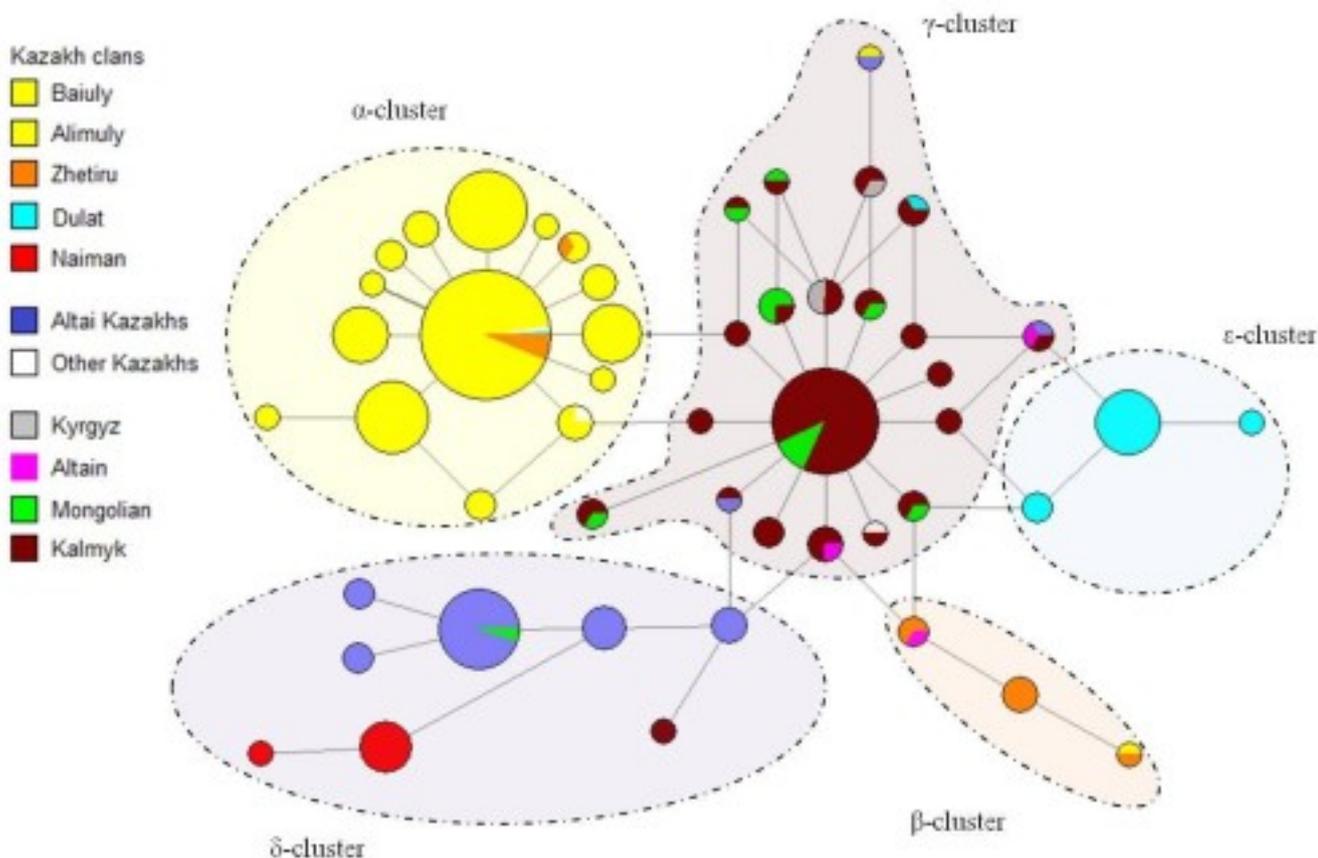
### Филогенетическая сеть гаплогруппы C2a1a2-M48

50 образцов гаплогруппы C2a1a2-M48 генотипировали по восьми SNP, которые маркируют субветви внутри этой гаплогруппы. Оказалось, что все 50 образцов западных казахов относятся к субветви F5485. По STR маркерам западные казахи образовали два кластера:  $\alpha$  состоит из представителей кланов алимулы и байулы, его возраст  $700 \pm 200$  лет назад; большинство членов клана жетыру относятся к кластеру  $\beta$ .

Затем построили филогенетическую сеть гаплотипов гаплогруппы C2a1a2-M48, используя 15 STR профилей 433 индивидов из 6 популяций: казахи, алтайские казахи, алтайцы, киргизы, калмыки и монголы; среди них было 208 образцов западных казахов. На этой сети гаплотипов выделилось пять кластеров, три из них ( $\alpha$ ,  $\beta$ , и  $\gamma$ ) соответствовали кластерам на филогенетической сети, построенной для кланов западных казахов. Кластер  $\alpha$  состоит из кланов алимулы и байулы, кластер  $\beta$  – из кланов жетыру-табын. Кластер  $\gamma$  включает представителей калмыков, монголов, киргизов, а также клан западных казахов байулы-бериш. Казахский южный клан дулат образует  $\epsilon$ -кластер. Алтайские казахи и восточные казахи клана найман образуют  $\delta$ -кластер.



Сеть Y-STR гаплогруппы C2a1a2-M48 у западных казахов. А. Топология гаплогруппы C2a1a2-M48; В. Сеть, показывающая принадлежность образцов к субветвям; С. Эта же сеть, показывающая принадлежность образцов к разным кланам.



Сеть гаплотипов Y-STR гаплогруппы C2a1a2-M48 из 6 популяций.

Авторы отмечают, что доминирующая субветвь Y15844 западных казахов кланов алимулы и байулы встречается также у сибирских татар, и у каракалпаков. Возраст последнего общего предка этих групп (по данным глубокого секвенирования 17 Y-хромосом) около 1850 лет. Западные казахи образуют отдельную субветвь (Y15552), соответствующую  $\alpha$  кластеру, ее возраст около 550 лет. Калмыки, монголы и западные казахи из клана байулы (субкланы алаша и бериш) формируют кластер ветви SK1066, который соответствует кластеру  $\gamma$ , его возраст по данным секвенирования 1150 лет.

На ветви F12970 выявляются три казахских субветви с географической специфичностью: 1) Y22657(xY21917) для южных казахов клана дулат, соответствует  $\epsilon$ -кластеру; 2) Y21917 для западных казахов клана жетыру (субклан табын), соответствует  $\beta$ -кластеру; 3) F9766 для восточных казахов кланов керей (субклан меркит) и найман (субклан каратай), соответствует  $\delta$ -кластеру. Для представителей ветви F12970 возраст последнего общего предка составляет около 2000 лет.

### Проверка гипотез происхождения кланов

Генетические портреты западных казахов говорят в пользу того, что кланы алимулы и байулы имеют общего отца-основателя, в то время как клан жетыру происходит от другого предка. Этот вывод основан на трех линиях анализа: частоты гаплогрупп, STR-маркеров и данных секвенирования Y-хромосом. Таким образом, из всех гипотез происхождения кланов западных казахов генетическим данным соответствует гипотеза, которая говорит об общем предке двух кланов. Таким общим предком легенды считают эмира Алау. Это реальная историческая персона, правитель эпохи Джанибека, хана Золотой орды, принадлежал к племени алшын. Эмир Алау запечатлен в фольклорных произведениях казахов и ногайцев.

Время жизни общего предка западных казахов в соответствии с народной генеалогией, 650 лет назад. Эта дата хорошо соответствует генетическим датировкам. Анализ STR гаплотипов западных казахов указывает на то, что их основатель находится в кластере  $\alpha$  и его возраст  $700 \pm 200$  лет. Анализ SNP маркеров помещает его на ветвь Y15552, его возраст  $550 \pm 200$  лет. Годы правления эмира Алау — от 1342 г. до 1357 г. Таким образом, можно предположить, что эмир Алау действительно является средневековым отцом-основателем для большинства западных казахов. Авторы подчеркивают, что это, конечно, предположение, и в отсутствие данных по древней ДНК самого Алау и полной и достоверной генеалогической цепочки его потомков это предположение не может быть строго доказано. Но это очень обоснованное предположение, основанное на биологических, генеалогических и исторических данных. Хотя и не все западные казахи относятся к этой биологической линии, около трети их принадлежит к другим Y-хромосомным линиям. Эти линии распределены между

разными кланами и субкланами, оставляя большое поле для будущих исследований их происхождения.

*текст Надежды Маркиной*

**Источник:**

Maxat Zhabagin, Zhaxylyk Sabitov, Inkar Tazhigulova, Irina Alborova, Anastasiya Agdzhoyan, Lan-Hai Wei, Vadim Urasin, Sergey Koshel, Kharis Mustafin, Ainur Akilzhanova, Hui Li, Oleg Balanovsky & Elena Balanovska. Medieval Super-Grandfather founder of Western Kazakh Clans from Haplogroup C2a1a2-M48 // Journal of Human Genetics (2021)

<https://doi.org/10.1038/s10038-021-00901-5>

<https://www.nature.com/articles/s10038-021-00901-5>