

Генетические потомки Чингиз-хана?

[Жаксылык Сабитов](#)

14 января 2015 года в European Journal of Human Genetics [вышла статья](#) Y-chromosome descent clusters and male differential reproductive success: young lineage expansions dominate Asian pastoral nomadic populations [17], где описываются наиболее крупные генетические линии в Азии, которые могут иметь отношения к известным персонам. К примеру, одна генетическая линия названа как линия потомков Чингиз-хана. Ниже мы постараемся разобраться вопрос, насколько этот тезис соответствует истине. Для этого нужно посмотреть историю возникновения данного тезиса.

В 2003 году была опубликована классическая статья Татьяны Зержал и других генетиков «The Genetic Legacy of the Mongols» (2003). В этой статье была выдвинута гипотеза о происхождении большого количества населения в Азии от Чингиз-хана и его родственников. Рассмотрим эту статью критически.

Основными тезисами статьи были:

1. Протестировано 2123 человека по 32 маркерам в Азии.
2. В 16 популяциях в Азии от Тихого Океана до Каспийского моря встречается очень распространенный гаплотип, который они назвали «Звездный кластер» («старкластер»).
3. Авторы посчитали, что процент обладателей гаплотипов, относящихся к данному старкластеру, должен составить 8 % в Азии и 0,5 % по всему миру.
4. Расчет времени жизни предка для обладателей гаплотипов старкластера дал 1000 лет назад (с учетом вариаций они оценили срок жизни предка как 700-1300 лет назад с надежностью 95%)
5. Они оценили скорость распространения старкластера и пришли к выводам, что оно превышает все нормы и не является случайным дрейфом [4].

Также стоит отметить, что старкластер относился к гаплогруппе C3-M217.

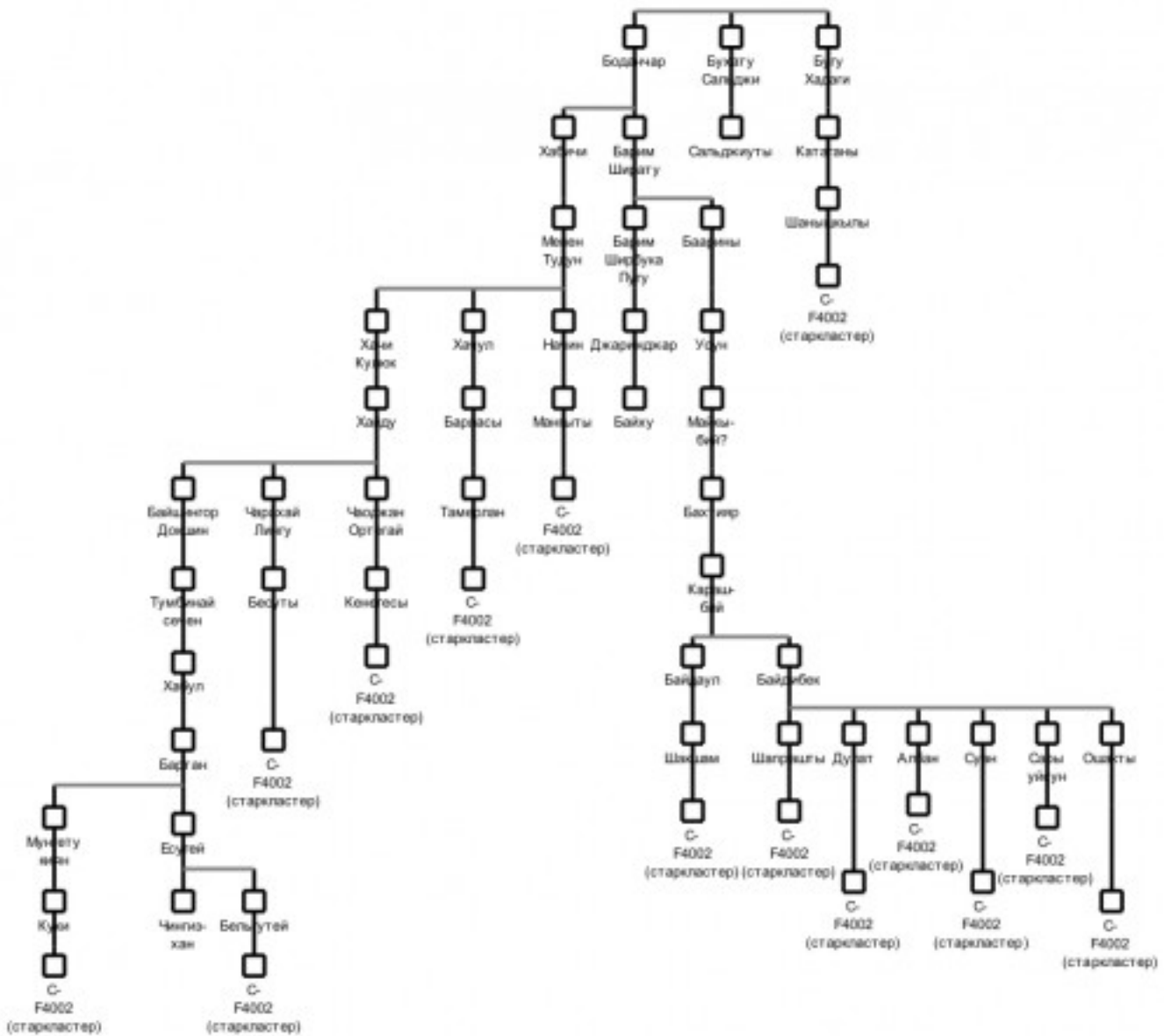
Здесь сразу стоит отметить возражения методологического плана: методологически авторы определили гаплотип «Чингиз-хана» в отрыве от истории и классической генеалогии (не тестировали тех людей, кто по историческим генеалогиям являются потомками Чингиз-хана), исходя из посылки, что большая группа людей в Монголии имеет общего предка, жившего в эпоху Чингиз-хана (или немного до него). Следовательно, они, скорее всего, потомки человека, который имел высокое социальное положение, следствием чего стало большое количество жен и большое количество потомков. Идеальным кандидатом на эту роль был Чингиз-хан. Понятно, что гаплотип неизвестного человек из Монголии X века (результаты анализа TMRCA), был бы менее интересен в научном и ненаучном планах.

Журналисты сразу подхватили эту новость, но при этом исказив ее. К примеру, они убрали из гипотезы Татьяны Зержал и соавторов слово **родственников**. Теперь все эти люди начали считаться потомками Чингиз-хана. Экстраполируя результаты их расчетов на все население Азии, журналисты пришли к выводу, что гаплотипы старкластера имеют 16 миллионов человек, то есть на «данный момент в мире проживает 16 миллионов потомков Чингиз-хана».

После этого, в научном плане рост данных о исторических и «генетических» потомкам Чингиз-хана начался только с 2009 года, когда начались публикации с данными Казахских и монгольских Чингизидов.

При этом встречались исследования, в которых без проведения генетических анализов проводилось гадание, к какой гаплогруппе относится Чингиз-хан и его родственники. К примеру, Муратов Б.А. предположил, что Башкирские бурзяне родственники монгольским борджигинам (род потомков Чингиз-хана и его братьев) и относятся к гаплогруппе R1b1a2 [12, 149]. При этом, Муратов Б.А. игнорирует работы с ДНК-данными. К примеру, вышло огромное количество работ как по C2-старкластеру [1] [5] [6] [9] [13], так и по потомкам Чингиз-хана [3] [7] [10] [11] [14] [15] [16], гаплотипы и гаплогруппы потомков Даян-хана (потомок Толуя) [2], а также гаплогруппы монгольских Борджигинов [8] уже были опубликованы.

Все вышедшие работы по Чингизидам можно разделить на работы, основанные на научных (ДНК исследовано в научных лабораториях) и коммерческих (ДНК исследовано в коммерческих лабораториях) выборках. При этом стоит отметить, что данные из первых и вторых выборок друг другу не противоречат. Нами было уточнено то, что старкластер относится к субкладу C2a3-F4002.



Генеалогическое дерево нирунов

После исследования большого количества представителей старклястера с детальной фиксацией их племенной принадлежности и сопутствующей генеалогической и исторической информацией, нами было установлено, что есть большая корреляция между обладателями старклястера и потомками монголов-нирунов, чья генеалогия была записана еще в 13 веке.

С учетом разных версий генеалогий нирунов, нами была построена генеалогическая таблица, наглядно показывающая высокую связь документальных генеалогий Нирунов и генетических данных по распространению такого субклада как C2a3-F4002 (старклястера).

Таким образом, подводя итоги, стоит отметить, что с большой долей вероятности, носители старклястера, которых отождествляют с потомками Чингиз-хана, по большей части маркирует потомков дальних и близких родственников Чингиз-хана, относящихся к монголам-нирунам, происходящим от Бодончара и его двух братьев. Как известно, Бодончар был предком Чингиз-хана в 10 колене и жил примерно за 300 лет до рождения Чингиз-хана.

Считать обладателей старклястера только потомками Чингиз-хана, как это было сделано авторами статьи в European Journal of Human Genetics [17] нет никаких оснований. Обладатели старклястера, по большей части являются потомками родственников Чингиз-хана, а не исключительно самого Чингиз-хана.

Список использованной 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. Batbayar Kh. Sabitov Zh. The Genetic Origin of the Turko-Mongols and Review of The Genetic Legacy of the Mongols. Part 1: The Y-chromosome Lineages of Chinggis Khan// The Russian Journal of Genetic Genealogy. Vol 4, No 2 (2012)/Vol 5, No 1 (2013). P. 1-8.
3. Turuspekov Y., Sabitov Zh., Daulet B., Sadykov M., Khalidullin O. «The Kazakhstan DNA project hits first hundred Y-profiles for ethnic Kazakhs»// The Russian Journal of Genetic Genealogy. 2011. Volume 2. №1. P. 69-84.
4. Zerjal T., Xue Y., Bertorelle G. et al. The genetic legacy of the Mongols. // American Journal of Human Genetics. 2003. Volume 72 (3). P. 717-721.
5. Zhabagin M.K., Tarlykov P.V., Sabitov Zh.M., Dibirova H.D , Bogunova A.A., Tazhigulova I.M., Frolova S.A., Isakova Zh., Nimadava A., Zakharov I.A, Balanovsky O.P. The possible role of social selection in the distribution of the «Proto-Mongolian» haplotype in Kazakhs, Kyrgyz, Mongols and other Eurasian populations//Materials of American Conference of Human Genetics. – Boston. – 2013. <http://www.ashg.org/2013meeting/abstracts/fulltext/f130120353.htm>
6. Деренко М.В., Малярчук Б.А., Возняк М., Денисова Г.А., Дамбуева И.К., Доржу Ч.М., Гржибовский Т., Захаров И.А. Распространенность мужских линий «чингизидов» в популяциях Северной Евразии.// Генетика. 2007. Том 43. №3 С.422-427.
7. Джансугурова Л.Б., Бекманов Б.О., Красоткин Е.В., Булентаева З.А., Мусралина Л.З., Курманов Б.К. «Генетические исследования костных останков из некрополя «Хан молласы»»//Арало-Каспийский регион в истории и культуре Евразии: Материалы II Международной научной конференции, посвященной 20-летию независимости Республики Казахстан. – Алматы-Актобе, С. 357-361.
8. Жабагин М.К., Дибирова Х.Д., Фролова С.А., Сабитов Ж.М., Юсупов Ю.М., Тарлыков П.В., Тажигулова И.М., Балаганская О.А., Нимадава П., Захаров И.А., Балановский О.П. Связь изменчивости Y-хромосомы и родовой структуры: генофонд степной аристократии и духовенства казахов//Вестник МГУ. Серия XXIII . Антропология, 2014. № 1. С. 96-101.
9. Жабагин М.К., Сабитов Ж.М. Балаганская О.А., Богунова А.А., Фролова С.А., Тажигулова И.М., Нимадава П., Захаров И.А., Балановский О.П. Возможная роль социального отбора в распространении мажорных гаплотипов Y-гаплогруппы С3* у народов Центральной Азии//Тезисы 5-ой международной конференции «Алексеевские чтения» памяти академиков Т.И. Алексеевой и В.П. Алексеева. Человек в окружающей среде: этапы взаимодействия. 6-8 ноября 2013 года. Москва. С. 38
10. Жабагин М.К., Сабитов Ж.М., Юсупов Ю.М. Генофонд рода торе в контексте родовой структуры казахов и монголов (по данным о полиморфизме Y-хромосомы)//Материалы X Конгресса этнографов и антропологов России (2-5 июля 2013 года). – Москва. – 2013. С. 234.
11. Захаров-Гезехус И. А. По следам Чингиз-хана. Генетик в центре Азии. Москва. 2013. 84 с.
12. Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. 1-й том, проект «Суюн», 1-е издание. М., Урал, 2013, 267 с.
13. Сабитов Ж.М. Баймуханов Н.Б. Нируны и субклад С2а3-F4002 (старклартер)// The Russian Journal of Genetic Genealogy. Volume 6, No 2 (2014). С.1-9.
14. Сабитов Ж.М. В поисках Чингиз-хана//Вестник Российской академии ДНК–генеалогии. 2009. Том 2. №4 — С.593-639.
15. Сабитов Ж.М., Тажигулова И.М., Балановский О.П., Балановская Е.В., Жабагин М.К. Генеалогия казахстанских чингизидов (Тука-Тимуридов и Шибанидов) в контексте данных популяционной генетики// Средневековые тюрко-татарские государства. Выпуск 4. Казань. 2012. – С.121-125.
16. 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.
17. Patricia Balaesque, Nicolas Poulet, Sylvain Cussat-Blanc, Patrice Gerard, Lluís Quintana-Murci, Evelyne Heyer and Mark A Jobling. Y-chromosome descent clusters and male differential reproductive success: young lineage

expansions dominate Asian pastoral nomadic populations// European Journal of Human Genetics, (14 January 2015).