

# СВЯЗЬ ИЗМЕНЧИВОСТИ Y-ХРОМОСОМЫ И РОДОВОЙ СТРУКТУРЫ: ГЕНОФОНД СТЕПНОЙ АРИСТОКРАТИИ И ДУХОВЕНСТВА КАЗАХОВ

М.К. Жабагин<sup>1,2</sup>, Х.Д. Дибирова<sup>2,3</sup>, С.А. Фролова<sup>3</sup>, Ж.М. Сабитов<sup>4</sup>, Ю.М. Юсупов<sup>2,5</sup>, О.М. Утевская<sup>2,6</sup>, П.В. Тарлыков<sup>3,7</sup>, И.М. Тажигулова<sup>3,8</sup>, О.А. Балаганская<sup>3</sup>, П. Нимадава<sup>9</sup>, И.А. Захаров<sup>2</sup>, О.П. Балановский<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup> Центр наук о жизни, Назарбаев университет, Астана, Казахстан

<sup>2</sup> Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

<sup>3</sup> Медико-генетический научный центр РАМН, Москва, Россия

<sup>4</sup> Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан

<sup>5</sup> Институт гуманитарных исследований Республики Башкортостан (Уфа, Россия)

<sup>6</sup> Харьковский национальный университет им. В.Н. Каразина, Харьков, Украина

<sup>7</sup> Национальный центр биотехнологии Республики Казахстан, Астана, Казахстан

<sup>8</sup> Центр судебной экспертизы Республики Казахстан, Астана, Казахстан

<sup>9</sup> Монгольская академия медицинских наук, Улан-Батор, Монголия

**Цель работы:** дать характеристику генофонда казахских родов и изучить связь изменчивости Y-хромосомы (маркирующей биологическое родство) с родовой структурой (социальное родство).

**Материалы и методы.** Кроме потомков степного духовенства (род Кожа, объем выборки N=71) и степной аристократии (род Торе, N=23), были так же изучены другие рода казахов и монголов, суммарная выборка составила N=359. Все образцы проанализированы по панели из 17 микросателлитных маркеров Y-хромосомы, принадлежность образцов к гаплогруппам подтверждена маркерами однонуклеотидного полиморфизма.

**Результаты и обсуждение.** У рода Торе выявлено 8 гаплогрупп, из которых мажорными являются три – С3\* – М217(хМ48) (35%), R1a\* – М198(хМ458) (22%) и R2a – М124 (17%). У рода Кожа было выявлено 14 гаплогрупп Y-хромосомы, лишь три из которых имеют частоту более 10 процентов: R1a1a-М198 (37%), J2-М172 (12%), R2a-М124 (11%). Принадлежность мажорных гаплогрупп Кожа (R1a, J2, R2a) к генофондам Передней Азии, Ирана и Таджикистана позволяет считать эти регионы возможным ареалом происхождения миссионеров, принесших ислам в Казахстан. Сравнение родов Торе и Кожа выявило сходство по двум мажорным гаплогруппам – R1a1a-М198 и R2a-М124, которое может быть вызвано генеалогическими связями между социальными привилегированными родами, что согласуется с историческими источниками. Генофонд рода Торе (казахские чингизиды) по частоте мажорной гаплогруппы С3\* (35%) близок к монгольским чингизидам (род Борджигин, частота С3\* 39%). Носителем этой гаплогруппы, как считается, был их родоначальник Чингисхан. Анализ филогенетических сетей гаплогруппы С3\* выявил три новых кластера гаплотипов. Один из субкластеров состоит только из рода Конырат с датировкой 1100±400 лет. Уточненная датировка стар-кластера (к которому относится предполагаемый «гаплотип Чингисхана») составляет 1000 +/- 200 лет.

**Выводы.** Выявлена частичная положительная связь между социальным и биологическим родством у казахских родов, дополняющая исторические сведения.

**Ключевые слова:** Y-хромосома, геногеография, родовая структура казахов, популяционная генетика, чингизиды

## Введение

В современных исследованиях генетического разнообразия народов мира особенно активно изучаются маркеры Y-хромосомы, наследующиеся по мужской линии. Показана их информативность в реконструкции генетической истории популяций – от населения целых континентов до отдельных родов. Так, в масштабном исследовании изменчивости Y-хромосомы в 50 популяциях Евразии [Zerjal et al., 2003] была выявлена линия Y-хромосомы с возрастом около 1000 лет, широкое распространение которой объяснялось социальным отбором, связанным с предпочтительным воспроизводством потомков Чингисхана.

Несмотря на стремительно растущий объем информации о генофондах мира, Казахстан остается белым пятном на карте изученности Y-хромосомы: исследованы лишь отдельные рода и регионы Казахстана, причем суммарная выборка включает лишь 186 образцов [Karafet et al., 2001; Wells et al., 2001; Zerjal et al., 2003; Biro et al., 2009; Abilev et al., 2012]. Поэтому изучение генофонда казахов в тесной связи с их родовой структурой остается приоритетной задачей. Наше исследование ставит целью дать характеристику генофонда казахских родов, верифицировать исторические гипотезы об их происхождении и выявить степень связи между их биологическим и социальным родством.

## Материалы и методы

Объектом исследования выбраны два особых казахских рода – Кожа и Торе. Род Кожа относится к степному духовенству и по генеалогическим легендам ведет свое происхождение от миссионеров – потомков пророка Мухаммеда. Род Торе ведет свое происхождение от Чингисхана, являясь степной аристократией, из которой выбирались казахские ханы. По причине их высокого социального статуса в историческом прошлом, эти два рода не входят в три жуза – этнотерриториальные объединения казахов.

Кроме потомков степной аристократии и степного духовенства (объем выборки N=94), изучены другие рода казахов и монголов (табл. 1), суммарная выборка составила N=359. Образцы собраны соавторами статьи – российскими, казахскими и монгольскими генетиками – в рамках международного проекта «Genographic». Для каждого обследованного составлена родословная как минимум

на три поколения, подтверждающая его отнесение к данному роду.

Образцы генотипированы по 17 STR-маркерами и 27 SNP-маркерам с использованием набора Y-filer и TaqMan зондов (Applied Biosystems). В результате определены частоты встречаемости разных гаплогрупп (вариантов) Y-хромосомы у изученных родов; в пределах каждой гаплогруппы выявлен спектр конкретных микросателлитных (STR) гаплотипов.

## Результаты и обсуждение

В генофонде степного духовенства (Кожа) выявлено значительное разнообразие гаплогрупп Y-хромосомы (табл. 1). Обнаружено 14 гаплогрупп, из них три мажорных: R1a\* (37%), J2 (12%) и R2a (11%). Поскольку все три гаплогруппы распространены у народов Ирана и Таджикистана, можно считать эти регионы возможным ареалом происхождения миссионеров, принесших исламство в Казахстан и ставших предками основной части рода Кожа.

У рода степной аристократии (Торе) выявлено почти в два раза меньшее разнообразие. Из 8 обнаруженных гаплогрупп мажорными являются три – C3\* (35%), R1a\* (22%) и R2a (17%). Выявленное сходство родов Кожа и Торе по двум мажорным гаплогруппам (R1a\* и R2a) может быть связано со смешением генофондов родов с высоким социальным статусом.

Положение родов Кожа и Торе в общей структуре генофонда казахов определено с помощью графика многомерного шкалирования, построенного по матрице генетических расстояний между изученными популяциями: в генетическом пространстве выявляется характерный треугольник, в котором степное духовенство (Кожа) удалено от всех трех жузов казахов. Это согласуется с версией происхождения Кожа от неродственных казахам народов. Степная аристократия (Торе) на графике генетически приближена к генофонду старшего жуза.

Для верификации гипотезы происхождения рода Торе от чингизидов мы изучили род чингизидов Монголии (Борджигин), в котором среди 13 обнаруженных гаплогрупп мажорными являются две – C3\* (39%) и C3c (18%). Таким образом, генофонды казахских и монгольских чингизидов перекрываются по той самой гаплогруппе C3\*, носителем которой, как считается, был их родоначальник Темучин (Чингисхан) [Zerjal et al., 2003]. Гаплогруппа C3\* составляет и у казахских, и у монголь-

Таблица 1. Частоты гаплогрупп Y-хромосомы у казахских и монгольских родов

Гаплогруппы	Торе N=23	Кожа N=71	Жалайыр N=100	Керей N=77	Борджигин N=88
C3(xC3c)-M217(xM48)	<b>0.35</b>	0.03	<b>0.38</b>	<b>0.65</b>	<b>0.39</b>
C3c-M48	0.04	0.03	0.02	0.10	<b>0.18</b>
D-M174		0.10			
E1b1b1a1-M78			0.01		
E1b1b1-M35(xM78)		0.01	0.04		
G1a-P20	0.04	0.10		0.05	
G2a-P15			0.04		0.02
H-M69			0.01		
I(xI1)-M170(xM253)		0.01			
I1-M253			0.01		
I2a-P37.2					0.03
J1(xJ1c3)-M267(xP58)	0.09			0.04	
J1c3-P58				0.01	
J2-M172		<b>0.12</b>	0.02	0.03	
L-M20					0.01
N1(xN1c1)-LL22g(xM178)		0.03	0.01		0.09
N1c1-M178			<b>0.24</b>		0.05
O2-P31					0.01
O3(xO3a2c1)-M122(xM134)			0.02		0.05
O3a2c1-M134	0.04		0.04		0.10
Q-M242	0.04	0.03	0.06	0.03	0.03
R1a1a(xR1a1a1g)-M198(xM458)	<b>0.22</b>	<b>0.37</b>	0.08	0.08	0.02
R1a1a1g-M458		0.03			
R1b(xR1b1a2)-M343(xM269)					0.01
R1b1a2-M269		0.01		0.01	
R2a-M124	<b>0.17</b>	<b>0.11</b>	0.01		
T-M70		0.01			

Примечание. Мажорные гаплогруппы для каждого рода выделены жирным шрифтом на сером фоне

ских чингизидов более трети Y-хромосомного генофонда. В то же время, генофонды чингизидов обоих регионов гетерогенны, обнаруживая различия между социальным и биологическим родством в ряде генеалогических линий.

Также выявлено, что гаплогруппа C3\* является мажорной также у казахских родов Керей (65%) и Жалайыр (38%), что сближает их с родом Торе, подтверждая исторические свидетельства того, что Керей и Жалайыры восходят к древнемонгольским родам [Тынышпаев, 1925], которые были в тесной исторической связи с чингизидами.

Поиск STR гаплотипов в составе ключевой гаплогруппы C3\* у казахов, монголов и других народов Евразии обнаружил 783 гаплотипов по 17 STR-маркерам (информация нашей базы данных Y-base). Сеть, отображающая филогенетические взаимоотношения этих гаплотипов, построена с использованием алгоритма median-joining в программе Network 4.1.1.2. Сеть выявила звездообразную структуру: мажорный гаплотип (встречен у 97 человек) в центре и менее частые гаплотипы вокруг него (рис. 1). Этот мажорный гаплотип полностью совпадает с базовым гаплотипом подрода Ашамайлы рода Кереев [Abilev et al., 2012]. Для трех выявленных кластеров STR гаплотипов ( $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$ , рис. 1), с использованием генеалогической [Gusmao et al., 2005] и эволюционной [Zhivotovsky

et al., 2004] скоростей мутирования, рассчитаны датировки их возникновения (табл. 2). Представители рода Торе оказались в кластере  $\alpha$ , указывая на распространенность у степной аристократии предполагаемого гаплотипа Чингисхана. Возраст кластера (при использовании генеалогической скорости мутирования) составляет  $1000 \pm 300$  лет, что совпадает с данными в литературе [Zerjal et al., 2003; Abilev et al., 2012; Malyarchuk et al., 2009]. Кластер  $\beta$  включает только монголов; его возраст –  $600 \pm 300$  лет. Кластер  $\gamma$  состоит исключительно из казахов рода Конырат с датировкой кластера  $1100 \pm 400$  лет, что согласуется с историческими данными: ранние упоминания об этом роде относятся к X веку (около 1100 лет назад), а ко времени Чингисхана Коныраты уже представляли собой крупный род.

## Выводы

Созданы генетические портреты родов Торе (казахские чингизиды) и Кожа (духовная аристократия) по данным об Y-хромосоме. Мажорными гаплогруппами Торе являются C3\* (35%), R1a\* (22%) и R2a (17%), мажорными гаплогруппами Кожа являются R1a\* (37%), J2 (12%) и R2a (11%).

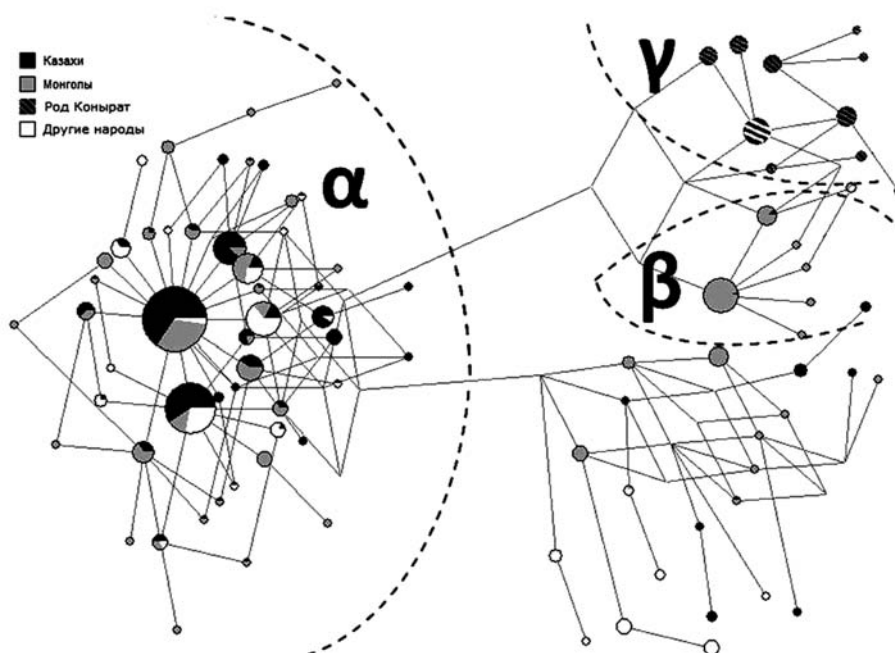


Рис. 1. Филогенетическая сеть гаплогруппы C3(xC3c)-M217(xM48) в популяциях Евразии. Представлены только гаплотипы, встреченные 2 и более раз. Обнаруженные кластеры обозначены пунктирной линией, подписаны их обозначения, датировки кластеров приведены в тексте

Таблица 2. Возраст кластеров STR-гаплотипов

Кластер	Состав кластера	Число образцов в кластере	Число гаплотипов в кластере	Возраст кластера согласно «генеалогической» скорости мутаций	Возраст кластера согласно «эволюционной» скорости мутаций
α	Казахи и Монголы	412	96	1000±300	3100±800
β	Монголы	59	19	600±300	2000±800
γ	Казахи (род Конырат)	70	22	1100±400	3200±1300

Принадлежность мажорных гаплогрупп Кожа (R1a, J2, R2a) к генофондам Передней Азии, Ирана и Таджикистана позволяет считать эти регионы возможным ареалом происхождения миссионеров, принесших мусульманство в Казахстан. Выявлено сходство родов Торе и Кожа по двум мажорным гаплогруппам – R1a и R2a может быть связано с перемешиванием генофондов между представителями родов с высоким социальным статусом (степная аристократия, степное духовенство).

Генофонды родов Торе (35%) и Борджигин (39%) перекрываются по мажорной гаплогруппе C3\* – M217(xM48), носителем которой, как считается, был их родоначальник Темучин (Чингисхан). Однако стоит отметить выявленную резкую гетерогенность, обнаруживающую различия между социальным и биологическим родством в ряде генеалогических линий. Род Торе также кластеризуется с казахскими родами Керей, Конырат, Жалаир.

Анализ филогенетических сетей гаплогруппы C3 (xС3с) выявил три новых кластера гаплотипов. Один из субкластеров состоит только из рода Конырат с датировкой 1100±400 лет. Уточненная датировка стар-кластера составляет 1000±200 лет, что совпадает с литературными данными и не противоречит гипотезе, что экспансия стар-кластера была вызвана социальным положением потомков Чингисхана.

Таким образом, была выявлена частичная положительная связь между социальным и биологическим родством у родов Кожа и Торе, дополняющая исторические сведения.

### Благодарности

Исследование поддержано грантом в форме субсидии в рамках реализации мероприятий 1.1-1.5 ФЦП «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009–2013 годы (соглашение № 8088), Программами Президиума

РАН «Живая природа (Динамика генофондов)», «Молекулярная и клеточная биология», «Фундаментальные науки – медицине» и грантами РФФИ 10-04-01603-а, 10-07-00515-а, 11-06-00333-а, 12-06-90819-мол\_рф\_нр, 12-04-90915-мол\_снг\_нр.

### Библиография

- Тынышпаев М.* Материалы к истории киргиз-казакского народа (читаны в Туркестанском отделе Русского географического общества в 1924 и 1925 г.). Ташкент, 1925. 62 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. Biology*, 2012. Vol. 84. N 1.
- Biro A., Zalan A., Volgyi A., Pamjav H.* Y-chromosomal comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary) // *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2009. Vol. 139(3). P. 305–310.
- Gusmao L., Sánchez-Diz P., Calafell F. et al.* Mutation rates at Y chromosome specific microsatellites. // *Hum. Mutat.*, 2005. Vol. 26. P. 520–528.
- Karafet T., Xu L., Du R. et al.* Paternal population history of East Asia: sources, patterns, and microevolutionary processes // *Am. J. Hum. Genet.*, 2001. Vol. 69(3). P. 615–628.
- Malyarchuk B., Derenko M., Denisova G. et al.* Phylogeography of the Y chromosome haplogroup C in northern Eurasia // *An. Hum. Genet.*, 2010. Vol. 74. P. 539–546.
- Wells R., Yuldasheva N., Ruzibakiev R. et al.* The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2001. Vol. 98. P. 10244–10249.
- 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.
- Zhivotovsky L., Underhill P., Cinnioglu C. et al.* The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time // *Am. J. Hum. Genet.*, 2004. Vol. 74. P. 50–61.

Контактная информация:

Жабагин Максат Кизатович: e-mail: mzhabagin@gmail.com;  
Дибирова Хадиджат Дибировна: e-mail: hadizha-dibirova@mail.ru;  
Фролова Светлана Александровна: e-mail: s\_frolova@list.ru;

Сабитов Жаксылык Муратович: e-mail: babasan@yandex.kz;  
 Юсупов Юлдаш Мухамматович: e-mail: Usupov.Uld@yandex.ru;  
 Утевская Ольга Михайловна: e-mail: outevsk@yandex.ua;  
 Тарлыков Павел Викторович: e-mail: pavel.tarlykov@gmail.com;  
 Тажигулова Инкар Мешитбаевна:  
 e-mail: inkar.tazhigulova@gmail.com;

Балаганская Ольга Алексеевна: e-mail: olga.vasinskaja@mail.ru;  
 Нимадава Пагбаджаб: e-mail: nymadawa@gmail.com;  
 Захаров-Гезехус Илья Артемьевич: e-mail: iaz34@mail.ru;  
 Балановский Олег Павлович: e-mail: balanovsky@inbox.ru.

## THE RELATION BETWEEN THE Y-CHROMOSOMAL VARIATION AND THE CLAN STRUCTURE: THE GENE POOL OF THE STEPPE ARISTOCRACY AND THE STEPPE CLERGY OF THE KAZAKHS

M.K. Zhabagin<sup>1,2</sup>, H.D. Dibirova<sup>2,3</sup>, S.A. Frolova<sup>3</sup>, Zh.M. Sabitov<sup>4</sup>, Yu.M. Yusupov<sup>2,5</sup>, O.M. Utevska<sup>2,6</sup>, P.V. Tarlykov<sup>3,7</sup>, I.M. Tazhigulova<sup>3,8</sup>, O.A. Balaganskaya<sup>3</sup>, P. Nymadawa<sup>9</sup>, I.A. Zakharov<sup>2</sup>, O.P. Balanovsky<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup> Center for Life Science, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan

<sup>2</sup> Vavilov Institute for General Genetics RAS, Moscow, Russia

<sup>3</sup> Research Centre for Medical Genetics RAMS, Moscow, Russia

<sup>4</sup> Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

<sup>5</sup> Institute for Humanities Research of the Republic of Bashkortostan, Ufa, Russia

<sup>6</sup> Karazin National University, Kharkov, Ukraine

<sup>7</sup> National Center for Biotechnology of the Republic of Kazakhstan, Astana, Kazakhstan

<sup>8</sup> Forensic science centre of the Ministry of Justice of the Republic of Kazakhstan, Astana, Kazakhstan

<sup>9</sup> Mongolian Academy of Sciences, Ulan Bator, Mongolia

*Aim: to study the possible connection between of Y-chromosomal variability and the genealogical structure of Kazakhs to analyze the relationship between biological and social kinship. In the study, besides the descendants of the steppe aristocracy and steppe clergy (sample size N = 94), other clans of Kazakhs and Mongols (N = 359) were analyzed. All samples were analyzed by 17 Y-chromosomal STR markers, addressing to haplogroups was confirmed by direct analysis of haplogroup-defining SNPs. In the clan of Tore, eight haplogroups were identified, among which there were three major haplogroups: C3\* – M217 (xM48) (35%), R1a\* – M198 (xM458) (22%) and R2a – M124 (17%). In the clan of Kozha, there were 14 Y-chromosome haplogroups, only three of which had frequencies higher than 10 percent: R1a1a-M198 (37%), J2-M172 (12%), R2a-M124 (11%). The major haplogroups of Kozha (R1a, J2, R2a) are typical for gene pool of South-West Asia, Iran and Tajikistan, which marks possible homelands of the missionaries which brought Islam into Kazakhstan. In the comparative analysis of the Tore and Kozha, it was revealed that there are similarities in the two major haplogroups – R1a1a-M198 and R2a-M124, which can indicate the genealogical links between the socially privileged groups, which is consistent with historical sources. The clan of Tore (Genghis Khan descendants in Kazakhstan) is similar to the clan of Bordzhigin (Genghis Khan descendants in Mongolia) by frequency of the major haplogroup C3\* (35% in Tore and 39% in Bordzhigin); this haplogroup is presumably attributed to Genghis Khan. The phylogenetic analysis of the haplogroup C3\* allowed us to reveal three new clusters of haplotypes. One of them includes members of Konirat clan only; the age of the cluster is 1100±400 years. The corrected age of the star-cluster (including the so-called “Genghis Khan haplotype”) was estimated to be 1000 +/- years. We revealed the partial positive relation between social and biological kinship in Kazakh clans, which can serve as source of information, additional to the written records.*

Keywords: Y-chromosome, gene geography, clan structure of the Kazakhs, population genetics