

## Казахи-аргыны – потомки единого предка или союз племен?

**Изучение Y-хромосомных портретов крупнейшей родоплеменной группы казахов в сопоставлении с данными традиционной генеалогии позволяет выдвинуть гипотезу, что их генофонд восходит к наследию народов индоиранской языковой семьи с последующим генетическим вкладом тюркоязычных и монголоязычных народов. Вероятно, основным родоначальником большинства современных аргынов был золотоордынский эмир Караходжа (XIV в.) или его ближайшие предки. Не подтверждается тезис об аргынах как «союзе племен» — «басмылы».**

В журнале *Вестник Московского университета* вышла статья казахских и российских специалистов (первый автор – [Максат Жабагин](#), Назарбаев Университет, Астана) о генезисе аргынов – крупнейшей родоплеменной группы казахов.

Генезис (происхождение) вынесен в заголовок статьи как процесс формирования и последующего развития рода, то есть его демографической истории. Существование рода связано в первую очередь с его патрилинейностью: связью детей по отцовской линии через имя общего предка. Поэтому генезис любого рода рассматривается в первую очередь в рамках Y-хромосомы. Являются ли аргыны популяцией в полном биологическом смысле – вопрос требующий дополнительных исследований их брачной ассортативности: необходимо оценить, какая доля браков заключается между аргынами. Напомним, что популяцией считается группа людей, заключающая более 50% браков внутри своей группы и в пределах своего ареала на протяжении ряда поколений. Изучение аутосомного генома (ДНК в неполовых хромосомах) важно для генезиса именно популяции, а митохондриальной ДНК (наследующейся по материнской линии) крайне важно для изучения генезиса рода в случае его матрилинейной структуры.

Родоплеменная структура – главный социальный и политический институт обществ с кочевым типом хозяйства. В казахском обществе существует традиционная генеалогия «шежире», основанная на общности происхождения членов рода. Но это понятие социальное. Поэтому генеалогическая цепь в одних случаях может отражать биологическое родство по отцовской линии, а в других случаях (например, приемные дети) не соответствовать биологическому родству. Поэтому для объективной картины структуры генофонда и реконструкции миграций столь важно параллельное исследование родовой и генетической структуры популяций.

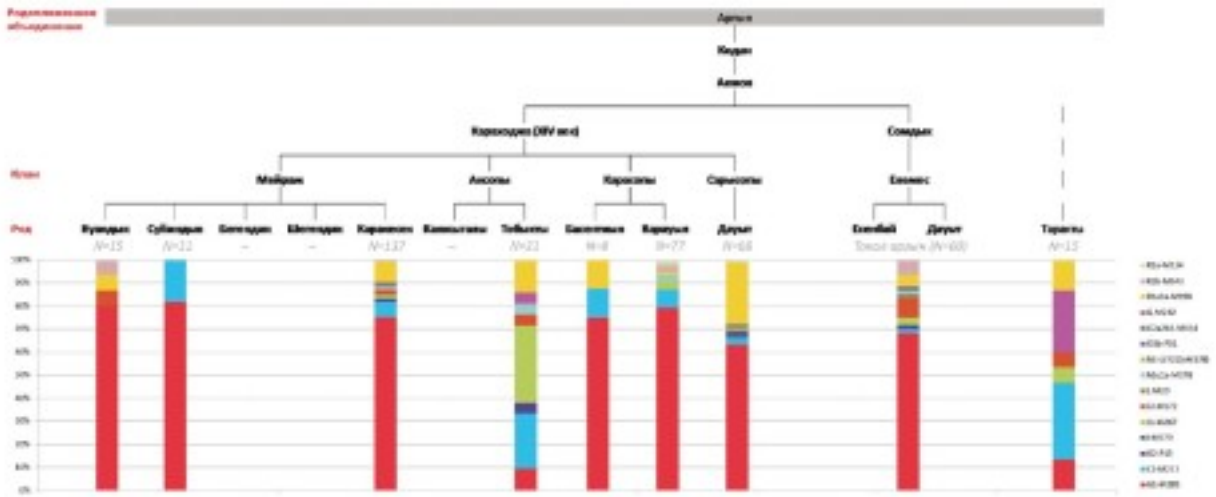
Именно такой подход использован в междисциплинарном (с участием и генетиков, и этнографов) изучении крупнейшего родоплеменного объединения казахов – аргынов – на основе анализа вариантов Y-хромосомы как маркеров биологического родства по отцовской линии.

Ареал аргынов охватывает огромное пространство от Тургайского плато до Восточного Казахстана, а численность в конце XIX века достигала 450-500 тыс. человек. В современных переписях родоплеменная структура не учитывается, поэтому точную их численность мы не знаем, но по косвенным оценкам она составляет 19% от населения Казахстана, то есть около 2 млн человек.

Существуют две основные гипотезы происхождения аргынов – от тюркоязычных и от монголоязычных народов. И две версии их генеалогии: традиционная казахская генеалогия «шежире» возводит всех аргынов к общему предку, альтернативная версия рассматривает их как «союз племен» различного происхождения. Авторы данной работы ставили перед собой задачу рассмотреть эти версии путем анализа их Y-хромосомного генофонда.

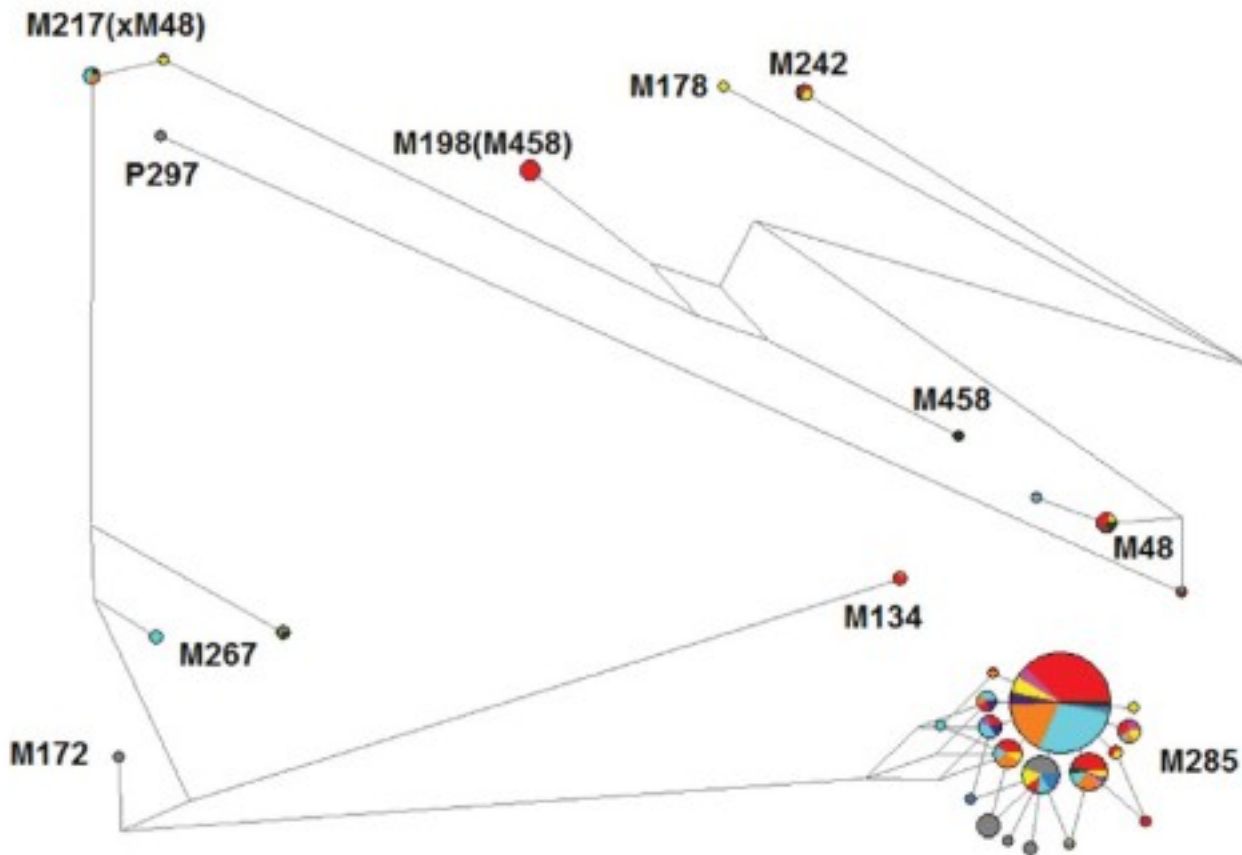
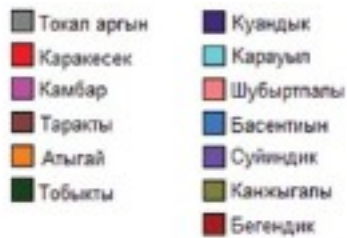
Образцы венозной крови для анализа ДНК (384 образца) собирались авторами работы в ходе экспедиций по формированию Биобанка населения Северной Евразии под руководством проф. Е.В. Балановской и проф. РАН О.П. Балановского (Москва); использованы также данные Казахстанского генеалогического проекта (Сабитов, 2015), генеалогического проекта FTDNA-G1 и базы данных по изменчивости Y-хромосомы “Y-base”, созданной под руководством О.П.Балановского. Генотипирование проводили по 17 STR маркерам (короткие tandemные повторы) и 44 SNP маркерам (однонуклеотидный полиморфизм). В результате были созданы Y-хромосомные портреты девяти родов аргынов.

На рисунке представлены спектры гаплогрупп Y-хромосомы разных родов, входящих в родоплеменное объединение аргынов. Обращает на себя внимание высокая частота гаплогруппы G1 (красный цвет) во всех изученных родах, за исключением двух.



Структура родоплеменного объединения аргынов и спектр линий Y-хромосомы для разных родов аргынов; гаплогруппы Y-хромосомы обозначены различными цветами.

На следующем рисунке представлены кластеры (группы сходных гаплотипов Y-хромосомы) и разными цветами указаны рода. Из 11 кластеров выделяется самый крупный, обозначенный M-285 (это маркер гаплогруппы G1); эта гаплогруппа составляет 67% генофонда аргынов.



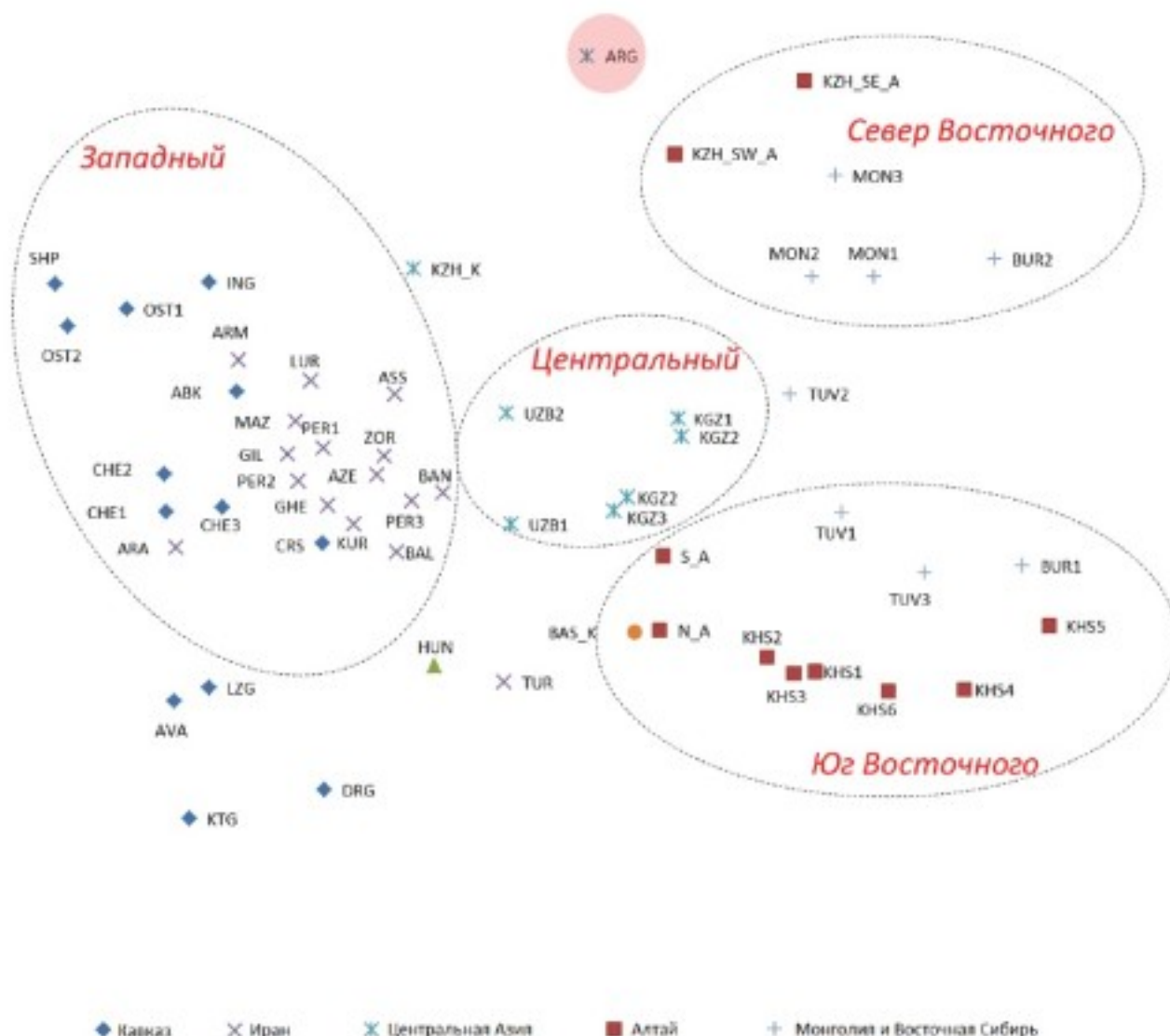
Кластеры гаплотипов Y-хромосомы аргынов; разные рода обозначены разными цветами; размер круга соответствует количеству встреченных гаплотипов. Самый крупный кластер M 285 представляет гаплогруппу G1.

Высокая частота гаплогруппы G1 практически во всех генеалогических линиях аргынов указывает на реальность существования их единого биологического предка, пишут авторы. Возраст общего кластера G1 казахов и монголов составляет 3000 лет; это указывает на то, что гаплогруппа G1 существовала в Евразийской степи с раннего железного века. Начало ее распространения в генофонде казахской популяции по данным полного секвенирования Y-хромосомы датируется 750-470 лет назад и совпадает со временем жизни генеалогического предка аргынов (Balanovsky et al., 2015, [обзор этой статьи можно прочитать на сайте](#)). Из этого можно сделать вывод, что генеалогический предок большей части аргынов – Караходжа – был носителем гаплогруппы G1. Образно говоря, сегодня два аргына из трех являются его потомками по отцовской линии.

Обращает на себя внимание, что в спектре предковых линий особняком стоят два рода – тобыкты и таракты. По генеалогическим преданиям основатель рода Таракты был не родным, а «названным сыном Аргына», его потомки связаны в аргынами только по материнской линии. Таким образом, генетические данные подтверждают эту генеалогическую версию. У рода тобыкты преобладает гаплогруппа J1, крайне редкая у других аргынов и характерная для народов Восточного Кавказа, Ирака, Турции, Ирана – это также указывает на переднеазиатские корни генофонда этого рода. Как и G1, J1, вероятно мигрировала в одном ансамбле гаплогрупп прото-предковой популяции.

Для представления генофонда аргынов в генетическом пространстве Евразии на основе генетических расстояний между популяциями построили график многомерного шкалирования. На нем выявляются четыре кластера: Западный кластер включает народы Кавказа и Ирана, Центральный – народы Центральной Азии, Юг Восточного кластера – народы Алтая и Сибири, Север Восточного – народы Алтая и Монголии. Аргыны (розовый кружок на графике) оказались в окружении соседних популяций казахов (наиболее близки к ним казахи Алтая), что подчеркивает единый исторический путь

формирования казахского генофонда. Из прочих народов наиболее генетически близки к аргынам популяции Ирана (ассирийцы, белуджи, ирани, курды) и монголы (это отражает влияние монгольской экспансии в XII-XV веках).



Аргыны в генетическом пространстве популяций Евразии на графике многомерного шкалирования по величинам генетических расстояний. Выделены четыре кластера, обозначения регионов даны внизу рисунка.

Существуют две основные гипотезы происхождения аргынов – от тюркоязычных и от монголоязычных народов. Но полученные результаты рисуют куда более сложную картину. Генетическая близость аргынов к народам Иранского нагорья указывает на значительный общий компонент («субстрат»), который мог быть привнесен в генофонд прото-аргынов миграцией ираноязычных народов или их потомков, перешедших на тюркский язык. Сходство аргынов с казахами Алтая и монголами говорит о более позднем генетическом компоненте («суперстрате»), привнесенном в генофонд аргынов миграциями тюркоязычных и монголоязычных народов.

В отношении генеалогии аргынов также существуют две основные версии: традиционная казахская генеалогия «шежире» рассматривает их как потомков единого предка, а альтернативная версия — как «союз племен» разного происхождения. И здесь генетика позволяет сделать выбор. Генетическая общность родов аргынов (выраженная в резком преобладании гаплогруппы G1 в генофондах большинства родов) согласуется с генеалогическими данными. Как было показано ранее, и генеалогия, и генетика дают основания предполагать, что основным родоначальником аргынов был золотоордынский эмир Караходжа с гаплогруппой G1 (XIV в.) или его ближайшие предки. Версия «союза племен» не подтверждается.

По новым данным палеогенетики (Lazaridis et al., 2016, [обзор статьи на сайте](#)) получила новое обоснование и гипотеза о прародине гаплогруппы G1 на Ирано-Армянском нагорье, выдвинутая в статье Balanovsky et al., 2015.

**Источник:**

М.К. Жабагин, Ж.М.Сабитов, А.Т.Агджоян.....О.П.Балановский, Е.В.Балановская

Генезис крупнейшей родоплеменной группы казахов – аргынов – в контексте популяционной генетики.

Вестник Московского университета, серия XXIII Антропология, 2016, №4, с.59-68.