

REPORTS OF NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES
OF THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN
ISSN 2224-5227

Volume 6, Number 6 (2014), 83 – 92

MICROSATELLITE VARIABILITY OF Y-CHROMOSOME C-HAPLOGROUP OF KAZAKHS

Y.Y. Ashirbekov, A.Y. Ashirbekova, D.E. Aisina, D.M. Botbaev,
A.M. Belkozhaev, A.K. Khanseitova, T.S. Balmukhanov, N.A. Aitkhozhina

RSE “M. Aitkhozhin Institute of Molecular Biology and Biochemistry”, SC MES RK, Almaty

Key words: Kazakhs, ethnogenesis, Y-chromosome, haplogroup, haplotype.

Abstract. The molecular genetic analysis of the DNA of modern representatives of ethnic groups can help significantly ethnographers and historians confirm or refute their hypotheses. The article presents the results of the study of microsatellite variability of Y-chromosome of Kazakhs belonging to haplogroup C, taking into account the tribal affiliation. The study of 184 samples identified five sources of genetic diversity, indicating that at least five groups representing haplogroup C participated in the ethnogenesis of Kazakhs. The first group was the basis for the formation of the group of eight tribes from the Elder zhuz and Kerey tribe from the Middle zhuz, the second group – for the Konyrat tribe from the Middle zhuz, the third group – the Alimuly tribe and Baiuly tribe from the Junior zhuz. The fourth and fifth group, in our opinion, characterizes the tore-tolengits and tore-Genghis Khan descendants, respectively.

УДК 575.17; 575.15

МИКРОСАТЕЛЛИТНАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ Y-ХРОМОСОМЫ ГАПЛОГРУППЫ С У КАЗАХОВ

Е.Е. Аширбеков, А.Е. Аширбекова, Д.Е. Айсина, Д.М. Ботбаев,
А.М. Белкожаев, А.К. Ханseitова, Т.С. Балмуханов, Н.А. Айтхожина

РГП «Институт молекулярной биологии и биохимии им. М.А. Айтхожина» КН МОН РК, Алматы

Ключевые слова: казахи, этногенез, Y-хромосома, гаплогруппа, гаплотип.

Аннотация. Существенную помощь этнографам и историкам в подтверждении или опровержении их гипотез может оказать молекулярно-генетический анализ ДНК современных представителей этносов. В статье представлены результаты исследования микросателлитной вариабельности Y-хромосомы казахов, относящихся к гаплогруппе С с учетом родоплеменной принадлежности. В результате исследования 184 образцов было выявлено пять источников генетического разнообразия, указывающие на то, что в этногенезе казахов участвовали, как минимум, пять групп, представляющих гаплогруппу С. Первая группа стала основой для формирования группы из восьми племен Старшего жуза и племени керей Среднего жуза, вторая группа – для племени коньрат Среднего жуза, третья группа – для племен алимуды и байуды Младшего жуза. Четвертая и пятая группа, по нашему мнению, характеризует торе-толенгитов и торе-чингизидов, соответственно.

Достоверное описание этнической истории казахского народа является важным и в то же время одним из наименее раскрытых разделов истории Казахстана. Причинами малой изученности этногенеза казахов являются, в частности, то, что материальные остатки степной кочевой культуры (войлок, кожа, дерево, мех) плохо сохраняются, а письменные источники малочисленны и, зачастую, противоречивы. Многие исторические этапы не достаточно освещены, особенно это касается периода распада Золотой Орды, который является предшествующим образованию казахской народности.

Исторически казахский этнос сложился из объединенных кочевых племен и состоит из трех больших племенных объединений – жузов. Несмотря на то, что современные казахи представляют

собой единый народ, знание собственных корней и родовой принадлежности до сих пор является неотъемлемой частью национальных традиций и культуры.

Известный историк-востоковед Н.А. Аристов отмечал, что главным препятствием в выяснении происхождения народностей и племен является слабое знание их родоплеменного состава [1]. С тех пор учеными, изучающих этногенез казахов, проведена определенная работа по сбору, систематизации, обобщению и научной интерпретации обширного, рассеянного по различным источникам материала о родоплеменном составе казахского народа, однако многие вопросы ожидают своего ответа, а гипотезы остались не подтвержденными [2, 3].

Шежиры как основной источник информации представляет собой сведения о происхождении того или иного рода или племени в виде рассказов, списков и схем последовательной записи по мужской линии. Шежиры могут охватывать очень большие промежутки времени, однако их достоверность снижается тем сильнее, чем дальше вглубь веков уходят предковые линии – это нетрудно проследить, изучая шежиры из разных источников. На уровне корней древа шежиры имеют уже мифический характер. Таким образом, шежиры как источник требует внимательного изучения, подтверждения и уточнения его данных [3, 4].

Появление современных методов молекулярной генетики придало новый импульс процессу изучения происхождения народов. Анализ генетического разнообразия современных популяций человека на основе полиморфных ДНК-маркеров является мощным инструментом для описания генетических особенностей народов и реконструкции их исторических взаимоотношений. В отношении казахского народа, имеющего родоплеменную структуру и сохранившего до наших дней свои родословные, молекулярно-генетические методы оказываются полезными вдвойне, так как появляется возможность изучения межплеменных и межродовых связей, предшествовавших формированию единой казахской народности, на экспериментальной основе.

Генетические свойства Y-хромосомы, такие как передача только по отцовской линии, отсутствие рекомбинации, малая эффективная численность пула Y-хромосом по сравнению с аутосомами (в четыре раза меньше, чем у аутосом), позволяют прослеживать по гаплотипам Y-хромосомы отцовские линии, представляющие собой последовательную "запись" мутаций в ряду поколений [5-7]. Таким образом, Y-хромосома является уникальным объектом для маркирования генетических особенностей казахских родов, принадлежность к которым индивидуума определяется, за немногими исключениями, по мужской линии. Данный факт позволяет проведение сопоставления исторических источников, устных и письменных данных фамильных родословных с молекулярно-генетическими данными, полученными для Y-хромосомы.

Генетические маркеры Y-хромосомы можно разделить на две основные категории – диаллельные и полиаллельные. К первой категории относятся SNP (single nucleotide polymorphism – однонуклеотидный полиморфизм) и более редкие инсерции и делеции. Темп мутирования таких локусов низок – около 2×10^{-8} на сайт на поколение [8]. Все древние бинарные маркеры являются уникальными мутациями и используются для выделения гаплогрупп. Вторая категория маркеров – мультиаллельные полиморфизмы – включает микро- и минисателлиты. Темп мутирования Y-сцепленных микросателлитов (STR – short tandem repeats) гораздо выше – примерно 7×10^{-4} [9]. Мультиаллельные маркеры удобно использовать для анализа разнообразия гаплотипов внутри гаплогрупп и для более детальной реконструкции филогении и происхождения линий [7].

Население Центральной Азии обладает наибольшим на территории Евразии разнообразием линий Y-хромосомы. Как правило, в популяциях этносов этого региона не прослеживается доминирование отдельных гаплогрупп – наблюдается практически весь спектр евразийских линий как западного, так и восточного происхождения, что отражает многочисленные популяционно-демографические события, сформировавшие генофонд населения Центральной Азии. Специфической чертой мужского генофонда таджиков и узбеков является наличие гаплогруппы L (с частотой около 15 %), характеризующей индо-иранский компонент генофонда этих этносов [10]. В генофонде казахов и киргизов с большей частотой представлены линии C и R1a1. По спектру микросателлитных гаплотипов R1a1 киргизы близки к южносибирским народам (алтайцам и тувинцам), что свидетельствует в пользу гипотезы их алтае-саянского происхождения [11].

Таким образом, существенную помощь этнографам и историкам в подтверждении или опровержении их гипотез может оказать молекулярно-генетический анализ ДНК современных

представителей этносов.

В настоящее время осуществляются первые попытки детализации формирования казахов как народа при помощи современных методов молекулярной биологии: функционирует «Открытый Казахстанский ДНК-проект», основанный на определении микросателлитного гаплотипа Y-хромосомы [12], опубликованы также отдельные результаты исследований отечественных авторов, посвященные изучению генеалогии казахских племен [13-18].

В статье представлены результаты исследования варибельности Y-хромосомы казахов, относящихся к гаплогруппе С, с учетом родоплеменной принадлежности.

Материалы и методы

В качестве источника материала – ДНК современных казахов – использовано 393 образца буккального эпителия, собранных среди студентов и интернов мужского пола Казахского национального медицинского университета им. С.А. Асфендиярова и Казахского национального аграрного университета. Среди участников исследования насчитывалось 140 представителей Старшего, 151 Среднего и 60 Младшего жузов, 23 казаха с неустановленной племенной принадлежностью, 13 кожа, 3 торе, 1 уйгур, 1 русский и 1 донской казак. Все участники исследования подписали информированное согласие на его участие, в соответствии с требованиями комиссии по этике АМУ, разрешение которой было получено до начала исследования.

ДНК выделяли из буккального эпителия с использованием наборов “Blood & Tissue Kit”, Quigen в соответствии с протоколом производителя.

Исследование однонуклеотидного полиморфизма по локусам M168 (гаплогруппа DE-CF), M1(DE), M216 (C), M201 (G), M304 (J), M9(K), M231 (N), M175 (O), M242 (Q) и M207(R) было осуществлено с помощью методов полимеразной цепной реакции с последующим анализом длин рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДФ) с использованием праймеров, описанных ранее [19]. Продукты рестрикции разделяли электрофоретически в 8% полиакриламидном геле, окрашивали бромистым этидием и идентифицировали в проходящем ультрафиолетовом свете.

Анализ микросателлитных локусов DYS393, DYS390, DYS19, DYS391, DYS385a/b, DYS439, DYS389I, DYS389II, DYS392, DYS458, DYS447, DYS437, DYS448, Y-GATA-H4, DYS456 и DYS438 проводили с помощью кита AmpFISTR Yfiler PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США), используя мультиплексную ПЦР и капиллярный электрофорез согласно рекомендациям разработчика. Результаты капиллярного электрофореза были анализированы с помощью программы Gene Mapper ID-X.

Древа гаплотипов построены методами MJ-network (median joining network method) [20] и RM-network (reduced median network method) [21] с использованием программы Network 4.612.

Результаты и обсуждение

Изучаемые STR-маркеры относятся к тетра- и пентануклеотидным микросателлитным повторам, за исключением локусов DYS392 (тринуклеотидный), DYS438 и DYS447 (пентануклеотидные) и DYS448 (гексануклеотидный) микросателлит. При построении медианных сетей значения аллелей по микросателлитным локусам DYS385a/b, DYS19 и DYS448 были исключены из гаплотипов по следующим причинам. DYS385a/b представляет собой дублированный маркер и электрофорез не позволяет определить какая из двух полос соответствует локусу DYS385a, а какая локусу DYS385b. Среди 184 образцов, относящихся к гаплогруппе С, у 13 образцов выявлена дубликация в локусе DYS19 (что приравнивает этот локус к локусу DYS385a/b), 11 образцов имели нулевое значение (делецию) в локусе DYS448: при делеции невозможно определить, какое значение имел аллель, имел данный локус перед потерей последовательности. При возникновении подобных ситуаций, когда значения в локусе невозможно включить в гаплотип для последующего анализа, необходимо либо исключить локус из гаплотипа, либо исключить гаплотипы-носители из анализа. Исключение локусов DYS19 и DYS448 из гаплотипа оказалось полезным, так как позволило установить связь между гаплотипами-носителями и проверить происхождение этих мутаций в определенных линиях (см. ниже). Далее, при описании гаплотипов, значения копийности в локусах будут указаны в следующем порядке: DYS456, DYS389I, DYS390, DYS389II, DYS458, DYS393,

DYS391, DYS439, DYS635, DYS392, Y GATA H4, DYS437, DYS438.

Гаплогруппа С явилась самой распространенной среди исследованных казахов и составила 54,2% от общего количества. Таким образом, в статье рассматривается более половины генетического разнообразия Y-хромосомы казахов.

На рисунке 1 показана медианная сеть гаплотипов 184 Y-хромосом, принадлежащих к гаплогруппе С, построенная методом RM network, с применением опции Frequency >1 (в построении сети участвовали лишь те гаплотипы, которые встречаются как минимум дважды). В результате из общего количества 71 гаплотипа на рисунке представлены 23 (136 образцов).

Представленные гаплотипы разделились на пять отдельных кластеров, что, вероятно, отражает происхождение современных казахов-представителей гаплогруппы С из пяти относительно обособленных групп. Племенное разнообразие разных кластеров, за исключением кластеров VI и V, отличается достаточно четко. Кластер I представлен в основном племенами Старшего жуза, кластер II – племенем коньрат Среднего жуза, кластер III – племенами младшего жуза. Племя младшего жуза жетыру имеет своего представителя во всех кластерах, что хорошо согласуется с представлениями о происхождении этого рода как союза племен.

Кластер I более подробно показан на рисунке 2. В образовании кластера участвовали 84 Y-хромосомы, сгруппировавшиеся в 23 гаплотипа. Основу кластера составляют племена Старшего жуза – дулат, албан, суан, сарыуйсун, шапырашты, шанышкылы, ошакты и жалайыр. Как видно, в кластере представлено большинство племен Старшего жуза за исключением племен сргели, ысты и канлы. Эти данные указывают на родство перечисленных первых восьми племен и на отсутствие связи с ними племен сргели, ысты и канлы. Следует отметить, что все участвовавшие в исследовании казахи из племен сргели, ысты и канлы оказались носителями других гаплогрупп Y-хромосомы, за исключением одного представителя канлы, попавшего в кластер IV (о нем см. ниже).

Кроме вышеописанных племен Старшего жуза, в кластер I попадают представители рода керей-абак из Среднего жуза. Эти данные определенно указывают на то, что керей-абак являются родственными племенам Старшего жуза и согласуются со сведениями шежире о том, что абак являются потомками выходца из племени уйсун по имени Абак [4, 22]. Имя Абак фигурирует в некоторых вариантах родословной племен Старшего жуза. К сожалению, род керей-ашамайлы не был представлен в данном исследовании, что не позволило сравнить два рода кереев. Однако в довольно представительной работе С.Абилева род ашамайлы описан и в сравнении с абаками гаплотипы ашамайлы, относящиеся к гаплогруппе С, в локусе DYS448 имеют значение 22 вместо 23 [15].

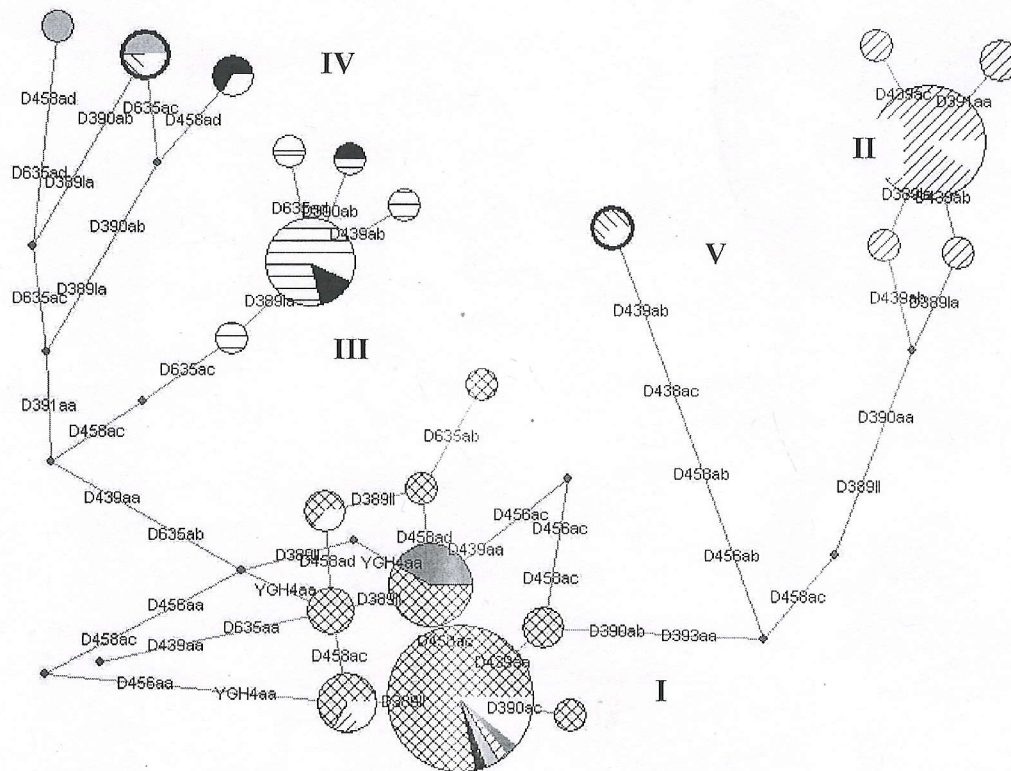


Рисунок 1 – Медианная сеть гаплотипов 184 Y хромосом, принадлежащих к гаплогруппе С, построенная методом RM network. При построении сети участвовали лишь те гаплотипы, которые встречаются как минимум дважды (опция Frequency >1). Размеры кругов соответствуют частоте встречаемости гаплотипа, а расстояние между гаплотипами – количеству мутаций по всем локусам (мутации указаны). Условные обозначения:

▨ – племена Старшего жуза (здесь дулат, албан, суан, жалайыр, сргели, ошакты, шакшам, шапырашты и шаньшкылы); ▤ – коньрат; ▩ – керей; ▨ – другие племена Среднего жуза (здесь аргын и найман в кластере VI, уак в кластере I); ▧ – алимулы и байулы; ▦ – жетьру; ▥ – торе (гаплотипы торе также обозначены жирным окаймлением); неокрашенные области соответствуют образцам с неустановленной родовой принадлежностью.

Самым распространенным явился гаплотип DL6A – 15,13,25,16,17,13,10,10,21,11,11,14,10, сгруппировавший 37 образцов – 15 из племени дулат, 10 албан, 2 суан, по одному представителю от родов шакшам, сарыуйсун (единственные представители от этих родов в рамках исследования), по одному представителю от родов Среднего жуза керей (абак), коньрат и уак, один представитель от жетьру Младшего жуза, а также 4 образца с неустановленной родовой принадлежностью. Гаплотип DL6A является гаплотипом-основателем для родов дулат, албан и суан. Эти данные хорошо согласуются с данными шежире: рассматриваемые три рода во всех вариантах родословной племен Старшего жуза всегда выступают как единая ветвь. Наиболее представленные в исследовании племена дулат и албан представлены 11 и 6 гаплотипами соответственно. Корреляции между взаимным расположением гаплотипов и внутриплеменным делением не выявлены.

12 образцов объединил гаплотип DL13A – 15,13,25,16,18,13,10,10,21,11,11,14,10. В этот гаплотип вошли 4 представителя рода дулат, 1 суан, 1 шапырашты, 1 жалайыр и 5 представителей рода керей (трое из которых относятся к абак, двое с неопределенной внутриродовой принадлежностью). Гаплотип DL13A, вероятно, является гаплотипом-основателем для рода керей-абак.

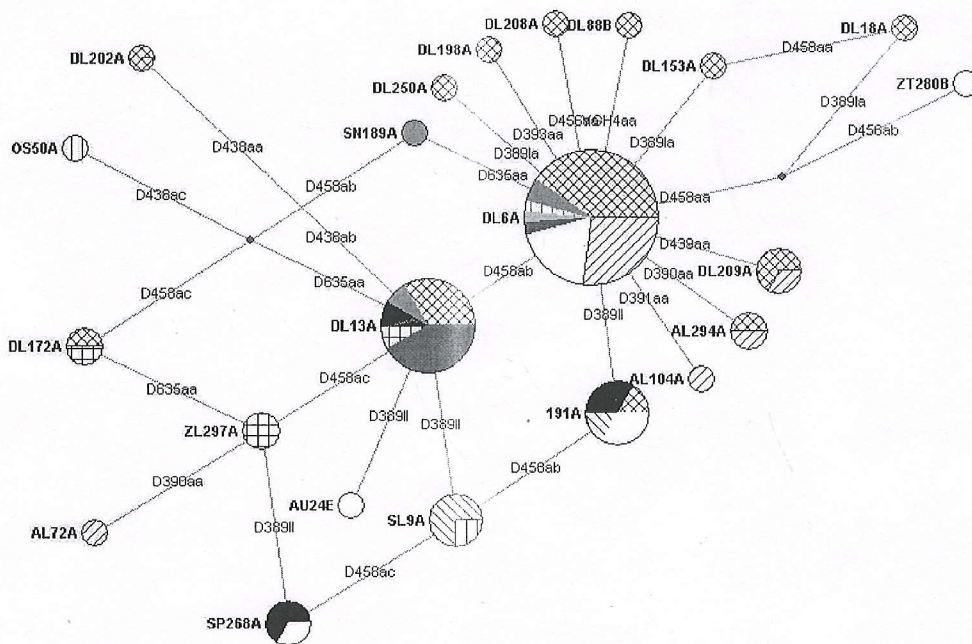










Рисунок 2 – Кластер I (медианная сеть построена по методу RM network). Размеры кругов соответствуют частоте встречаемости гаплотипа, а расстояние между гаплотипами – количеству мутаций по всем локусам (мутации указаны).
Условные обозначения:

 – дулат;  – албан;  – суан;  – сарыуйсун;  – шакшам (гаплотип DL6A), ошакты (гаплотипы SL9A и OS50A);  – шапырашты;  – шаньшкылы;  – жалайыр; – керей, неокрашенные области соответствуют образцам с неустановленной родовой принадлежностью, а также единичные представители Среднего и Младшего жузов – коньрат и уак (гаплотип DL6A), жетыру (гаплотипы DL6A и ZT280B), алимулы (гаплотип AU24E).

Для племени шапырашты было выявлено три гаплотипа на расстоянии двух мутаций друг от друга: вышеупомянутый DL13A, 191A (15,13,25,17,17,13,10,10,21,11,11,14,10) и SP268A (15,13,25,17,19,13,10,10,21,11,11,14,10). Возможно, три выявленных гаплотипа отражают три основных группы внутри шапырашты: малдыстык, желдыстык и кылдыстык [23]. Малое представительство рода шапырашты не позволяет сделать однозначный вывод.

Племя шаньшкылы характеризуют два гаплотипа: упомянутый 191A и SL9A (15,13,25,17,18,13,10,10,21,11,11,14,10). Гаплотип SL9A на одну мутацию отличается от трех гаплотипов шапырашты и находится в центре от них. Это может свидетельствовать о близком родстве данных родов, хотя существует и другой вариант связей трех гаплотипов шаньшкылы через гаплотипы DL6A и ZL297A.

Гаплотип SL9A оказался характерным и для племени ошакты. Второй гаплотип для ошакты отличается тремя мутациями – OS50A (15,13,25,16,18,13,10,10,22,11,11,14,11).

Для племени жалайыр обнаружены три родственных гаплотипа – упомянутый DL13A, ZL297A (15,13,25,16,19,13,10,10,21,11,11,14,10) и DL172A (15,13,25,16,19,13,10,10,22,11,11,14,10).

Следует отметить, что в статье рассматриваются лишь те образцы, которые принадлежат к гаплогруппе С. Почти во всех вышеуказанных племенах в большей или меньшей степени представлены и другие гаплогруппы – G, J, N, O, Q, R. У племен дулат, албан, суан и шапырашты доля этих гаплогрупп небольшая, для племен ошакты и шаньшкылы это значение близко к половине, для жалайыров – более 70%. В любом случае для более детального изучения родосового состава племен и их связей необходимы более представительные выборки.

На рисунке 3 представлена медианная сеть гаплотипов, отражающая взаимное положение кластеров I и V. Особенностью девяти гаплотипов из кластера V является делеция в локусе DYS448. Племенной состав кластера на первый взгляд вызывает недоумение: по одному представителю от племен дулат, албан и найман, два из племени алимулы, три образца с неизвестной родоплеменной принадлежностью, два образца торе. Так как в кластер входят торе то,

попадают и гаплотипы ZT10B и 171A принадлежащие роду табын племени жетыру. В этой связи интересно то, что, по трактовке некоторых исследователей, этноним табын восходит к слову «табыну» – служить, преклоняться.

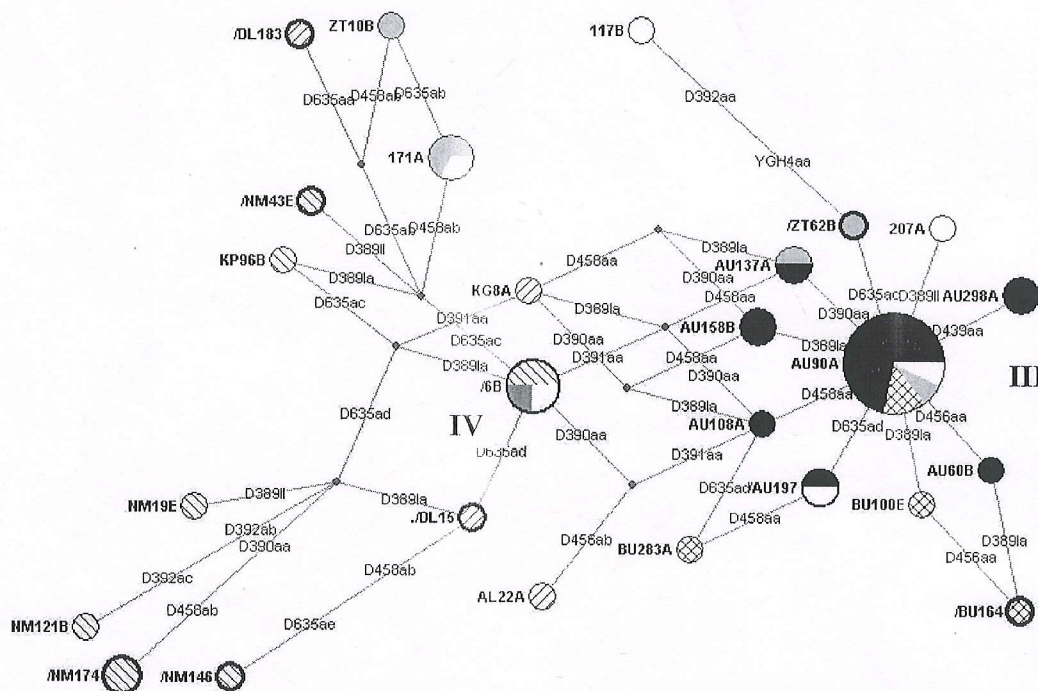


Рисунок 4 – Кластеры III и IV (медианная сеть, построена по методу MJ network). Размеры кругов соответствуют частоте встречаемости гаплотипа, а расстояние между гаплотипами – количеству мутаций по всем локусам (мутации указаны). Условные обозначения:

■ – алимулы; ▨ – байулы; ▩ – жетыру; ▧ – роды Старшего жуза (дулат – гаплотипы DL15 и DL183, албан – гаплотип AL22A, канлы – гаплотип KG8A); ▨ – роды Среднего жуза (аргын – гаплотип 6B, найман – гаплотипы NM19E, NM121B, NM174, NM146 и NM43E, кипчак – гаплотип KP96B); ● – торе-толенгит; неокрашенные области соответствуют образцам с неустановленной родовой принадлежностью; жирным окаймлением обозначены гаплотипы с установленной дупликацией в локусе DYS19.

Особенностью кластеров III и IV является то, что в многих образцах обнаружена дупликация по DYS19 – в спектре наблюдались два пика вместо одного в данном локусе. На рисунке 4 такие образцы помечены жирным окаймлением. Обнаруженные значения для DYS19: 15-16, 15-17 и 16-17. Следует отметить, что электрофоретически обнаружить дублицированный локус при одинаковых значениях аллелей, например, при 15-15, 16-16, 17-17, невозможно. На основе вышесказанного и учетом того, что остальные гаплотипы в кластерах III и IV в локусе DYS19 имели значение 16 (за исключением гаплотипов рода табын 171A и ZT10B) можно предположить, что гаплотипы в этих кластерах имеют дупликацию по DYS19 со значением 16-16.

Заклучение

В результате исследования микросателлитного полиморфизма Y-хромосомы 184 представителей гаплогруппы С было выявлено пять источников генетического разнообразия, указывающие на то, что в этногенезе казахов участвовали, как минимум, пять групп, представляющих гаплогруппу С. Первая группа стала основой для формирования группы из восьми племен Старшего жуза и племени керей Среднего жуза, вторая группа – для племени коньрат Среднего жуза, третья группа – для племен алимулы и байулы Младшего жуза. Четвертая и пятая группа, по нашему мнению, характеризует торе-толенгитов и торе-чингизидов, соответственно.

ЛИТЕРАТУРА

- [1] Аристов Н. А. Заметки об этническом составе тюркских племен и народностей и сведения об их численности // СПб.: тип. С.Н. Худекова, 1897, 182 с.
- [2] Востров В.В., Муканов М.С. Родоплеменной состав и расселение казахов (конец XIX – начало XX вв.) // Алма-Ата, 1968.
- [3] Алпысбес М. Шежире казахов: источники и традиции. Астана, 2013, 240 с.
- [4] Садибеков З. Қазақ Шежіресі. Ташкент, 1994, 144 с.
- [5] Underhill P.A., Passarino G., Lin A.A., Shen P., Mirazón Lahr M., Foley R.A., Oefner P.J., Cavalli-Sforza L.L. The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations // *Ann Hum Genet.*, 2001, Vol. 65, p. 43-62.
- [6] Hammer M.F., Zegura S.L. The human Y chromosome haplogroup tree: nomenclature and phylogeography of its major divisions // *Annu. Rev. Anthropol.*, 2002, Vol. 31, p. 303-321.
- [7] Степанов В.А., Харьков В.Н., Пузырев В.П. Эволюция и филогеография линий Y-хромосомы человека // *Вестник ВОГиС*, 2006, том 10, № 1, с. 57-73.
- [8] Hammer M.F. A recent common ancestry for human Y chromosomes // *Nat.*, 1995, Vol. 378, p. 376–378.
- [9] Zhivotovsky L.A., Underhill P.A., Cinnioglu C. et al. On the effective mutation rate at Y-chromosome STRs with application to human population divergence time // *Am. J. Hum. Genet.*, 2004, Vol. 74, p. 50–61.
- [10] Karafet T.M., Osipova L.P., Kubina M.A. et al. High levels of Y-chromosome differentiation among native Siberian population and the genetic signature of a boreal hunter-gather way of life // *Human Biol.*, 2002, Vol. 74: p.761-789.
- [11] Karafet T.M., Mendez F.L., Meilerman M.B. et al. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosome haplogroup tree // *Genome Research*, 2008, Vol.18: p.830-838.
- [12] Открытый Казахстанский ДНК-проект. <https://www.familytreedna.com/public/alash/default.aspx?section=yresults%D1%82>.
- [13] Dulik MC, Osipova LP, Schurr TG. Y-chromosome variation in Altaian Kazakhs reveals a common paternal gene pool for Kazakhs and the influence of Mongolian expansions // *PLoS One*, 2001, Vol. 6(3):e17548.
- [14] Tarlykov PV, Zholdybayeva EV, Akilzhanova AR, Nurkina ZM, Sabitov ZM, Rakhypbekov TK, Ramanculov EM. Mitochondrial and Y-chromosomal profile of the Kazakh population from East Kazakhstan // *Croat Med J.*, 2013, Vol. 54(1), p.17-24.
- [15] 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 // *Hum Biol.*, 2012, Vol. 84(1), p. 79-89.
- [16] Turuspekov Y., Sabitov Zh., Daulet B., Sadykov M., Khalidullin O. The Kazakhstan DNA project hits first hundred Y-profiles for ethnic Kazakhs // *The Russian J. of Genetic Genealogy*, 2011, Vol. 2, №1, p. 69-84.
- [17] Сабитов Ж.М. О происхождении казахских родов сары-уйсун, дулат, албан, суан, ысты, шапрашты, ошакты, сргелы. *The Russian J. of Genetic Genealogy (Русская версия)*, 2012, Том 4, №1, с. 94-98.
- [18] Жабагин М., Балаановская Е.В., Сабитов Ж., Богунов Ю., Фролова С., Дибирова Х.Д., Захаров-Гезехус И.А., Балаановский О.П. «Род» как квазигенетический маркер Y-хромосомы в популяционно-генетических и исторических исследованиях // VI съезд ВОГиС и ассоциированные генетические симпозиумы, Ростов-на-Дону, 2014.
- [19] P.A. Underhill, G. Passarino, A.A. Lin, P. Shen, M. Mirazon lahr, R. A. Foley, P.J. Oefner, L. Cavalli-Sforza. The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations // *Ann. Hum. Genet.*, 2001, Vol. 65, P. 43-62.
- [20] Bandelt H-J., Forster P., Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // *Mol. Biol. Evol.*, 1999, Vol. 16, p. 37-48.
- [21] Bandelt H-J., Forster P., Sykes B.C., Richards M.B. Mitochondrial portraits of human population using median networks // *Genetics*, 1995, Vol. 141, p. 743-753.
- [22] Масанов Н.Э. Кочевая Цивилизация Казахов: основы жизнедеятельности номадного общества. Алматы. 2011, 740 с.
- [23] Астафьев И.В., Кукашев Р.Ш. Родоплеменной состав казахов (конец XIX -начало XX вв.) <http://kazahskieroda.kz>.

REFERENCES

- [1] Aristov N.A. Sankt-Petersburg. 1897. 182. (in Russ.)
- [2] Vostrov V.V., Mukanov M.C. Almaty. 1968. (in Russ.)
- [3] Alpysbes M. Astana. 2013. 240. (in Russ.)
- [4] Sadibekov Z. Tashkent. 1994. 144. (in Russ.)
- [5] Underhill P.A., Passarino G., Lin A.A., Shen P., Mirazón Lahr M., Foley R.A., Oefner P.J., Cavalli-Sforza L.L. The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations. *Ann Hum Genet.* 2001. 65. 43-62.
- [6] Hammer M.F., Zegura S.L. The human Y chromosome haplogroup tree: nomenclature and phylogeography of its major divisions. *Annu. Rev. Anthropol.* 2002. 31. 303-321.
- [7] Stepanov V.A., Kharkov V.N., Puzyrev V.P. *VestnicVOGiS.* 2006. 10. 1. 57-73. (in Russ.)
- [8] Hammer M.F. A recent common ancestry for human Y chromosomes. *Nat.* 1995. 378. 376-378.
- [9] Zhivotovsky L.A., Underhill P.A., Cinnioglu C. et al. *Am. J. Hum. Genet.*, 2004. 74. 50–61.

- [10] Karafet T.M., Osipova L.P., Kubina M.A. et al. High levels of Y-chromosome differentiation among native Siberian population and the genetic signature of a boreal hunter-gather way of life. *Human Biol.* **2008**. 74. 761-789.
- [11] Karafet T.M., Mendez F.L., Meilerman M.B. et al. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosome haplogroup tree. *Genome Research*. **2008**. 18. 830-838.
- [12] <https://www.familytreedna.com/public/ alashdefault.aspx?section=yresults%D1%82>.
- [13] Dulik MC, Osipova LP, Schurr TG. Y-chromosome variation in Altaian Kazakhs reveals a common paternal gene pool for Kazakhs and the influence of Mongolian expansions. *PLoS One*. **2001**. 6(3). e17548.
- [14] Tarlykov PV, Zholdybayeva EV, Akilzhanova AR, Nurkina ZM, Sabitov ZM, Rakhyzbekov TK, Ramanculov EM. Mitochondrial and Y-chromosomal profile of the Kazakh population from East Kazakhstan. *Croat Med J.* **2013**. 54(1). 17-24.
- [15] 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 Kerей clan from Kazakhstan. *Hum Biol.* **2012**. 84(1). 79-89.
- [16] Turuspekov Y., Sabitov Zh., Dautlet B., Sadykov M., Khalidullin O. The Kazakhstan DNA project hits first hundred Y-profiles for ethnic Kazakhs. *The Russian Journal of Genetic Genealogy*. **2011**. 2. 69-84.
- [17] Sabitov Zh.O. *The Russian Journal of Genetic Genealogy*. **2012**. 4. 94-98. (in Russ.)
- [18] Zhabagin M., Balanovskaja E.B., Sabitov Zh., Bogunov Yu., Frolov S., Dibirova Kh.D., Zakharov-Gezekhus I.A., Balanovski O.P. VI s'ezd VOGiS, Rostov-na-Donu. **2014**. (in Russ.)
- [19] P.A. Underhill, G. Passarino, A.A. Lin, P. Shen, M. Mirazon lahr, R. A. Foley, P.J. Oefner, L. Cavalli-Sforza. The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations. *Ann. Hum. Genet.*, **2001**. 65. 43-62.
- [20] Bandelt H.-J., Forster P., Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.* **1999**. 16. 37-48.
- [21] Bandelt H.-J., Forster P., Sykes B.C., Richards M.B. Mitochondrial portraits of human population using median networks. *Genetics*. **1995**. 141. 743-753.
- [22] Masanov N.E. *Almaty*. **2011**, 740. (in Russ.)
- [23] <http://kazahskieroda.kz>. (in Russ.)

*Е.Е. Аширбеков, А.Е. Аширбекова, Д.Е. Айсина, Д.М. Ботбаев,
А.М. Белкожаев, А.К. Хансейтова, Т.С. Балмуханов, Н.Ә. Айтхожина*

(ҚР ҒФМ ҒК «М.Ә. Айтхожин атындағы молекулалық биология және биохимия институты» РМК,
Алматы)

ҚАЗАҚТАРДЫҢ С ГАПЛОТОПТАҒЫ Y-ХРОМОСОМАСЫНЫҢ
МИКРОСАТЕЛЛИТТІК ӨЗГЕРГІШТІКТІГІ

Тірек сөздер: қазақтар, этногенез, Y-хромосома, гаплогруппа, гаплогруппа.

Аннотация. Этнографтар мен тарихшыларға олардың гипотезаларын растау немесе жоққа шығару кезінде ДНҚ молекулалық-генетикалық анализі маңызды көмек көрсете алады. Мақалада қазақтардың ру-тайпалық құрамын ескере отырып С гаплогруппа жататын Y-хромосомасының өзгергіштіктерін зерттеу нәтижелері ұсынылды. 184 үлгілердің зерттеу нәтижесінде генетикалық өзгергіштің бес көзі анықталды. Бұл дерек қазақтардың этногенезінде С гаплогруппаның өкілдерінен бес популяциялар қатысқанын көрсетеді. Бірінші топ Ұлы жүздің сегіз тайпалар тобысының және Орта жүздің керей тайпасының, екінші топ – Орта жүздің қонырат тайпасының, үшінші топ – Кіші жүздің әлімұлы және байұлы тайпаларының қалыптасуына негіздері болған. Төртінші және бесінші топтар, біздің пікіріміз бойынша, төре-төленгіттерді және төрешыңғыстарды сипаттайды.

Поступила 11.10.2014 г.