

**Аширбеков Е.¹, Ботбаев Д.², Белкожаев А.³, Абайлдаев А.⁴,
Мухатаев Ж.⁵, Алжанулы Б.⁶, Лимборская С.⁷, Айтхожина Н.⁸**

¹студент PhD-докторантуры, научный сотрудник, e-mail: eldarasher@mail.ru

²студент PhD-докторантуры, младший научный сотрудник, e-mail: daur_92_05@bk.ru
Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Казахстан, г. Алматы

³младший научный сотрудник, e-mail: ayaz_jarkent@mail.ru

⁴младший научный сотрудник, e-mail: armandj_92@mail.ru

⁵младший научный сотрудник, e-mail: jusyf@mail.ru

⁶младший научный сотрудник, e-mail: bakhytjan_91@mail.ru

⁸доктор биологических наук, профессор, академик НАН РК,

главный научный сотрудник лаборатории генома, Генеральный директор,

e-mail: aytkhozhina@mail.ru

лаборатория структурной и функциональной геномики Института молекулярной биологии и
биохимии им. М.А. Айтхожина, Казахстан, г. Алматы

⁷доктор биологических наук, профессор, Институт молекулярной генетики РАН,
Россия, Москва, e-mail: limbor@img.ras.ru

**АНАЛИЗ ЖУЗОВОЙ ОРГАНИЗАЦИИ
КАЗАХСКИХ ПЛЕМЕН
НА ОСНОВЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ГАПЛОГРУПП
Y-ХРОМОСОМЫ**

История образования трех казахских жузов в письменных документах не зафиксирована, что служит причиной создания различных версий историков о причинах и времени данного исторического события. С целью исследования жузовой организации казахских племен нами проведен сравнительный анализ генетического разнообразия и анализ молекулярной вариации на основе распределения гаплогрупп Y-хромосомы. С помощью двух методов показано, что жузовая организация казахских племен лишь частично основана на родственных связях между ними. Группы родственных племен входят в состав Старшего и Младшего жузов. В составе Старшего жуза особняком выделяются племена Канлы, Сргели и Ысты. В Младшем жузе можно выделить племя Жетыру. Самым разнородным из трех жузов оказался Средний жуз, где каждое изученное племя можно рассматривать как отдельную группу, за исключением племени Керей, которое имеет родственные связи с группой племен Старшего жуза. Согласно AMOVA варианты с разделением племен на 9 или 10 групп являются наиболее предпочтительными для описания генетических отношений казахских племен.

Полученные данные будут полезны для историков, этнографов и других специалистов, занимающихся проблемами этногенеза казахов.

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

Ashirbekov E.¹, Botbaev D.², Belkozhaev A.³, Abayldaev A.⁴,
Mukhataev Zh.⁵, Alzhanuly B.⁶, Limborska S.⁷, Aitkhozhina N.⁸

¹PhD-student, researcher, e-mail: eldarasher@mail.ru

²PhD-student, junior researcher, e-mail: daur_92_05@bk.ru
al-Farabi Kazakh National University, Kazakhstan, Almaty

³junior researcher, e-mail: ayaz_jarkent@mail.ru

⁴junior researcher, e-mail: armandj_92@mail.ru

⁵junior researcher, e-mail: jusyf@mail.ru

⁶junior researcher, e-mail: bakhytjan_91@mail.ru

⁸academician of NAS RK, professor, chief researcher of genome laboratory, General director,
e-mail: aytkhozhina@mail.ru.

Structural and functional genomics laboratory of M. Aitkhozhin

Institute of Molecular Biology and Biochemistry, Kazakhstan, Almaty

⁷doctor of biological science, professor, head of Department of molecular bases of human genetics,
Institute of molecular genetics RAS, Moscow, Russia, e-mail: limbor@img.ras.ru

Analysis of organization of kazakh tribes in zhuzes on the basis of the distribution of y-chromosome haplogroups

The history of three Kazakh zhuzes formation is not fixed in written documents, what causes historians to create various versions about the reasons and date of this historic event. To investigate zhuzes structure we conducted comparative analysis of genetic diversity and analysis of molecular variation based on the distribution of Y-chromosome haplogroups among Kazakh tribes. Using two methods we have shown that zhuzes structure is only partially based on the kinship between the tribes within zhuzes. Great and Junior zhuzes comprises groups of related tribes. The Kanly, Srgeli and Ysty tribes stand apart from other tribes of the Great zhuz. In the Junior zhuz the Zhetyru tribe can be distinguished. The Middle zhuz was the most heterogeneous of three zhuzes, where each studied tribe can be regarded as the separate group, with the exception of the Kerei tribe, which has kinship with the group of tribes of the Great zhuz. According to AMOVA the division of the tribes into 9 or 10 groups is the most preferable for describing genetic relations of Kazakh tribes. The obtained data will be useful for historians, ethnographers, population geneticists and other specialists dealing with the issue of Kazakhs ethnogenesis.

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

Аширбеков Е.¹, Ботбаев Д.², Белкожаев А.³, Абайлдаев А.⁴,
Мухатаев Ж.⁵, Алжанулы Б.⁶, Лимборская С.⁷, Айтхожина Н.⁸

¹PhD-докторант, ғылыми қызметкер, e-mail: eldarasher@mail.ru

²PhD докторант, кіші ғылыми қызметкер, e-mail: daur_92_05@bk.ru
әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Қазақстан, Алматы қ.

³кіші ғылыми қызметкер, e-mail: ayaz_jarkent@mail.ru

⁴кіші ғылыми қызметкер, e-mail: armandj_92@mail.ru

⁵кіші ғылыми қызметкер, e-mail: jusyf@mail.ru

⁶кіші ғылыми қызметкер, e-mail: bakhytjan_91@mail.ru

⁸ҚР ҰҒА академигі, профессор, Бас директор, геном зертханасының бас ғылыми қызметкері,
e-mail: aytkhozhina@mail.ru.

М.Ә. Айтхожин атындағы молекулалық биология және биохимия институтының құрылым
және функционалды геномика зертханасы, Қазақстан, Алматы қ.

⁷биология ғылымдарының докторы, профессор, РҒА Молекулалық генетика институтының
адам генетикасының молекулалық негіздері бөлімінің менгерушісі, Ресей, Мәскеу қ., e-mail: limbor@img.ras.ru

Y-хромосома гаплогрупптарының таралуы негізінде қазақ тайпаларының жүздік ұйымдасуының анализі

Үш қазақ жүзінің қалыптастыру тарихы жазба құжаттарда белгіленбегені осы тарихи оқиғаның себептері және уақыты туралы тарихшылардың әртүрлі нұсқаларын жасаудың себебі болып табылады. Қазақ тайпаларының жүздік ұйымдасуын зерттеу үшін біз Y-хромосома гаплогрупптардың таралу негізіндегі генетикалық әртүрліліктің салыстырмалы талдауы және молекулалық вариациялау анализін жүргіздік. Екі әдіс көмегімен қазақ тайпалардың жүздік ұйымдасуы олардың тек ішінара ғана туыстық байланысқа негізделгені көрсетілді. Туыстық тайпалардың топтары Ұлы және Кіші жүздердің құрамына кіреді. Ұлы жүзде бөлек ерекшеленетін Қаңлы, Сіргелі және Ысты тайпалары. Кіші жүзде Жетіру тайпасын ерекшелеуге болады. Үш жүздегі ең гетерогенді Орта жүз болып табылады. Ұлы жүз тайпалары топтарымен туыстық байланысы бар Керей тайпасынан басқа, осындағы зерттелген тайпаларды жеке-жеке топтар ретінде қарастыруға болады. AMOVA мәліметтері бойынша, тайпаларды 9 немесе 10 топқа бөлу қазақ тайпаларының генетикалық қарым-қатынасын сипаттау үшін ең қолайлы болып табылады. Алынған деректер тарихшылар, этнографтар және қазақ этногенезі мәселелерімен айналысатын басқа мамандар үшін қажет болады.

Түйін сөздер: қазақтар, этногенез, Y-хромосома, гаплогрупп, гаплотип.

Введение

По современным историческим представлениям казахский этнос сложился путем объединения кочевых племен, входивших до этого в состав распавшейся Золотой орды. Племена казахов были объединены в три надплеменных объединения – Старший, Средний и Младший жузы, каждый со своим племенным составом и занимаемой территорией (Востров, 1968).

По причине малочисленности сохранившихся письменных источников этническая история казахского народа является одним из наименее раскрытых разделов истории Казахстана. В частности, нет сведений о том, как, когда и по каким причинам образовались три казахских жуза. Это служит причиной создания различных версий историков (Аристов, 1897; Гумилев, 1989; Темиргалиев, 2008; Акимбеков, 2011).

В связи с ограниченностью исторических данных имеется необходимость применения популяционно-генетических исследований современных казахов для понимания того, каким образом возник казахский этнос.

Для изучения расселения и этнической дивергенции человека наиболее удобными объектами исследования являются нерекомбинантные линии митохондриальной ДНК (мтДНК) и Y-хромосомы.

Генетические свойства Y-хромосомы, такие как передача только по отцовской линии, отсутствие рекомбинации, малая эффективная численность пула Y-хромосом по сравнению с аутосомами, позволяют проследивать по маркерам Y-хромосомы отцовские линии, представляющие собой последовательную «запись» мутаций в ряду поколений (Underhill, 2001: 43-62; Hammer, 2002: 303-321). В случае с мтДНК, наоборот, можно проследить материнские линии (Quitana-Murci, 2004: 827-845).

Генетические маркеры Y-хромосомы можно разделить на две основные категории – диаллельные и полиаллельные. К первой категории относятся однонуклеотидный полиморфизм и более редкие инсерции и делеции. Темп мутирования таких локусов низок – около 2×10^{-8} на сайт на поколение (Hammer, 1995: 376-378). Все древние диаллельные маркеры являются уникальными и используются для выделения гаплогрупп. Вторая категория маркеров – мультиаллельные полиморфизмы – включает микро- и минисателлиты. Темп мутирования Y-сцепленных микросателлитов гораздо выше, чем у диаллель-

ных маркеров – примерно 7×10^{-4} (Zivotovsky, 2004:50-61).

Анализ разнообразия гаплогрупп в генофонде этносов позволяет определить генетические связи с другими народами и реконструировать пути миграций древних популяций, послуживших формированию этих этносов. Мультиаллельные маркеры удобно использовать для анализа разнообразия гаплотипов внутри гаплогрупп, определяемых по диаллельным маркерам, и для более детальной реконструкции филогении и происхождения линий (Степанов, 2006: 57-73).

Глобальный анализ разнообразия гаплогрупп позволил реконструировать миграции первого человека и проследить пути его расселения по континентам, начиная с Африки, а также дать оценку времени этих передвижений (Underhill, 2001: 43-62). Определенные гаплогруппы почти всегда распространены в определенных регионах мира, и таким образом, для Евразии можно выделить линии ближневосточного, западного, северо-восточного, юго-восточного, южного и т.д. происхождения. Таким образом, при изучении разнообразия гаплогрупп в генофонде этносов исследователи могут оценить генетический вклад в их мужской генофонд пул насельников из различных регионов мира.

По отношению ко всем вышеперечисленным регионам, Казахстан и Средняя Азия занимает промежуточное положение. Исторически эта территория явилась зоной контакта и смешения двух крупных рас – европеоидной и монголоидной. Считается, что антропологически казахи явились результатом метисации между европеоидной и монголоидной расами, с преобладанием последней. В бронзовый век эту землю населяли племена андроновской культуры, относившиеся к европеоидам без примесей монголоидности. Согласно краниометрическим исследованиям останков древних насельников нынешней казахской степи, начиная с сакского времени (VIII-VII вв. до н.э.) происходило последовательное увеличение монголоидного компонента, завершившееся не позднее XIV века. В XII-XIV веках окончательно сложился тот смешанный антропологический тип, к которому относят казахов (Исмагулов, 1982), хотя первое политическое объединение кочевых племен под этим этнонимом произошло лишь в середине XV века.

Свойства Y-хромосомы делают ее чрезвычайно полезным объектом исследования при изучении родоплеменной организации у казахов, у которых родство определялось по отцовской

линии и до сих пор сохранилась родоплеменная идентификация как часть традиции и культуры (Алпысбес, 2013). Это позволяет сопоставлять сведения родословных с молекулярно-генетическими данными, полученными для Y-хромосомы. Отечественными исследователями совместно с зарубежными коллегами опубликовано несколько статей, где с помощью маркеров Y-хромосомы описываются отдельные племена (Abilev, 2012: 79-89; Жабагин, 2014: 96-101; Balanovsky, 2015: e0122968; Zhabagin, 2017: e0122968), однако жузовая организация племен до сих пор рассматривалась.

Целью нашего исследования явился анализ жузовой организации казахских племен на основе распределения гаплогрупп Y-хромосом.

Материалы и методы исследования

1269 образцов буккального эпителия от казахов мужского пола из различных племен были собраны в результате экспедиций в города и поселки Южно-Казахстанской, Жамбылской и Алматинской областей. Все участники исследования подписали информированное согласие на его участие, в соответствии с требованиями комиссии по этике, разрешение которой было получено до начала исследования. ДНК выделяли из буккального эпителия с использованием наборов «Blood & Tissue Kit» (Qiagen, США) в соответствии с протоколом производителя.

Для определения гаплогрупп Y-хромосомы образцы были протестированы по 19 однонуклеотидным полиморфизмам: M216 (гаплогруппа C), M217 (C2), M48 (C2b1a2), M407 (C2c1a1a1), M9 (K), M207 (R), M173 (R1), SRY10831 (BT, R1a), M201 (G), M285 (G1), P287 (G2), M175 (O), M231 (N), M242 (Q), M168 (CT), M1 или YAP (DE), M96 (E), M304 (J), P38 (I), а также выборочно дополнительно по 11 локусам M401 (C2b1a3a), M86 (C2b1a2a), P43 (N1c2b), M46 (N1c1), M198 (R1a1a1), M478 (R1b1a1a2), M269 (R1b1a1a1), M122 (O2), M134 (O2a2b1), M35 (E1b1b1) и M174 (D). Тестирование полиморфизма было осуществлено с помощью ПЦР с последующей рестрикцией и анализом длин рестрикционных фрагментов (метод ПЦР-ПДРФ) с использованием праймеров, описанных ранее (Underhill, 2001: 43-62; Di Cristofaro, 2013: e76748; Dulik, 2012:

229-246; Myres, 2011: 95-101; Cai, 2011: e24282; Karafet, 2008: 830-838). Определение некоторых гаплогрупп проводилось с помощью программы предиктора Whit Athey's haplogroup predictor на основе данных по микросателлитным гаплотипам (Athey, 2005: 1-7).

Оценку уровня генетической дифференциации племен проводили на основе сравнительного распределения гаплогрупп Y-хромосомы с использованием опции анализа молекулярной вариации (AMOVA), в программе Arlequin (Excoffier, 2005: 47-50). Расчет показателей генетического разнообразия проводили также в программе Arlequin.

Результаты исследования и их обсуждение

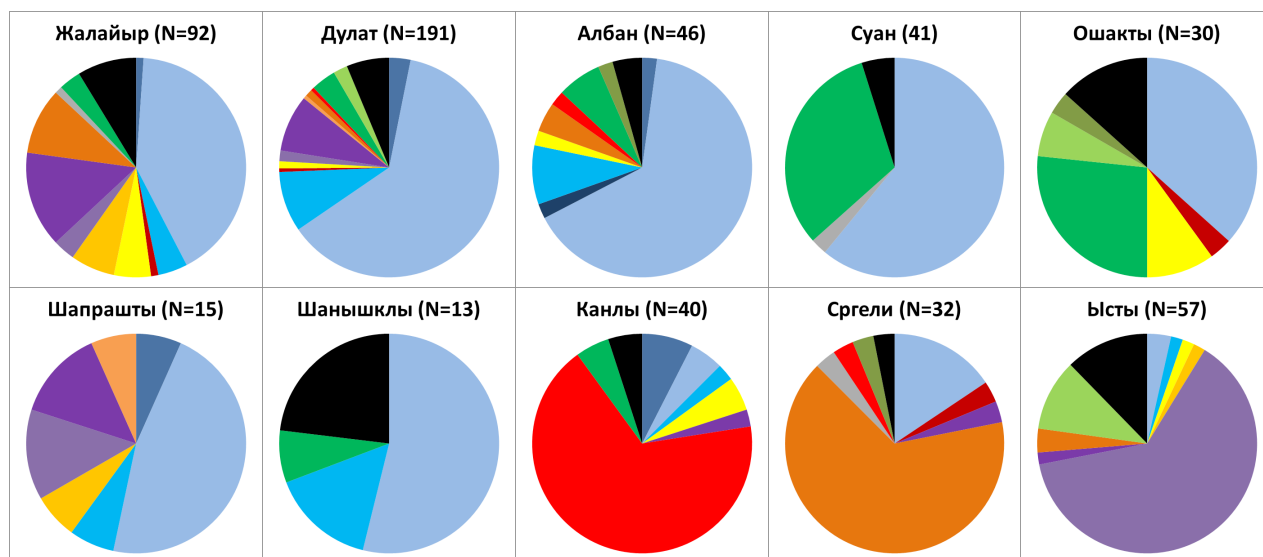
В результате тестирования однонуклеотидных полиморфизмов, а также с помощью прогнозирующих программ, использующий микросателлитный гаплотип, удалось определить 29 гаплогрупп. Выявленные гаплогруппы и их встречаемость среди исследованных племен представлены ранее в статье (Аширбеков, 2017: в печати), а также наглядно на рисунке 1.

AMOVA

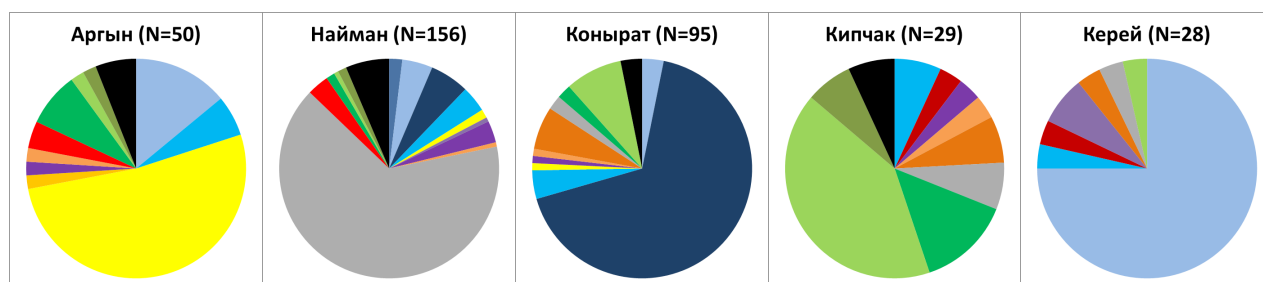
Метод анализа молекулярной вариации AMOVA применялся нами для количественной оценки генетических взаимоотношений между изученными племенами и анализа их жузовой организации. Усредненное (по всем племенам) значение индекса межпопуляционной дифференциации (F_{ST}) оказалось равным 0,32 (32%), указывая на существование значительных различий между отдельными племенами или их группами (таблица 1).

При анализе с разделением племен на три группы, согласно их принадлежности к трем жузам (вариант 1), степень генетической дифференциации между группами оказалась достаточно малой и составила 11,06% ($p < 0,00001$), в то время как генетическая вариативность между популяциями внутри группы находилась на относительно высоком уровне 22,78% ($p < 0,00001$) (Вариант группирования 1). Эти данные свидетельствуют о том, что фактическое разделение на группы (жузы) является условным, искусственным и не отражает реальные генетические взаимоотношения между племенами.

Племена Старшего жуза



Племена Среднего жуза



Племена Младшего жуза

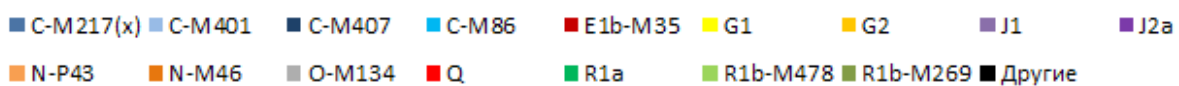
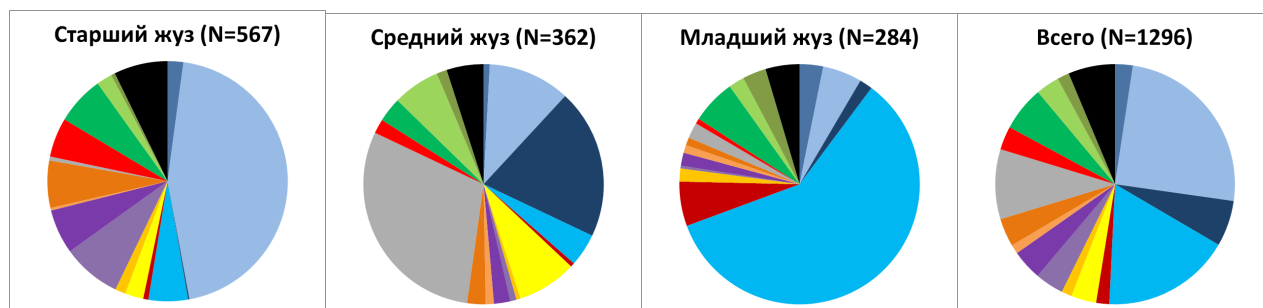
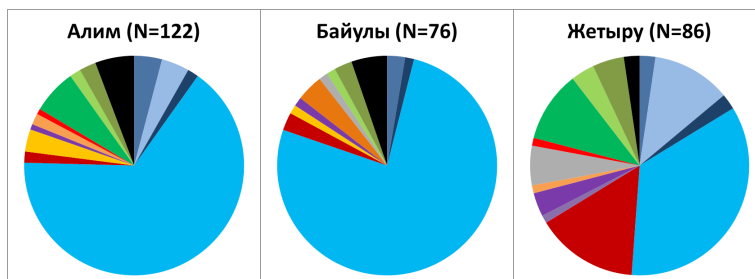


Рисунок 1 – Диаграммы распределения гаплогрупп Y-хромосомы в исследованных племенах, жузах и общей выборке

Таблица 1 – Количественные параметры генетической вариации при различных вариантах группирования

Вариант группирования		Составляющие вариации	Процент вариации	P
-	Без группирования	Между племенами	31,92	<0,00001
		Внутри племен	68,08	<0,00001
1	3 группы: (Старший жуз), (Средний жуз), (Младший жуз)	Между группами	11,60	0,00164
		Между племенами внутри групп	22,78	<0,00001
		Внутри племен	65,62	<0,00001
2	9 групп: (Дулат, Албан, Суан, Шанышкылы, Жалайыр, Ошакты, Шапырашты, Керей), (Алим, Байулы, Жетыру), (Аргын), (Коньрат), (Найман), (Кипчак), (Ысты), (Сргели), (Канлы)	Между группами	28,46	0,00001
		Между племенами внутри групп	6,54	<0,00001
		Внутри племен	64,99	<0,00001
3	10 групп: (Дулат, Албан, Суан, Шанышкылы, Жалайыр, Ошакты, Шапырашты, Керей), (Алим, Байулы), (Жетыру), (Аргын), (Коньрат), (Найман), (Кипчак), (Ысты), (Сргели), (Канлы)	Между группами	32,09	<0,00001
		Между племенами внутри групп	2,74	<0,00001
		Внутри племен	65,17	<0,00001

Учитывая все преобладающие гаплогруппы, нами был проанализирован вариант с разделением общей выборки на 9 групп (вариант 2). Первая группа объединила племена с преобладающей гаплогруппой С3-М401: сюда вошли большинство племен Старшего жуза (Дулат, Албан, Суан, Шанышкылы, Жалайыр, Ошакты, Шапырашты), а также племя Среднего жуза Керей. Вторую группу составили племена Младшего жуза с преобладающей гаплогруппой С3-М86: Алим, Байулы и Жетыру. Остальные племена рассматривались как отдельные группы: племена Ысты (преобладающая гаплогруппа J1-M267), Сргели (N-M46), Канлы (Q), Аргын (G1-M285), Найман (O-M134), Коньрат (С3-М407) и Кипчак (R1b-M478). Такой вариант группирования показал значительно более низкие значения вариации между племенами внутри групп (6,54%) при увеличении доли вариации между группами (28,46%), что свидетельствует о том, что такой вариант более отражает генетические связи между племенами, нежели жузовая структура.

Также нами был проверен вариант с 10 группами (вариант 3), где, в отличие от предыдущего варианта, из группы Младшего жуза было выделено племя Жетыру как наиболее разнородное по гаплогруппному составу. Из источников известно, что данное племя образовалось в результате объединения семи разных племен. В результате были получены существенно более низкие значения вариации между племенами внутри групп (2,74%) при одновременном увеличении доли вариации между группами (32,09%).

Вероятно, данную разбивку на группы следует считать наиболее предпочтительной для описания генетической дифференциации казахских племен. Очевидно, что дальнейшее деление на группы будет приводить к дальнейшему уменьшению уровня вариации между племенами внутри групп и увеличению вариации между группами. Однако в нашем случае дальнейшее последовательное разбиение приводило к незначительным изменениям показателей. В то же время, другие варианты группировки сопровождались значительным увеличением вариации между племенами и уменьшением вариации между группами.

Генетическое разнообразие на основе частот встречаемости гаплогрупп

Проведенная на основе частот встречаемости гаплогрупп оценка генетического разнообразия не противоречит результатам AMOVA (Таблица 2). Наибольшее значение генетического разнообразия наблюдалось в племени Жетыру ($0,87 \pm 0,02$). Средние значения показаны для племен Кыпшак ($0,81 \pm 0,07$), Ошакты ($0,80 \pm 0,05$), Жалайыр ($0,79 \pm 0,04$) и Шапырашты ($0,79 \pm 0,10$) (Таблица 3). Пониженные значения выявлены для племени Аргын ($0,71 \pm 0,06$) и Шанышкылы ($0,70 \pm 0,12$). У остальных племен уровень генетического разнообразия составил менее 0,70, в целом, коррелируя с преобладанием в них отдельных определенных гаплогрупп. Самые низкие значения были характерны для племен Керей ($0,44 \pm 0,12$) и Байулы ($0,46 \pm 0,08$).

Таблица 2 – Показатели генетического разнообразия в изученных племенах

Племя	Генетическое разнообразие, D	Стандартное отклонение
Жалайыр	0,7941	0,0358
Дулат	0,5959	0,0403
Албан	0,5700	0,0853
Суан	0,5378	0,0585
Ошакты	0,7977	0,0517
Шапырашты	0,7905	0,1049
Шанышкылы	0,7051	0,1220
Канлы	0,5436	0,0940
Сргели	0,5565	0,0973
Ысты	0,5877	0,0731
Аргын	0,7094	0,0648
Найман	0,5620	0,0469
Конырат	0,5371	0,0607
Кыпшак	0,8128	0,0650
Керей	0,4418	0,1159
Алим	0,5948	0,0525
Байулы	0,4561	0,0719
Жетыру	0,8725	0,0198
Старший жуз	0,7732	0,0169
Средний жуз	0,8513	0,0116
Младший жуз	0,7351	0,0266
Казахи трех областей	0,8960	0,0049

Низкие значения генетического разнообразия во многих племенах отражают преобладание определенных линий в их генофонде, что вполне ожидаемо, так как рассматриваются не популяции, а племена, большинство представителей которых могут быть родственными друг другу.

Среди жузов наибольшим генетическим разнообразием обладает Средний жуз. Хотя четыре из пяти изученных племен Среднего жуза показали достаточно низкий уровень генетического разнообразия, все они имеют разные превалирующие гаплогруппы (племена Аргын, Найман, Конырат и Керей) (рисунок 1). Племя Кипчак также имеет свою превалирующую гаплогруппу при средних показателях генетического разнообразия.

Низкие значения генетического разнообразия в Старшем и Младшем жузах объясняются наличием в этих жузах превалирующих гаплогрупп: для Старшего жуза это гаплогруппа С3-М401, для Младшего жуза – С3-М86. Гаплогруппа С3-М401 является превалирующей для девяти из двенадцати племен Старшего жуза, и только в трех племенах основными выступают другие гаплогруппы. Самый низкий уровень генетического разнообразия показан для Младшего жуза. В состав Младшего жуза входят три больших племени, двое из которых показали низкие значения генетического разнообразия (Алим и Байулы), в то время как в третьем (Жетыру) наблюдается самое высокое ее значение.

Заключение

Таким образом, нами показано, что жузовая организация казахских племен лишь частично основана на родственных связях между ними. В составе Старшего жуза особняком выделяются племена Канлы, Сргели и Ысты. В Младшем жузе можно выделить племя Жетыру. Самым разнородным из трех жузов оказался Средний жуз, где каждое изученное племя можно рассматривать как отдельную группу, за исключением племени Керей, которое имеет родственные связи с группой племен Старшего жуза.

Литература

- 1 Востров В.В., Муқанов М.С. Родоплеменной состав и расселение казахов (конец XIX – начало XX вв.).- Алма-Ата, 1968.- 165 с.
- 2 Аристов Н.А. Заметки об этническом составе тюрских племен и народностей и сведения об их численности.- СПб.: тип. С.Н. Худекова, 1897.- 182 с.
- 3 Гумилев Л.Н. Древняя Русь и Великая степь.- М.: Мысль, 1989.- 766 с.
- 4 Темиргалиев Р. Из истории казахского триединства. К вопросу о возникновении жузов // <http://www.centrasia.ru/newsA.php?st=1210748460>, 2008.
- 5 Акимбеков С.М. Формула трех // Эксперт Казахстан.- 2011.- №21.- С.21-23.
- 6 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.
- 7 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.

- 8 Quintana-Murci L., Chaix R., Wells R.S., et al. Where West Meets East: The Complex mtDNA Landscape of the Southwest and Central Asian Corridor // *Am J Hum Genet.* - 2004. - Vol.74. - P.827-845.
- 9 Hammer M.F. A recent common ancestry for human Y chromosomes // *Nature.* - 1995. - Vol.378. - P.376-378.
- 10 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.
- 11 Степанов В.А., Харьков В.Н., Пузырев В.П. Эволюция и филогеография линий Y-хромосомы человека // *Вестник ВОГиС.* - 2006. - №1. - С. 57-73.
- 12 Исмагулов О. Этническая антропология Казахстана: соматологическое исследование. - Алма-ата: Наука Казахской ССР, 1982. - 256 с.
- 13 Алпысбес М. Шежире казахов: источники и традиции. - Астана, 2013. - 240 с.
- 14 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. - P.79-89.
- 15 Жабалин М.К., Дибирова Х.Д., Фролова С.А., и др. Связь изменчивости Y хромосомы и родовой структуры: генофонд степной аристократии и духовенства казахов // *Вестник Московского университета. Серия XXIII Антропология.* - 2014. - №1. - С.96-101.
- 16 Balanovsky O., Zhabagin M., Agdzhoyan A., et al. Deep Phylogenetic Analysis of Haplogroup G1 Provides Estimates of SNP and STR Mutation Rates on the Human YChromosome and Reveals Migrations of Iranic Speakers // *PlosOne.* - 2015. - Vol.10, №4. - e0122968.
- 17 Zhabagin M., Balanovska E., Sabitov Zh., et al. The Connection of the Genetic, Cultural and Geographic Landscapes of Transoxiana // *Scientific Reports.* - 2017. - Vol.7. - e0122968.
- 18 Di Cristofaro J., Pennarun E., Mazières S., et al. Afghan Hindu Kush: where Eurasian sub-continent gene flows converge // *PlosOne.* - 2013. - Vol.8, №10. - e76748.
- 19 Dulik M.C., Zhadanov S.I., Osipova L.P., et al. Mitochondrial DNA and Y chromosome variation provides evidence for a recent common ancestry between Native Americans and Indigenous Altaians // *Am J Hum Genet.* - 2012. - Vol.90, №3. - P.229-246.
- 20 Myres N.M., Rootsi S., Lin A.A., et al. A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe // *Eur J Hum Genet.* - 2011. - Vol.19, №1. - P.95-101.
- 21 Cai X., Qin Z., Wen B., Xu S., et al. Human migration through bottlenecks from Southeast Asia into East Asia during Last Glacial Maximum revealed by Y chromosomes // *PlosOne.* - 2011. - Vol.6, №8. - e24282.
- 22 Karafet T.M., Mendez F.L., Meilerman M.B., et al. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree // *Genome Res.* - 2008. - Vol.18. - P.830-838.
- 23 Athey T.W. Haplogroup Prediction from Y-STR Values Using an AlleleFrequency Approach // *Journal of Genetic Genealogy.* - 2005, Vol.1. - P.1-7.
- 24 Excoffier L., Laval G., Schneider S. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis // *Evolutionary Bioinformatics Online.* - 2005. - Vol.1. - P.47-50.
- 25 Аширбеков Е.Е., Ботбаев Д.М., Белкожаев А.М., Абайлдаев А.О., Неупокоева А.С., Мухатаев Ж.Е., Алжанулы Б., Шарафутдинова Д.А., Мукушкина Д.Д., Рахымгожин М.Б., Хансеитова А.К., Лимборская С.А., Айтхожина Н.А. Распределение гаплогрупп Y-хромосомы казахов Южно-Казахстанской, Жамбылской и Алматинской областей // *Доклады НАН РК.* - 2017. - №6. - С.25-30.

References

- 1 Abilev S., Malyarchuk B., Derenko M., Wozniak M., Grzybowski T., Zakharov I. (2012) 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.*, vol.84, pp.79-89.
- 2 Akimbekov S.M. (2011) Formula trekh [Formula of three]. *Ekspert Kazakhstan*, no.21, pp.21-23.
- 3 Alpyshbes M. Shezhire kazakhov: istochniki i traditsii [Shezhire of Kazakhs: sources and traditions]. Astana, 2013, pp.240.
- 4 Aristov N.A. Zametki ob etnicheskom sostave tiurskikh plemen i narodnostei i svedeniia ob ikh chislennosti [Notes on ethnic composition of türkc tribes and Nations and information on their number]. SPb.: tip. S.N. Khudekova, 1897, pp.182.
- 5 Ashirbekov E.E., Botbaev D.M., Belkozhaev A.M., Abayldaev A.O., Neupokoeva A.S., Mukhataev J.E., Alzhanuly B., Shara-futdinova D.A., Mukushkina D.D., Rakhymgozhin M.B., Khanseitova A.K., Limborska S.A., Ayt Khozhina N.A. (2017) Raspredelenie gaplogrupp Y-khromosomy kazakhov Iuzhno-Kazakhstanskoi, Zhambylskoi i Almatinskoi oblastei [Distribution of Y-chromosome haplogroups of Kazakh from the South Kazakhstan, Zhambyl and Almaty regions]. *Doklady NAN RK*, no.6, pp.25-30.
- 6 Athey T.W. (2005) Haplogroup Prediction from Y-STR Values Using an AlleleFrequency Approach. *Journal of Genetic Genealogy*, vol.1, pp.1-7.
- 7 Balanovsky O., Zhabagin M., Agdzhoyan A., et al. (2015) Deep Phylogenetic Analysis of Haplogroup G1 Provides Estimates of SNP and STR Mutation Rates on the Human YChromosome and Reveals Migrations of Iranic Speakers. *PlosOne*, vol.10, no.4, e0122968.
- 8 Cai X., Qin Z., Wen B., Xu S., et al. (2011) Human migration through bottlenecks from Southeast Asia into East Asia during Last Glacial Maximum revealed by Y chromosomes. *PlosOne*, vol.6, no.8, e24282.
- 9 Di Cristofaro J., Pennarun E., Mazières S., et al. (2013) Afghan Hindu Kush: where Eurasian sub-continent gene flows converge. *PlosOne*, vol.8, no.10, e76748.

- 10 Dulik M.C., Zhadanov S.I., Osipova L.P., et al. (2012) Mitochondrial DNA and Y chromosome variation provides evidence for a recent common ancestry between Native Americans and Indigenous Altaians. *Am J Hum Genet.*, vol.90, no.3, pp.229-246.
- 11 Excoffier L., Laval G., Schneider S. (2005) Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, vol.1, pp.47-50.
- 12 Gumilev L.N. *Drevniaia Rus' i Velikaia step'* [Ancient Rus and the Great steppe]. M.: Mysl', 1989, pp.766.
- 13 Hammer M.F. (1995) A recent common ancestry for human Y chromosomes. *Nature*, vol.378, pp.376-378.
- 14 Hammer M.F., Zegura S.L. (2002) The human Y chromosome haplogroup tree: nomenclature and phylogeography of its major divisions. *Annu Rev Anthropol.*, vol.31, pp.303-321.
- 15 Ismagulov O. *Etnicheskaia antropologiya Kazakhstana: somatologicheskoe issledovanie* [Ethnic anthropology of Kazakhstan: somatological study]. *Nauka Kazakhskoi SSR*, 1982, pp.256.
- 16 Karafet T.M., Mendez F.L., Meilerman M.B., et al. (2008) New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome Res.*, vol.18, pp.830-838.
- 17 Myres N.M., Rootsi S., Lin A.A., et al. (2011) A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe. *Eur J Hum Genet.*, vol.19, no.1, pp.95-101.
- 18 Quintana-Murci L., Chaix R., Wells R.S., et al. (2004) Where West Meets East: The Complex mtDNA Landscape of the Southwest and Central Asian Corridor. *Am J Hum Genet.*, vol.74, pp.827-845.
- 19 Stepanov V.A., Kharkov, V.N., Puzyrev V.P. (2006) *Evoliutsiia i filogeografiia linii Y-khromosomy cheloveka* [The Evolution and phylogeography of human Y-chromosome line]. *Vestnik VOGiS*, no.1, pp.57-73.
- 20 Temirgaliev R. *Iz istorii kazakhskogo triedinstva. K voprosu o vzniknovenii zhuzov* [From the history of the Kazakh Trinity. The question of the emergence of zhuzes]. <http://www.centrasia.ru/newsA.php?st=1210748460>, 2008.
- 21 Underhill P.A., Passarino G., Lin A.A., Shen P., Mirazón Lahr M., Foley R.A., Oefner P.J., Cavalli-Sforza L.L. (2001) The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations. *Ann Hum Genet.*, vol.65, pp.43-62.
- 22 Vostrov V.V., Mukanov M.S. *Rodoplemennoi sostav i rasselenie kazakhov (konets XIX – nachalo XX vv.)* [Clan-tribal structure and resettlement of Kazakhs (late XIX – early XX centuries)]. *Alma-Ata*, 1968, 165 p.
- 23 Zhabagin M., Balanovska E., Sabitov Zh., et al. (2017) The Connection of the Genetic, Cultural and Geographic Landscapes of Transoxiana. *Scientific Reports*, vol.7, e0122968.
- 24 Zhabagin M.K., Dibirova H.D., Frolova S.A., et al. (2014) *Sviaz' izmenchivosti Y khromosomy i rodovoi struktury: genofond stepnoi aristokratii i dukhovenstva kazakhov* [The relationship of the variability of the Y chromosome and family structure: the gene pool of steppe aristocracy and clergy of the Kazakhs]. *Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya XXIII Antropologiya*, no.1, pp.96-101.
- 25 Zhivotovsky L.A., Underhill P.A., Cinnioglu C. et al. (2004) On the effective mutation rate at Y-chromosome STRs with application to human population divergence time. *Am J Hum Genet.*, vol.74, pp.50-61.