

УДК 39+929.51

ЭТНИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ КАЗАХОВ ПО СУБКЛАДАМ ГАПЛОГРУППЫ Y-ХРОМОСОМЫ C2

Анатолий Матвеевич Тюрин

кандидат геолого-минералогических наук

Оренбургский государственный университет, Оренбург, Россия

E-mail: amturin1952@bk.ru

А н н о т а ц и я

Гаплогруппы Y-хромосомы (передаются по мужской линии) C2, O и D принято называть монгольскими. У казахов Казахстана 40–52 % носителей гаплогруппы C2, 8 % — O и до 1 % — D. Всего монгольских гаплогрупп у казахов — 49–60 %. По наличию указанных показателей казахи практически не отличаются от калмыков. В гаплогруппе C2 выделено четыре субклада: C2a1a2a-M48(×M504) доминирует у калмыков; C2a1a2b-M48(M504) по частоте у калмаков (джунгары), C2b-F1067 «Халха» доминирует у монголов-халха, и C2-Y10418 «Авары» этнически не идентифицирован. Калмыки и калмаки (джунгары) — монголы-ойраты. Такое распределение частот субкладов позволяет рассмотреть этническую идентификацию казахов, носителей гаплогруппы C2. Нами рассмотрен 21 массив данных популяционной генетики (число тестированных — 6484), характеризующих казахов по регионам проживания, жузам и родам. В этногенез казахов Старшего жуза определяющий вклад внесли калмаки, Младшего — калмыки. Их вклад в генетический портрет родов Среднего жуза дифференцированный. Монголов-халха на территории формирования этноса казахов (восточная часть улуса Джучи и северная часть улуса Чигатая) не имелось. Частоты субклада «Халха» у казахов — на уровне его частот у калмыков. Исключения составляют казахи Туркестанской области, у которых 20 % носителей субклада «Халха». Главный механизм формирования этноса казахов — социальный. Первоначально Казацкие орды формировались так же, как и в Восточной Европе — из отдельных людей, вышедших из разных социальных систем. Позднее отдельные рода ойратов переходили в казацкие орды из жесткой феодальной структуры Калмыцкого и Джунгарского ханств. Второй по значимости механизм — создание совокупности шежере как национального мифа казахов.

К л ю ч е в ы е с л о в а

Казахи, монголы-ойраты, монголы-халха, Y-хромосома, гаплогруппа C2, субклады, этногенез.



UDC 39+929.51

ETHNIC IDENTIFICATION OF THE KAZAKHS BY SUBCLADS OF THE Y-CHROMOSOME HAPLOGROUP C2

Anatoliy M. Tyurin

Candidate of Geological and Mineralogical Sciences

Orenburg State University, Russia

E-mail: amturin1952@bk.ru

Annotation

Y-chromosome haplogroups (transmitted through the male line) C2, O and D are called Mongolian. Among the Kazakhs of Kazakhstan, 40–52 % are carriers of haplogroup C2, 8 % are carriers of O and up to 1 % are carriers of D. In total, Mongolian haplogroups are 49–60 %. In this indicator, Kazakhs are practically no different from Kalmyks. Four subclades have been identified in haplogroup C2: C2a1a2a-M48(×M504) «Kalmyks» (dominant in frequency among Kalmyks), C2a1a2b-M48(M504) «Kalmaks» (dominant among Kalmaks), C2b-F1067 «Khalkha» (dominant among the Khalkha Mongols) and C2-Y10418 «Avars» (not ethnically identified). Kalmyks and Kalmaks (Dzungars) are Oirat Mongols. Such distribution of subclade frequencies allows ethnic identification of Kazakhs, carriers of haplogroup C2. 21 arrays (number of tested — 6484) of population genetics data characterizing Kazakhs by regions of residence, zhuzes and clans were considered. Kalmaks made a decisive contribution to the ethnogenesis of Kazakhs of the Senior zhuz, Kalmyks — to the Junior zhuz. Their contribution to the genetic portrait of the clans of the Middle zhuz is differentiated. There were no Khalkha Mongols in the territory of formation of the Kazakh ethnic group (the eastern part of the Jochi ulus and the northern part of the Chigatai ulus). The frequencies of the Khalkha subclade among them are at the level of its frequencies among Kalmyks. The exception is the Kazakhs of the Turkestan region. They have 20 % of its carriers. The main mechanism of formation of the Kazakh ethnic group is social. Initially, the Kazakh hordes were formed in the same way as in Eastern Europe. From individuals who came from different social systems. Later, individual Oirat clans moved from the rigid feudal structure of the Kalmyk and Dzungar Khanates to the Kazakh hordes. The second most important mechanism is the creation of the shezhire as a national myth of the Kazakhs.

Key words

Kazakhs, Oirat Mongols, Khalkha Mongols, Y chromosome, haplogroup C2, subclades, ethnogenesis.

ВВЕДЕНИЕ

Казахи — тюркоязычный этнос, мусульмане-сунниты. Их численность в настоящее время составляет примерно 17 млн. Помимо Казахстана, проживают в России, Китае, Узбекистане, Монголии. Самоназвание — «Қазақ» (Qazaq). В XVII–первой четверти XVIII вв. у казахов сформировалось три жуза, состоящих из четко обособленных родов. Старший жуз занимает территорию Южного Казахстана, Средний — Центрального, Северного и Восточного Казахстана. Младший — Западного Казахстана.

У монголов две субпопуляции — халха и ойраты (восточные и западные). Известны две крупные миграции монголов на запад за пределы территории их проживания в Центральной Азии. Первая — в процессе монгольских завоеваний XIII в. В ней приняли участие халха и ойраты. Вторая — переход ойратов в Сынцзян, Семиречье и Северный Прикаспий в первой половине XVII в. В результате первой миграции были сформированы улусы Джучи и Чигатай, второй — Калмыцкое ханство в Северном Прикаспии, а также Джунгарское в Семиречье и Сынцзяне. Монголы-ойраты, мигрировавшие в Северный Прикаспий, имеют этноним *калмыки*. Те, кто создал Джунгарское ханство (XVII в.–1759 г.), — калмаки. В русских письменных свидетельствах последних называют зюнгарами, в специальной литературе — джунгарами. Была и миграция калмаков (джунгар) с территории Джунгарского ханства в другие местности после его разгрома войсками империи Цин в 1755–59 гг. Одна их группа численностью 9 тыс. кибиток ушла в Ферганскую долину, другая — 3 тыс. кибиток — через Памир и Шугнан в Бадахшан (Афганистан). Еще одна группа — 2,5 тыс. кибиток — мигрировала в пределы Калмыцкого ханства (Тюрин, 2024а).

Все выполненные нами этнические идентификации маркеров популяционной генетики являются условными. Гаплогруппы Y-хромосомы (передаются по мужской линии) C2, O и D называют монгольскими. У монголов (N=852, N — число тестированных) их частоты 58,1, 16,7 и 0,8 % соответственно (Дамба и др., 2018), у калмыков Калмыкии (N=207) частоты первых двух гаплогрупп 59,4 и 4,5 % (Balanova, et al., 2019). Это генетические маркеры (от термина «генезис») монголов в Восточной Европе и Азии. Гаплогруппа C2 является генетическим маркером собственно монголов. Гаплогруппа O по частоте доминирует у китайцев, гаплогруппа D — у корейцев и японцев. Эти две гаплогруппы попали к монголам от соседних популяций. Носители монгольских гаплогрупп имеются у казахов, киргизов, узбеков, башкир, татар, ногайцев и других популяций (Тюрин, 2017а).

По результатам изучения и рассмотрения данных популяционной генетики, характеризующих караногайцев и кубанских ногайцев, нами сделан вывод: ногаи Большой и Малой орд изначально являлись популяциями Северного Кавказа (Тюрин, 2019). Подтвержден важный элемент реконструкций В.В. Трепавлова (2016) — уход в конце XIV в. мангытов (один из кланов аристократии в западной части улуса Джучи) с предками ногаев с Северного Кавказа в регионы восточнее Волги. Там сформировалась Большая ногайская орда (район рек Урала, Ишима, Эмбы, Ори, Иргиза, Самары, Большого и Малого Узеней). С переселением ногаев за Волгу связан поток генов с Северного Кавказа в восточном направлении

и в Среднюю Азию. В первой четверти XVII в. Большая ногайская орда была разгромлена калмыками. Отдельные её племенные объединения в составе калмыцких улусов в середине указанного века перешли Волгу в западном направлении.

В последние несколько лет в рамках популяционной генетики выполнены широкомасштабные исследования казахов, как популяции. Результаты в целом соответствуют представлениям о прошлом территории улусов Джучи и Чигатай, сформированным по письменным свидетельствам. В формирование популяции казахов значимый вклад внесли монголы и ногаи. Был также вклад и населения, которое проживало на этой территории до прихода монголов. Имеющиеся данные популяционной генетики, характеризующие казахов, в частности частоты субкладов гаплогруппы Y-хромосомы C2, позволяют продвинуться в формировании естественнонаучных основ реконструкции их этногенеза. Это и было целью исследования, результаты которого отражены в настоящей статье.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Рассмотрен 21 массив (число тестированных — 6484) данных популяционной генетики (частоты гаплогрупп Y-хромосомы, субкладов и линий гаплогруппы C2), характеризующих казахов по регионам проживания, жузам и родам.

Ранее по YTree гаплогрупп Y-хромосомы (YTree) мы выделили шесть субкладов гаплогруппы C (Тюрин, 2024-б). Субклады C-Y11591 «Сунгирь» и C-K281 «Костёнки» древние. У современных популяций они встречаются крайне редко. Остальные четыре субклада гаплогруппы C2 характерны для монголов, уточненные по Y-DNA (Y-DNA): C2a1a2a-M48(×M504) «Калмыки», C2a1a2b-M48(M504) «Калмаки» (ранее «Хазарейцы»), C2b-F1067 «Халха» (ранее «Монголы-халха») и C2-Y10418 «Авары». Имелись проблемы с привязкой номенклатуры субкладов и линий, применявшихся в ранних публикациях, к актуальным YTree и Y-DNA. Их привязка решалась на основе опубликованной литературы, справочников и информации на специализированных форумах.

ОБСУЖДЕНИЕ

Среди монголоязычных популяций выделяют 4 доминантных субклада: «In Altaic-speaking populations, especially most Mongolic-speaking populations, there are four predominant paternal lineages of C2*-M217 clade, including C2b1a3a1-F3796 (previous C3*-Star Cluster), C2a1a1b-M48, C2b1a1a1a-M407 and C2a1a1a2a-F1756» (Wen, 2020). Субклад C2b1a3a1-F3796 непосредственно восходит к субкладу C2a1a2b-M48(M504) «Калмаки» (Y-DNA), субклад C2a1a1b-M48 соответствует субкладу C2a1a2a-M48(×M504) «Калмыки», субклад C2b1a1a1a-M407 является дочерним субклада C2b-F1067 «Халха», субклад C2a1a1a2a-F1756 — субклада C2-Y10418 «Авары».

Авторы публикации (Huang, et al., 2018) изучили структуру гаплогруппы C2 у жителей Китая, включая восточную часть Внутренней Монголии. Исследователи отметили: «a sublineage of C2b-F1067 and C2b1a1a1-M407, is one of the founding paternal lineages of Mongolic-speaking populations. [...] The Y-chromosome haplogroup

C2c1a1a1-M407 is a predominant paternal lineage in Mongolic-speaking populations, especially in Buryats and Kalmyks. [...] the newly defined subclade of C2c1a1a1-M407, probably represents the genetic relationships between ancient Oyrats, modern Kalmyks, Mongolians, and Buryats». В YTree субклад C-F1067 является родительским по отношению к субкладу C2b1a1a1-M407. Иными словами, данный субклад выступает одним из основных у популяций Китая, говорящих на монгольском языке. Это без учета жителей Синьцзяна и западной части Внутренней Монголии — регионов, ближайших к зоне компактного проживания ойратов. И он не доминирует по частотам у калмыков (N=91) (Malyarchuk, et al., 2012). Доминирует субклад «Калмыки» (линии M77 и M86) — 45,1 %. Частота остальных субкладов гаплогруппы C2 составляет 5,1 %.

Авторы другой публикации продолжают настаивать на «a sub-branch of M407, which is a dominant paternal lineage of Oirat populations» (Wu, et al., 2020). При этом ссылаются на статью калмыцкого исследователя (Balinova, et al., 2019). Однако это не соответствует приведенным в ней фактическим данным.

В Y-DNA субклад M407 входит в субклад C2b-F1067 «Халха». Таким образом, снимаются наши сомнения: знак вопроса в публикации (Тюрин, 2024б). Отмеченный субклад является доминирующим по частотам у восточных монголов (халха), а также у популяций восточного Китая.

В публикации (Wei, et al., 2017) рассмотрена геногеография (по гаплотипам в базе данных по популяциям восточной Евразии) субклада C2-F1756, являющегося дочерним субклада «Авары». Максимум его частот наблюдается на территории центральной и восточной Монголии. Носители субклада имеются у алтайцев, телеутов, узбеков и калмыков, а также и у народности хуэй (Китай), в культурном отношении не отличающейся от китайцев, но исповедующей ислам. Рассмотренный субклад непосредственно восходит к субкладу C2-Y5260 (Тюрин, 2024б), включающему результаты тестирования останков людей в древних погребениях на территории Монголии и Венгрии.

Структурирование гаплогруппы C2 монголов авторы публикации (Дамба и др., 2018) выполнили по четырем субкладам (N=852). Наша их идентификация: C2b1a1-F3918 (6,9 %) — «Авары», C2b1a3-F3791 (30,1 %) — «Калмаки», C2b1a2a-M86 (45,9 %) — «Калмыки», C2c1-F2613 (16,6 %) — «Халха». Типизировано только до C2*-M207 — 0,6 %. В публикации не указано, каких монголов характеризует этот большой массив данных. Судя по определенной нами этнической структуре гаплогруппы, в нем доминируют монголы северо-запада Монголии — зоны проживания ойратов.

Работа нашего метода этнической идентификации субкладов гаплогруппы C2 иллюстрируется на примере ойратов (Balinova, 2019) (Табл. 1). Линии B469 (YTree, Y-DNA) и F6379 (Y-DNA) в таблице 1 входят в субклад C2a1a2a-M48(×M504) «Калмыки».

Общие выводы по нашей этнической идентификации субкладов гаплогруппы C2 (Табл. 1):

1. У ойратов, кроме дербетов России, по частотам резко доминирует субклад «Калмыки» — до 100 % у хошеутов Монголии.

2. У калмыков на территории России не выявлено носителей субклада «Калмаки». Между тем у других популяций, кроме хошутов Монголии, они представлены довольно значимо.

3. Субклад «Халха» значимо представлен у всех популяций, кроме хошутов Монголии. Соотношение его частот с суммарными частотами ойратов (кроме дербетов России и хошутов Монголии) — 3,3...13,9 %.

Таблица 1

Монголы-ойраты. Частоты (%) субкладов гаплогруппы Y-хромосомы C2 (Valinova, 2019)

и их этническая идентификация (А.М. Тюрин, 2025 г.)

Линии	Россия, калмыки			Кит.	Монголия			Этническая идентификация (А.М. Тюрин)
	Дербеты	Торгуты	Хошуты	Калмыки, Синьцзян	Дербеты	Торгуты	Хошуты	
N=	69	58	28	12	40	47	18	
M217	0	0	0	0	2,5	2,1	0	Образцы до субкладов не типизированы
L1373	0	3,4	0	0	0	0	0	
M407	29,0	8,6	3,6	8,3	7,5	14,9	0	C2b-F1067 «Халха»
F914(M401)	0	0	0	16,7	7,5	14,9	0	C2a1a2b-M48(M504) «Калмаки»
M48	0	0	0	0	2,5	4,3	11,1	C2a1a2a-M48(×M504) «Калмыки»
B469	10,1	1,7	0	0	2,5	0	0	
F6379	21,7	41,4	50,0	25,0	50,0	29,8	66,7	
Σойраты:	31,8	43,1	50	41,7	62,5	49	77,8	
Всего C2:	60,8	55,1	53,6	50	72,5	66	77,8	
% ойратов:	52,3	78,2	93,3	83,4	86,2	74,2	100	
Ойрат/хал.:	1,1	5,0	13,9	5,0	8,3	3,3		

Можно из таблицы 1 исключить данные по любой популяции, а затем выполнить ее этническую идентификацию, применяя наши методы. Для всех популяций, кроме дербетов России, результат будет однозначным — ойраты. Для дербетов России — ойраты+халха.

Работоспособность метода этнической идентификации носителей гаплогруппы C2 показана на трёх популяциях.

1. Следы миграций ойратов в XVII и XVIII вв. выявлены в YTree (YTree) у татар Татарстана, Томской, Нижегородской и Рязанской областей (Тюрин, 2024-б). Татары, носители гаплогруппы C2, являются их потомками. Потомков монголов-халха в Восточной Европе, за исключением одного жителя Калмыкии и двух Чечни, не имеется. Житель Калмыкии, скорее всего, калмык. У них по частотам доминирует субклад «Калмыки», но значимо представлен и субклад «Халха» (Табл. 1).

2. Выявлены следы миграции калмаков в XVIII в. Хазарейцы Афганистана и Пакистана являются их потомками (Тюрин, 2024а).

3. У родовых кланов тувинцев частоты гаплогруппы C2 4,4... 43,5 %. Доминируют ее разные субклады — «Калмаки», «Калмыки» и «Халха». Для всех тувинцев структура субкладов гаплогруппы идентична ее структуре у монголов (Тюрин, 2025).

В цитате, приведенной выше, есть примечание: «C2b1a3a1-F3796 (previous C3*-Star Cluster)» (Wen, et al., 2020). При этом дается ссылка на статью (Wei, et al., 2018). Авторы публикации (Zerjal, 2003) выделили кластер гаплотипов и назвали его C3*-Star Cluster. Оказалось, что его модальный гаплотип и гаплотипы, отстоящие от него на 1 и 2 мутации, имеют широкое распространение у носителей гаплогруппы C2. Предположили, что основателем кластера является Чингисхан. Носители гаплотипов кластера являются его прямыми потомками. Их примерно 8% азиатских мужчин (16 миллионов). Авторы публикации (Wei, et al., 2018) эту гипотезу дезавуировали. C3*-Star Cluster является обычным для монголов. По нашей трактовке, относится к субкладу «Калмаки».

Результаты поиска потомков Чингисхана важны для этнических реконструкций. Цифра «16 миллионов» — это оценка «снизу» числа носителей субклада «Калмаки». По данным, приведенным в публикации (Деренко и др., 2007), у калмыков (N=60) число носителей гаплогруппы C2 составляет 50,0 %. Но выявлен всего 1 носитель C3*-Star Cluster. У монголов (N=46) — 56,5 и 34,8 %. Однако, не указан регион сбора генетических данных. У алтайских казахов (N=36) — 50,0 и 8,3 %, у бурят 68,2 и 2,3 %, у эвенков (N=51), сойотов (N=28), хамниган (N=51) носители гаплогруппы C2 составляют 41,2, 53,6 и 54,9 % соответственно. Носителей отмеченного кластера у них не выявлено. В публикации (Abilev, et al., 2012) приведены данные по другим популяциям. У тибетцев (N=222) 2,3 % носителей C3*-Star Cluster, у маньчжур (N=129) — 6,4 %, у уйгуров (N=187) — 3,2 %.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Казахстан

Все казахи

Данные по генофонду казахов (N=1982) приведены в диссертации М.К. Жабалина (2017). Частоты монгольских гаплогрупп Y-хромосомы у них: C2 — 40 %, O — 8 %, D — 1 %. В гаплогруппе C2 выделено три субклада: C2*-M207 (17 %), C2b1a2-M48 (19 %) и C2c1a1a1-M407 (4 %). Субклад C2-M48 соответствует субкладу «Калмыки», а M407 — «Халха». Другие субклады не идентифицированы (попали в C2*-M207). Аномально высокий процент носителей субклада «Калмыки» у двух родовых объединений Младшего жуза — алимулы (N=145) — 77 % и байулы (N=130) — 69 %.

Результаты другого исследования всех казахов Казахстана (N=1164) приведены в публикации (Khussainova, et al., 2022): C2 — 51,9 %, O — 8,2 %, D — 1 человек, G1 (M285) — 7,1 %, J2 (M172) — 3,5 %, N (M231) — 6,9 %, Q (M242) — 3,1 %, R1a1a-M17 — 6,5 %, R1b-M343 — 5,6 %, Отмечено большое различие генетических портретов казахов разных объединений, родов и подразделений.

Южный Казахстан

В публикации (Ashirbekov, et al., 2023) приведены частоты гаплогрупп и субкладов у казахов Алматинской (N=80), Жамбылской (N=253) и Туркестанской

(N=135) областей Казахстана. Частоты монгольских гаплогрупп: C2 — 48,7 %, O — 4,5 %, D — 0,4 %. Идентификация субкладов гаплогруппы C2: C2a1a1b1-F1756 (2,1 %) — «Авары», C2a1a3-F1918 (33,3 %) — «Калмаки», C2a1a2-M48 (7,3 %) — «Калмыки», C2b1a1a1a-M407 (6,0 %) — «Халха». У казахов Жамбылской области наибольшие частоты субкладов «Калмаки» — 41,1 % и гаплогруппы J1-M267 — 13,8 %. Но у них не выявлены носители субклада «Халха». Данный субклад имеет высокие частоты у казахов Туркестанской области — 20,0 %.

В публикации (Zhabagin, et al., 2022) приведены результаты изучения популяций западной части Центральной Азии: казахи (N=22, Южный Казахстан), узбеки (N=20, Казахстан, Туркестанская область), каракалпаки (N=17, Узбекистан), туркмены (N=20, Туркменистан), таджики (Таджикистан), карлуки (Таджикистан, Хатлонская область), киргизы (N=20, Киргизстан), уйгуры (N=19, Казахстан, Алматинская область), дунгане (N=20, Казахстан, Алматинская область) и хазарейцы (N=20, Афганистан), карлуки (N=9, Таджикистан), таджики (N=20, Таджикистан). У карлуков и таджиков носители гаплогруппы C2 не выявлены. У остальных популяций (N=158) следующие частоты её субкладов: «Авары» — 6,3 %, «Калмаки» — 15,8 %, «Калмыки» — 2,5 %, «Халха» — 3,2 %. У казахов, носителей гаплогруппы C2, резко доминирует субклад «Калмаки» — 45,5 %. Он значимо представлен у каракалпаков, киргизов, уйгуров и хазарейцев. Частота субклада «Халха» у казахов — 9,1 %. У туркмен, киргизов и хазарейцев значимо представлен субклад «Авары». Наибольшие его частоты у хазарейцев — 30,0 %. У них 15,0 % носителей субклада «Калмаки». Суммарное число носителей ойратских субкладов в этом массиве данных почти в шесть раз превышает число носителей субклада «Халха».

Бассейн Сырдарьи

Данные по популяциям исторического региона Трансоксианы (бассейн Сырдарьи от Ферганской долины до ее низовьев и низовья Амударьи) приведены в публикации (Zhabagin, et al., 2017). В гаплогруппе C2 выделен её субклад C2b1a2-M48 и оставшаяся часть C2*-M217(×M48). Субклад идентифицирован как «Калмыки». Три других монгольских субклада попали в C2*-M217(×M48). У казахов присырдарьинского региона Казахстана следующие частоты гаплогруппы C2 и субклада «Калмыки»: зона Арыси (N=119) — 68 и 7 %, зона Чимкента (N=55) — 44 и 4 %, Жанакорганский район (N=94) — 28 и 18 %, Казалинский район (N=81) — 68 и 62 %. Первые две зоны входят в регион проживания казахов Старшего жуза. Последний район — Младшего жуза. Жанакорганский район — территория их контактов.

В популяциях Узбекистана: каракалпаки Нукусского района (N=100) — 28 и 9 %, узбеки зон Ташкента (N=52) — 8 и 4 %, и Хорезма (N=98) — 10 и 9 %. В Фергане частота гаплогруппы C2 у узбеков 18 %. Носителей субклада «Калмыки» не выявлено. Последняя аномалия объясняется однозначно. В 1759 г. в Ферганскую долину пришли калмаки.

Старший жуз

Старший жуз казахов включает рода албан, дулат, ошакты, суан, шапрашты, ысты, сары-уйсун, жалайыр, сиргели, шанышкылы, канлы и шакшам. Территория их расселения — Семиречье и Южный Казахстан. Численность более 1,5 млн (Ракишев, 2015). Первые шесть родов входят в объединение Уйсун. Частоты гаплогрупп

Y-хромосомы (N=567) по родам жуза приведены в публикации (Аширбеков и др., 2018). Частоты монгольских гаплогрупп: C2 — 52,6 % (в том числе C3(×) — 2,1 %), O — 2,3 %. Идентификация субкладов гаплогруппы C2: C3-M401 (45,0 %) — «Калмаки», C3c-M86 (5,3 %) — «Калмыки», C3-M407 (0,2 %) — «Халха». У казахов Старшего жуза доминируют субклады ойратов — 50,3 %. Носителей субклада «Халха» практически не имеется. Отличительная особенность рода уйсун (N=104) — высокие частоты гаплогруппы N — 16,3 % (Сабитов, Жабагин, 2015). Частоты гаплогруппы C2 — 59,6 %

Средний жуз

Средний жуз казахов включает рода аргын, керей, кыпшак, найман, уак и конырат. Численность 4,8 млн (Ракишев, 2015). Относительно полные данные по структуре гаплогруппы C2 имеется по родам аргын, кирей, найман и кыпшак. В конце XIX в. казахи рода аргын проживали на территории междуречья Ишима и Иртыша, а также в Сары-арке. В конце XIX в. их численность составляла 450–500 тыс., 15 % от общей численности казахов (3055–3340 тыс.) (Жабагин и др., 2016). Авторы последней публикации по данным популяционной генетики попытались выявить элементы этногенеза аргынов. Их генетический портрет (N=384) имеет яркую особенность — резкое доминирование по частотам гаплогруппы G1-M285 — 66,9 %. Гаплотипы гаплогруппы G1-M285 образуют кластер. Время жизни его основателя 600±200 лет назад. Гаплогруппу C2 у аргынов — 8,9 %, авторы связали с экспансией монголов. Выделено два её субклада C2*-V217 — 3,9 % и C2b1a2-M48 — 4,9 %. Последний «Калмыки» и «Калмаки». Частота гаплогруппы O у аргынов — 2,1 %. Гаплогруппа G1 представлена линией L1323, характерной для казахов. В YTree ее сформировали 7 жителей Казахстана и 1 тестированный, нелокализованный географически. Линия входит в субклад G-Z3353, включающий мужчин из разных популяций, локализованных от Европы до Аравийского полуострова. Но представителей популяций Кавказа в субкладе не имеется. При наличии общего предка у большинства аргынов, носителей гаплогруппы G1-M285, жившего недавно, выполнить их этническую идентификацию не представляется возможным.

Род аргын включает подразделение мажар, локализованное в Кустанайской области. У него (N=45) резко доминирует гаплогруппа G1 — 86,7 % (Biro, et al., 2009). Монгольских гаплогрупп не выявлено.

В конце XIX в. подразделения рода кирей были локализованы на территории Северного и Восточного Казахстана. Общая его численность составляла 60–70 тыс. (Zhabagin, et al., 2024). Сегодня — 350 тыс. Киреи проживают в Западной Монголии, в Китае (Синьцзян-Уйгурский автономный район и провинция Ганьсу), а также в России (территории, сопредельные с Восточным Казахстаном). В последней публикации приведены результаты их тестирования (Казахстан, N=158, Монголия, N=21, Китай, N=19, Россия, N=9). По частотам доминируют носители гаплогруппы C2 — 85,8 %. Частота гаплогруппы O — 0,5 %. Структура гаплогруппы C2: «Авары» — 2,9 %, «Калмаки» — 79,6 %, «Калмыки» — 1,9 %, «Халха» — 1,4 %.

В роде кирей два подразделения. У абак (N=53) резко доминирует субклад C2a1a3a1a (69,8 %), у ашамайлы (N=154) — C2a1a3a1b1 (77,3 %) (Zhabagin, 2024).

Оба субклада — «Калмаки». В подразделение абак входит клан меркит. Его генетический портрет (N=63) приведен в публикации (Файзов и др., 2023): C2 — 15,9 %, O — 12,7 %, D — 1,6 %. В гаплагруппе C2 превалирует субклад «Калмаки».

В рамках поиска потомков Чингисхана авторы публикации (Abilev, et al., 2012) изучили гаплотипы рода кирей. У подразделения абак (N=28) 25 носителей гаплогруппы C2. Из них 89,3 % имеют гаплотипы C3*-Star Cluster, у ашамайлы (N=20) — 11 и 55,0 % соответственно.

Казахи рода найман в конце XIX в. по численности доминировали в крайней восточной части Казахстана. Проживали среди казахов других родов в бассейне Сырдарьи, в междуречье Ишима и Иртыша, а также в Сары-Арке. Численность — 400 тыс. На сегодня — 940 тыс. (Ракишев, 2015). Генетический портрет рода найман для казахов является аномальным. Частоты гаплогрупп (N=336): O — 44 %, C2 — 38 %, N — 7 % (Жабагин, 2017). Доминирует гаплогруппа O. По кластеру ее гаплотипов время жизни общего предка 400±100 лет назад. У калмыков Синьцзяна (N=12), соседей найманов, частота гаплогруппы O составляет 25,0 % (Balnova, et al., 2019). В публикации (Ashirbekov, et al., 2024) приведены три субклада, доминирующие по частотам у казахов рода найман (N=227): O2a2 — 40 %, C2a1a2 — 18 % и R1b — 13 %. Субклад C2a1a2 — это «Калмыки».

У рода кыпшак (N=48) по частотам доминирует гаплогруппа J2 — 52,1 %. Частоты монгольских гаплогрупп: C2 — 6,3 %, O — 2,1 % (Сабитов, 2015).

Младший жуз

Младший жуз казахов состоит из трех родовых объединений — алимулы (810 тыс.), байулы (1120 тыс.) и жетыру (580 тыс.) (Ракишев, 2015). Два первых в письменных свидетельствах ранее фигурировали как алчины (алшины). В конце XIX в. жуз занимал территорию Западного Казахстана и низовья Сырдарьи.

В публикации (Баймуханов, Баимбетов, 2019) приведены результаты тестирования представителей всех шести родов объединения алимулы (N=51). По частотам резко доминирует гаплогруппа C2 — 92,2 %. Выявлено пять ее субкладов и линий. Их этническая идентификация:

- линия C-F1756 субклада C2-Y10418 «Авары» — 2,0 %;
- линия C-Y15552 субклада C2a1a2a-M48(×M504) «Калмыки» — 76,5 %;
- линия F7472 субклада C2a1a2a-M48(×M504) «Калмыки» — 3,9 %;
- линия C-F1918 субклада C2a1a3-M48(M504) «Калмаки» — 7,8 %;
- субклад C2b-F1067 «Халха» — 2,0 %.

Суммарная частота субклада «Калмыки» — 80,4 %. Это соответствует этнической идентификации, ранее выполненной нами на основе сравнительного анализа генетических портретов казахов объединения алимулы и калмыков рода торгут (Тюрин, 2020).

Подавляющее большинство казахов объединений алимулы и байулы, носителей гаплогруппы C2a1a2-M48, восходит к общему прародителю (Zhabagin, et al., 2021). Исходя из этого, наша этническая идентификация объединения алимулы соответствует и байулы.

Казахи рода жагалбайлы объединения Жетыру проживают в восточной части Оренбургской области и на сопредельных территориях Казахстана. Информация об

их прошлом приведена в публикации (Рахимов, 2022). Генетический портрет рода (N=9) специфический. По частотам доминирует гаплогруппа O — 4 ее носителя. По одному носителю гаплогрупп C2, G1, N, R1b и субклада R1b1a2. Для одного образца гаплогруппы O выполнен анализ Big Y-700. Определена ее линия — MF30881. Таковую же линию в YTree имеет один житель восточного Китая. Она входит в субклад O-CTS3776. Всего в YTree результаты тестирования пяти жителей Казахстана (2 — казахи). Все попали в отмеченный нами субклад. В нем жители Китая (в том числе 1 монгол и 1 уйгур) и всего четверо — сопредельных стран. Этим мы выделили субклад O-CTS3776 «Китайцы», носители которого имеются у казахов, монголов и уйгуров. Он по частотам доминирует у казахов рода джагалбайлы.

Россия

Имеются два массива фактических данных по казахам Южного Алтая: западных (N=30) и восточных (N=89) (Dulik, et al., 2011). В гаплогруппе C2 выделен ее субклад C2b1a2-M48 («Калмыки») и оставшаяся часть C2*-M217(×M48). Частоты гаплогруппы C2 и субклада «Калмыки» у западных казахов — 40,0 и 16,7 %, у восточных — 60,7 и 15,7 %. Частота гаплогруппы O2a2b1-M131 у западных казахов — 3,3 %, у восточных — 33,7 %. У западных значимо представлена гаплогруппа R1b1a1b-M269 — 10,0 %.

Китай

В Синьцзяне проживает 1,25 млн этнических казахов. Фактические данные по казахам Алтая (N=209) приведены в публикации (Wang, 2023). Частоты монгольских гаплогрупп: C2 — 64,1 %, O — 4,8 %, D — 5,5 %. Идентификация субкладов гаплогруппы C2: C2a1a1b1-F1756 (2,9 %) — «Авары», C2a1a3-F1918 (49,8 %) — «Калмаки» (F1918 — одна из его линий, Y-DNA), C2a1a2-M48 (9,7 %) — «Калмыки», C2b1a1a1a-M407 (1,4 %) — «Халха», C2b-F8456 (1 носитель). У казахов значимо представлена гаплогруппа R1a1a-M17/M198 — 8,1 %. Она является родительской для гаплогруппы R1a-Z93 и доминирует по частотам у алтайцев, соседей алтайских казахов.

В публикации (Wang, 2023) приведены данные и по казахам бассейна Или. Декларировано N=201. Но в «Supplementary Material» фактические данные приведены только по 113 образцам. Частоты монгольских гаплогрупп: C2 — 50,4 %, O — 23,8 %, D — 0,9 %. Идентификация субкладов гаплогруппы C2: C2a1a3-F1918 (43,4 %) — «Калмаки», C2a1a2-M48 (4,2 %) — «Калмыки», C2b1a1a1a-M407 (2,7 %) — «Халха». Для всей выборки: C2 — 55,2 %, O — 28,9 %.

На западе провинции Ганьсу проживает самая восточная группа казахов — аксайские. Данные по ним (N=93) приведены в публикации (Wen, 2020). В гаплогруппе C2 выделен ее субклад C2b1a2-M48 («Калмыки») и оставшаяся часть C2*-M217(×M48). Частоты гаплогруппы C2 и субклада «Калмыки» — 84,9 и 3,2 %. Частоты гаплогрупп O — 3,2, D — 1,1 %. Отмечено, что у этой популяции около 80 % носителей субклада C2b1a3a1-F3796. Доминирует субклад C2-M48. По нашей трактовке это «Калмаки». Гаплотипы этого субклада полностью соответствуют гаплотипам рода кирей (его подразделения абак) в Казахстане. Соответствуют они и C3*-Star Cluster. Время жизни основателя кластера гаплотипов субклада C2-F3796 — 976–1405 лет назад.

Таким образом, результаты этнической идентификации субкладов гаплогруппы Y-хромосомы C2 у казахов можно обобщить следующим образом.

1. У казахов Казахстана 40–52 % носителей гаплогруппы C2, 8 % — O и до 1 % — D. Всего монгольских гаплогрупп 49–60 %. У казахов Китая 50–64 % носителей гаплогруппы C2, 5–24 % — O, 1–6 % — D. Всего 74–75 %. У монголов — 76 %, у калмыков — 64 %. Казахи Казахстана по этому показателю практически не отличаются от калмыков, а казахи Китая — от монголов.

2. У казахов Старшего жуза 52,6 % носителей гаплогруппы C2. По субкладам: «Калмаки» — 45,0 % «Калмыки» — 5,3 %, «Халха» — 0,2 %. Наверняка к Старшему жузу относятся и казахи бассейна Или (Китай). Носителей гаплогруппы C2 у них 50,4 %. По ее субкладам: «Калмаки» — 43,4 %, «Калмыки» — 4,2 %, «Халха» — 2,7 %. Основной вклад в этногенез казахов Старшего жуза внесли калмаки. Но у казахов Туркестанской области повышенные частоты субклада «Халха» — 20,0 %. Скорее всего, среди калмаков, пришедших на территорию Южного Казахстана в XVII в., имелся один род монголов-халха.

3. Четыре рода казахов Среднего жуза имеют разные генетические портреты. У киреев 85,8 % носителей гаплогруппы C2. По субкладам: «Авары» — 2,9 %, «Калмаки» — 79,6 %, «Калмыки» — 1,9 %, «Халха» — 1,4 %. У найманов C2 — 18,0–38 %. Идентифицирован только субклад «Калмыки». У аргынов C2 — 8,9 %. «Калмыки» и «Калмаки» — 4,9 %. У кыпшак C2 — 6,3 %. Вклад ойратов, носителей гаплогруппы C2, в генетический портрет родов Среднего жуза дифференцированный.

4. Подавляющая часть казахов Младшего жуза (алчины) являются потомками калмыков.

5. Частоты субклада «Халха» у казахов находятся на том же уровне, что и у калмыков. Исключением являются казахи Туркестанской области, у которых их 20,0 %.

Можно резюмировать таким образом: в этногенезе казахов участвовали только ойраты. Это соответствует ранее выполненным нами этническим реконструкциям.

Литовские татары в Великом княжестве Литовском (ВКЛ) являлись сословием служилых людей. Оно начало формироваться в конце XIV в., когда Великий князь Витовт после похода в Орду в 1397 г. поселил пленных ордынцев в окрестностях Вильно и Трок (Думин, 2017). Им были пожалованы земли с обязанностью военной службы. На тех же условиях земли получили и многочисленные добровольные переселенцы «из степи». «Среди них мы находим и ордынских царевичей (солтанов) — сыновей и братьев ханов, и потомков младших линий Чингизидов — уланов (огланов), а также князей и мурз — представителей родовой и служилой знати, владевшей в Орде улусами (в ВКЛ они сохраняли свои титулы наравне с литовско-русскими князьями), и рядовых ордынцев, простых воинов. Последние составляли основную массу служилых татар» (Думин, 2017: 310). Татар, простых воинов в ВКЛ, называли казаками. Из служилых татар было сформировано шесть хоругвей (численность примерно по 100 человек) лёгкой конницы (Байтасов, 2021). Позднее татары получили шляхетские привилегии. Были славянизированы, но сохранили мусульманское вероисповедание. К началу XVI в. сформировался субэтнос — литовские татары. В Российской империи татары получили права российского дворянства. Сегодня литовские татары живут в Белоруссии, Польше, Литве и на Украине. Всего их около 12 тысяч. Основная часть (более 7 тысяч) проживает в Белоруссии (Думин и др., 2016).

Литовские татары охарактеризованы двумя независимыми массивами гаплогрупп Y-хромосомы. Один (N=74) сформирован научными методами на территории Белоруссии. Тестировались люди, предки которых до 3-го поколения были литовскими татарами (Панкратов и др., 2014). Второй опубликован в проекте Lithuanian Tatars Nobility (N=42) и характеризует потомков татарской элиты (Думин и др., 2016). Имеются массив гаплогрупп мтДНК и их линий (N=80), а также широкогеномные данные по однонуклеотидному полиморфизму (N=6, передаются по обеим линиям) (Pankratov, et al., 2016). Гаплогруппы мтДНК передаются по женской линии, широкогеномные маркеры — по мужской и женской. Эти данные рассмотрены в контексте реконструкции этногенеза этой изолированной популяции (Панкратов и др., 2014; Рожанский, 2016). Носители монгольских гаплогрупп у литовских татар не выявлены. Наш вывод однозначный: наличие монголов по мужской линии в их предках исключается (Тюрин, 2017б).

По письменным свидетельствам (Байтасов, 2021) и данным популяционной генетики нами выполнена локализация предков литовских татар (Тюрин, 2024в). Они прибыли в ВКЛ практически со всей территории бывшего улуса Джучи, включавшего Северное Причерноморье, Северный Кавказ, Нижнее и Среднее Поволжье, Южный Урал, регион Арала, юг Западной Сибири. Генетический портрет татар характеризует его жителей по состоянию на конец XIV–начало XVI вв. В отмеченный период носителей монгольских гаплогрупп Y-хромосомы C2, O и D в заметном количестве на территории улуса не имелось. Первая крупная миграция носителей монгольских гаплогрупп Y-хромосомы из восточной части Великой степи в западную часть произошла в первой половине XVII в. Мигрантами были ойраты.

Главный элемент этногенеза казахов можно реконструировать через правильное понимание их самоназвания — «казак». Многочисленные толкования этого этнонима рассмотрены в публикации (Ибрагимов, 1960). Общее мнение: в прошлом слово «казак» имело значение «свободный, вольный человек». С этим следует согласиться. Однако имеются замечания.

1. Отнесение слова «казак» к тюркизмам этимологически не доказано.

2. «Свободный, вольный человек» — так только у тех, кто называл себя казаками, и у их потомков. У других сообществ это слово имело оттенок «бродяга, грабитель». В.В. Трепавлов дает другое определение: казак — «изгой, человек вне Юрта» (2016).

3. Почти все исследователи дистанцировались от того, что это слово имеется и в русском языке. Причем, в XVI в. в значениях, отмеченных выше, «свободный человек» у казаков и «бродяга, грабитель» у тех сообществ, которых они беспокоили своей деятельностью.

4. Не рассмотрено социальное значение рассматриваемого слова.

Первое замечание не принципиальное. Второе — очевидное. Казаков первой половины–середины XVI в. характеризует фраза из ответа Московского царства на упреки из Ногайской орды: «...на поле ходят казаки многие: казанцы, азовцы, крымцы, и иные баловни казаков, а и наших украин казаки, с ними, смешавшись, ходят» (Дубман и др., 2000) (ГАОО. Ф. 6. Оп. 3. Д. 5733. Л. 1–7). Это обоснование третьего замечания. Словом «казаки» в XVI в. обозначали военизированные сообщества

окраин Московского царства, сформированные выходцами из него и из кочевых сообществ. К отмеченным в цитате казакам относятся и Казацкие орды на территории Казахстана. В соответствии со свидетельством Рузбихана Исфакхани, в первом десятилетии XVI в. казахи занимают места по окраинам, по сторонам и рубежам степи (Трепавлов, 2016).

Осталось рассмотреть социальное значение слова «казак». В Большой ногайской орде существовала жесткая феодальная система. Отдельные рода ногаев входили в улусы, которыми владели (наследственно) бии и мирзы. Кочевники рода, вышедшего из феодальной системы орды, могли называться казаками. Казаками становились не только отдельные мужчины, но и рода, и даже их объединения. По традициям, сложившимся на территории улуса Джучи, объединение родов, вышедших из юрта, становилось ордой и могло выбрать себе хана, но только из джучидов.

В Калмыцком и Джунгарском ханствах существовала жесткая феодальная система. Господствующим классом были нойоны. Верхние ступени феодальной иерархии занимали тайши. Среди нойонов выделялись «большие тайши», «младшие тайши» и зайсанги. Тайши владели улусами, а зайсанги — их подразделениями (аймаками). Эти владения передавались по наследству. Должности чиновников тоже были наследственными. «На практике власть тайшей, их вассалов и чиновников была почти неограниченной» (Очерки, 1967). Феодалами являлись и высшие представители ламаистского духовенства. К тому же в жизни улусов большую роль играли жены тайшей. А рядом с ойратами кочевали казаки (казахи), жившие по законам военной демократии и сами выбиравшие своих ханов. Их общежитие регламентировалось нормами ислама. Налоги были умеренными. В этих условиях отдельные рода ойратов просто переходили в казахские родовые объединения. Казаками стали и алчины, первоначально являвшиеся калмыками-торгутами. Они сохранили свои степные угодья в низовьях Сырдарьи и северном Приаралье. Для перехода в казаки им понадобилось изгнать своих феодалов и их чиновников. В дополнение считаем нужным отметить, что слово «ойрат» является одной из форм слова «орда».

Таким образом, как минимум с XV в. и до 1771 г. (уход калмыков на родину) на территории улуса Джучи (восточнее Волги) сосуществовало два сообщества, имеющих разную социальную структуру, — ногаи, позднее ойраты, и казаки. Казаки — это члены сообщества, имеющего родовую структуру, военную демократию и выборных ханов из династии джучидов. Казак — вольный (от жесткой феодальной структуры ногаев и ойратов), но не свободный человек (у него обязательства перед своим родом), не грабитель и изгой. Он член юрта (ханства). Главный элемент этногенеза казахов — перманентное становление родов ногаев и ойратов, а также отдельных кочевников. Для этого им необходимо было выйти из феодальных систем Большой ногайской орды, Калмыцкого и Джунгарского ханств.

Автор публикации (Каратаев, 2023) рассмотрел письменные свидетельства (шежире) о происхождении родов Старшего жуза и данные популяционной генетики. Главные выводы исследователя: рода жуза имеют разнородное происхождение; шежире является идеологическим конструктом, созданным для их объединения. Скорее всего, вся совокупность шежире, за редким исключением, является национальным мифом казахов, сформированным в XVIII–XIX вв. Из этого можно сделать практический вывод: анализ данных популяционной генетики на основе шежире не только не имеет смысла, но и является в определенной степени контрпродуктивным.

ВЫВОДЫ

1. В этногенез казахов Старшего жуза определяющий вклад внесли калмаки, Младшего — калмыки. Их вклад в генетический портрет родов Среднего жуза дифференцированный.

2. Монголов-халха на территории формирования этноса казахов (восточная часть улуса Джучи и северная часть улуса Чигатая) не имелось. Частоты субклада «Халха» у них на уровне его частот у калмыков. Исключение составляют казахи Туркестанской области. У них 20 % носителей указанного субклада.

3. Главный механизм формирования этноса казахов — социальный. Первоначально казакские орды формировались так же, как и в Восточной Европе, — из отдельных людей, вышедших из разных социальных систем. Позднее отдельные рода ойратов переходили из жесткой феодальной структуры Калмыцкого и Джунгарского ханств в казакские орды. Второй по значимости механизм — создание совокупности шежере как национального мифа казахов.

Литература

Аширбеков, Е.Е., Хрунин, А.В., Ботбаев, Д.М. и др. (2018). Молекулярно-генетический анализ популяционной структуры казахского племенного объединения Старший жуз на основе полиморфизма Y-хромосомы. *Молекулярная генетика, микробиология и вирусология*. 36. 2. 72–75.

Баймуханов, Н., Баимбетов, Г. (2019). Генетический субклад ZQ5 гаплогруппы C-Y15552 родоплеменного объединения «Алимулы». *Вестник КазНУ. Серия историческая*. 94. 3. 172–180.

Байтасов, Р.Р. (2021). *Литовские (белорусские, польские) татары (липки): научно-популярные очерки*. М: АНО ЦЭМИ, Архонт.

Дамба, Л.Д., Балановская, Е.В., Жабагин, М.К. и др. (2018). Оценка вклада монгольской экспансии в генофонд тувинцев. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 22. 5. 611–619.

Деренко, М.В., Мальярчук, Б.А., Возняк, М. и др. (2007). Распространенность мужских линий «чингизидов» в популяциях северной Евразии. *Генетика*. 43. 3. 422–426.

Дубман, Э.Л., Смирнов, Ю.Н. (Редакторы) (2000). *История Самарского Поволжья с древнейших времен до наших дней. XVI–первая половина XIX века*. М.: Наука.

Думин, С.В., Волков, В.Г., Сабитов, Ж.М. (2016). Этногенетические связи литовских татар: исторические корни литовско-татарского дворянства. *Золотоордынская цивилизация*. 9. 309–325.

Думин, С.В. (2017). Татары-казаки в Великом княжестве Литовском (XV–XVI вв.). *Средневековые тюрко-татарские государства*. 9. 170–183.

Жабагин, М.К., Сабитов, Ж.М., Агджоян, А.Т. и др. (2016). Генезис крупнейшей родоплеменной группы казахов — аргынов — в контексте популяционной генетики. *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 4. 59–68.

Жабагин, М.К. (2017). *Анализ связи полиморфизма Y-хромосомы и родоплеменной структуры в казахской популяции*. Диссертация на соискание ученой степени кандидата биологических наук.

Ибрагимов, С.К. (1960). Еще раз о термине «казак». *Новые материалы по древней и средневековой истории Казахстана*. Алма-Ата. 66–71.

Каратаев, А.А. (2023). Происхождение племен Старшего жуза по шежире: улус Джучи или Могулистан? *Электронный научный журнал Edu.e-history.kz*. 10(4). 772–789.

Очерки истории Калмыцкой АССР (1967). Москва: Наука.

Панкратов, В.С., Кушнеревич, Е.И., Давыденко, О.Г. (2014). Полиморфизм маркеров Y-хромосомы в популяции белорусских татар. *Доклады Национальной академии наук Беларуси*. 58. 1. 94–100.

Ракишев, Б.Р. (2015). Размещение головных родов казахов по областям и их приблизительная численность. *Доклады национальной академии наук Республики Казахстан*. 3 (301). 193–198.

Рахимов, А.М., (2022). К вопросу генетической генеалогии казахского рода жагалбайлы. *Исторический журнал: научные исследования*. 5. 52–68.

Рожанский, И.Л. (2016). Литовские татары. ДНК-родословные и их корни в степях Евразии. *Исторический Формат*. 4. 89–105.

Сабитов, Ж.М. Жабагин, М.К. (2015). Этногенез казахов с точки зрения популяционной генетики. Вопросы конституционального строительства и роль лидера нации. *III конгресс историков Казахстана*. Астана. 375–379.

Трепавлов, В.В. (2016). *История Ногайской Орды*. 2-е изд., испр. и доп. Казань: Издательский дом «Казанская недвижимость».

Тюрин, А.М. (2017а) Калмыки, караногайцы, кубанские ногайцы и крымские татары — геногеографический и геногенеалогический аспекты. *Журнал фронтирных исследований*. 2. 7–29.

Тюрин, А.М. (2017б) Генетический портрет литовских татар и феномен «Монгольские завоевания 13 века». *Вестник Оренбургского государственного университета*. 5. 78–82.

Тюрин, А.М. (2019). Элементы этногенеза караногайцев и кубанских ногайцев по данным популяционной генетики. *Ногайцы: XXI век. История. Язык. Культура. От истоков — к грядущему*. 194–198.

Тюрин, А.М. (2020). Этнические корни казахов родового объединения алимулы по данным популяционной генетики. *Астраханские Петровские чтения*. 59–64.

Тюрин, А.М. (2024а). Элементы этногенеза хазарейцев по данным популяционной генетики. *Nomadic civilization: historical research (Кочевая цивилизация: исторические исследования)*. 1. 37–49.

Тюрин, А.М. (2024б). Структура субкладов гаплогруппы Y-хромосомы С как свидетельство миграций монголов в XIII, XVII И XVIII вв. *Nomadic civilization: historical research (Кочевая цивилизация: исторические исследования)*. 3. 41–50.

Тюрин, А.М. (2024в). Локализация предков литовских татар по письменным свидетельствам и данным популяционной генетики. *Тюркский мир в современных реалиях: проблемы языка, литературы, истории и культуры*. 400–405.

Тюрин, А.М. (2025). Этническая идентификация субкладов гаплогруппы Y-хромосомы С2 у тувинцев. *Университетский комплекс как региональный центр образования, науки и культуры* (В печати).

Файзов, Б.К., Сабитов, Ж.М., Жабагин, М.К. (2023). Генетический портрет рода меркит по данным полиморфизма Y-хромосомы. *Омаровские чтения: Биология и биотехнология XXI века. Сборник материалов международного научного форума*. Астана. 96–100.

Abilev, S., Malyarchuk, B., Derenko, M. et al. (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*. 84(1), 79–89.

Ashirbekov, Y., Zhunussova, A., Abaildayev, A. et al. (2024). Genetic polymorphism of 27 Y-STR loci in Kazakh populations from Central Kazakhstan. *Annals of Human Biology*. 51(1).

- Ashirbekov, Y., Seidualy, M., Abaildayev, A. et al. (2023). Genetic polymorphism of Y-chromosome in Kazakh populations from Southern Kazakhstan. *BMC Genomics*. 24(1). 649.
- Balinova, N., Post, H., Kushniarevich, A. et al. (2019). Y-chromosomal analysis of clan structure of Kalmyks, the only European Mongol people, and their relationship to Oirat Mongols of Inner Asia. *Am. J. Hum. Genet.* 27. 1466–1474.
- Biro, A., Zalan, A., Volgyi, A., Pamjav, H. (2009). A Y-chromosomal comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary). *American Journal of Physical Anthropology*. 139. 3. 305–310.
- Dulik, M.C., Osipova, L.P., Schurr, T.G. (2011) Y-chromosome variation in Altaian Kazakhs reveals 227 a common paternal gene pool for Kazakhs and the influence of Mongolian expansions. *PLoS One*. 6(3). e17548.
- Huang, Y.Z., Wei, L.H., Yan, S. et al. (2018). Whole sequence analysis indicates a recent southern origin of Mongolian Y-chromosome C2c1a1a1-M407. *Mol Genet Genomics*. 293(3). 657–663.
- Khussainova, E., Kisselev, I., Iksan, O. et al. (2022). Genetic relationship among the Kazakh people based on Y-STR markers reveals evidence of genetic variation among tribes and zhuz. *Frontiers in Genetics*. 12. 801295.
- Malyarchuk, B.A., Derenko, M., Denisova, G. (2012). On the Y-chromosome haplogroup C3c classification. *J. Hum. Genet.* 57. 685–686.
- Pankratov, V., Litvinov, S., Kassian, A. et al. (2016). East Eurasian ancestry in the middle of Europe: genetic footprints of Steppe nomads in the genomes of Belarusian Lipka Tatars. *Scientific reports*. 25:6:30197.
- Wang, B., Liang, J., Allen, E. et al. (2023). Y chromosome evidence confirms northeast Asian origin of Xinjiang Kazakhs and genetic influence from 18th century expansion of Kerey clan. *Front. Ecol. Evol. Sec. Evolutionary and Population Genetics*. 11.
- Wei, L.H., Huang, Y.Z., Yan, S. et al. (2017). Phylogeny of Y-chromosome haplogroup C3b-F1756, an important paternal lineage in Altaic-speaking populations. *J Hum Genet.* 62(10). 915–918.
- Wei, L.H., Yan, S., Lu, Y. et al. (2018). Whole-sequence analysis indicates that the Y chromosome C2*-Star Cluster traces back to ordinary Mongols, rather than Genghis Khan. *Eur J Hum Genet.* 26(2). 230–237.
- Wen, S.Q., Sun, C., Song, D. L., et al. (2020). Y-chromosome evidence confirmed the Kerei-Abakh origin of Aksay Kazakhs. *J. Hum. Genet.* 65 (9). 797–803.
- Wu, Q., Cheng, H.Z., Sun, N. et al. (2020). Phylogenetic analysis of the Y-chromosome haplogroup C2b-F1067, a dominant paternal lineage in Eastern Eurasia. *J Hum Genet.* 65(10). 823–829.
- Y-DNA Haplogroup C and its Subclades — 2019–2020.* <https://docs.google.com/spreadsheets/u/0/d/1XTMjVnybYFfj4mL1UwzDACTy9fZoJdCbENwdfvKWETQ/htmlview>
- YTree v11.05.00 (01 Декабрь 2023).* <https://www.yfull.com/tree/>
- Zerjal, T., Xue, Y.L., Bertorelle, G. et al. (2003). The genetic legacy of the Mongols. *Am. J. Hum. Genet.* 72. 717–721.
- Zhabagin, M., Balanovska, E., Sabitov, Z. et al. (2017). The connection of the genetic, cultural and geographic landscapes of Transoxiana. *Sci. Rep.* 7 (1). 3085.
- Zhabagin, M., Sabitov, Z., Tazhigulova, I. et al. (2021). Medieval super-grandfather founder of western kazakh clans from haplogroup C2a1a2-M48. *J. Hum. Genet.* 66 (7), 707–716.
- Zhabagin, M., Lan-HaiWei, Sabitov, Zh. et al. (2022). Ancient Components and Recent Expansion in the Eurasian Heartland: Insights into the Revised Phylogeny of Y-Chromosome from Central Asia. *Genes*. 13. 1776.
- Zhabagin, M., Bukayev, A., Dyussenova, Zh. et al. (2024). Y-chromosomal insights into the paternal genealogy of the Kerey tribe have called into question their descent from the stepfather of Genghis Khan. *PLoS ONE*. 19. 9. C. e0309080.

References

- Abilev, S., Malyarchuk, B., Derenko, M. et al. (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.* 84(1), 79–89.
- Ashirbekov E.E., Khrunin A.V., Botbaev D.M. et al. (2018). Molecular genetic analysis of the population structure of the Kazakh tribal association Elder Zhuz based on Y-chromosome polymorphism. *Molecular Genetics, Microbiology and Virology.* 36. 2. 72–75 (in Russian).
- Ashirbekov, Y., Seidualy, M., Abaildayev, A. et al. (2023). Genetic polymorphism of Y-chromosome in Kazakh populations from Southern Kazakhstan. *BMC Genomics.* 24(1). 649.
- Ashirbekov, Y., Zhunussova, A., Abaildayev, A. et al. (2024). Genetic polymorphism of 27 Y-STR loci in Kazakh populations from Central Kazakhstan. *Annals of Human Biology.* 51(1).
- Balinova, N., Post, H., Kushniarevich, A. et al. (2019). Y-chromosomal analysis of clan structure of Kalmyks, the only European Mongol people, and their relationship to Oirat Mongols of Inner Asia. *Am. J. Hum. Genet.* 27. 1466–1474.
- Baimukhanov N., Baimbetov G. (2019). Genetic subclade ZQ5 of haplogroup C-Y15552 of the tribal association “Alimuli”. *Bulletin of KazNU. Historical series.* 94. 3. 172–180 (in Russian).
- Baitasov, R.R. (2021). *Lithuanian (Belarusian, Polish) Tatars (Lipka): popular science essays.* M: ANO CEMI, Arkhont (in Russian).
- Biro, A., Zalan, A., Volgyi, A., Pamjav, H. (2009). A Y-chromosomal comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary). *American Journal of Physical Anthropology.* 139. 3. 305–310.
- Damba, L.D., Balanovskaya, E.V., Zhabagin, M.K., et al. (2018). Assessing the Contribution of the Mongolian Expansion to the Tuvan Gene Pool. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding.* 22. 5. 611–619 (in Russian).
- Derenko, M.V., Malarchuk, B.A., Voznyak, M.V., et al. (2007). Prevalence of «Genghisid» Male Lines in Populations of Northern Eurasia. *Genetics.* 43. 3. 422–426 (in Russian).
- Dubman, E.L., Smirnov, Yu.N. (Eds.) (2000). *History of the Samara Volga Region from Ancient Times to the Present Day. XVI–First Half of the XIX century.* Moscow: Nauka (in Russian).
- Dulik, M.C., Osipova, L.P., Schurr, T.G. (2011) Y-chromosome variation in Altaian Kazakhs reveals 227 a common paternal gene pool for Kazakhs and the influence of Mongolian expansions. *PLoS One.* 6(3). e17548.
- Dumin, S.V., Volkov, V.G., Sabitov, Zh.M. (2016). Ethnogenetic connections of Lithuanian Tatars: historical roots of the Lithuanian-Tatar nobility. *Golden Horde civilization.* 9. 309–325 (in Russian).
- Dumin, S.V. (2017). Tatar-Cossacks in the Grand Duchy of Lithuania (15th–16th centuries). *Medieval Turkic-Tatar states.* 9. 170–183 (in Russian).
- Essays on the history of the Kalmyk ASSR* (1967). Moscow: Science (in Russian).
- Faizov B.K., Sabitov Zh.M., Zhabagin M.K. (2023). Genetic portrait of the Merkit clan based on Y-chromosome polymorphism data. *Omarovsky Readings: Biology and Biotechnology of the 21st Century. Collection of materials from the International Scientific Forum.* Astana. 96–100 (in Russian).
- Huang, Y.Z., Wei, L.H., Yan, S. et al. (2018). Whole sequence analysis indicates a recent southern origin of Mongolian Y-chromosome C2c1a1a1-M407. *Mol Genet Genomics.* 293(3). 657–663.
- Ibragimov, S.K. (1960). Once again about the term “Cossack”. *New materials on the ancient and medieval history of Kazakhstan.* Alma-Ata. 66–71 (in Russian).
- Karatayev, A.A. (2023). The origin of the Elder Zhuz tribe according to the shezhire: the Ulus of Jochi or Moghulistan? *Electronic scientific journal Edu.e-history.kz.* 10(4). 772–789 (in Russian).

Khussainova, E., Kisselev, I., Iksan, O. et al. (2022). Genetic relationship among the Kazakh people based on Y-STR markers reveals evidence of genetic variation among tribes and zhuz. *Frontiers in Genetics*. 12. 801295.

Malyarchuk, B.A., Derenko, M., Denisova, G. (2012). On the Y-chromosome haplogroup C3c classification. *J. Hum. Genet.* 57. 685–686.

Pankratov V.S., Kushnerevich E.I., Davydenko O.G. (2014). Polymorphism of Y-chromosome markers in the direction of the Belarusian Tatars. *Reports of the National Academy of Sciences of Belarus*. 58. 1. 94–100 (in Russian).

Pankratov, V., Litvinov, S., Kassian, A. et al. (2016). East Eurasian ancestry in the middle of Europe: genetic footprints of Steppe nomads in the genomes of Belarusian Lipka Tatars. *Scientific reports*. 25:6:30197.

Rakishev, B.R. (2015). Distribution of the Kazakh head clans by regions and their suitable group. *Reports of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan*. 3 (301). 193–198 (in Russian).

Rakhimov, A.M., (2022). On the issue of genetic genealogy of the Kazakh clan Zhagalbayly. *Historical journal: scientific research*. 5. 52–68 (in Russian).

Rozhansky, I.L. (2016). Lithuanian Tatars. DNA genealogies and their roots in the steppes of Eurasia. *Historical format*. 4. 89–105 (in Russian).

Sabitov, Zh.M. Zhabagin, M.K. (2015). Ethnogenesis of the Kazakhs from the point of view of population genetics. Issues of constitutional construction and the role of the leader of the nation. *III Congress of Historians of Kazakhstan*. Astana. 375–379 (in Russian).

Trepavlov, V.V. (2016). *History of the Nogai Horde*. 2nd ed., corrected and enlarged. Kazan: Kazan Real Estate Publishing House (in Russian).

Tyurin, A.M. (2017a) Kalmyks, Karanogays, Kuban Nogays and Crimean Tatars: Genogeographic and Genogenealogical Aspects. *Journal of Frontier Studies*. 2. 7–29 (in Russian).

Tyurin, A.M. (2017b) Genetic Portrait of Lithuanian Tatars and the Phenomenon of the “Mongol Conquests of the 13th Century”. *Bulletin of the Orenburg State University*. 5. 78–82 (in Russian).

Tyurin, A.M. (2019). Elements of Ethnogenesis of the Karanogays and Kuban Nogays According to Population Genetics. *The Nogai People: The 21st Century. History. Language. Culture. From the Origins to the Future*. 194–198 (in Russian).

Tyurin, A. M. (2020). Ethnic Roots of the Kazakhs of the Alimuly Clan Association Based on Population Genetics. *Astrakhan Petrovsky Readings*. 59–64 (in Russian).

Tyurin, A. M. (2024a). Elements of the Ethnogenesis of the Hazaras Based on Population Genetics. *Nomadic Civilization: Historical Research*. 1. 37–49 (in Russian).

Tyurin, A. M. (2024b). The Structure of Subclades of Y-Chromosome C Haplogroups as Evidence of Mongol Migration in the 13th, 17th, and 18th Centuries. *Nomadic Civilization: Historical Research*. 3. 41–50 (in Russian).

Tyurin, A. M. (2024c). Localization of the ancestors of the Lithuanian Tatars based on written evidence and population genetics data. *The Turkic world in modern realities: problems of language, literature, history and culture*. 400–405 (in Russian).

Tyurin, A.M. (2025). Ethnic identification of subclades of the Y-chromosome haplogroup C2 in Tuvans. *University complex as a regional center of education, science and culture*: In press (in Russian).

Wang, B., Liang, J., Allen, E. et al. (2023). Y chromosome evidence confirms northeast Asian origin of Xinjiang Kazakhs and genetic influence from 18th century expansion of Kerey clan. *Front. Ecol. Evol. Sec. Evolutionary and Population Genetics*. 11.

Wei, L.H., Huang, Y.Z., Yan, S. et al. (2017). Phylogeny of Y-chromosome haplogroup C3b-F1756, an important paternal lineage in Altaic-speaking populations. *J Hum Genet*. 62(10). 915–918.

Wei, L.H., Yan, S., Lu, Y. et al. (2018). Whole-sequence analysis indicates that the Y chromosome C2*-Star Cluster traces back to ordinary Mongols, rather than Genghis Khan. *Eur J Hum Genet.* 26(2). 230–237.

Wen, S.Q., Sun, C., Song, D. L., et al. (2020). Y-chromosome evidence confirmed the Kerei-Abakh origin of Aksay Kazakhs. *J. Hum. Genet.* 65 (9). 797–803.

Wu, Q., Cheng, H.Z., Sun, N. et al. (2020). Phylogenetic analysis of the Y-chromosome haplogroup C2b-F1067, a dominant paternal lineage in Eastern Eurasia. *J Hum Genet.* 65(10). 823–829.

Y-DNA Haplogroup C and its Subclades — 2019–2020. <https://docs.google.com/spreadsheets/u/0/d/1XTMjVnybYFfj4mL1UwzDACTy9fZoJdCbENwdfvKWETQ/htmlview>

YTree v11.05.00 (01 Декабрь 2023). <https://www.yfull.com/tree/>

Zerjal, T., Xue, Y.L., Bertorelle, G. et al. (2003). The genetic legacy of the Mongols. *Am. J. Hum. Genet.* 72. 717–721.

Zhabagin, M.K. (2017). *Analysis of the relationship between Y-chromosome polymorphism and tribal structure in the Kazakh trend.* Dissertation for the degree of candidate of biological sciences (in Russian).

Zhabagin, M.K., Sabitov, J.M., Agdzhoyan, A.T., et al. (2016). Genesis of the largest tribal group of Kazakhs — the Argyns — in the twentieth population genetics. *Bulletin of Moscow University. Series 23: Anthropology.* 4. 59–68 (in Russian).

Zhabagin, M., Balanovska, E., Sabitov, Z. et al. (2017). The connection of the genetic, cultural and geographic landscapes of Transoxiana. *Sci. Rep.* 7 (1). 3085.

Zhabagin, M., Sabitov, Z., Tazhigulova, I. et al. (2021). Medieval super-grandfather founder of western kazakh clans from haplogroup C2a1a2-M48. *J. Hum. Genet.* 66 (7), 707–716.

Zhabagin, M., Lan-HaiWei, Sabitov, Zh. et al. (2022). Ancient Components and Recent Expansion in the Eurasian Heartland: Insights into the Revised Phylogeny of Y-Chromosome from Central Asia. *Genes.* 13. 1776.

Zhabagin, M., Bukayev, A., Dyussenova, Zh. et al. (2024). Y-chromosomal insights into the paternal genealogy of the Kerey tribe have called into question their descent from the stepfather of Genghis Khan. *PLoS ONE.* 19. 9. C. e0309080.