

УДК 575.174:599.9

## РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ МУЖСКИХ ЛИНИЙ “ЧИНГИЗИДОВ” В ПОПУЛЯЦИЯХ СЕВЕРНОЙ ЕВРАЗИИ

© 2007 г. М. В. Деренко<sup>1\*</sup>, Б. А. Малярчук<sup>1</sup>, М. Возняк<sup>2</sup>, Г. А. Денисова<sup>1</sup>, И. К. Дамбуева<sup>3</sup>,  
Ч. М. Доржу<sup>4</sup>, Т. Гржибовский<sup>2</sup>, И. А. Захаров<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Институт биологических проблем Севера Дальневосточного отделения Российской академии наук, Магадан 685000; факс: (41326) 34-463; e-mail: mderenko@mail.ru

<sup>2</sup> Институт судебной медицины, Медицинский колледж им. Л. Рыдыгера, Университет им. Н. Коперника, г. Быдгощ 85-094, Польша

<sup>3</sup> Институт общей и экспериментальной биологии Сибирского отделения Российской академии наук, Улан-Удэ, 670047

<sup>4</sup> Тувинский институт комплексного освоения природных ресурсов Сибирского отделения Российской академии наук, Кызыл 667007

<sup>5</sup> Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва 119991

Поступила в редакцию 28.08.2006 г.

На основании данных об изменчивости 12 микросателлитных локусов Y-хромосомы в пределах гаплогруппы С3 проведен скрининг линий, входящих в состав кластера “чингизидов”, в 18 популяциях Северной Евразии (алтайские казахи, алтай-кижи, телеуты, хакасы, шорцы, тувинцы, тоджинцы, тофалары, сойоты, буряты, хамнигане, эвенки, монголы, калмыки, таджики, курды, персы и русские; размер суммарной выборки 1437 человек). Наиболее высокие частоты кластера гаплотипов “чингизидов” зарегистрированы у монголов (34.8%). В российских популяциях данный кластер обнаружен у алтайских казахов (8.3%), алтайцев (3.4%), бурят (2.3%), тувинцев (1.9%) и калмыков (1.7%).

Масштабное исследование изменчивости Y-хромосомы у 2123 человек, представляющих 50 популяций из различных регионов Азии (за исключением ее российской части), предпринятое в работе Zerjal et al. [1], позволило авторам идентифицировать группу мужских линий, характеризующихся уникальными филогеографическими особенностями. Эти линии представляют собой кластер близкородственных гаплотипов, характеризующихся веерообразным ветвлением относительно центрального (предкового) гаплотипа и входящих в состав гаплогруппы С. Было установлено, что линии Y-хромосомы этого кластера с высокой частотой распространены в 16 популяциях, населяющих огромную территорию, простирающуюся от Пацифики до Каспийского моря. Оценки разнообразия линий Y-хромосомы в пределах этого кластера показали, что он возник в Монголии примерно 1000 лет назад. Границы распространения этого кластера удивительным образом совпали с границами Монгольской империи, что позволило Zerjal et al. предположить, что экспансия этого кластера обусловлена особой формой социального отбора, связанного с предпочтительным воспроизводством династии Чингиз-хана на подконтрольных территориях. Таким образом, носителями линий Y-хромосомы, предположительно происходящих от Чингиз-хана и его потомков (т.е. “чингизидов”), являются примерно 8% (или 16 миллионов) азиатских мужчин.

Максимальные частоты линий Y-хромосомы, входящих в кластер “чингизидов”, обнаружены у монголов и хазарцев Пакистана, ведущих свое происхождение также от монголов [2]. Позже компания Family Tree DNA (FTDNA) [3] провела исследование полиморфизма Y-хромосомы у 570 мужчин из популяций Монголии и Казахстана и подтвердила результаты работы Zerjal et al. [1], обнаружив 8.2% гаплотипов, относящихся к кластеру “чингизидов”.

Следует отметить, что Монгольское государство, появившееся в 1206 г. в результате объединения монгольских племён Чингиз-ханом, в дальнейшем значительно расширилось, вобрав в себя территории Китая (впоследствии получившее Улус Великого Хана), Средней Азии (Чагатайский улус), Ирана (Государство Ильханов) и Руси (Золотая Орда). Власть ханов Золотой Орды (государства с центром в Нижнем Поволжье, основанного в 1243 г. монгольским ханом Батыем – внуком Чингиз-хана) охватывала территорию значительной части современной России (кроме Восточной Сибири, Дальнего Востока и районов Крайнего Севера), Северный и Западный Казахстан, Украину, часть Узбекистана (Хорезм) и Туркмении [4]. Таким образом, можно ожидать, что генетические следы потомков Чингиз-хана могут быть обнаружены и в этнически дифференцированном населении современной России.

**Таблица 1.** Распространенность линий Y-хромосомы, относящихся к гаплогруппе С3 и кластеру “чингизидов” в исследованных популяциях Северной Евразии

Популяция	Размер выборки	Гаплогруппа С3		Кластер гаплотипов “чингизидов”	
		<i>n</i>	%	<i>N</i>	%
Монголы	46	26	56.52	16	34.78
Алтайские казахи	36	18	50.0	3	8.33
Алтай-кижи	89	14	15.73	3	3.37
Буряты	217	148	68.2	5	2.3
Тувинцы	108	10	9.26	2	1.85
Калмыки	60	30	50	1	1.67
Телеуты	44	4	9.09	0	0
Хакасы	64	1	1.56	0	0
Шорцы	38	1	2.63	0	0
Тоджинцы	26	2	7.69	0	0
Тофалары	30	0	0	0	0
Эвенки	51	21	41.18	0	0
Сойоты	28	15	53.57	0	0
Хамнигане	51	28	54.9	0	0
Таджики	40	0	0	0	0
Курды	25	0	0	0	0
Персы	78	0	0	0	0
Русские	406	3	0.74	0	0
Суммарно	1437	321	22.34	30	2.09

**Таблица 2.** Распространенность гаплотипов Y-хромосомы, входящих в состав кластера “чингизидов”, в исследованных популяциях Северной Евразии

Гаплотип	Число повторов в микросателлитных локусах												Популяции
	<i>DYS 19</i>	<i>DYS 385a</i>	<i>DYS 385b</i>	<i>DYS 389I</i>	<i>DYS 389II</i>	<i>DYS 390</i>	<i>DYS 391</i>	<i>DYS 392</i>	<i>DYS 393</i>	<i>DYS 437</i>	<i>DYS 438</i>	<i>DYS 439</i>	
1	16	12	13	13	16	25	10	11	13	14	10	10	Монголы (11), буряты (1), алтайские казахи (2), калмыки (1)
2	16	12	13	13	16	25	10	11	13	<b>15</b>	10	10	Монголы (1)
3	16	<b>11</b>	13	13	16	25	10	11	13	14	10	10	Монголы (1), алтайские казахи (1)
4	<b>15</b>	12	13	13	16	25	10	11	13	14	10	10	Монголы (2), буряты (2), алтайцы (1)
5	<b>15</b>	<b>13</b>	13	13	16	25	10	11	13	14	10	10	Алтайцы (2)
6	16	12	13	13	<b>17</b>	25	10	11	13	14	10	10	Тувинцы (1), буряты (1)
7	16	12	13	<b>14</b>	<b>17</b>	25	10	11	13	14	10	10	Тувинцы (1)
8	16	12	13	13	16	<b>26</b>	10	11	13	14	10	10	Монголы (1)
9	<b>17</b>	12	13	13	16	25	10	11	13	14	10	10	Буряты (1)

Примечание. В скобках приводится количество индивидуумов с определенным гаплотипом. Жирным шрифтом выделены отличия по числу повторов от центрального гаплотипа 1. Гаплотип 1 соответствует центральному гаплотипу кластера “чингизидов” согласно [1, 3].

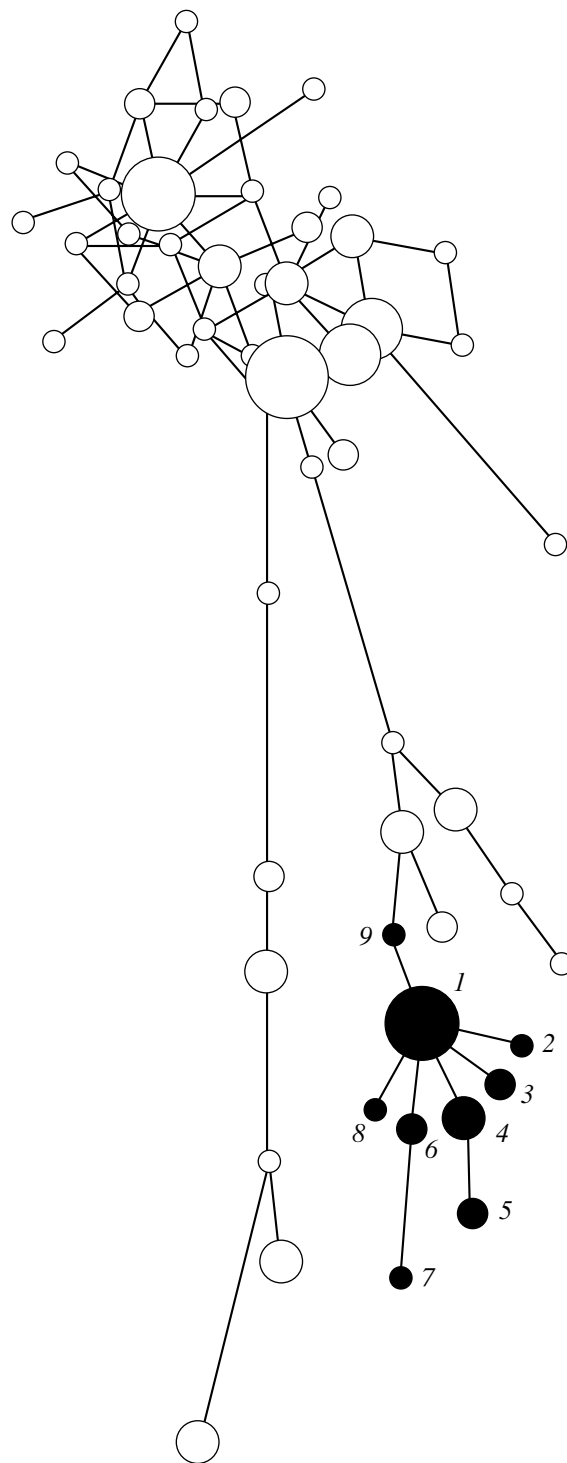
В настоящей работе представлены данные о распространенности линий Y-хромосомы, входящих в состав кластера “чингизидов”, в популяциях Северной Евразии, большинство из которых ранее не было изучено.

Исследованная нами выборка включала 1437 индивидуумов, представляющих 18 этнических групп Северной Евразии (алтайские казахи, алтай-кижи, телеуты, хакасы, шорцы, тувинцы, тоджинцы, тофалары, сойоты, буряты, хамнигане,

эвенки, монголы, калмыки, таджики, курды, персы и русские). Скрининг аллелей RPS4Y711-T и M217-C, определяющих гаплогруппу C3, проводили как описано ранее [5, 6]. Типирование 12 STR-локусов Y-хромосомы (DYS19, DYS385a, DYS385b, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439) проводили с помощью мультиплексной системы ПЦР-амплификации PowerPlex® Y (“PE Applied Biosystems”) на генетическом анализаторе ABI Prism 3100 (“PE Applied Biosystems”) с использованием аллельных стандартов. Размер продуктов ПЦР определяли с помощью компьютерных программ GeneScan v. 3.1 и Genotyper v. 2.0 (“PE Applied Biosystems”). Медианная сеть STR-гаплотипов группы C3 (исключая подгруппу C3c) построена с использованием алгоритма MJ (median joining) программы Network 4.1.1.2 [7]. Для идентификации STR-гаплотипов, относящихся к кластеру “чингизидов”, использовали данные, представленные в работе [1] и компанией FTDNA [3].

Проведенный анализ показал, что линии Y-хромосомы, маркированные аллелями RPS4Y711-T и M217-C, определяющими гаплогруппу C3, распространены в большинстве исследованных нами популяций (табл. 1). С высокими (>50%) частотами C3-хромосомы присутствуют в генофондах монголов (56.5%), монголоязычных бурят (68.2%), хамниган (54.9%), сойотов (53.6%) и калмыков (50%), а также алтайских казахов (50%). С частотой 41.2% эта гаплогруппа представлена в генофонде эвенков. За исключением тофаларов, C3-линии Y-хромосомы обнаружены во всех остальных исследованных сибирских популяциях с частотами, изменяющимися в диапазоне от 1.6% у хакасов до 15.7% у алтай-кижи. Интересно, что с невысокой частотой (0.7%) C3-хромосомы выявлены и у исследованных нами русских. Заметим также, что все русские – носители C3-хромосом происходят из южных регионов России (Белгородской и Саратовской областей).

С целью более детальной характеристики выявленных у населения Северной Евразии C3-гаплотипов Y-хромосомы нами проведено исследование изменчивости 12 микросателлитных локусов. Анализ филогенетических взаимоотношений между STR-гаплотипами Y-хромосомы, выполненный с помощью метода медианных сетей, показал наличие кластера мужских линий, характеризующегося веерообразным ветвлением и высокой частотой центрального гаплотипа, который идентичен по структуре предковому гаплотипу “чингизидов” (рисунок, табл. 2). Наиболее высокие частоты кластера гаплотипов “чингизидов” зарегистрированы у монголов (около 35%). В российских популяциях данный кластер обнаружен с наиболее высокой частотой (8.3%) у алтайских казахов и с частотами в диапазоне от 3.4 до 1.7% – у алтайцев, бурят, тувинцев и калмыков



Филогенетическая сеть STR-гаплотипов группы C3 (исключая подгруппу C3c). Размеры кружков пропорциональны частотам гаплотипов. Длина ветвей пропорциональна числу мутационных событий. Черным цветом обозначены гаплотипы, входящие в состав кластера “чингизидов”. Нумерация гаплотипов соответствует таковой в табл. 2.

(табл. 1). Центральный гаплотип, соответствующий мужской линии Чингиз-хана, выявлен в изученных выборках практически у каждого четвер-

того монгола (24%), у 5.6% алтайских казахов, 1.7% калмыков и 0.5% бурят (табл. 2).

Полученные нами данные хорошо согласуются, таким образом, с результатами предыдущих исследований, согласно которым наиболее высокие частоты кластера мужских линий “чингизидов” наблюдаются в популяциях монголов и казахов. Несмотря на столь детальное исследование этнических групп Южной Сибири, кластер “чингизидов” присутствует с низкими частотами лишь в популяциях, пограничных с Монголией, откуда начиналась с 1206 г. Монгольская империя. Известно, что уже к 1248 г. Монгольская империя вследствие завоеваний хана Батыея расширилась на значительную часть Восточной Европы. Русские княжества находились в вассальной зависимости вплоть до 1480 г. Тем не менее генетический след владычества монголов (в виде мужских линий кластера “чингизидов”) в русском населении не был обнаружен. Представляется, что дальнейшие исследования изменчивости Y-хромосомы позволят существенно расширить наши знания об эволюции и истории формирования этнических групп России, как и о происхождении отдельных, входящих в их состав родов.

Б.А. Малярчук выражает благодарность Фонду содействия отечественной науке. Работа вы-

полнена при частичной финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (грант № 04-04-48746) и Программы фундаментальных исследований Президиума РАН “Динамика генофондов и биоразнообразие”.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Zerjal T., Xue Y., Bertorelle G. et al.* The genetic legacy of the Mongols // *Am. J. Hum. Genet.* 2003. V. 72. P. 717–721.
2. *Qamar R., Ayub Q., Mohyuddin A. et al.* Y-chromosomal DNA variation in Pakistan // *Am. J. Hum. Genet.* 2002. V. 70. P. 1107–1124.
3. *Family Tree DNA* (<http://www.familytreedna.com>).
4. *Викунедия.* Свободная энциклопедия (<http://ru.wikipedia.org/wiki/Монгольская-империя>).
5. *Derenko M., Malyarchuk B., Denisova G. et al.* Contrasting patterns of Y-chromosome variation in South Siberian populations from Baikal and Altai-Sayan regions // *Hum. Genet.* 2006. V. 118. P. 591–604.
6. *Shen P., Wang F., Underhill P.A. et al.* Population genetic implications from sequence variation in four Y chromosome genes // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2000. V. 97. P. 7354–7359.
7. *Bandelt H.-J., Forster P., Rohl A.* Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // *Mol. Biol. Evol.* 1999. V. 16. P. 37–48.