

ФИЗИЧЕСКАЯ АНТРОПОЛОГИЯ

УДК 572

DOI: 10.33876/2311-0546/2024-3/355-365

Научная статья

© Н. Х. Спицына, Н. В. Балинова

К ВОПРОСУ ОБЩИХ ПРЕДКОВ ТЮРКСКОГОВОРЯЩИХ НАРОДОВ. ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Многовековые миграционные процессы способствовали распространению носителей тюркских языков на обширных территориях: от Сибири, через Центральную Азию до Восточной Европы и Ближнего Востока. Генетическая структура популяций Алтае-Саянского нагорья, якутов (Саха), сибирских татар, народов Волго-Уральского региона, Северного Кавказа, гагаузов Молдовы сформировалась в результате действия систематических и случайных факторов эволюции. В тюрко-язычных популяциях наблюдается выраженный градиент частот монголоидных и европеоидных аллелей. Исследования полиморфизма генетико-биохимических маркеров, мтДНК и Y-хромосомы выявили антропогенетическую гетерогенность тюркских групп. Северо-восточные из которых имеют выраженные признаки монголоидного северо-азиатского компонента, а юго-западные характеризуются признаками южного варианта европеоидного этно-антропологического комплекса. Анализ полногеномных данных о генотипах с высокой плотностью определил даты примеси IX–XVII вв., которые совпадают с кочевническими миграциями V–XVI вв. Процессы ассимиляции и смешения сопровождалась языковой экспансией тюркского языка и формированием различных его диалектов. Тюркский язык в целом оказался весьма пластичным и удобным для межпопуляционного общения

Ключевые слова: тюркоязычные народы, популяционный полиморфизм, гетерогенность, генетические маркеры

Ссылка при цитировании: Спицына Н. Х., Балинова Н. В. К вопросу общих предков тюркскоговорящих народов. Генетические аспекты исследований // Вестник антропологии. 2024. № 3. С. 355–365.

Спицына Наиля Хаджиевна — д. б. н., ведущий научный сотрудник, Институт этнологии и антропологии им. Н. Н. Миклухо-Маклая РАН (Российская Федерация, 119334 Москва, Ленинский пр., 32А). Эл. почта: nailya.47@mail.ru ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-7363-8393>

Балинова Наталья Валерьевна — к. б. н., старший научный сотрудник, ФГБНУ «Медико-генетический научный центр» РАН (Российская Федерация, 115522 Москва, ул. Москворечье, дом 1). Эл. почта: balinovs@mail.ru ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-9493-6544>

*Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации.

UDC 572

DOI: 10.33876/2311-0546/2024-3/355-365

Original Article

© *Nailya Spitsyna and Natalia Balinova*

COMMON ANCESTORS OF TURKIC-SPEAKING PEOPLES: GENETIC ASPECTS

Centuries of migration contributed to the spread of Turkic-speaking peoples over vast areas — from Siberia, through Central Asia, to Eastern Europe and the Middle East. The genetic structure of the populations of the Altai-Sayan Plateau, the Yakuts (Sakha), the Siberian Tatars, the peoples of the Volga-Urals, the North Caucasus and the Gagauz of Moldova was formed as a result of systematic and random evolutionary factors. A pronounced gradient in the frequencies of Mongoloid and Caucasoid alleles is observed in Turkic-speaking populations. Studies on the polymorphism of genetic and biochemical markers, mtDNA and Y chromosome have revealed the anthropogenetic heterogeneity of Turkic groups. The northeastern Turkic groups were found to have pronounced markers of the North Asian component, and the southwestern groups represent the southern Caucasoid anthropological complex. Analysis of full genome data on high-density genotypes identified the dates of admixture as the 9th–17th centuries, coinciding with nomadic migrations of the 5th–16th centuries. Assimilation and mixing were accompanied by the linguistic expansion of the Turkic language and the formation of its various dialects. The Turkic language as a whole proved to be very plastic and suitable for communication between peoples.

Keywords: *Turkic-speaking peoples, population polymorphism, heterogeneity, genetic markers*

Authors Info: **Spitsyna, Nailya Kh.** — Dr. in Biology, Leading Researcher, the Russian Academy of Sciences N. N. Miklouho-Maklay Institute of Ethnology and Anthropology (Moscow, Russian Federation). E-mail: nailya.47@mail.ru ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-7363-8393>

Balinova, Natalia V. — Ph.D. in Biology, Senior Researcher, Federal State Budgetary Institution “Research Center for Medical Genetics”. E-mail: balinovs@mail.ru ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-9493-6544>

For Citation: Spitsyna, N. Kh. and N. V. Balinova. 2024. Common Ancestors of Turkic-speaking Peoples: Genetic Aspects. *Herald of Anthropology (Vestnik Antropologii)* 3: 355–365.

Funding: The research was carried out within the state assignment of Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation.

Введение

Тюркоязычные народы проживают на огромной территории, охватывающей Восточную Европу, Ближний Восток, Северный Кавказ, Среднюю Азию, Южную Сибирь, Северный Китай и Северо-Восточную Сибирь. Численность современного тюркоязычного населения в мире превышает 170 млн человек (*Sinor* 1990: 285–316; *Findley* 2004; *Golden* 2011). В таблице 1 представлены тюркоязычные народы России и бывшего СССР (Табл. 1).

Таблица 1

**Численности народов тюркской группы урало-алтайской языковой семьи
в России и сопредельных территориях**

Народы	тыс. человек	Народы	тыс. человек
Узбеки	14000	Гагаузы	250
Казахи	13000	Тувинцы	295
Татары	5000	Карачаевцы	226
Азербайджанцы	9500	Турки	200
Туркмены	3400	Хакасы	61
Киргизы	5300	Балкарцы	125
Чуваши	1067	Ногайцы	109
Башкиры	1571	Алтайцы	78
Якуты	478	Шорцы	10
Каракалпаки	345	Долганы	8
Кумыки	565	Караимы	0,5
Уйгуры	335	Тофалары	0,7

Примечание: Российская Федерация 2020, Республика Казахстан 2021, Азербайджан 2019, Кыргызстан 2022, Узбекистан 1989, Туркменистан 1995 (ВПН 2020; НПН Казахстан 2021; Население СНГ 2022).

Перед исследователями возникает вопрос о возможности существования общих генов, свойственных тюркским народам в целом. При этом признается антропологическая гетерогенность тюркских групп в РФ и сопредельных территориях, северо-восточные из которых отличаются ярко выраженными признаками монголоидного североазиатского компонента, тогда как юго-западные характеризуются типичными признаками южного варианта европеоидного этно-антропологического комплекса. Не вызывает сомнений то, что многие тюрко-язычные группы сформировались в результате взаимной ассимиляции разных народов в ходе множественных миграций удобных в данных ландшафтных условиях. Об этом свидетельствуют также градиенты аллельных частот по многим генам. Целью данной работы является возможность оценить существование общих предков для большой группы тюркоязычного населения на основе генетического анализа собственных материалов и анализа имеющихся литературных материалов.

Материалы и методы

По программе историко-генетического анализа вопросов истории и этногенеза тюркоязычных народов с использованием методов исторических и генетических дисциплин собраны репрезентативные популяционно-генетические материалы башкир, якутов, гагаузов. Изучалось распределение фенотипических и аллельных

частот серологических систем АВ0, MN, RH, а также генетических маркеров РТС и Cerumen. Проведен анализ полиморфизма генетико-биохимических систем: гаптоглобина (HP), трансферрина (TF), витамин-Д-транспортирующего белка (GC), ингибитора протеиназ (PI), третьего компонента комплемента (C'3), сывороточного фермента псевдохоллинэстеразы 1-го локуса (E1), эритроцитарных ферментов: кислой фосфатазы (ACP1), фосфоглюкомутазы (PGM1), эстеразы Д (ESD), глиоксалазы-1 (GLO1), 6-фосфоглюконат дегидрогеназы (6-PGD), аденилаткиназы (AK), фосфогликолат фосфатазы (PGP) и супероксиддисмутазы (SOD-A).

Основные статистические приемы, использованные в работе: кластерный анализ, методы главных компонент применительно к анализу генных частот, вычисления меры генетических различий для каждой сравниваемой пары популяций, определение генетических расстояний. Относительный вес отдельных расовых компонент в популяции проведен с использованием стандартных методов (Нил, Шэлл 1958).

Обсуждение результатов

На Северо-востоке РФ — единственной тюркоязычной этнической группой являются представители центрально-азиатского антропологического типа якуты (Саха). Многие авторы считают, что основное ядро якутов составили потомки древних тюркоязычных племен, исторически связанных с монголо- и тунгусоязычными народами. По генетико-биохимическим маркерам на генеалогическом древе якуты образуют единый кластер (Тарская и др. 2002). Объединение якутов с сопредельными более южными популяциями свидетельствует, что предки якутов некогда мигрировали с юга в места их современного проживания (Табл. 2). Аппроксимация по методу Венке позволила оценить вклад отдельных компонентов в составе якутов (Wenke, Schwidetzky 1962).

Таблица 2

Соотношение генетико-антропологических компонентов в генофонде якутов

Антропогенетические компоненты	%
Центрально-азиатский	86.24
Палеоазиатский (американоидный)	8.88
Европеоидный	2.04
Юго-восточный азиатский	2.84

Суммарная группа якутов включает в себя 86,24% центрально-азиатского компонента; 8,88% палеоазиатского (американоидного) компонента; 2,84% компонента юго-восточной расы и 2,04% восточно-европейского компонента. Филогеография гаплогрупп мтДНК и Y-хромосомы свидетельствует о заселении Якутии из Южной Сибири, Монголии и Северного Китая. По спектру линий мтДНК популяции якутов наиболее близки к популяциям Южной Сибири (Pakendorf et al. 2003). Встречаемость у якутов гаплогруппы Y-хромосомы N3a с частотой 89% и некоторые другие наследственные особенности свидетельствуют о специфической биодемографической структуре якутской популяции (Тарская и др. 2002; Федорова, Хуснутдинова 2022).

Этническая история народов Алтае-Саянского нагорья протекала на территориях, которые издревле являлись ареной смешения монголоидных и европеоидных групп (Дамба и др. 2018). Многокомпонентность генофондов алтае-саянских народов подтверждается данными молекулярной генетики. Анализ изменчивости на уровне мДНК и Y-хромосомы подтверждает факт, что европеоидные компоненты присутствуют с различной частотой в генофондах всех изученных групп Алтае-Саянского нагорья. По данным о полиморфизме мтДНК все популяции разделяются на три кластера, один из которых включает алтайцев, тувинцев, хакасов, второй — сойотов, бурят и монголов, а третий представлен популяциями киргизов, казахов и уйгуров. Группы различаются между собой по степени выраженности европеоидного компонента. При это отмечается выраженное сходство между популяциями Алтае-Саянского нагорья и группами Средней Азии. С преобладающей частотой в изученных группах представлены монголоидные группы мтДНК- С и D. По маркерам Y-хромосомы в генофонде тюрко-язычных популяций Алтая, Саян и Тянь-Шаня выявлены три основных направления потока генов: западно-евразийское (гаплогруппа R1a1a), восточно-евразийское (гаплогруппы C, D, O) и североевразийское (гаплогруппы N1b, N1c1). Дендрограмма генетических взаимоотношений по полиморфизму Y-хромосомы отчетливо сближает тюркоязычные группы алтай-кижей, теленгитов, киргизов Памира и киргизов Тянь-Шаня. Основная тенденция формирования генофондов тюркоязычных популяций состояла в постепенном замещении западно-евразийского (палеоевропеоидного) компонента восточно-евразийским (монголоидным) компонентом. Результаты свидетельствуют об относительно молодом возрасте генофондов народов Южной Сибири и Средней Азии, в среднем 4000 лет (Pakendorf et al. 2003).

Этногенез сибирских татар восходит ко времени Великого переселения народов и связан с проникновением тюрков из Минусинской котловины, Средней Азии и Алтая на земли, населенные предками современных угорских и самодийских народов Сибири. Разнообразие мтДНК тоболо-иртышских татар сформировалось преимущественно на основе угорского, характерного обским уграм, и тюркского, в большей мере кыпчакского, генетических компонентов (Наумова и др. 2008).

Народонаселение Волго-Уральского региона весьма неоднородно. Здесь проживают представители тюркской ветви алтайской языковой семьи (башкиры, татары и чуваша). Исторические, этнографические, археологические, палеоантропологические, лингвистические материалы свидетельствуют о наличии вполне определенных этнических компонентов, включившихся в состав башкирской популяции. Наиболее ранним предковым субстратом в процессе этногенеза является финно-угорский, который в последующие века воспринял элементы, ассоциирующиеся с «южной европеоидностью», и центрально- и североазиатские монголоидные компоненты. Данные популяционной генетики позволяют идентифицировать наличие пространственно весьма отдаленных антропологических черт (характерных генов) в составе аборигенного населения (Спицына 1993; Спицына, Лейбова 2011: 318–335). В таблице 3 представлены результаты исследования соотношений расовых компонент в башкирских популяциях (Табл. 3).

В анализе задействованы классические генетические маркеры: Rh, AcP1 Cerumen, Gc, Duffy, Tf, Kell (Спицына 1990; Спицына 1993; Спицына, Лейбова 2011: 318–335). Аппроксимация по методу Венке позволила оценить вклад отдельных компонентов в составе современных башкир (Wenke, Schwidetzky 1962) (Табл. 4).

Таблица 3

**Распределение соотношений расовых компонент башкир
по отдельным локусам и в целом по совокупности локусов**

Локус	Аллель	Европеоидный компонент в %	Монголоидный компонент в %
Rh	d	66	34
AcP1	PL	63	37
Gc	Gc	66	34
Gc	Gc ¹⁵	66	34
Duffy	Fy ^a	70	30
Kell	K	65	35
Tf	Tf ^{ci}	30	70
Башкирия в целом по всем локусам (генам)	Σ	57,5	42,5

Таблица 4

Соотношения предковых компонентов в составе генофонда башкир

Предковые антропологические компоненты	Пропорции компонентов в составе башкир (%)
1. европеоиды Европы	49.86
2. европеоиды Азии	26.04
3. северные и центрально-азиатские монголоиды	17.00
4. южно-азиатские монголоиды	7.10

Примечание: 1 — шведы, финны, датчане, австрийцы, французы, итальянцы, болгары, словаки, поляки, русские, украинцы, белорусы (113 групп); 2 — туркмены, азербайджанцы, турки, таджики, персы, афганцы, курды (76 групп); 3 — якуты, монголы, буряты, тувинцы, эвенки (38 групп); 4 — бирманцы, тайландцы, кхмеры, вьетнамцы, малайцы, южные китайцы (59 групп).

Исследования генетико-биохимического полиморфизма свидетельствуют о выраженной близости между европеоидным азиатским и монголоидным стволами человека современного вида. Генетические различия популяций, принадлежащих к этим расовым вариантам, незначительны и выделяются лишь с помощью специальных приемов анализа и во многих случаях эти два компонента генетически объединяются в один кластер. Сумма процентных отношений данных компонентов у башкир составляет 43%, что в среднем соответствует степени монголоидности в башкирской популяции и процессах метисации, сыгравших, по мнению многих исследователей, одну из основных ролей в сложной истории формирования башкирского народа.

Анализ полиморфизма ДНК-локусов ядерного генома выявил наибольшее сходство генофонда башкир с татарами, чувашами, марийцами и наименьшее — генофондами мордвы и коми (Хуснутдинова и др. 2006). На основании анализа полиморфизма мтДНК и Y-хромосомы установлена высокая внутри- и межпуляционная гетерогенность народов Волго-Уральского региона по данным о распределении частот гаплотипов этих молекулярных маркеров. Установлена существенная роль европеоидных и, в меньшей мере, монголоидных типов мтДНК в формировании митохондриального генофонда народов Волго-Уральского региона. Сформулировано предположение об участии среднеазиатского компонента в формировании гайнинских башкир на основе данных о распределении с высокой частотой азиатской гаплогруппы F. Анализ полиморфизма мтДНК и Y-хромосомы среди Волго-Уральских групп населения проведен вместе с географически более удаленными группами, включая среднеазиатские народы (Хуснутдинова и др. 2006). На основании этих данных показано, что народы Волго-Уралья тесно объединяются с тюркоязычными народами северного Кавказа (карачаевцами, ногайцами, караногайцами, кумыками), а также с тюркоязычными среднеазиатскими народами — казахами и узбеками.

Исследования генетической структуры тюркоязычных и других популяций Северного Кавказа показали также, что вторжения многочисленных тюркских кочевых племен «великого переселения народов» оставили существенный след. Исследования генофондов тюркоязычных этносов, карачаевцев, балкарцев, кубанских ногайцев, караногайцев, кумыков, азербайджанцев, проживающих на Кавказе, выявили наибольшую частоту и разнообразие гаплогрупп мтДНК и Y-хромосомы в популяциях пришлых ногайцев (Схалыхо и др. 2013). Тюркоязычные карачаевцы и балкарцы являются типичными представителями кавкасионского типа. В целом, получена картина преобладания в народонаселении Северного Кавказа европеоидных компонентов, а у караногайцев европеоидные и монголоидные компоненты представлены в равных соотношениях. В обеих выборках ногайцев были зафиксированы центрально-азиатские гаплогруппы A, B, M*, не найденные в других популяциях, а также повышенная встречаемость гаплогрупп D и C по сравнению с европеоидными популяциями. Пропорции гаплогрупп мтДНК обнаруживают определенное сходство с популяциями казахов и башкир, что может свидетельствовать об этнокультурных связях этих народов. В целом вклад восточно-евразийского компонента имел место, однако его вклад наиболее целесообразно рассматривать как результат потока генов, сопровождающийся заменой языка в данных популяциях. Восточноевразийский компонент среди всех представленных на Кавказе тюркоязычных популяций, представлен в наибольшей степени у кумыков (Схалыхо и др. 2013).

Гагаузы представляют относительно небольшую по численности тюркоязычную этническую группу, локализованную преимущественно в Южной Бессарабии и Северо-Восточной Болгарии. Гагаузский язык относится к юго-западной (огузской) группе тюркских языков, куда включаются также азербайджанский, турецкий и туркменский языки. Он наиболее близок к говорам балканских тюрков, в частности, к делиорманскому диалекту турецкого языка (Покровская 1964). По результатам анализа генетических дистанций и многомерного шкалирования обнаруживается сходство с окружающими этнотерриториальными группами. В наибольшей мере их генетическое подобие идентифицируется с полоцкой группой венгров и молдаванами. Относительная близость гагаузов к русским, болгарам,

туркам свидетельствует о сложности процессов этногенеза в этом регионе Европы, об определяющей роли фактора смешения в становлении многих народов. Как и следовало ожидать, наиболее удаленную позицию на схеме от местоположения гагаузов в системе сопоставляемых популяций занимают центрально-азиатские монголоиды (буряты), к которым примыкают казахи и туркмены (*Спицына* и др. 1999). Таким образом, гагаузы обнаруживают выраженную генетическую близость к популяциям Балканского полуострова, молдаванам, болгарам и туркам, и не показывают сходства с монголоидными популяциями. При этом, идентифицирована близость гагаузов с некоторыми популяциями Венгрии, возможно, ведущими свое происхождение от древних тюрко-язычных племен (*Спицын* и др. 1999; *Спицына* и др. 1999; *Varsahr et al.* 2001). Для более точной оценки генетического родства гагаузов с окружающими и более отдаленными народами в дальнейшем представляется целесообразным исследование полиморфизмов митохондриальной ДНК Y-хромосомы. Обзор работ, анализирующих данные о полиморфизмах классических генетических маркеров, показал их значительный вклад в решение многих задач антропологии и генетики тюркоязычных народов Евразии.

Современные полногеномные исследования значительно расширили горизонты научных знаний по данной проблематике (*Колесников* и др. 2021; *Гареева, Хуснутдинова* 2023). Особенно они актуальны при решении спорных вопросов происхождения и ранней истории расселения тюркских народов (*Yunusbayev et al.* 2015). В котором были исследованы полногеномные данные о генотипах с высокой плотностью у 373 человек из 22 тюркоязычных популяций, представляющих их нынешний географический ареал.

Показано, что большинство изученных тюркских народов Евразии, генетически напоминают своих географических соседей. Однако западно-тюркские народы, отличаются избытком длинных хромосомных участков, идентичных по происхождению (IBD), с населением современной Южной Сибири и Монголии (SSM). С помощью метода ALDER определены даты примеси IX–XVII вв., которые совпадают с тюркскими миграциями V–XVI вв. Датировка примесей, и предполагаемые даты хорошо согласуются с историческим периодом тюркских миграций и перекрывающейся экспансии монголов. Выявлены генетические следы недавних крупномасштабных кочевнических миграций, отображающий их источник в ранее предполагаемой области Монголии и Южной Сибири.

Продолжение исследований полногеномных данных о генотипах с высокой плотностью раскрывает перспективу расшифровки многочисленных сигналов примеси в человеческом геноме, картирование происхождения отдельных хромосомных участков, датировки возраста азиатской примеси, а также решить некоторые спорные исторические моменты раннего древнетюркского и длительного прототюркского этапов.

Основные выводы

Среди тюрко-язычных популяций имеет место выраженный градиент частот монголоидных и европеоидных аллелей.

Тюрко-язычные общности сформировались за счет масштабных продолжительных во времени миграционных процессов раннего древнетюркского и прототюркского этапов в широком географическом поясе.

Процессы ассимиляции аборигенного населения тюркоязычными кочевниками сопровождались языковой экспансией. Происходили процессы замены языка с одной стороны и формирование различных диалектов тюркского языка с другой. Исторически сложилось так, что на протяжении веков тюркский язык выступал в роли пластичного и наиболее удобного языка для торговли, обмена, общения и консолидации представителей разных этнических групп.

Источники и материалы

- ВПН 2020 — Итоги ВПН-2020. Том 5. Национальный состав и владение языками [Электронный ресурс] // Федеральная служба государственной статистики (Росстат) [сайт]. https://rosstat.gov.ru/vpn/2020/Tom5_Nacionalnyj_sostav_i_vladenie_yazykami (дата обращения: 01.06.2024).
- НПН Казахстан 2021 — Итоги Национальной переписи населения 2021 года. Национальный состав, вероисповедание и владение языками в Республике Казахстан [Электронный ресурс] // Бюро национальной статистики агентства по стратегическому планированию и реформам Республики Казахстан [сайт]. <https://stat.gov.kz/ru/nacional/2021/> (дата обращения: 01.06.2024).
- Население СНГ 2022 — Население, занятость и условия жизни в странах Содружества Независимых Государств, 2022: статистический сборник. М.: Межгосударственный статистический комитет СНГ, 2023. 294 с. [сайт]. https://new.cisstat.org/documents/20143/857297/sb_population2022.pdf/527996ba-b68b-055a-3c7f-a59419f938a3?t=1707378712143 (дата обращения: 01.06.2024).

Научная литература

- Гареева А. Э., Хуснутдинова Э. К. Генетическая структура выборки русских, татар и башкир по данным полногеномного исследования // Известия Уфимского научного центра РАН. 2023. № 2. С. 39–42.
- Дамба Л. Д., Балановская Е. В., Жабалин М. К., Юсупов Ю. М., Богунов Ю. В., Сабитов Ж. М., Агджоян А. Т., Короткова Н. А., Лавряшина М. Б., Монгуш Б. Б., Кавай-оол У. Н., Балановский О. П. Оценка вклада монгольской экспансии в генофонд тувинцев // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2018. Т. 22. № 5. С. 611–619. <https://doi.org/10.18699/VJ18.402>
- Колесников Н. А., Харьков В. Н., Зарубин А. А., Раджабов М. О., Воевода М. И., Губина М. А., Хуснутдинова Э. К., Литвинов С. С., Екомасова Н. В., Штыгашева О. В., Максимова Н. Р., Сухомясова А. Л., Степанов В. А. Особенности геномного распределения регионов высокой гомозиготности у коренного населения Северной Евразии на индивидуальном и популяционном уровнях на основе анализа SNP высокой плотности // Генетика. 2021. Т. 57. № 11. С. 1261–1275. <https://doi.org/10.31857/S0016675821110059>
- Наумова О. Ю., Рычков С. Ю., Морозова И. Ю., Хаят С. Ш., Семиков А. В., Жукова О. В. Разнообразие митохондриальной ДНК у тоболо-иртышских татар // Генетика. 2008. Т. 44. № 2. С. 215–226.
- Нил Дж., Шелл У. Наследственность человека. М.: Изд-во Иностранной литературы, 1958. 388 с.
- Покровская Л. А. Грамматика гагаузского языка. Фонетика и морфология. М.: Наука, 1964. 213 с.
- Спицын В. А., Варзарь А. М., Спицина Н. Х. Характеристики генофонда популяции гагаузов Молдавии // Генетика. 1999. Т. 35. № 8. С. 1144–1148.
- Спицина Н. Х., Спицын В. А., Варзарь А. М. К исследованию генофонда гагаузов Молдавии // Acta Ethnographica Hungarica, 1999. 44 (3–4). С. 473–477.
- Спицина Н. Х. Оценка вклада финно-угорского компонента в формирование башкир // Доклады 7-ого Международного Конгресса финноугроведов. Дебрецен, 1990. С. 199–203.
- Спицина Н. Х. Проблемы исторической генетики. М.: Изд-во ИЭА РАН, 1993. 236 с.
- Спицина Н. Х., Лейбова Н. А. (отв. ред.) Антропология башкир. СПб.: Алетейя, 2011. С. 318–335.
- Схаляхо Р. А., Почешкова Э. А., Теучеж И. Э., Дибирова Х. Д., Балановская Е. В., Балановский О. П. Тюрки Кавказа: сравнительный анализ генофондов по данным о Y-хромосоме

// Вестник МГУ. Серия ХХIII. 2013. № 2. С. 34–48.

- Тарская Л. А., Макаров С. В., Бычковская Л. С., Пай Г. В., Пакендорф Б., Ельчинова Г. И., Дербин В. Е., Спицын В. А. Этногеномика якутов из трех регионов республики Саха (Якутия) по данным о частотах биохимических маркеров генов // Генетика. 2002. Т. 38. № 9. С. 1282–1291.
- Федорова С. А., Хуснутдинова Э. К. Особенности структуры генофонда и генетическая история Саха (якутов) // Генетика. 2022. Т. 58. № 12. С. 1349–1366. <https://doi.org/10.31857/S0016675822120037>
- Хуснутдинова Э. К., Кутуев И. А., Хусаинова Р. И., Юнусбаев Б. Б., Юсупов Р. М., Виллемс Р. Этногеномика и филогенетические взаимоотношения народов Евразии // Вестник ВО-ГИС. 2006. Т. 10. № 1. С. 24–39.
- Findley C. V. *The Turks in World History*. New York: Oxford University Press, 2004. 320 p.
- Golden P. B. *Central Asia in World History*. New York: Oxford University Press, 2011. 176 p.
- Pakendorf B., Wiebe V., Tarskaia L. A., Spitsyn V. A., Soodyall, H., Rodewald A., Stoneking M. Mitochondrial DNA Evidence for Admixed Origins of Central Siberian Populations // *American Journal of Physical Anthropology*. 2003. Vol. 120. № 3. P. 211–224. <https://doi.org/10.1002/ajpa.10145>
- Sinor D. *The Establishment and Dissolution of the Turk Empire* // *The Cambridge History of Early Inner Asia*, ed. by D. Sinor. Cambridge: Cambridge University Press, 1990. P. 285–316.
- Varsahr A. M., Bichcovscaya L. S., Kravchuk O. I., Spitsyn V. A. To the Research of the Gene Pool of the Gagauz Population of Moldavia // *Anthropologischer Anzeiger*. 2001. Jg. 59. V. 1. P. 11–17.
- Wenke A., Schwidetzky I. *Neuere Entwicklungen in der Rassenkunde des Menschen* // *Die neue Rassenkunde* / ed. by I. Schwidetzky. Stuttgart: Gustav Fischer Verlag, 1962. 235 p.
- Yunusbayev B., Metspalu M., Metspalu E., Valeev A., Litvinov S., Valiev R., Akhmetova V., Balanovska E., Balanovsky O., Turdikulova Sh., Dalimova D., Nymadawa P., Bahmanimehr A., Sahakyan H., Tambets K., Fedorova S., Barashkov N., Khidiyatova I., Mihailov E., Khusainova R., Damba L., Derenko M., Malyarchuk B., Osipova L., Voevoda M., Yepiskoposyan L., Kivisild T., Khusnutdinova E., Villem R. The Genetic Legacy of the Expansion of Turkic-Speaking Nomads across Eurasia. *PLoS Genetics*. 2015. 11 (4): e1005068. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005068>

References

- Damba, L. D., E. V. Balanovskaia, M. K. Zhabagin, Iu. M. Yusupov, Yu. V. Bogunov, Zh. M. Sabitov, A. T. Agdzhoian, N. A. Korotkova, M. B. Lavriashina, B. B. Mongush, U. N. Kawai-ool, and O. P. Balanovskii. 2018. Otsenka Vklada Mongol'skoi Ekspansii v Genofond Tuvintsev [Assessing the Contribution of Mongolian Expansion to the Gene Pool of Tuvinians]. *Vavilovskii zhurnal genetiki i seleksii* 22 (5): 611–619. <https://doi.org/10.18699/VJ18.402>
- Fedorova, S. A. and E. K. Khusnutdinova. 2022. Osobennosti struktury genofonda i geneticheskaiia istoriia Sakha (yakutov) [Peculiarities of the Gene Pool Structure and Genetic History of the Sakha (Yakut) People]. *Genetika* 58 (12): 1349–1366. <https://doi.org/10.31857/S0016675822120037>
- Findley, C. V. 2004. *The Turks in World History*. New York: Oxford University Press. 320 p.
- Gareeva, A. E. and E. K. Khusnutdinova. 2023. Geneticheskaiia struktura vyboriki russkikh, tatar i bashkir po dannym polnogenomnogo issledovaniia [Genetic Structure of the Sample of Russians, Tatars and Bashkirs According to the Data of a Full Genomic Study]. *Izvestiia Ufimskogo nauchnogo tsentra RAN* 2: 39–42.
- Golden, P. B. 2011. *Central Asia in World History*. New York: Oxford University Press. 176 p.
- Khusnutdinova, E. K., I. A. Kutuev, R. I. Khusainova, B. B. Iunusbaev, R. M. Yusupov, and R. Villem. 2006. Etnogenomika i filogeneticheskie vzaimootnosheniia narodov Evrazii [Ethnogenomics and Phylogenetic Relationships of the Peoples of Eurasia]. *Vestnik VOGIS* 10(1): 24–39.
- Kolesnikov, N. A., V. N. Kharkov, A. A. Zarubin, M. O. Radzhabov, M. I. Voevoda, M. A. Gubina, E. K. Khusnutdinova, S. S. Litvinov, N. V. Ekomasova, O. V. Shtygasheva, N. R. Maksimova, A. L. Sukhomiasova and V. A. Stepanov. 2021. Osobennosti genomnogo raspredeleniia regionov vysokoi gomozigotnosti u korennoho naseleniia Severnoi Evrazii na individual'nom i

- populatsionnom urovniakh na osnove analiza SNP vysokoi plotnosti [Features of the Genomic Distribution of Runs of Homozygosity in the Indigenous Population of Northern Eurasia at the Individual and Population Levels Based on High Density SNP Analysis]. *Genetika* 57(11): 1261–1275. <https://doi.org/10.31857/S0016675821110059>
- Naumova, O. Yu., S. Yu. Rychkov, I. Yu. Morozova, S. Sh. Khaiat, A. V. Semikov, and O. V. Zhukova. 2008. Raznoobrazie mitokhondrial'noi DNK u tobolo-irtyshkikh tatar [Diversity of Mitochondrial DNA in Tobolo-Irtysh Tatars]. *Genetika* 44(2): 215–226.
- Neel, J. and W. Schull. 1958. *Nasledstvennost' cheloveka* [Human Heredity]. Moscow: Izdatel'stvo Inostrannoi Literatury. 388 p.
- Pakendorf, B., V. Wiebe, L. A. Tarskaia, V. A. Spitsyn, H. Soodyall, A. Rodewald, and M. Stoneking. 2003. Mitochondrial DNA Evidence for Admixed Origins of Central Siberian Populations. *American Journal of Physical Anthropology* 120(3): 211–224. <https://doi.org/10.1002/ajpa.10145>
- Pokrovskaja, L. A. 1964. *Grammatika gagauzskogo yazyka. Fonetika i morfologiya* [Grammar of the Gagauz Language. Phonetics and Morphology]. Moscow: Nauka. 213 p.
- Sinor, D. 1990. The establishment and dissolution of the Turk empire. In *The Cambridge History of Early Inner Asia*, ed. by D. Sinor. Cambridge: Cambridge University Press. 285–316.
- Skhaliakho, R. A., E. A. Pocheshkova, I. E. Teuchezh, Kh. D. Dibirova, E. V. Balanovskaia, and O. P. Balanovskii. 2013. Tiurki Kavkaza: sravnitel'nyi analiz genofondov po dannym o Y-khromosome [Caucasian Türks: Comparative Analysis of Gene Pools Based on Y-Chromosome Data]. *Vestnik MGU XXIII* (2): 34–48.
- Spitsyn, V. A., A. M. Varzar', and N. Kh. Spitsyna. 1999. Kharakteristiki genofonda populatsii gagauzov Moldavii [Characteristics of the Gene Pool of the Gagauz Population of Moldova]. *Genetika* 35(8): 1144–1148.
- Spitsyna, N. Kh., V. A. Spitsyn, and A. M. Varzar'. 1999. K issledovaniuu genofonda gagauzov Moldavii [Towards the Study of the Gene Pool of the Gagauz of Moldavia]. *Acta Ethnographica Hungarica* 44(3–4): 473–477.
- Spitsyna, N. Kh. 1990. Otsenka vklada finno-ugorskogo komponenta v formirovanie Bashkir [Assessing the Contribution of the Finno-Ugric Component to the Formation of the Bashkirs]. *Doklady 7-ogo Mezhdunarodnogo Kongressa finnougrovedov* [The Proceedings of the 7th International Congress for Finno-Ugric Studies]. Debretsen. 199–203.
- Spitsyna, N. Kh. 1993. *Problemy istoricheskoi genetiki* [Problems of Historical Genetics]. Moscow: IEA RAN. 236 p.
- Spitsyna, N. Kh. and N. A. Leibova (eds.). 2011. *Antropologiya Bashkir* [Anthropology of the Bashkirs]. Saint Petersburg: Aleteia. 318–335.
- Tarskaia, L. A., S. V. Makarov, L. S. Bychkovskaia, G. V. Pai, B. Pakendorf, G. I. Elchinova, V. E. Deriabin, and V. A. Spitsyn. 2002. Etnogenomika yakutov iz trekh regionov respublikii Sakha (Yakutiia) po dannym o chastotakh bioimicheskikh markerov genov [Ethnogenomics of Yakuts from Three Regions of the Republic of Sakha (Yakutia) According to the Data on the Frequencies of Biomarker Genes]. *Genetika* 38(9): 1282–1291.
- Varsahr, A. M., L. S. Bichcovscaya, O. I. Kravchuk, and V. A. Spitsyn. 2001. To the Research of the Gene Pool of the Gagauz Population of Moldavia. *Anthropologischer Anzeiger* 59(1): 11–17.
- Wenke, A. and I. Schwidetzky. 1962. Neuere Entwicklungen in der Rassenkunde des Menschen [Recent Developments in Human Racial Studies]. In *Die neue Rassenkunde* [The New Racial Science], ed. by I. Schwidetzky. Stuttgart: Gustav Fischer Verlag. 235 p.
- Yunusbayev, B., M. Metspalu, E. Metspalu, A. Valeev, S. Litvinov, R. Valiev, V. Akhmetova, E. Balanovska, O. Balanovsky, Sh. Turdikulova, D. Dalimova, P. Nymadawa, A. Bahmanimehr, H. Sahakyan, K. Tambets, S. Fedorova, N. Barashkov, I. Khidiyatova, E. Mihailov, R. Khusainova, L. Damba, M. Derenko, B. Malyarchuk, L. Osipova, M. Voevoda, L. Yepiskoposyan, T. Kivisild, E. Khusnutdinova, and R. Villems. 2015. The Genetic Legacy of the Expansion of Turkic-Speaking Nomads across Eurasia. *PLoS Genetics* 11(4): e1005068. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005068>