

УДК 39+94

СТРУКТУРА СУБКЛАДОВ ГАПЛОГРУППЫ Y-ХРОМОСОМЫ С КАК СВИДЕТЕЛЬСТВО МИГРАЦИЙ МОНГОЛОВ В XIII, XVII И XVIII вв.

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

Известны две крупные миграции монголов за пределы территории Монголии. Первая — в процессе монгольских завоеваний XIII в. Вторая — переход монголов-ойратов из Западной Монголии в Синьцзян, Семиречье и Северный Прикаспий в первой половине XVII в. с формированием Джунгарского и Калмыцкого ханств. Была также и миграция калмаков (джунгар) с территории Джунгарского ханства в другие регионы после его разгрома Китаем в 1755-59 гг. В рамках популяционной генетики у монголов выделяют две субпопуляции: монголы-ойраты и монголы-халха (западные и восточные монголы). В первой миграции участвовали обе субпопуляции, во второй и третьей — только монголы-ойраты. По частотам у субпопуляций доминируют разные субклады гаплогруппы Y-хромосомы С. Исходя из данного факта в статье поставлена задача раздельного поиска генетических следов миграции монголов в XIII в., а также миграций ойратов в XVII и XVIII вв. в генофонде популяций Восточной Европы и регионов Азии. Субклады гаплогруппы С выделены в Дереве YTree: C-Y11591 «Сунгирь», C-K281 «Костёнки», C-M8574 «Не идентифицированный», C-Y10418 «Авары», C-M48 «Калмыки», C-M504 «Хазарейцы» и C-F1067 «Монголы-халха (?)». В исследовании рассмотрена их этногеография. Субклады «Калмыки» и «Хазарейцы» являются ойратскими. Субклад «Монголы-халха (?)» предположительно относится к монголам-халха. Выявлены генетические следы переселения монголов-ойратов в XVII и XVIII вв. у татар Татарстана, Томской, Нижегородской и Рязанской областей. Татары, носители гаплогруппы С, являются их потомками.

К л ю ч е в ы е с л о в а

Монголы-халха, монголы-ойраты, калмыки, калмаки (джунгары), миграции, Восточная Европа, регионы Азии, популяционная генетика.

UDC 39+94

THE STRUCTURE OF SUBCLADES OF THE Y-CHROMOSOME C HAPLOGROUP AS EVIDENCE OF MONGOL MIGRATIONS IN THE XIII, XVII AND XVIII CENTURIES

Tyurin Anatoliy M.

Candidate of Geological and Mineralogical Sciences

Orenburg State University, Russia

E-mail: amturin1952@bk.ru

Annotation

Two major migrations of Mongols outside the territory of Mongolia are known. The first was in the process of the Mongol conquests of the XIII century. The second is the transition of the Oirat Mongols from Western Mongolia to Xinjiang, Semirechye and the Northern Caspian region in the first half of the XVII century, with the formation of the Dzungarian and Kalmyk khanates. There was also migration of Kalmaks (Dzungars) from the territory of the Dzungarian Khanate to other regions after its defeat by China in 1755-59. Within the framework of population genetics, two subpopulations are distinguished among the Mongols: the Oirat Mongols and the Khalkha Mongols (western and eastern Mongols). Both subpopulations participated in the first migration, and only the Oirat Mongols participated in the second and third. In terms of frequencies, different subclades of the Y-chromosome C haplogroup dominate in subpopulations. Based on this, it is possible to set the task of separately searching for genetic traces of Mughal migration in the XIII century, as well as Oirat migrations in the XVII and XVIII centuries in the gene pool of populations of Eastern Europe and Asian regions. The subclades of haplogroup C are allocated in the YTree Tree: C-Y11591 «Sungir», C-K281 «Kostenki», C-M8574 «Unidentified», C-Y10418 «Avars», C-M48 «Kalmyks», C-M504 «Khazarians» and C-F1067 «Mongols-Khalkha (?)». Their ethnogeography is considered. The subclades «Kalmyks» and «Khazarians» are Oirat. The subclade «Mongols-Khalkha (?)» presumably refers to the Khalkha Mongols. Genetic traces of the migration of the Oirat Mongols in the XVII and XVIII centuries have been revealed the Tatars of Tatarstan, Tomsk, Nizhny Novgorod and Ryazan regions. Tatars, carriers of haplogroup C, are their descendants.

Key words

Khalkha Mongols, Oirat Mongols, Kalmyks, Kalmaks (Dzungars), migrations, Eastern Europe, regions of Asia, population genetics.



ВВЕДЕНИЕ

По результатам анализа данных популяционной генетики, имеющихся на 2009 г., российские генетики Е.В. Балановская и О.П. Балановский сделали заключение: «Что же касается второй из крупных миграций, связанных с монгольским завоеванием средневековых русских княжеств [XIII в.], то её генетические следы обнаружить не удаётся» (2009: 406). Первая крупная миграция — расселение восточных славян в VIII–IX вв., направленная с юго-запада на северо-восток. Почему-то генетики не приняли во внимание переход в первой половине XVII в. монголов из Западной Монголии на запад. Её следствием явилось формирование Калмыцкого ханства в Северном Прикаспии и Джунгарского в Семиречье и Сибиряке. Монголы-ойраты, мигрировавшие в Северный Прикаспий, получили этноним *калмыки*. Те, кто создал Джунгарское ханство (XVII в. — 1759 г.), — *калмаки*. В русских письменных свидетельствах последних называют зюнгарами, в специальной литературе — джунгарами. После разгрома Китая Джунгарского ханства (1755–59 гг.), калмаки вынуждены были уйти в другие регионы. Сегодня имеются данные популяционной генетики, позволяющие рассмотреть вопрос о генетических следах трех миграций монголов.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Монголы-ойраты и монголы-халха

Гаплогруппы Y-хромосомы (передаются по мужской линии) C, 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 % (Balinova et al, 2019). Это генетические маркеры (от термина «генезис») монголов в Восточной Европе и Азии. Гаплогруппа C 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, 2017).

В рамках популяционной генетики у монголов выделяют две субпопуляции: монголы-ойраты и монголы-халха (западные и восточные монголы). Авторы публикации (Malyarchuk et al, 2012) изучили структуру гаплогруппы C у популяций Восточной Европы и Азии. Выделено три субклада, но нас интересуют два: C3c1-M77, M86 и C3*-M217 (хC3a, C3b, C3c, C3d, C3e, C3f). У калмыков (N=91) их частоты 45,1 и 5,5 %, у монголов (интегрально) (N=49) — 10,9 и 39,1 %, у алтайских казахов (N=36) — 41,7 и 16,7 %. То есть по частотам субкладов калмыки существенно отличаются от монголов, а алтайские казахи ближе к первым, чем ко вторым.

Структура генофонда популяций, говорящих на ойратском диалекте монгольского языка (монголы-ойраты) и проживающих на территории Западной Монголии, Китая (Синьцзян), Киргизии и России, приведена в публикации (Balinova et al, 2019).

Оказалось, что у них по частотам резко доминирует линия C3c1b-F6379 субклада C3c1-M77. Ее частоты у калмыков на территории России: дербеты (N=69) — 21,7 % (60,8 %), торгуты (N=58) — 41,4 % (55,1 %), хошеуты (N=28) — 50,0 % (53,6 %) и бузавы (N=52) — 48,1 % (65,4 %). В скобках показаны частоты гаплогруппы C. Первые три популяции соответствуют родовым объединениям монголов-ойратов, последняя — потомкам калмыков-казаков (донских). У монголов-ойратов субклад C3c1b-F6379 имеет следующие частоты: дербеты (N=40) — 50,0 % (72,5 %), торгуты (N=47) — 29,8 % (66,0 %), хошеуты (N=18) — 66,7 % (77,8 %). У калмыков Синьцзяна (N=12) — 25,0 % (50,0 %). У других популяций Сибири и монголов рассматриваемый субклад не выявлен (Balina et al, 2019:fig. 2), но у них имеется его родительская линия C-M86.

Общие выводы: у монголов-халха и монголов-ойратов (включая калмыков и калмаков) по частоте доминируют разные субклады гаплогруппы C; субклад C3c1b-F6379 является генетическим маркером калмыков и калмаков.

На основании вышеизложенных особенностей генетических портретов калмыков и монголов-халха нами выполнена этническая идентификация подавляющего большинства казахов объединения алимуды Младшего жуза по данным, приведенным в публикации (Баймуханов, Баимбетов, 2019). Они являются потомками калмыков рода *торгут* (Тюрин, 2020).

Таким образом, миграции с территории Монголии в Восточную Европу и регионы Азии происходили в середине XIII, в первой половине XVII и во второй половине XVIII вв. В первой участвовали монголы-халха и монголы-ойраты, во второй и третьей — только монголы-ойраты (калмыки и калмаки). Генетические портреты монголов-халха и монголов-ойратов, носителей гаплогруппы Y-хромосомы C, различаются, следовательно, можно ставить задачу поиска следов их переселений в популяциях Восточной Европы и регионах Азии.

Этногеография субкладов гаплогруппы C

Рассмотрены субклады и линии гаплогруппы C Дерева YTree по его состоянию на 01.12.2023 г. (Дерево). Отмеченный выше субклад C3c1-M77 в Дереве не имеется. Скорее всего, включен в него под другим индексом. Субклады Y-хромосомы выделены в Дереве и названы нами в соответствии с поставленной задачей. Количество носителей субклада, проживающих в станах или их регионах, указано в круглых скобках. Этнос указан только для некоторых тестируемых.

Субклад C-Y11591 «Сунгирь». Определен в останках людей (3) верхнепалеолитической стоянки Сунгирь (Россия, окраина Владимира). Линии субклада выявлены в ископаемых останках людей на территории Испании (1), Австрии (1), Венгрии (1), Германии (1), Румынии (1) и Украины (1). Носители субклада проживают (проживали на дату тестирования) в Британии (2), Германии (1), Италии (1), Польше (2), Украине (1), Испании (2), Армении (1), Турции (1) и Алжире (1).

Субклад C-K281 «Костенки». Субклад выявлен в останках человека (1) верхнепалеолитической стоянки Костенки (Россия, Хохловский район Воронежской области). Носители линии C-B65 проживают в Китае (4), Таиланде (1) и Сингапуре (2), линии C-Y28069 — в Сингапуре (1), Бангладеш (2), Шри-Ланке (1), Индии (13), Пакистане (2), Омане (1), Кувейте (1), Саудовской Аравии (7) и Турции (2).

Субклад С-M8574 «Не идентифицированный». Выявлен в останках человека на территории Казахстана. Носители проживают в Японии (1), Корее (1), Китае (2), Индии (1), Турции (1) и Словакии (1).

Субклад С-Y10418 «Авары». Линии субклада выявлены в ископаемых останках людей на территории Монголии (3), Китая (1, Синьцзян), России (2, Бурятия и Чукотка) и Венгрии (3). Его носители проживают в Китае (15, 1 монгол), Казахстане (4), Турции (4), Киргизии (2), России (3, 1 из Татарстана, 1 татарин из Башкортостана и 1 балкарец), Чехии (1), Польше (1) и Афганистане (1).

Субклад С-M48 «Калмыки». Среди носителей субклада доминируют люди из Китая (40). Среди них имеются жители Внутренней Монголии (9) и Синьцзяна (2, 1 казах). Другие его носители проживают в Монголии (2, 1 калмык), Казахстане (4), Киргизии (2), Узбекистане (1), Турции (1) и Италии (3, 2 французы). В России (13) — в Калмыкии (7, 1 калмык), Татарстане (2, 1 татарин), Туве (1), Хабаровском крае (1, эвен) и Томской области (1, сибирский татарин). Для одного тестированного регион проживания не указан.

Субклад С-M504 «Хазарейцы». Линии субклада выявлены в ископаемых останках людей на территории Китая (1, Синьцзян) и Казахстана (1, Карагандинская область). Среди носителей также доминируют люди из Китая (59). Среди них 8 китайцев, 1 даур и 1 ороген. 15 проживают во Внутренней Монголии (4 монгола), 1 в Синьцзяне. Носители субклада имеются в Монголии (3), Казахстане (2), Киргизии (4), Украине (2, 1 в Крыму), Саудовской Аравии (1). Хазарейцы исторически локализованы на территории Пакистана (5) и Афганистана (2). В России (8) — в Калмыкии (1), Татарстане (3, 1 татарин), Бурятии (2, 1 монгол), Нижегородской (1, татарин) и Рязанской областях (1, татарин).

Субклад С-F1067 «Монголы-халха (?)». В субкладе резко доминируют жители Китая (182). Среди них есть монголы (4) и жители Синьцзяна (3). Имеются его носители и в сопредельных странах (Корея, Япония, Сингапур, Вьетнам). В других странах: Монголия (1), Казахстан (1, казах), Пакистан (1, хазарец), Азербайджан (1, Нахичевань), Армения (2, армяне), Сирия (1), Германия (1, немец). В России носители субклада проживают в Бурятии (2, 1 бурят), Якутии (2), Калмыкии (1), Чечне (2, 1 чеченец), Иркутской области (1, бурят).

ЭТНИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ СУБКЛАДОВ

Субклады «Сунгирь» и «Костенки» древние, к монголам отношения не имеют. Носители первого субклада проживают в Европе, а также в сопредельных регионах Африки и Азии. Носители второго на территории Европы не выявлены. Но их наличие не исключается. Данных для этнической идентификации субклада «Не идентифицированный» недостаточно.

В публикации (Neparaczki et al, 2019) приведены результаты тестирования останков из погребений гуннов (V в.), аваров (конец VI–VII вв.) и мадьяр (конец IX–X вв.). По двум образцам из погребений аварского периода определена гаплогруппа С. В публикации (Maroti et al, 2022) даны результаты тестирования останков из погребений этих же периодов. Гаплогруппа С определена в одном образце погребения аварского и в одном — мадьярского периодов. Таким образом, среди аваров и мадьяр, пришедших на Среднедунайскую равнину, были и носители гаплогруппы С.

Восточная группа погребений с тестированными останками субклада «Авары» локализована в Бурятии и Синьцзяне, на севере (аймак Бурган) и северо-западе (аймак Увс) Монголии. Это соответствует господствующему мнению о центрально-азиатском происхождении аваров. Фрагмент субклада показан на рисунке 1. Его компактная (C-Y10427) и «короткая» (C-Y10432*) линии объединяют пришельцев на Среднедунайскую равнину, турка, балкарца и татарина, а также жителей Польши, Чехии, Казахстана и Китая. Имеется только одна странность. Линии носителей гаплогруппы C — C2a1a1b1b, аварского и мадьярского периодов совпали (Maroti et al, 2022). Такое возможно, но крайне маловероятно. Не путаются ли археологи в датировках археологических культур? Субклад «Авары» как-то связан с монголами, но не с их миграциями в XIII в. и позднее.



Рис. 1. Гаплогруппа Y-хромосомы C (Дерево). Фрагмент субклада C-Y10418 «Авары». Линии C-Y10432* и C-Y10427

Субклады «Сунгирь», «Костёнки» и «Авары» являются помехами для решения поставленной задачи. Частный вывод: в Европе и Азии имеются носители гаплогруппы C, не являющиеся потомками монголов-халха и монголов-ойратов.

Линия C-F6193 является ядром субклада «Калмыки» (Рис 2). Включает 7 мужчин, проживающих на территории Калмыкии. Этнос указан только для одного — калмык. С вероятностью, близкой к 1, тестированные жители Калмыкии являются калмыками. С высокой вероятностью, им является и житель России, для которого не указан регион проживания. Один житель Монголии является калмыком. Линия включает 7 жителей Китая, в том числе Синьцзяна (3, 1 казах) и Внутренней Монголии (3). Имеются жители Казахстана (2) и Киргизии (2). С территории Монголии в ядро субклада попал только один житель. С высокой вероятностью, он монгол-ойрат. Таким образом, носители линии C-F6193 проживают на территории

Калмыкии, а также в регионах проживания монгол-ойратов. С вероятностью, близкой к 1, жители Калмыкии и Татарстана как носители субклада «Калмыки», а также сибирский татарин Томской области идентифицируются как потомки калмыков.

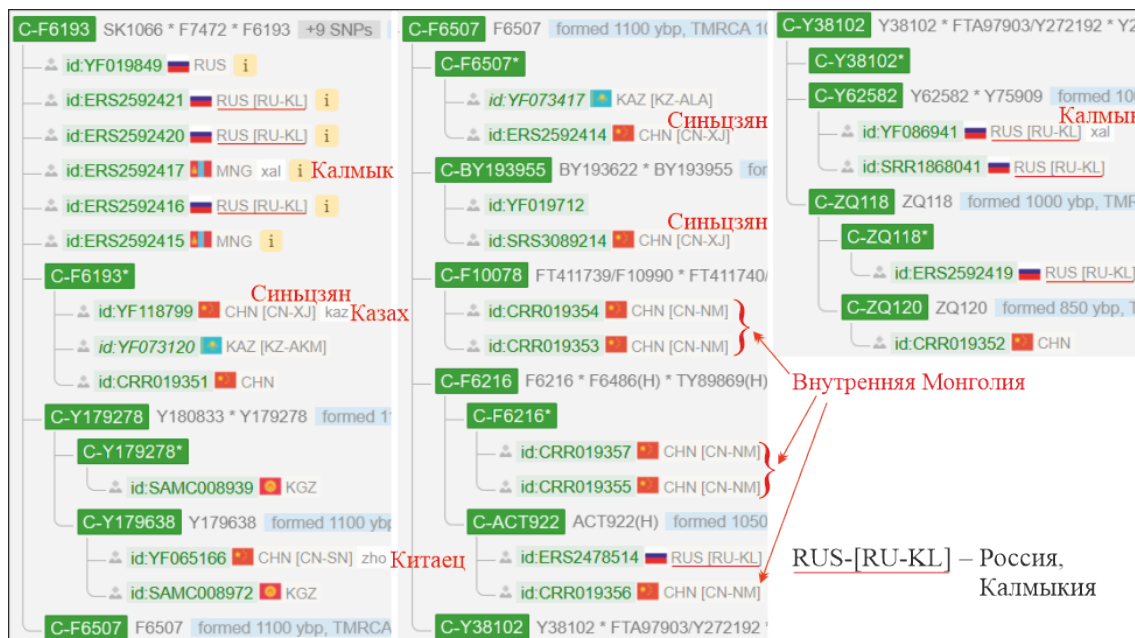


Рис. 2. Гаплогруппа Y-хромосомы C (Дерево). Фрагмент субклада C-M48 «Калмыки». Линия C-F6193

Линии субклада «Хазарейцы» выявлены в ископаемых останках людей на территории Джунгарского ханства — Синьцзян и Карагандинская область Казахстана. Вопрос об этногенезе хазарейцев был нами ранее рассмотрен (Тюрин, 2024). В 1755-59 гг. Китай завоевал Синьцзян. Джунгарское ханство было ликвидировано. Калмаки категорически не вписывались в новый формат региона. Группа калмаков численностью 9 тыс. кибиток ушла из Синьцзяна в Ферганскую долину. Их потомки стали узбеками и киргизами. Другая группа численностью 3 тыс. кибиток через Памир и Шугнан пришла в Бадахшан (Та'рих-и Бадахшан, 1997). Их потомки сегодня носят этноним «хазарейцы». Ещё одна группа численностью 2,5 тыс. кибиток из Джунгарии мигрировала в пределы Российской империи на Волгу (Митиров, 1998). Их потомками являются жители Калмыкии и Татарстана, а также татары Нижегородской и Рязанской областей. Один носитель субклада из Крыма. Его линия совпадает с линией татарина из Татарстана. Скорее всего, он крымский татарин и тоже потомок калмака. С высокой вероятностью потомком калмака является и второй носитель субклада из Украины.

Похоже, что субклад «Монголы-халха (?)» характеризует монголов-халха. Его носители расселены вокруг Восточной Монголии — Китай, Корея, Россия (Бурятия и Иркутская область). Но на территории Монголии выявлен только один. Возможно, это связано с низкой активностью ее жителей в коммерческом тестировании. В соответствии с результатами генетических исследований у калмыков тоже имеются линии субкладов, доминирующие у монголов-халха. Это подтверждено

попаданием в субклад «Монголы-халха (?)» одного жителя Калмыкии. Потомками монголов этих линий могут быть носители гаплогруппы С из Казахстана (1), Армении (2), Чечни (2), Азербайджана (1), Сирии (1) и Германии (1). Но можно встать на формальные позиции. Если субклад «Монголы-халха (?)» характеризует монголов переселенцев XIII в., то их потомками среди тестированных из Восточной Европы могут быть только один житель Калмыкии, который, с высокой вероятностью, является калмыком, и два жителя Чечни.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

1. По доминирующим по частоте субкладам гаплогруппы Y-хромосомы С у монголов-халха и монголов-ойратов представляется возможным найти следы их переселений в XIII в., первой половине XVII в. и во второй половине XVIII в. в генофонде популяций Восточной Европы и регионов Азии

2. Субклады Дерева YTree «Калмыки» и «Хазарейцы» являются ойратскими. Субклад «Монголы-халха(?)» предположительно относится к монголам-халха.

3. По Дереву YTree выявлены генетические следы переселения монгол-ойратов в первой половине XVII в. и во второй половине XVIII в. у татар Татарстана, Нижегородской, Рязанской и Томской областей. Татары, носители гаплогруппы С, являются потомками калмыков.

4. Потомков монголов-халха среди тестированных из Восточной Европы, за исключением одного жителя Калмыкии и двух Чечни в Дереве YTree, не имеется. Это подтверждает вывод российских генетиков Е.В. Балановской и О.П. Балановского относительно монгольской экспансии XIII в.: «ее генетические следы обнаружить не удастся» (2009: 406).

5. Рекомендуется выполнить углубленный анализ образцов из баз генетических данных, по которым определена гаплогруппа С у представителей популяций Восточной Европы (русские, татары, башкиры, ногайцы). Полученные результаты с высокой вероятностью укажут на ее источник: монголы-халха XIII в. или монгол-ойраты XVII–XVIII вв. Эти естественнонаучные данные позволят уточнить представления о прошлом популяций региона.

Литература

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

Балановская, Е.В., Балановский, О.П. (2009). Генетические следы исторических и доисторических миграций: континенты, регионы, народы. *Вестник Вавиловского общества генетиков и селекционеров*. 13. 2. 401–409.

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.

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

Митиров, А.Г. (1998). *Ойраты-калмыки: века и поколения*. Элиста: Калмыцкое книжное издательство.

Ta'rix-i Badakhshan (История Бадakhшана) (1997). / Факсимиле рукописи. Издание текста, пер. с перс. А. Н. Болдырева при участии С. Е. Григорьева. Введ. А. Н. Болдырева и С. Е. Григорьева. Примеч. и прил. С. Е. Григорьева. Москва: Восточная литература. ППВ. XCVIII.

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

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

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

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.

Malyarchuk, B.A., Derenko M., Denisova G. (2012). On the Y-chromosome haplogroup C3c classification. *Journal of Human Genetics*. 57. 685–686.

Maróti, Z., Neparáczki, E., Schütz, O. et al. (2022). The genetic origin of hunns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*. 32. 13. 2858–2870.e7.

Neparáczki, E., Maár, K., Török, T. et al. (2019). Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian basin. *Scientific Reports*. 9. 1. 165–69.

References

Baimukhanov, N., Baimbetov, G. (2019). Geneticheskii subklad ZQ5 gaplogruppy C-Y15552 rodoplemennogo ob'edineniya «Alimuly». *Vestnik KazNU. Ser. istoricheskaya*. 94. 3. 172–180 (in Russian).

Balanovskaya, E.V., Balanovskii, O.P. (2009). Geneticheskie sledy istoricheskikh i doistoricheskikh migratsii: kontinenty, regiony, narody. *Vestnik VOGiS*. 13. 2. 401–409 (in Russian).

Damba L.D., Balanovskaya E.V., Zhabagin M.K. i dr. (2018). Otsenka vkladа mongol'skoi ekspansii v genofond tuvintsev. *Vavilovskii zhurnal genetiki i selektsii*. 22. 5. 611–619 (in Russian).

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

Mitirov, A.G. *Oiraty-kalmyki: veka i pokoleniya*. (1998). Elista: Kalm. kn. izd-vo, (in Russian).

Ta'rikh-i Badakhshan (Istoriya Badakhshana) (1997). / Faksimile rukopisi. Izdanie teksta, per. s pers. A. N. Boldyreva pri uchastii S. E. Grigor'eva. Vved. A. N. Boldyreva i S. E. Grigor'eva. Primech. i pril. S. E. Grigor'eva. Moskva: Vost. lit., (PPV. XCVIII). (in Russian).

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

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

Тюрин, А.М. (2024). Элементы этногенеза хазарейцев по данным популяционной генетики. *Кочевая цивилизация: исторические исследования*. 1. 37–49 (in Russian).

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.

Malyarchuk, B.A., Derenko, M., Denisova, G. (2012). On the Y-chromosome haplogroup C3c classification. *Journal of Human Genetics*. 57. 685–686.

Maróti, Z., Neparáczi, E., Schütz, O. et al. (2022). *The genetic origin of huns, Avars, and conquering Hungarians*. *Current Biology*. 32. 13. 2858–2870. e7.

Neparáczi, E., Maár, K., Török, T. et al. (2019). Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian basin. *Scientific Reports*. 9. 1. 165–69.