

УДК 94(470+571)+39+929.51

РЕКОНСТРУКЦИЯ ЭЛЕМЕНТОВ ЭТНИЧЕСКОГО ПРОШЛОГО КРЯШЕН ПО ЕСТЕСТВЕННОНАУЧНЫМ ДАННЫМ

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

У поволжских татар выделяется три субпопуляции: казанские татары, мишари и кряшены. Казанские татары и мишари по вероисповеданию являются мусульманами, кряшены — христианами (кряшены — крещёные). В научной литературе рассмотрены естественнонаучные данные (антропологические параметры, частоты гаплогрупп Y-хромосомы, мтДНК и генов HLA II класса), характеризующие поволжских татар и другие популяции Евразии. Кряшены в основную фазу их формирования (1550–1560-е годы) обособились от казанских татар и мишарей. Позднее в их число включено ограниченное количество новокрещёных. У поволжских татар 4,0% носителей монгольских гаплогрупп Y-хромосомы (C2, D и O) и 13,2% и сибирских (Q1a, Q1b, линии гаплогруппы N1a), а также 16,5% восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК (A, D, C и D). У кряшен указанные гаплогруппы не выявлены. По гаплогруппам Y-хромосомы выделено два этнических компонента кряшен: русские (37,5%) и ногаи (62,5%). Они значимо представлены также у казанских татар и мишарей. У казанских татар и одной из групп мишарей имеются антропологические признаки монголоидности. При учёте данных популяционной генетики эти же признаки у небольшого числа кряшен являются проявлением сублапоноидности. Генетический портрет кряшен в первом приближении характеризует популяции Казанского ханства по состоянию на середину XVI в. У них не имелось антропологических признаков монголоидности, монгольских и сибирских гаплогрупп Y-хромосомы, а также восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК. Казанские татары и мишари получили их от калмыков, пришедших в Северный Прикаспий в первой половине XVII в. Была и эмиссия восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК и сибирских Y-хромосомы непосредственно из Сибири. Сформирована гипотеза первой стадии этногенеза кряшен: их основу составили русские, попавшие в Казанское ханство как полоняники.

К л ю ч е в ы е с л о в а

Поволжские татары, кряшены, антропология, популяционная генетика, этногенез.

UDC 94(470+571)+39+929.51

RECONSTRUCTION OF ELEMENTS OF THE ETHNIC PAST OF THE KRYASHENS BASED ON NATURAL SCIENCE DATA

Anatoliy M. Tyurin

Candidate of Geological and Mineralogical Sciences

Orenburg State University, Russia

E-mail: amturin1952@bk.ru

Annotation

The Volga Tatars are divided into three subpopulations: the Kazan Tatars, the Mishars, and the Kryashens. The Kazan Tatars and Mishars are Muslims, the Kryashens are Christians (Kryashens = baptized). The article examines scientific data (anthropological parameters, frequencies of Y-chromosome haplogroups, mtDNA, and HLA class II genes) characterizing the Volga Tatars and other Eurasian populations. During the main phase of their formation (1550–1560s), the Kryashens separated from the Kazan Tatars and Mishars. Later, a limited number of newly baptized people were included among them. The Volga Tatars have 4.0% carriers of Mongolian Y-chromosome haplogroups (C2, D and O) and 13.2% of Siberian haplogroups (Q1a, Q1b, lines of haplogroup N1a), as well as 16.5% of East Eurasian mtDNA haplogroups (A, D, C and D). They have not been identified among the Kryashens. According to Y-chromosome haplogroups, two ethnic components of the Kryashens have been identified: Russians (37.5%) and Nogais (62.5%). They are significantly represented among the Kazan Tatars and Mishars. The Kazan Tatars and one of the Mishar groups have anthropological features of Mongoloidity. Taking into account the data of population genetics, these same features in a small number of Kryashens are a manifestation of sub-Laponoidity. The genetic portrait of the Kryashens, as a first approximation, characterizes the populations of the Kazan Khanate as of the mid-16th century. They did not have anthropological features of Mongoloidity, Mongolian Y-chromosome haplogroups, and East Eurasian mtDNA haplogroups. The Kazan Tatars and Mishars received them from the Kalmyks, who came to the Northern Caspian region in the first half of the 17th century. They did not have anthropological signs of Mongoloidity, Mongolian and Siberian Y-chromosome haplogroups, as well as East Eurasian mtDNA haplogroups. A hypothesis has been formed about the first stage of the ethnogenesis of the Kryashens: their basis was made up of Russians who ended up in the Kazan Khanate as captives.

Key words

Volga Tatars, Kryashens, anthropology, population genetics, ethnogenesis.



ВВЕДЕНИЕ

При выполнении антропологических и генетических исследований различают несколько этносов татар: поволжские, астраханские, крымские, сибирские и литовские. Регион проживания поволжских татар и его этно-историческое районирование приведены в публикации (Акчурина, 2021). Заказанье локализовано в междуречье Волги и Вятки. С юга ограничено Камой. На правом берегу Волги — Горная сторона. С запада ограничена Сурой. Западнее её — Мещера. С севера ограничена Окой. Её историческая территория включает и два района Татарстана — Буинский и Дрожжановский. Мишари являются потомками служилых татар этого региона. В междуречье Вятки и Камы локализовано Восточное Предкамье, Южнее Камы — Восточное Закамье и Западное Закамье.

В историческом прошлом центральная часть отмеченного региона входила в Волжскую Булгарию (XI–первая треть XIII вв.), позднее в Золотую Орду (XIII–середина XV вв.), ещё позднее в Казанское ханство (1438–1552 гг.). Мещера была фронтиром. После завоевания Московским царством Казанского ханства на его бывшей территории сформировалось три новых сословия: служилые татары, служилые кряшены, ясачные кряшены.

По документам 1565–1603 гг., новыми владельцами земель Свияжского и Казанского уездов стали около 1700 служилых татар и более 280 служилых кряшен. В начале XVII в. общее число крещеных татар на указанных землях составляло не менее 3 тыс., а в 1719 г. их насчитывалось 17 тыс. К 1911 г. число кряшен достигло 123 тыс. (Петров-Текин, 2016). По данным 5-й государственной ревизии 1794 г., численность кряшен в Волго-Уральском регионе составляла 40 тыс. (6,5% от общей численности татар) (История, 2017).

Имеются две гипотезы этногенеза кряшен. Их предками в основном являются:

- болгары и ногайцы, принявшие христианство в VI–XIV вв.;
- коренное население Казанского ханства, принявшее христианство после вхождения в Московское царство.

Авторы монографии (История, 2017), посвящённой кряшам, постарались внести в этот вопрос полную ясность. Первая гипотеза не имеет документального обоснования. Например, в письменных свидетельствах не сообщается о наличии в Казанском ханстве групп христиан. Основная фаза формирования кряшен пришлась на 1550–1560-е гг. К началу XVII в. в Предкамье (Заказанье) было окрещено около 40% служилых татар. У остальной части поволжских татар этот показатель не превышал 5%. В русских документах кряшен, чьи предки приняли христианство в XVI–XVII вв., называют «старокрещеными», во второй трети XVIII в. и позднее — «новокрещеными».

С учетом опубликованной литературы (Исхаков, 2002; История, 2017 и др.) и с привязкой к этноисторическому районированию региона проживания поволжских татар (Акчурина, 2021) выделены следующие группы кряшен: предкамская (Заказанье), привятская (Восточное Предкамье и Мамадышский район Заказанья), молькеевская (Мещера), чистопольская (Западное Закамье), бакалинская (Восточное Закамье) и

нагайбаки. Бакалинская группа локализована в Бакалинском районе Башкортостана, нагайбаки — в Нагайбакском районе Челябинской области. Остальные — на территории Татарстана.

Автор публикации (Чумаков, 2024) по документам восстановил историю старинного рода Филипповых из первых служилых кряшен. В соответствии с писцовыми книгами 1565–1568-х годов в пустоше (деревня Шуман) ясачных татар близ Казани проживало три безымянных полоняника. В последующем в этой деревне было 11 дворов кряшен служилых и 2 двора ясачных. Предполагается, что часть из них являлась потомками полоняников. Во второй половине XVII в. деревня вновь превратилась в пустошь. Служилые кряшены (порядка 10 семей) получили наделы в районе Нижней Вятки. Они «положили начало развитию не только самого с. Елово, но и всех окружающих деревень, став как местом притяжения и поселения иных крестьянских групп, и не только из новокряшен, так и своеобразным «демографическим донором» для многих деревень Восточного Предкамья и не только» (Чумаков, 2024: 17–18). В цитате говорится о привятской группе кряшен. По данным переписи населения Российской империи авторы публикации (Пислегин, 2019) показали, что в привятскую группу кряшен, сформированную переселенцами из Заказанья, позднее вошли и крещеные удмурты.

Сопоставленные материалы 2-й (1744 г.) и 3-ей (1761–1765 гг.) государственных переписей населения Российской империи позволили прийти к выводу о ключевой роли татарского этнического субстрата (служилые и ясачные татары) в формировании молькеевской группы кряшен. Переписями определяется время обращения этой группы в христианство — середина XVIII в. (Исхаков, Багаутдинова, 2015). С другой стороны, многие исследователи отмечают большое влияние на молькеевских кряшен чувашей (Севастьянов, 2018).

Миграция сообществ Средней Волги в Восточное Закамье стала возможной после создания в 1652–1656 гг. Старой Закамской линии. Наиболее раннее упоминание о деревнях кряшен в этом регионе относится к 1676 г. (История, 2017). Сведения о кряшенах, живших в 1735 г. недалеко от Мензелинска, приведены в публикации (Тептеев, 2016). Примерно в это же время И.К. Кирилов в донесении в Петербург писал о переселенцах в Уфимский уезд из сообществ Средней Волги. Среди них были и крещеные верующие. На основе документов автор отмеченной выше публикации сделал вывод: кряшены уезда сформировались из разных сообществ Волго-Уральского региона. Они были из разных сословий — служилых людей, ясачных и тептярей. В 1736 г. кряшен, проживавших в округе Мензелинска, включили в Оренбургское казачье войско. В этом же году на реке Ик построена Нагайбакская крепость. В 1737 г. к ней было приписано 785 служивых, в том числе 509 кряшен. Была сформирована Нагайбакская станица, в которой, кроме крепости, было 12 деревень. Не все проживающие в них кряшены входили в казачье сословие, за которым закрепилось название нагайбаки.

В 1842 г. казаков-нагайбаков начали переводить в Новолинейный район Оренбургского казачьего войска (степная часть Челябинской области). Позднее там сформировался субэтнос нагайбаки. В 2010 г. их численность составляла 8148 человек (Атнагулов, 2021). Кряшены деревень бывшей Нагайбакской станицы — Бакалы, Сарашлы, Килеево, Илеково, Умерле и других — сформировали бакалинскую группу.

Прошлое нагайбаков и бакалинских кряшен начиная с 1736 г. хорошо задокументировано. По более раннему периоду имеются только мнения отдельных исследователей, не подкрепленные историческими документами. Их обобщил автор публикации, отмеченной выше.

В целом этническое прошлое кряшен удовлетворительно изучено по имеющимся письменным свидетельствам. «Дискуссионной остается проблема роли русско-славянского этнокультурного компонента в формировании новокрещен в XVI–XVII вв. в Казанском крае» (История, 2017: 191). Этот вопрос может быть решен в рамках реконструкции элементов этнического прошлого кряшен по естественнонаучным данным, что и являлось целью нашего исследования.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Антропология

Антропологические типы татар Поволжья приведены в статье (Измайлов, 2018) татарской энциклопедии «TATARICA: понтийский, светлый европеоидный, сублапоноидный (уральский или волго-камский), монголоидный». Последний тип в чистом виде не встречается. Сублапоноидный тип характерен для финно-угорских народов Волго-Камья — мари, удмуртов, коми, частично мордвы и чувашей. У казанских татар к нему относится примерно четверть, у мишарей — 8–10 %, у кряшен — 35–40 % (Халиков, 1978).

В публикации (Трофимова, 1946) приведены антропологические характеристики мишарей, кряшен и русских Арского (Заказанье), Елабужского (Восточное Предкамье) и Чистопольского (Западное Закамье) районов Татарстана, а также мишарей Наровчатского района Мордовии (Мещера). Общий вывод: поволжские татары являются европеоидами с некоторой монголоидной примесью, которая выявляется в разной степени среди различных их субпопуляций по разным антропологическим признакам. К ним отнесены эпикантус, сильное развитие складки века, ослабленный рост бороды, низкое переносье, уплощенное лицо и значительная его скуловая ширина.

По результатам антропометрического обследования установлена соматотипическая однородность мужских выборок татар Татарстана (N=235, N — число тестированных) (Аксянова, 2015). Кряшены (N=54, Елабужский, Мамадышский и Чистопольский районы) близки к казанским татарам, но имеют более выраженный брюшной компонент в составе тела — 16 %. У казанских татар — 6–11 %.

Автором публикации (Макеева, 2015) выполнено дерматоглифическое (отпечатки обеих кистей) обследование кряшен четырех групп: прикамские (Nm=70, Nж=95, Nm — мужчины, Nж — женщины) и привятские (Nm=53, Nж=86) (Мамадышский район), бакалинские (Nm=71, Nж=102) и нагайбаки (Nm=59, Nж=77). Выделены наиболее информативные признаки для этнической идентификации. Выполнена статистическая обработка выборки, включающей татар разных регионов России и разных зон проживания, а также другие популяции Евразии.

Гаплогруппы Y-хромосомы

Гаплогруппы Y-хромосомы передаются по мужской линии. Результаты тестирования поволжских татар — казанских (N=154), мишарей (N=114) и кряшен (N=63)

частично приведены в публикации (Агджоян, 2015). Не опубликованы данные о том, как и где собраны, характеризующие их образцы, а также частоты гаплогрупп Y-хромосомы. Даны только круговые диаграммы их распределения у поволжских, крымских и сибирских татар (Балановская, 2016). Некоторые данные по этой выборке приведены в диссертации (Агджоян, 2018).

В 2017–2020 гг. Институтом истории им. Ш. Марджани АН РТ выполнено генетическое тестирование поволжских татар (N=1480) — на гаплогруппы Y-хромосомы, их субклады и линии (N=1507), SNP-Pack (N=175) и BigY (N=85). На аутосомные маркеры (передаются по мужской и женской линиям) тестировано 116 человек. Исследованием охвачены жители или их потомки старинных татарских населенных пунктов, известных по письменным свидетельствам XVI–XVIII вв. Особое внимание уделено поиску представителей старинных татарских родов, имеющих документальные или семейные родословные — шаджаре. В сводные данные добавлены результаты ДНК-проекта «Idel» на базе Family Tree DNA (Idel DNA). Итоговая выборка составила 1970 гаплогрупп Y-хромосомы их субкладов и линий (Табл. 1) (Акчурин, 2021). Она разделена на три исторических региона: Мещера (N=436), Горная сторона и Заказанье (N=793), Восточные районы (Восточное Предкамье и Восточное Закамье) (N=465). Татары (вся выборка) включают также касимовских, каринских, пермских и др. (N=1970). Отдельно приведены гаплогруппы кряшен (N=24).

Таблица 1

**Поволжские татары. Частоты гаплогрупп Y-хромосомы (Акчурин, 2021).
Субэтническая идентификация гаплогрупп выполнена А.М. Тюриным**

Гаплогруппа, субклад и его линии	Мещера, %	Горная сторона и Заказанье, %	Восточные районы, %	Вся выборка, %	Кряшены, чел.
N=	436	793	465	1970	24
Восточно- и западноевропейские					
R1a-Z280>CTS1211	8,03	11,48	8,39	9,70	4
R1a-Z280>Z92	2,06	4,16	3,01	3,71	1
R1a-M458	3,67	6,68	4,73	5,33	2
N1a1-Z1936>Z1934	0,69	3,03	0,86	2,08	
N1a1-L550	4,59	2,02	1,29	2,64	1
N1a1-L1022	0,23	2,77	1,94	1,98	
I1	2,52	4,92	7,53	4,67	1
R1b-M269>L23>L51	3,90	3,15	5,38	3,86	
Итого:	25,69	38,21	33,13	33,97	9
Южные					
E1b-M35	7,57	5,42	7,10	6,35	4
I2	1,61	4,67	7,53	4,57	2
G2a	2,75	6,31	3,44	4,62	1
G1	0,46	0	0,65	0,25	
J2b	19,27	1,26	3,44	6,09	
J2a	7,11	7,57	5,59	6,70	2
J1	0,92	1,64	0,86	1,22	
Итого:	39,69	26,87	28,61	29,8	9

Азиатские					
R1a-Z93	6,65	6,81	4,73	5,74	4
R1b-M478	3,21	1,77	2,80	2,69	
R1b-M269>L23>Z2103	2,06	1,77	3,87	2,79	
R2	0	0,63	0,22	0,30	1
L1	2,75	0,88	1,08	1,37	1
Итого:	14,67	11,86	12,7	12,89	
Сибирские					
N1a1-Y9022	2,52	2,65	3,23	2,99	
N1a1-Z1936 (×Z1934)	0,69	1,13	1,94	1,07	
N1a2 (×Y3185, ×VL67)	0	2,02	3,01	1,83	
N1a2-P43>Y3195>Y3185	2,29	3,53	3,66	3,30	
N1a2-P43>VL67	0,23	1,77	2,80	1,52	
Q1a	0	1,77	0,43	1,07	
Q1b	4,13	0,25	0,43	1,37	
Итого:	9,86	13,12	15,5	13,15	
Монгольские					
C2	1,61	2,65	1,29	2,34	
D	0	0,25	0	0,10	
O	1,83	1,64	1,51	1,57	
Итого:	3,44	4,54	2,8	4,01	
Не идентифицированные					
R1a	2,29	1,64	2,15	1,88	
N1a1	0,69	1,39	3,87	2,13	
N1a1-M2019	1,61	0,13	0,22	0,71	
T	1,15	1,77	0,86	1,17	

Гаплогруппы мтДНК

На гаплогруппы мтДНК (передаются по женской линии) тестированы поволжские татары трех субэтносов — казанские, мишари и кряшены Алексеевского (Западное Закамье), Азнакаевского (Восточное Закамье) и Буинского (Мещера) районов Татарстана (Конюхова, 2010). Результаты приведены ниже.

Гены HLA II

В публикации (Зарипова, 2013) приведены результаты анализа распределения генов HLA II класса (передаются по мужской и женской линиям) в популяции нагайбаков (N=112). Этнически идентифицированные гаплотипы: европеоидные — 14,7%, характерные для популяций смешанного типа — 10,3%, встречающиеся чаще у европеоидных популяций, чем у монголоидных — 8,5%. Сделан вывод о большом иммуногенетическом разнообразии генов у нагайбаков и присутствии в их генотипе маркеров европеоидных и монголоидных популяций. Однако последний вывод не соответствует фактическим данным. Гаплотипы, характерные только для монголоидных популяций, у нагайбаков не выявлены.

Методы

Методы анализа маркеров антропологии и популяционной генетики основаны на их этнической идентификации. При этом она носит условный характер.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Антропология

Сублапоноидный тип у татар имеет ряд общих черт с монголоидным (Трофимова, 1946): значительно развитая складка века, изредка встречающийся эпикантус, слабый рост бороды, некоторая уплощенность лица. Фактически отличия сублапоноидного типа от монголоидного сводятся к скуловой ширине лица (скуловой диаметр), его горизонтальной профилировке и частотам проявления эпикантуса. У монголоидов лицо шире и более уплощено в области скул. Но здесь есть одна проблема. Широколицый, в целом европеоидный, компонент присутствует в краниологических сериях абашевской культуры Среднего Поволжья (бронзовый век) (Хохлов, 2019). Можно предполагать наличие вклада абашевцев в этногенез поволжских татар. В краниологической серии города Биляр выделен брахикранный компонент с сильно выступающим носом и широким лицом (Ефимова, 1991). В этом случае скуловая ширина лица у татар становится неинформативной. Для определения степени монголоидности различных субэтносов остаются два относительно надежных антропологических признака — проценты людей с эпикантусом и плоским лицом.

Эпикантус имеют 0,9...5,5% казанских татар Арского, Елабужского и Чистопольского районов (N=415), у 2,8...8,4% — горизонтальная уплощенность лица. У крышен Елабужского района (N=103) оба показателя составляют 1,0%. В Чистопольском районе (N=121) уплощенность лица отмечена у 2,5% крышен. Наличие эпикантуса не зафиксировано. У мишарей Чистопольского района (N=122) и русских Елабужского (N=100) эти признаки не выявлены. Среди мишарей Наровчатского района (N=176) уплощенность у 9,3%, эпикантус у 1,8%. Выводы по этой группе тестированных:

- у русских Елабужского района и мишарей Чистопольского признаков монголоидности не выявлено;
- наличие небольшого числа крышен с эпикантусом и уплощенным лицом может быть признаком сублапоноидности или крайне слабо выраженной монголоидности;
- у казанских татар Арского, Елабужского и Чистопольского районов Татарстана и мишарей Наровчатского района Мордовии имеются признаки монголоидности.

При описании результатов статистической обработки дерматоглифических данных автор публикации (Макеева, 2015) неверно применяет термин «монголоидность». Судя по составу выборки, у татар выявлен сибирский компонент. Значимых отличий крышен от казанских татар статистическими методами обработки фактических данных не выявлено. В наибольшей мере сибирский компонент (определен и по калмыкам) проявился у мужчин бакалинских крышен и женщин нагайбаков. Напомним, что это одна и та же популяция. Внедрение в популяцию бакалинских крышен и нагайбаков сибирского компонента отмечено в письменных свидетельствах. В Нагайбакскую станицу в 1773 г. зачисляли 10 семей крещеных калмыков (История, 2017). В казачьих поселках Новолинейного района нагайбаки проживали совместно с крещеными калмыками бывшего Ставропольского калмыцкого войска.

В дендрограмме генетических расстояний обособились (от других трех групп кряшен) мужчины и женщины прикамских кряшен. (Макеева, 2015). По дерматоглифическим данным, у казанских татар обособились женщины северо-западных районов Татарстана. Они европеоидные в большей степени, чем русские Нижегородской области.

Гаплогруппы Y-хромосомы

Гаплогруппы Y-хромосомы, субклады, линии кряшен из публикации (Акчурина, 2021) и результаты нашей их идентификации по YTree (YTree) (при учете Y-DNA (Y-DNA)) приведены в таблице 2. Субклад R1a-Z280 включает две ветви — восточно-карпатскую и северо-евразийскую. Первая наиболее распространена на юге России. Вторая встречается почти исключительно у восточных славян, достигая максимума в центральной части России. Субклад R1a-Z280>Z92, характерен для жителей Прибалтики и северо-востока Польши (Рожанский, 2018). Ветви субклада R1a-M458 — центральноевропейская и западнославянская. Первая значимо представлена во всех регионах проживания восточных и западных славян. Вторая ограничена регионом проживания последних. Субклады R1a-Z280 и R1a-M458 называют славянскими. Авторы публикаций (Балановская, 2009; Рожанский, 2018) показали генетические следы миграции славян на Русскую равнину. Славяне здесь не являлись автохтонными популяциями.

Таблица 2

Кряшены. Гаплогруппы Y-хромосомы субклады, линии (Акчурин, 2021) и результаты их идентификации по YTree (YTree) (А.М. Тюрин)

Район Республики Татарстан, исторический регион	Гаплогруппа, субклад и его линии (Акчурин, 2021) (N=24)	Субклад по YTree
Русские (9, 37,5%)		
Кукморский, Заказанье	R1a-L260>YP1337	R1a-M458
Рыбно-Слободский, Заказанье	R1a-L1029	R1a-M458
Лаишевский, Заказанье	R1a-CTS1211	R1a-Z280
Лаишевский, Заказанье	R-Z280>Z92>Z685>YP270>YP350	R1a-Z280>Z92
Мензелинский, Вост. Закамье	R1a-CTS1211>Y35>CTS3402>Y33>CTS8816>Y2902>Y3226	R1a-Z280
Кайбицкий, Горная сторона	R1a-CTS1211>YP343>YP340>FGC2555	R1a-Z280
Кайбицкий, Горная сторона	R1a-CTS1211>YP343>YP340>YP371>YP372>Y10810>BY106096	R1a-Z280
Тюлячинский, Заказанье	N1a1-L708>L1026>F4205	N-tat
Кукморский, Заказанье	I1-M253>DF29>Z58>Z138	I1
Южные (9, 37,5%)		
Лаишевский, Заказанье	G2a-L30>L140>PF3346>PF3345>L497>Z1815>Y7538>Z1816>Y8903	G2a
Пестречинский, Заказанье	E1b-V13>Z1057>CTS1273>BY3880>FGC44169>S7461	E1b-M215
Альметьевский, Вост. Закамье	E1b-V13>Z1057>CTS1273>BY3880>Z5018	E1b-M215
Мензелинский, Вост. Закамье	E1b-V13>Z1057>CTS1273>BY3880>Z5018	E1b-M215
Заинский, Вост. Закамье	E1b-V13>Z1057>CTS1273>BY3880>Z5018	E1b-M215
Елабужский, Вост. Предкамье	I2-CTS10228>Y3120>S17250	I2
Муслюмовский, Вост. Закамье	I2-CTS10228>Y3120>S17250	I2

Мамадышский, Заказанье	J2a	J2a
Пестречинский, Заказанье	J2a-M410>PF4610>L26>PF5087	J2a
Азиатские (6, 25,0%)		
Мамадышский, Заказанье	R1a1-Z93	R1a-Z93
Пестречинский, Заказанье	R1a1-Z93	R1a-Z93
Лаишевский, Заказанье	R1a1-Z93	R1a-Z93
Пестречинский, Заказанье	R1a1-Z93	R1a-Z93
Лаишевский, Заказанье	R2	R2
Заинский, Вост. Закамье	L1-M20>M317>M349	L1

У крышена соотношение гаплогрупп R1a-Z280 (5), R1a-M458 (2), N-tat (1) и I1 (1) соответствует их соотношению у русских. Например, у русских Ярославской области (N=42): R1a-Z280 (R-M198 (×M458)) — 38,1%, R1a-M458 — 14,3%, N-tat (N3a3-CTS10760) — 7,1%, I1a (I-M253) — 14,3% (Чухряева, 2017). Исходя из этого, наш первый вывод: у крышен имеется (37,5%) русский генетический компонент.

Наибольшая частота двух славянских субкладов гаплогруппы R1a у татар Горной стороны и Заказанья — 22,3%, наименьшая — у татар Мещеры — 13,8%. У татар всей выборки — 18,7% (Табл. 1). Это результат существовавшей в Казанском ханстве практики добычи полон в русских княжествах и его превращения в рабов (Худяков, 1991). Со временем они становились зависимыми крестьянами. Могли иметь свой дом и хозяйство, им разрешалось создавать семьи (Бахтин, 2013). В 1551 г. Московское царство заключило с казанскими князьями договор, по которому русский полон был освобожден. По оценке авторов последней публикации, он составлял 10% населения ханства. А до этого рубежа русский полон, у которого по частотам доминировали славянские субклады гаплогруппы R1a, являлся одной из составляющих формирующегося татарского этноса. При формировании старокрышен русский полон явился их основой. Позднее, его составляющая у крышен снижена за счет новокрышен, частоты славянских субкладов у которых были на уровне татар всей выборки. В публикации (Чумаков, 2024) приведен пример, как три полонянина, наверняка русские, явились предками части привятских крышен. Таким образом, русский полон являлся важной составляющей этногенеза не только крышен, но и поволжских татар в целом.

Частоты носителей южных гаплогрупп (E1b, I2, G2a, G1, J1 и J2) у татар Мещеры (39,7 %) и крышен (37,5%) заметно выше, чем у татар Горной стороны и Заказанья (26,9 %) (Табл. 1). Это связано с аномально высокими частотами у первых гаплогруппы J2b (19,3 %), а у крышена — E1b (16,7%). У татар Горной стороны и Заказанья повышенные частоты гаплогруппы G2a (6,3%). У татар Мещеры они составляют 2,8%, у крышен — 4,2%. В Восточных районах 28,6% носителей южных гаплогрупп, в среднем у поволжских татар — 29,8%.

Приведенные выше данные не соответствуют результатам ранее выполненного тестирования поволжских татар (Агджоян, 2018). Суммарная доля южных генетических компонентов (гаплогруппы E1b, G2a, I2, J1 и J2) у казанских татар — 15%, у мишарей — 23 %, у крышен — 29%. Не учтены частоты гаплогруппы G1, но они у поволжских татар низкие — 0,3% (Табл. 1). Несоответствие объясняется особенностью формирования двух выборок. Выборка тестированных татар у авторов публикаций (Агджоян, 2015) является научной. Она характеризует татар в целом. Формирование

выборки, результаты тестирования которой приведены в публикации (Акчурина, 2021), осуществлялось целенаправленно. Она характеризует прошлую элиту поволжских татар. Отсюда статистически обоснованный вывод: у потомков элиты поволжских татар суммарные частоты южных гаплогрупп Y-хромосомы (29,8%) в два раза выше, чем у казанских татар в целом (15%). Их повышенные частоты — у элиты Мещеры и кряшен.

У крымских татар (N=297) суммарные частоты южных гаплогрупп около 50% (Балановская, 2016). У татар Степного Крыма (N=80) — 40,0% (Агджоян, 2018) (снято с рисунка 6). Литовские татары являются потомками степной элиты, сформировавшейся на территории улуса Джучи (Тюрин, 2024а). Охарактеризованы двумя выборками: научной (N=74) (Панкратов, 2016) и «Lithuanian Tatars Nobility» (N=42) (Думин, 2017). У них 31,0% носителей южных гаплогрупп.

По результатам рассмотрения данных популяционной генетики, характеризующих караногайцев и кубанских ногайцев, сделан вывод: ногаи Большой и Малой орды 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 Урал, Ишима, Эмбы, Ори, Иргиза, Самары, Большого и Малого Узеней). С севера кочевья Большой Орды ограничивала Кама. С переселением ногаев за Волгу связан поток генов с Северного Кавказа в восточном направлении и в Среднюю Азию. Ногаи Малой Ногайской Орды с Северного Кавказа не уходили, находились в зависимости от Крымского ханства. Часть ногаев (Степной Крым и Северное Причерноморье) непосредственно в него входила. Потомками ногаев являются сибирские, астраханские, крымские (Степной Крым) и литовские татары, а также ногайцы Северного Кавказа.

У поволжских татар выявлен (южные гаплогруппы Y-хромосомы) и поток кавказских генов (через ногаев) в северном направлении. Он иллюстрируется структурой полногеномных аутосомных маркеров евразийских популяций (Balina, 2024). У ногайцев (N=15) около 60% маркеров кластера «Северный Кавказ», у поволжских татар (N=19) их 17 %.

Палео-ДНК (тестировались останки из погребений бронзового и железного века), определенных как гаплогруппы G и I, на территории Восточной Европы и Казахстана практически не имеется (Рожанский, 2021). Скорее всего, их носители до прихода ногаев там не проживали. Вывод определенный: южный компонент у поволжских, литовских и крымских татар является кавказским.

Частоты гаплогруппы E1b у кряшен 16,7%, у татар всей выборки — 6,4%. Частоты этой гаплогруппы у кубанских ногайцев — 3,3% (N=90) (Схалыхо, 2016). Но в Волго-Уральском регионе имеется аномалия её частот. У мордвы (N=59) 10,2% носителей этой гаплогруппы, у коми (N=44) — 10,0%, у чувашей (N=44) — 13,6 % (Трофимова, 2015). Этот вопрос нуждается в специальном рассмотрении.

Таким образом, у кряшен выделен второй генетический компонент — южный (37,5%). Это ногайский вклад в их этногенез. Под ногайским вкладом имеется в виду не только поток южных компонентов с Северного Кавказа, но и из Передней Азии через крымских татар.

У популяций, часть предков которых в прошлом проживала в Великой степи (от сопок Манчжурии до Среднедунайской низменности), имеются носители гаплогруппы R1a-Z93. Поэтому ее называют «степной». На территории Большой ногайской орды в многочисленных палео-ДНК определена гаплогруппа R1a-Z93 (Рожанский, 2022). Она была распространена в регионе до прихода туда ногаев. Они интегрировали носителей этой гаплогруппы в свои улусы. Их потомками являются башкиры трех кыпчакских (это второй этноним ногаев) родов — кыпчак, тамьян и тунгаур (юго-восточная часть Башкортостана). У них (N=137) 56,2% носителей гаплогруппы R1a-Z93 (Юсупов, 2019). Ее частоты у татар по регионам: Мещера — 6,7%, Горная сторона и Заказанье — 6,8 %, Восточные районы — 4,7%. У всех — 5,7% (Табл. 1). У кряшен — 16,7% (Табл. 2). Это тоже ногайский вклад в этногенез кряшен. Но он не связан с Северным Кавказом и Крымом.

Гаплогруппа R2 имеет значимые частоты у популяций Индостана и у каракалпаков. Небольшие — у узбеков и казахов. На Северном Кавказе у аварцев (N=42) ее частота — 2,4%, у кумыков (N=73) — 2,7% (Кутуев, 2011). У тюменских и тоболо-иртышских татар (N=776) выявлено 1,7% носителей гаплогруппы R2 (Агджоян, 2016). Но у искеро-тобольской группы (N=68) их 7,4%. Отмечено, что в популяцию последних были включены и поволжские татары, мигрировавшие в Сибирь после присоединения Казанского ханства к Московскому царству. У калмыков разных родов частоты гаплогруппы R2a дифференцированные. У дербетов (N=69) — 18,8%, у бузавов (N=52) — 11,5%, у дербетов Монголии (N=40) — 5,0 %. У других родов носители гаплогруппы не выявлены (Balinova, 2019). У татар Мещеры ее носители не выявлены. У татар Горной стороны и Заказанья — 0,6% (Табл. 1). Именно в этом регионе сформирована основа старокряшен. С попаданием этой гаплогруппы к ним через ногаев или калмыков проблем не имеется.

Гаплогруппа L1 имеет высокие частоты у некоторых популяций Индостана. У ясколбинских (тоболо-иртышских) сибирских татар (N=86) выявлен один носитель гаплогруппы L1b-M317 (Падюкова, 2014). Отмечено, что она имеется у балкарцев (около 5 %) и абхазов (3,4%). В другой выборке тоболо-иртышских татар (N=388) выявлено 3 ее носителя, у искеро-тобольских (N=68) — 2, штыско-токузских (N=69) — 1 (Агджоян, 2016). У караимов (N=21) и крымских татар Горного Крыма (N=13) выявлено по 2 носителя гаплогруппы L (Ефетов, 2023). У караимов, греков румеев и урумов Крыма значимые частоты этой гаплогруппы. Наибольшие у румеев (N=38) — 7,0 % (Агджоян, 2018) (снято с рисунка 6).

Таким образом, у ногаев имелись гаплогруппы R2 и L1, не связанные с Северным Кавказом. Вместе с гаплогруппой R1a-Z93 они формируют степной генетический компонент у кряшен (25,0%).

В генофонде кряшен ногайский вклад составил 62,5%, у поволжских татар в целом (только по гаплогруппам G2a, E1b, I2, J2a, R1a-Z93, R2 и L1) — 29,7%. Этим определен второй элемент этногенеза кряшен — ногаи. Представляется, что в основной фазе формирования кряшен (1550–1560-е годы) на территории бывшего Казанского ханства имелись ногаи и их потомки, до конца не отатаренные и не укрепившиеся в исламе. Они легко принимали крещение. Кроме того, по понятным причинам ногаи имели преимущества при наборе Московским царством служилых татар.

Гаплогруппы Y-хромосомы C2, O и D называют монгольскими. У монголов (N=852) их частоты 58,1, 16,7 и 0,8+% соответственно (Дамба, 2018), у калмыков Калмыкии (N=207) частоты первых двух гаплогрупп 59,4 и 4,5% (Balinova, 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).

Известны две крупные миграции монголов на запад за пределы территории их проживания в Центральной Азии. Первая — в процессе монгольских завоеваний XIII в. Вторая — переход монголов-ойратов в Сынцзян, Семиречье и Северный Прикаспий в первой четверти XVII в. По результатам первой миграции были сформированы улусы Джучи и Чагатай, второй — Калмыцкое ханство в Северном Прикаспии и 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 регионы после его разгрома войсками империи Цин в 1755–1759 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, 2024б).

Нами разработан метод анализа структуры гаплогруппы C2. По «YTree v11.05.00» гаплогрупп Y-хромосомы (YTree) выделено четыре монгольских субклада (Тюрин, 2024в; Тюрин, 2025). Они уточнены по «Y-DNA Haplogroup C and its Subclades» (Y-DNA): C2-Y10418 «Авары», C2a1a2b-M48(M504) «Калмаки», C2a1a2a-M48(×M504) «Калмыки» и C2b-F1067 «Халха». Работоспособность метода показана на трех популяциях.

1. Следы миграций ойратов в XVII и XVIII вв. выявлены в Дереве YTree (YTree) у татар Татарстана, Томской, Нижегородской и Рязанской областей (Тюрин, 2024 в). 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».

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

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

Суммарная доля монгольских гаплогрупп Y-хромосомы C2 и O у казанских татар — 1 %, у мишарей — 3%, кряшен — 6% соответственно (Агджоян, 2015). Частоты носителей этих гаплогрупп у кряшен являются аномально высокими. Можно предположить, что тестировалась какая-то их локальная группа. Возможно, бакалинская или нагайбаки. Эти данные по кряшенам мы не можем принять во внимание.

У поволжских татар 4,0% носителей монгольских гаплогрупп, в том числе C2 — 2,3%, D — 0,1% O — 1,6% (Табл. 1). По другим выборкам — 7,5% (3 носителя гаплогруппы C2 и 1 — O) (N=53) (Трофимова, 2015) и 1,6% (все C2) (N=126) (Tambets, 2004). У кряшен они не выявлены. Вероятность того, что это произошло случайно (при учете небольшой выборки кряшен), составляет 0,327. Поэтому наш вывод условный: поволжские татары получили монгольские гаплогруппы Y-хромосомы после основной фазы формирования кряшен. Донорами могли быть только калмыки. До прихода калмыков в регион Северного Прикаспия у поволжских татар монгольских гаплогрупп Y-хромосомы в заметном количестве не имелось.

Носителей монгольских гаплогрупп не имеется и у другого изолированного этноса — литовских татар (Думин, 2017; Панкратов, 2014; Тюрин, 2017б). По результатам рассмотрения их генетического портрета и письменных свидетельств по формированию шести татарских хоругвей (для части татар указан регион, из которого они прибыли на службу) наши выводы однозначные. Предки литовских татар прибыли в Великое княжество Литовское практически со всей территории бывшего улуса Джучи. Их генетический портрет характеризует 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 (Тюрин, 2024а). Этот вывод подтвержден генетическим портретом кряшен.

У поволжских татар значимо представлен сибирский компонент (гаплогруппы Q1a, Q1b и линии гаплогруппы N1a) — 13,2 % (Табл. 1). Частоты гаплогруппы Q1a и линий гаплогруппы N1a возрастают с запада на восток: Мещера — 5,5%, Заказанье и Горная сторона — 12,9%, Восточные районы — 15,1%. Причем, носители гаплогруппы Q1a и одной линии гаплогруппы N1a у татар Мещеры не выявлены. Частоты гаплогруппы Q1b аномально высокие у татар Мещеры — 4,1%. В других двух регионах — 0,3 и 0,4%. У кряшен сибирские гаплогруппы и линии не выявлены. Вероятность того, что это произошло случайно, — 0,031. У хантов поселка Казым (N=54) 38,9% носителей гаплогруппы Q1b (Kharkov, 2023). У них 61,1% носителей разных линий гаплогруппы N1a. У хантов поселка Рускинский (N=64) их 70,3%.

У калмыков-хошутов (N=28) частоты гаплогрупп N1a — 32,1%, у торгутов (N=58) — 3,4%. У дербетов и бузавов ее носители не выявлены. Носители гаплогруппы Q имеются только у торгутов — 3,4% (Balnova, 2019). Теоретически сибирские линии гаплогруппы N1a могли попасть к татарам от калмыков-хошутов. Но это крайне маловероятно. Поток генов к татарам существовал непосредственно от популяций Сибири. Но до генетического обособления кряшен он был мизерным. Поэтому у них не выявлены носители сибирских линий гаплогруппы N1a.

Высокие частоты гаплогруппы Q1b у татар Мещеры можно объяснить рекрутированием служилых татар региона и из татар бывшего Сибирского ханства. Высокие частоты гаплогруппы Q у тоболо-иртышских татар — 11,5%, искеро-тобольских — 16,7% и иштыяско-тугузских — 37,7% (Агджоян, 2016). Эту гипотезу можно проверить инструментами популяционной генетики.

Гаплогруппы мтДНК

В таблице 3 приведены результаты тестирования субэтносов поволжских татар на гаплогруппы мтДНК (Конюхова, 2010). В генофондах популяций Евразии выделяют западно- и восточно-евразийские гаплогруппы. Последние включают

гаплогруппы A, B, C, D, E, F, G, Y, Z, а также часть линий гаплогруппы M и одну линию гаплогруппы N — N9a. Их частоты у казанских татар 17,8%, у мишарей — 15,0%. У мишарей по частотам доминирует гаплогруппа A. Она значимо представлена у казанских татар. У них доминирует гаплогруппа C. У мишарей ее носители не выявлены. У крышен носителей восточно-евразийских гаплогрупп в этой выборке не имеется. Вывод такой же, как и по отсутствию у них монгольских и сибирских гаплогрупп Y-хромосомы: поволжские татары получили восточно-евразийские гаплогруппы мтДНК после основной фазы формирования крышен.

Частоты сибирского компонента по гаплогруппам Y-хромосомы (без учета гаплогруппы Q1b) у поволжских татар возрастают с запада на восток. Это свидетельствует о потоке генов из Сибири в западном направлении. Получается, что до обособления крышен он был мизерным, в том числе и по гаплогруппам мтДНК. Они были «закрыты» и от восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК калмыков.

Таблица 3

**Частоты основных гаплогрупп мтДНК у субпопуляций
поволжских татар (Конюхова, 2010)**

Популяция	N=	H	YV	V	I	J	U	K	W	M	A	B	C	D	В-е
Казанские	135	39,3	0	3,7	0,7	10,7	13,3	0	9,6	5,2	5,2	0,7	6,7	5,2	17,8
Мишари	140	37,1	0	2,1	2,9	5,0	26,4	0,7	5,7	5,0	10,0	0	0	5,0	15,0
Крышены	84	41,7	0	0	0	31,0	19,1	7,1	1,2	0	0	0	0	0	0

В-е — суммарные частоты восточно-евразийских гаплогрупп.

У русских (N=466) максимальные частоты имеют гаплогруппы H (40,3%), U (24,0 %), T (9,4%) и J (7,5%) (Литвинов, 2021). В другой выборке русских (N=201) частоты этих гаплогрупп 42,3, 17,9, 10,9, 8,0%. У поляков (N=436) — 45,2, 16,1, 11,5, 7,8% (Malyarchuk, 2002). В выборке из 17 популяций Европы и Ближнего Востока (N=340) (Batini, 2017) частоты гаплогрупп H — 34,1%, V — 5,3% и U — 17,9% соответствуют их частотам у субпопуляций поволжских татар. Частота гаплогруппы K у них имеет аномальное распределение: у казанских татар не выявлена, у мишарей всего один ее носитель. Число носителей этой гаплогруппы у крышен — 7,1%, это соответствует среднему числу по 17 популяциям — 7,3%. Частота этой гаплогруппы у популяций Волго-Уральского региона (N=979) — 0...2,2% (Bermisheva, 2002). Исключения составляют татары — 5,7% и чувашаи — 7,3%. У барабинских (N=199), тоболо-иртышских (N=218) и литовских (N=80) татар носители гаплогруппы K составляют 1,5, 1,8, 1,3%. У поволжских татар (N=227) — 5,7% (Губина, 2018). У русских — 2,8% (Литвинов, 2021). У русских в другой выборке — 3,0%, у поляков — 3,4% (Malyarchuk, 2002). Таким образом, частоты гаплогруппы K у татар дифференцированы. У крышена они максимальные. Этот вопрос нуждается в специальном изучении.

Частота гаплогруппы T по 17 популяциям составляет 13,5%. Ее носители у татар рассматриваемой выборки не выявлены. В другой выборке поволжских татар (N=227) частота этой гаплогруппы 9,2%. У барабинских, тоболо-иртышских и литовских татар — 14,6, 9,2 и 3,8% (Губина, 2018). У русских — 9,4% (Литвинов, 2021).

У популяций Волго-Уральского региона (N=979) частоты гаплогруппы J составляют 2,0...9,7%, средняя — 5,9%. У татар (N=228) — 7,5% (Bermisheva, 2002). Ее максимальные частоты на Кавказе у даргинцев (N=110) — 10,9%, лезгинов (N=46) — 13,0%, табасаранов (N=52) — 13,5%, черкасов (N=123) — 10,6 %, северных осетин (N=138) — 12,3% (Кутуев, 2011). У русских — 8,5%. Вывод определенный: частота гаплогруппы J у кряшен является аномально высокой по сравнению с другими евразийскими популяциями. Этот вопрос тоже нуждается в специальном изучении.

Частота гаплогруппы H у кряшен (41,7%) практически совпадает с ее частотой у русских (40,3 и 42,8%), у казанских татар и мещеряков рассматриваемой выборки они немного ниже (39,3 и 37,1%). В других выборках казанских татар частота гаплогруппы H составляет 20,8% (N=53) (Трофимова, 2013) и 32,4% (N=71) (Malyarchuk, 2010), у поволжских татар (N=228) — 30,7% (Bermisheva, 2002), мишарей (N=124) — 34,1% (Денисова, 2011). В основном это вклад русского полона в этногенез поволжских татар. Его вклад у кряшен наибольший.

Гены HLA II

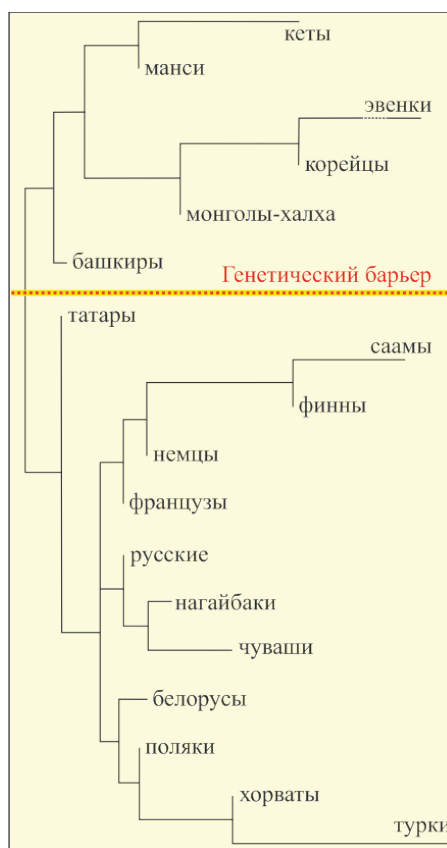


Рис. 1. Дендрограмма генетических расстояний между некоторыми популяциями Евразии по частотам генов HLA II класса (Зарипова, 2013).

Генетический барьер выделен А.М. Тюриным

На рисунке 1 приведена дендрограмма генетических расстояний между некоторыми популяциями Евразии по частотам генов HLA II класса (Зарипова, 2013).

В массив данных включены результаты тестирования русских, татар и башкир Челябинской области. На ней четко обозначился генетический барьер между популяциями. Географически это Южный Урал. Башкиры Челябинской области не попали в кластер европейских популяций. Скорее всего, это результат влияния хантов и манси. Нагайбаки находятся в одном кластере с чувашами и русскими. У чувашей (N=55) 7,2% восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК у поволжских татар (N=228) — 11,0% (Bermisheva, 2002), у казанских — 17,8% (Табл. 1). У русских частоты восточно-евразийских гаплогрупп 1,9% (Литвинов, 2021). Таким образом, на дендрограмме популяции разделились на кластеры в соответствии с их характеристиками по гаплогруппам мтДНК. У нагайбаков минимальное количество восточно-евразийских генетических маркеров.

ВЫВОДЫ

1. По письменным свидетельствам, кряшены являются субпопуляцией, обособленной в основную фазу их формирования (1550–1560-е годы) от казанских татар и мишарей. Позднее в их число включено ограниченное количество новокрещеных. Генетические следствия обособленности приведены в пунктах 2 и 3.

2. У поволжских татар 4,0% носителей монгольских гаплогрупп Y-хромосомы (C2, D и O) и 16,5% восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК (A, D, C и D). У кряшена они не выявлены. Но имеется две их группы — бакалинская и нагайбаки, в которые в прошлом были включены крещеные калмыки. У этих кряшен должны быть носители отмеченных гаплогрупп.

3. У поволжских татар 13,2% носителей сибирских гаплогрупп Y-хромосомы (Q1a, Q1b, линии гаплогруппы N1a). У кряшена они не выявлены.

4. По гаплогруппам Y-хромосомы выделено два этнических компонента кряшен: русские (37,5%) и ногаи (62,5%). Они значимо представлены у казанских татар и мишарей.

5. У казанских татар и одной из групп мишарей имеются антропологические признаки монголоидности. При учете данных популяционной генетики эти же признаки у небольшого числа кряшен являются проявлением сублапоноидности.

6. Генетический портрет кряшен в первом приближении характеризует популяции Казанского ханства по состоянию на середину XVI в. У них не имелось антропологических признаков монголоидности, монгольских гаплогрупп Y-хромосомы и восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК. Казанские татары и мишари получили их от калмыков, пришедших в Северный Прикаспий в первой половине XVII в. Была и эмиссия восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК и сибирских Y-хромосомы непосредственно из Сибири.

7. Сформирована гипотеза первой стадии этногенеза кряшен: их основу составили русские, попавшие в Казанское ханство как полоняники.

Наши выводы носят предварительный характер. Они будут уточнены при реконструкции элементов этнического прошлого поволжских татар по естественным данным, которых для выполнения такой работы достаточно.

Литература

- Агджоян, А.Т., Схалыхо, Р.А., Падюкова, А.Д. и др. (2015). От Сибири до Крыма: особенности генофонда татар Евразии (крымских, сибирских, казанских, кряшен, мишарей). *Международная полевая школа в Болгаре. Сборник материалов итоговой конференции*. Казань. 33–39.
- Агджоян, А.Т., Балановская, Е.В., Падюкова, А.Д. и др. (2016). Генофонд сибирских татар: пять субэтносов — пять путей этногенеза. *Молекулярная биология*. 50. 6. 978–991.
- Агджоян, А.Т. (2018). *Генофонд коренных народов Крыма по маркерам Y-хромосомы, мтДНК и полногеномных панелей аутомомных SNP*. Дисс. на соиск. уч. степени канд. биол. наук. Москва.
- Аксянова, Г.А., Чижилова, Т.П. (2015). Соматические характеристики татар и кряшен Среднего Поволжья (мужчины). *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 2. 95–113.
- Акчурин, М.М., Владимиров, О.О., Салихов, Р.Р., Хакимов, Р.С. (2021). *Генофонд татар: историко-генетическое исследование. Гаплогруппы Y-хромосомы*. Казань. Институт истории им. Ш. Марджани АН РТ.
- Атнагулов, И.Р. (2021). Ногайские следы в истории нагайбаков. *Проблемы истории, филологии, культуры*. 3 (73). 263–272.
- Балановская, Е.В., Балановский, О.П. (2009). Генетические следы исторических и доисторических миграций: континенты, регионы, народы. *Информационный вестник ВОГиС*. 13. 2. 401–409.
- Балановская Е.В., Агджоян А.Т., Жабагин М.К. и др. (2016). Татары Евразии: Своеобразие генофондов крымских, поволжских и сибирских татар. *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 3. 75–85.
- Бахтин, А.Г., Кудрявцев, А.Н. (2013). Рабство в Казанском ханстве. *Марийский архивный ежегодник*. 154–162.
- Губина, М.А., Бабенко, В.Н., Воевода, М.И. (2018). Полиморфизм митохондриальной ДНК в популяции сибирских татар барабинской лесостепи. *Генетика*. 54. 6. 694–709.
- 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.
- Денисова, Г.А., Малярчук, Б.А., Деренко, М.В., Кравцова, О.А. (2011). Популяционная структура поволжских татар по данным о разнообразии митохондриальной ДНК. *Генетика*. 47. 3. 387–393.
- Думин, С.В. (2017). Татары-казаки в Великом княжестве Литовском (XV–XVI вв.). *Средневековые тюрко-татарские государства*. 9. 170–183.
- Ефетов, К.А., Харламов, С.Г., Ефремов, И.А. (2023). Полиморфизм микросателлитных локусов Y-хромосомы у крымских караимов и крымских татар. *Патоогенез*. 21. 3. 62–74.
- Ефимова, С.Г. (1991). *Палеоантропология Поволжья и Приуралья*. М.: Изд-во МГК.
- Зарипова, О.Н., Бурмистрова, А.Л., Сусллова, Т.А. и др. (2013). Место малой народности нагайбаков в генофонде мировых популяций в рамках исследования генов и гаплотипов системы HLA II класса. *Вестник Челябинского государственного университета*. 7 (298). 24–28.
- Измайлов, И.Л., Айнутдинова, Л.М. (2018). Антропология. Наука о происхождении и эволюции человека, образовании человеческих рас. *Татарская энциклопедия TATARICA*.
- История и культура татар-кряшен: XVI–XX вв.* (2017). Отв. ред. Исхаков Р.Р., Казань, Издательство Института истории им. Ш. Марджани АН Республики Татарстан.
- Исхаков, Д.М. (2002). Этнографические группы волго-уральских татар: опыт системного анализа. *Этнотерриториальные группы татар Поволжья и Урала и вопросы их формирования*. Казань: ПИК «Дом печати». 75–166.

Исхаков, Р.Р., Багаутдинова, Х.З. (2015). Демографическое положение и расселение крещеных татар (кряшен) Казанской губернии по данным 3-ей государственной ревизии 1761–1765 гг. *Вестник Казанского государственного университета культуры и искусств*. 4–2. 89–93.

Конюхова, Е.В., Нгуен, Ф.Н., Алимова, Ф.К., Кравцова, О.А. (2010). Разнообразие митохондриального генофонда в популяции поволжских татар Республики Татарстан. *Ученые записки Казанского государственного университета. Серия: Естественные науки*. 152. 2. 128–136.

Кутуев, И.А., Хуснутдинова, Э.К. (2011). *Генетическая структура и молекулярная филогеография народов Евразии*. Уфа: Гилем.

Литвинов, А.Н. (2021). *Митохондриальная геномика популяций русского населения Восточной Европы*. Дисс. на соиск. уч. степени канд. биол. наук. Магадан.

Макеева, А.И. (2015). Дерматоглифика кряшен Поволжья и Урала. *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 1. 49–65.

Падюкова, А.Д., Лавряшина, М.Б., Ульянова, М.В. и др. (2014). Изучение генофонда ясколбинских тоболо-иртышских татар по данным STR-маркеров Y-хромосомы. *Вестник Кемеровского государственного университета*. 3-3 (59). 20–25.

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.

Петров-Текин, Н.И. (2016). К вопросу о происхождении кряшен Предкамья и Восточно-Камского региона Республики Татарстан. *Кряшенское историческое обозрение*. 2. 13–37.

Пислегин, Н.В., Чураков, В.С. (2019). Кряшены удмуртского Прикамья в последней трети XVIII–середине XIX вв. *Ежегодник финно-угорских исследований*. 13. 3. 485–494.

Рожанский, И.Л. (2018). Славянские супер-ветви: Y-ДНК как маркер ранних миграций славян. *Исторический формат*. 1–2 (13-14). 59–79.

Рожанский, И.Л. (2021). Обзор данных ископаемой ДНК: гаплокарты G и I. *Исторический формат*. 4 (28). 125–140.

Рожанский, И.Л. (2022). Обзор данных ископаемой ДНК: гаплокорта R1a. *Исторический формат*. 1 (29). 11–23.

Севастьянов, И.В. (2018). *Этнокультурная идентичность кряшен в сравнительном контексте: историко-этнографическое исследование молькеевской и заказанской этнографических групп*. Дисс. на соиск. уч. степени канд. ист. наук. Москва.

Схаляхо Р.А., Чухряева М.И., Агджоян А.Т. и др. (2016). Генофонды ногайцев в контексте населения степного пояса Евразии (по маркерам Y-хромосомы). *Золотоордынская цивилизация*. 9. 326–333.

Тептеев, А.Г. (2016). К истории образования Нагайбацкой крепости. *Кряшенское историческое обозрение*. 1. 166–178.

Трепавлов, В.В. (2016). *История Ногайской Орды*. 2-е изд., испр. и доп. Казань: Издательский дом «Казанская недвижимость». 764.

Трофимова, Т.А. (1946). Этногенез татар среднего Поволжья в свете данных антропологии. *Советская этнография*. 3. 51–74

Трофимова, Н.В., Литвинов, С.С., Хусаинова, Р.И. и др. (2013). Генетическая характеристика поволжских татар по данным об однородительских маркерах. *Известия Самарского научного центра Российской академии наук*. 15. 3. 1466–1469.

Трофимова, Н.В., Литвинов, С.С., Хусаинова, Р.И., (2015). Генетическая характеристика популяций Волго-Уральского региона по данным об изменчивости Y-хромосомы. *Генетика*. 51. 1. 120.

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

Тюрин, А.М. (20176) 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*. Материалы третьей научно-практической конференции. 194–198.

Тюрин, А.М. (2024а). 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. (20246). Элементы этногенеза хазарейцев по данным популяционной генетики. *Кочевая цивилизация: исторические исследования*. 1. 37–49.

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

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

Халиков, А.Х. (1978). Происхождение татар Поволжья и Приуралья. Казань, Татарское кн. изд-во. 160.

Харьков, В.Н., Колесников, Н.А., Валихова, Л.В. и др. (2023). Связь генофонда хантов с народами Западной Сибири, Предуралья и Алтая-Саян по данным о полиморфизме аутосомных локусов и Y-хромосомы. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 27(1). 46–54.

Хохлов, А.А., Китов, Е.П. (2019). Теоретические и практические аспекты проблемы происхождения физического облика носителей культур синташтинского круга позднего этапа эпохи бронзы. *Поволжская археология*. 1 (27). 59–71.

Худяков, М.Г. (1991). *Очерки по истории Казанского ханства*. М.: ИИНСАН, Совет по сохранению и развитию культур малых народов, СФК.

Чумаков, Н.И. (2024). Служилые новокрещены Заказанья как одни из основателей кряшенских деревень нижней Вятки. *Кряшенское историческое обозрение*. 1. 16–19.

Чухряева, М.И., Павлова, Е.С., Напольских, В.В. и др. (2017). Сохранились ли следы финно-угорского влияния в генофонде русского населения Ярославской области? Свидетельства Y-хромосомы. *Генетика*. 53. 3. 378–389.

Юсупов, Ю.М., Схалыхо, Р.А., Агджоян, А.Т. и др. (2019). Анализ генофонда юго-восточных башкир в контексте их родовой структуры (по данным о полиморфизме Y-хромосомы). *Вестник Московского университета*. Серия 23: Антропология. 4. 54–66.

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.

Balinova, N., Hudjašov, G., Pankratov, V., et al. (2024). Gene pool preservation across time and space in Mongolian-speaking Oirats. *European Journal of Human Genetics*. 32. 1150–1158.

Batini, Ch., Hallast, P., Vagene, A.J., et al. (2017). Population resequencing of European mitochondrial genomes highlights sex-bias in Bronze Age demographic expansions. *Scientific Reports*. 7(1): 12086.

Bermisheva, M.A., Tambets, K., Villems, R., Khusnutdinova, E.K. (2002). Diversity of Mitochondrial DNA Haplogroups in Ethnic Populations of the Volga–Ural Region. *Molecular Biology*. 36. 6. 802–812.

IdelDNAProject—Y-DNAClassic Chart. <https://www.familytreedna.com/public/tatarlar?iframe=yresults>

Malyarchuk, B., Grzybowski, T., Czarny, J., Wozniak, M. (2002). Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians. *Ann.Hum.Genet.* 66. 261–283.

Malyarchuk, B., Derenko, M., Denisova, G., Kravtsova, O. (2010). Mitogenomic diversity in Tatars from the Volga-Ural region of Russia. *Molecular Biology and Evolution.* 27. 2220–2226.

Tambets, K., Rootsi, S., Kivisild, T. et. al (2004). The Western and Eastern roots of the Saami — the story of genetic «Outliers» told by mitochondrial DNA and Y-Chromosomes. *Am J Hum Genet.* 74(4). 661–682.

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/>

References

Agdzhoyan, A.T., Skhalyakho, R.A., Padyukova, A.D., et al. (2015). From Siberia to Crimea: Features of the Gene Pool of the Tatars of Eurasia (Crimean, Siberian, Kazan, Kryashens, Mishars). *International Field School in Bolgar. Collection of materials of the final conference.* Kazan. 33–39 (in Russian).

Agdzhoyan, A.T., Balanovskaya, E.V., Padyukova, A.D., et al. (2016). The Gene Pool of Siberian Tatars: Five Subethnic Groups — Five Paths of Ethnogenesis. *Molecular Biology.* 50. 6. 978–991 (in Russian).

Agdzhoyan, A.T. (2018). *The Gene Pool of Indigenous Peoples of Crimea Based on Y-Chromosome, mtDNA, and Whole-Genome Autosomal SNP Markers.* Diss. for the degree of Cand. of Biological Sciences. Moscow (in Russian).

Aksyanova, G.A., Chizhikova, T.P. (2015). Somatic characteristics of the Tatars and Kryashens of the Middle Volga region (men). *Bulletin of Moscow University. Series 23: Anthropology.* 2. 95–113 (in Russian).

Akchurin, M.M., Vladimirov, O.O., Salikhov, R.R., Khakimov, R.S. (2021). *The gene pool of the Tatars: a historical and genetic study. Y-chromosome haplogroups.* Kazan. Marjani Institute of History, Academy of Sciences of the Republic of Tatarstan (in Russian).

Atnagulov, I.R. (2021). Nogai traces in the history of the Nagaybaks. *Problems of history, philology, culture.* 3 (73). 263–272 (in Russian).

Bakhtin, A.G., Kudryavtsev, A.N. (2013). Slavery in the Kazan Khanate. *Mari Archival Yearbook.* 154–162 (in Russian).

Balanovskaya, E.V., Balanovsky, O.P. (2009). Genetic traces of historical and prehistoric migrations: continents, regions, peoples. *Information Bulletin of VOGiS.* 13. 2. 401–409 (in Russian).

Balanovskaya, E.V., Agdzhoyan, A.T., Zhabagin, M.K., et al. (2016). Tatars of Eurasia: The Peculiarities of the Gene Pools of the Crimean, Volga, and Siberian Tatars. *Bulletin of Moscow University. Series 23: Anthropology.* 3. 75–85 (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.

Balinova, N., Hudjašov, G., Pankratov, V., et al. (2024). Gene pool preservation across time and space In Mongolian-speaking Oirats. *European Journal of Human Genetics.* 32. 1150–1158.

Batini, Ch., Hallast, P., Vagene, A. J., et al. (2017). Population resequencing of European mitochondrial genomes highlights sex-bias in Bronze Age demographic expansions. *Scientific Reports.* 7(1): 12086.

Bermisheva, M.A., Tambets, K., Willems, R., Khusnutdinova, E.K. (2002). Diversity of Mitochondrial DNA Haplogroups in Ethnic Populations of the Volga–Ural Region. *Molecular Biology*. 36. 6. 802–812.

Chumakov, N.I. (2024). Newly Baptized Servicemen of the Zakazanye as One of the Founders of the Kryashen Villages of the Lower Vyatka. *Kryashen Historical Review*. 1. 16–19 (in Russian).

Chukhryaeva, M.I., Pavlova, E.S., Napolskikh, V.V. et al. (2017). Are Traces of Finno-Ugric Influence Preserved in the Gene Pool of the Russian Population of the Yaroslavl Region? Evidence from the Y-Chromosome. *Genetics*. 53. 3. 378–389 (in Russian).

Gubina, M.A., Babenko, V.N., Voevoda, M.I. (2018). Mitochondrial DNA polymorphism in the Siberian Tatar population of the Baraba forest-steppe. *Genetics*. 54. 6. 694–709 (in Russian).

Damba, L.D., Balanovskaya, E.V., Zhabagin, M.K. et al. (2018). Assessing the contribution of the Mongolian expansion to the gene pool of Tuvans. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 22. 5. 611–619 (in Russian).

Denisova, G.A., Malarchuk, B.A., Derenko, M.V., Kravtsova, O.A. (2011). Population structure of the Volga Tatars based on mitochondrial DNA diversity data. *Genetics*. 47. 3. 387–393 (in Russian).

Dumin, S.V. (2017). Tatar-Cossacks in the Grand Duchy of Lithuania (XV–XVI centuries). *Medieval Turkic-Tatar states*. 9. 170–183 (in Russian).

Efetov, K.A., Kharlamov, S.G., Efremov, I.A. (2023). Polymorphism of microsatellite loci of the Y chromosome in Crimean Karaites and Crimean Tatars. *Pathogenesis*. 21. 3. 62–74 (in Russian).

Efimova, S.G. (1991). *Paleoanthropology of the Volga and Urals regions*. Moscow: Publishing house MGK (in Russian).

Izmailov, I.L., Ainutdinova, L.M. (2018). Anthropology. The Science of the Origin and Evolution of Man, the Formation of Human Races. *Tatar Encyclopedia TATARICA* (in Russian).

History and Culture of the Kryashen Tatars: 16th–20th centuries (2017). Ed. Iskhakov R.R., Kazan, Publishing House of the Institute of History named after Sh. Marjani, Academy of Sciences of the Republic of Tatarstan (in Russian).

IdelDNAProject—Y-DNA Classic Chart. <https://www.familytreedna.com/public/tatarlar/?iframe=yresults>

Iskhakov, D.M. (2002). Ethnographic Groups of the Volga-Ural Tatars: An Experience of Systems Analysis. *Ethnoterritorial Groups of the Tatars of the Volga and Ural Regions and the Issues of Their Formation*. Kazan: PIK “Dom Pechati”. 75–166 (in Russian).

Iskhakov, R.R., Bagautdinova, H.Z. (2015). Demographic status and settlement of baptized Tatars (Kryashens) of Kazan province according to the 3rd state revision of 1761–1765. *Bulletin of Kazan State University of Culture and Arts*. 4-2. 89–93 (in Russian).

Khalikov, A.Kh. (1978). *The origin of the Tatars of the Volga and Ural regions*. Kazan, Tatar book publishing house (in Russian).

Kharkov, V.N., Kolesnikov, N.A., Valikhova, L.V. et al. (2023). The Relationship of the Khanty Gene Pool with the Peoples of Western Siberia, the Cis-Urals, and the Altai-Sayan Mountains Based on the Data on the Polymorphism of Autosomal Loci and the Y-Chromosome. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 27(1). 46–54 (in Russian).

Khokhlov, A.A., Kitov, E.P. (2019). Theoretical and Practical Aspects of the Problem of the Origin of the Physical Appearance of the Bearers of the Sintashta Circle Cultures of the Late Bronze Age. *Volga Region Archaeology*. 1 (27). 59–71 (in Russian).

Khudyakov, M.G. (1991). *Essays on the History of the Kazan Khanate*. Moscow: INSAN, Council for the Preservation and Development of Cultures of Small Peoples, SFK (in Russian).

Konyukhova, E.V., Nguyen, F.N., Alimova, F.K., Kravtsova, O.A. (2010). Diversity of the mitochondrial gene pool in the population of Volga Tatars of the Republic of Tatarstan. *Scientific notes of Kazan State University. Series: Natural sciences*. 152. 2. 128–136 (in Russian).

- Kutuyev, I.A., Khusnutdinova, E.K. (2011). *Genetic structure and molecular phylogeography of the peoples of Eurasia*. Ufa: Gilem (in Russian).
- Litvinov, A.N. (2021). *Mitochondrial genomics of populations of the Russian population of Eastern Europe*. Diss. for the degree of Cand. of Biological Sciences. Magadan (in Russian).
- Makeeva, A.I. (2015). Dermatoglyphics of the Kryashens of the Volga and Ural Regions. *Bulletin of Moscow University. Series 23: Anthropology*. 1. 49–65 (in Russian).
- Malyarchuk, B., Grzybowski, T., Czarny, J., Wozniak, M. (2002). Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians. *Ann. Hum. Genet.* 66. 261–283.
- Malyarchuk, B., Derenko, M., Denisova, G., Kravtsova, O. (2010). Mitogenomic diversity in Tatars from the Volga-Ural region of Russia. *Molecular Biology and Evolution*. 27. 2220–2226.
- Padyukova, A.D., Lavryashina, M.B., Ulyanova, M.V. et al. (2014). Study of the gene pool of the Yaskolbin Tobol-Irtysh Tatars based on STR markers of the Y chromosome. *Bulletin of the Kemerovo State University*. 3-3 (59). 20–25 (in Russian).
- Pankratov, V.S., Kushnerevich, E.I., Davydenko, O.G. (2014). Polymorphism of Y-chromosome markers in the population of Belarusian Tatars. *Reports of the National Academy of Sciences of Belarus*. 58. 1. 94–100 (in Russian).
- Petrov-Tekin, N.I. (2016). On the origin of the Kryashens of the Kama region and the East Kama region of the Republic of Tatarstan. *Kryashen Historical Review*. 2. 13–37 (in Russian).
- Pislegin, N.V., Churakov, V.S. (2019). Kryashens of the Udmurt Kama region in the last third of the 18th — mid-19th centuries. *Yearbook of Finno-Ugric Studies*. 13. 3. 485–494 (in Russian).
- Rozhansky, I.L. (2018). Slavic Super-Branched: Y-DNA as a Marker of Early migrations of the Slavs. *Historical format*. 1–2 (13–14). 59–79 (in Russian).
- Rozhansky, I. L. (2021). Review of fossil DNA data: G and I haplomap. *Historical format*. 4 (28). 125–140 (in Russian).
- Rozhansky, I. L. (2022). Review of fossil DNA data: R1a haplomap. *Historical format*. 1 (29). 11–23 (in Russian).
- Sevastyanov, I. V. (2018). *Ethnocultural identity of the Kryashens in a comparative context: a historical and ethnographic study of the Molkeev and Zakazan ethnographic groups*. Diss. for the degree of Cand. Sci. (Hist.). Moscow (in Russian).
- Skhalyakho, R. A., Chukhryaeva, M. I., Agdzhoyan, A. T., et al. (2016). Gene pools of the Nogai people in the context of the population of the steppe belt of Eurasia (based on Y-chromosome markers). *Golden Horde civilization*. 9. 326–333 (in Russian).
- Tambets, K., Rootsi, S., Kivisild, T. et. al (2004). The Western and Eastern roots of the Saami — the story of genetic “Outliers” told by mitochondrial DNA and Y-Chromosomes. *Am J Hum Genet.* 74(4). 661–682 (in Russian).
- Tepteev, A.G. (2016). On the history of the formation of the Nagaibatsky fortress. *Kryashen historical review*. 1. 166–178 (in Russian).
- Trepavlov, V.V. (2016). *History of the Nogai Horde*. 2nd ed., corrected and enlarged. Kazan: Publishing house “Kazan real estate” (in Russian).
- Trofimova, T.A. (1946). Ethnogenesis of the Tatars of the Middle Volga region in light of anthropological data. *Soviet ethnography*. 3. 51–74 (in Russian).
- Trofimova, N.V., Litvinov, S.S., Khusainova, R.I. et al. (2013). Genetic characteristics of the Volga Tatars based on uniparental markers. *Bulletin of the Samara Scientific Center of the Russian Academy of Sciences*. 15. 3. 1466–1469 (in Russian).
- Trofimova, N.V., Litvinov, S.S., Khusainova, R.I., (2015). Genetic characteristics of the populations of the Volga-Ural region based on Y-chromosome variability. *Genetics*. 51. 1. 120.

Tyurin, A.M. (2017a) Kalmyks, Kara-Nogais, Kuban Nogais, 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 the Ethnogenesis of the Kara-Nogai and Kuban Nogai According to Population Genetics. *Nogai: 21st Century. History. Language. Culture. From the Origins to the Future*. Proceedings of the Third Scientific and Practical Conference. 194–198 (in Russian).

Tyurin, A. M. (2024a). Localization of the Ancestors of the Lithuanian Tatars Based on Written Evidence and Population Genetics. *The Turkic World in Modern Realities: Problems of Language, Literature, History, and Culture*. 400–405 (in Russian).

Tyurin, A. M. (2024b). Elements of the Ethnogenesis of the Hazaras According to Population Genetics. *Nomadic civilization: Historical Research*. 1. 37–49 (in Russian).

Tyurin, A. M. (2024c). The structure of subclades of Y-chromosome haplogroup C as evidence of Mongol migrations in the 13th, 17th and 18th centuries. *Nomadic civilization: Historical Research*. 3. 41–50 (in Russian).

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

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

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

Yusupov, Yu.M., Skhalyakho, R.A., Agdzhoyan, A.T. et al. (2019). Analysis of the Gene Pool of the Southeastern Bashkirs in the Context of Their Tribal Structure (Based on Y-Chromosome Polymorphism Data). *Bulletin of Moscow University*. Series 23: Anthropology. 4. 54–66 (in Russian).

Zaripova, O.N., Burmistrova, A.L., Suslova, T.A. and others (2013). The Place of the Nagaybak Minority in the Gene Pool of World Populations in the Framework of the Study of Genes and Haplotypes of the HLA Class II System. *Bulletin of Chelyabinsk State University*. 7 (298). 24–28 (in Russian).