

УДК 39+929.51+94

# ЭТНИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПРЕДКОВ АРИСТОКРАТИЧЕСКИХ РОДОВ КАЗАХОВ — КОЖА И ТОРЕ

Анатолий Матвеевич Тюрин

кандидат геолого-минералогических наук

Оренбургский государственный университет, Оренбург, Россия

E-mail: amturin1952@bk.ru

## Аннотация

У казахов два аристократических рода — кожа и торе, не входящие в систему жузов. Род *кожа*, по генеалогическим легендам, ведет своё происхождение от Пророка Мухаммеда, его многочисленных сподвижников, четырёх первых халифов или арабских завоевателей. Торе считаются потомками Чингисхана. По данным популяционной генетики (гаплогруппы Y-хромосомы и их субклады) выполнена этническая идентификация их предков. Предки- арабы с Аравийского полуострова у кожа не выявлены. Предками большинства были «таджики». Эта популяция в прошлом занимала территории Таджикистана, Северного Афганистана, Восточного Ирана. Проживала в городах Сырдарынского региона, возможно, Ферганской долины, а также междуречья Сырдарьи и Амударьи. Второй компонент рода *кожа* «монголы». Всего носителей монгольских гаплогрупп (C2, O и D) у них 6,5...31,3 %, в том числе гаплогруппы C2 — 6,5...18,8 %. Эти же два этнических компонента по частотам резко доминируют у торе. Частоты монгольских гаплогрупп 42,9...63,0 %, гаплогруппы C2 — 39,1...63,0 %. Среди носителей её субкладов не имеется потомков монголов халха. Минимально представлены потомки калмыков. Большинство является потомками калмаков и носителей этнически не идентифицированного субклада «Авары». Единственное значимое отличие торе от кожа — у них выше частоты монгольских гаплогрупп, примерно, как у казахов Старшего жуза. Данные популяционной генетики по торе и кожа не соответствуют их генеалогическим легендам.

## Ключевые слова

Казахи, кожа, торе, популяционная генетика, гаплогруппы Y-хромосомы, субклады, этногенез.

UDC 39+929.51+94

# ETHNIC IDENTIFICATION OF THE ANCESTORS OF THE ARISTOCRATIC FAMILY OF THE KAZAKHS — KOZHA AND TORE

**Tyurin Anatoliy M.**

Candidate of Geological and Mineralogical Sciences

Orenburg State University, Russia

E-mail: amturin1952@bk.ru

## Annotation

Kazakhs have two aristocratic clans — the Kozha and the Tore, which are not part of the zhuz system. According to genealogical legends, the Kozha trace their descent to the Prophet Muhammad, his many companions, the first four caliphs, or Arab conquerors. The Tore are considered descendants of Genghis Khan. Population genetics (Y-chromosome haplogroups and their subclades) have allowed the ethnic identification of their ancestors. Arab ancestors from the Arabian Peninsula have not been identified among the Kozha. The majority of the ancestors were «Tajiks». This population formerly occupied the territories of Tajikistan, northern Afghanistan, and eastern Iran. They lived in the cities of the Syr Darya region, possibly the Fergana Valley, and also the area between the Syr Darya and Amu Darya rivers. The second component of the Kozha are the «Mongols». Carriers of Mongolian haplogroups (C2, O, and D) account for 6.5–31.3% of them, including haplogroup C2 at 6.5–18.8%. These same two ethnic components are sharply dominant in frequency among the Tore. The frequencies of Mongolian haplogroups range from 42.9–63.0%, and haplogroup C2 at 39.1–63.0%. There are no descendants of the Khalkha Mongols among the carriers of its subclades. Descendants of the Kalmyks are minimally represented. The majority are descendants of the Kalmaks and carriers of the ethnically unidentified «Avar» subclade. The only significant difference between the Tore and the Kozha is that they have higher frequencies of Mongolian haplogroups, approximately the same as the Kazakhs of the Great Zhuz. Population genetic data for the Tore and Kozha do not correspond to their genealogical legends.

## Key words

Kazakhs, Kozha, Tore, population genetics, Y-chromosome haplogroups, subclades, ethnogenesis.



## В В Е Д Е Н И Е

У казахов имеются два аристократических рода — кожа и торе, не входящие в систему жузов. Кожа — это казахская форма слова ходжа, в персидском языке — «господин, хозяин» (Гафуров, 1987). По генеалогическим легендам кожа ведут своё происхождение от Пророка Мухаммеда, его многочисленных сподвижников, четырёх первых халифов или арабских завоевателей. Торе считаются потомками Чингисхана. Эти представления не подтверждены данными популяционной генетики. У кожа не обнаружены носители гаплогруппы Y-хромосомы J1, являющейся мажорной у аравийских арабов, а казахи рода торе являются потомками нескольких не родственных мужчин. Целью выполненного исследования являлась этническая идентификация предков этих двух родов.

## М А Т Е Р И А Л Ы

Инструментами популяционной генетики изучаются генетические портреты популяций, включающие гаплогруппы Y-хромосомы и соответствующие им гаплотипы (передаются по мужской линии), гаплогруппы mtДНК (по женской линии), а также аутосомные маркеры (по обеим линиям). По мужской линии торе и кожа являются обособленными популяциями. В статье рассмотрены гаплогруппы Y-хромосомы и их субклады.

Тестирование казахских торе на гаплогруппы Y-хромосомы ведётся с 2008 г. Авторы публикации (Сабитов, 2012) обобщили результаты ( $N=39$ ,  $N$  — количество тестируемых) по потомкам казахского хана Джанибека (1428–1480 гг.), отстоящего на 6–7 поколений от Джучи, старшего сына Чингисхана. Для шести их линий приведено число носителей мажорных гаплогрупп C3( $\times$ C3c), R2a и R1a1a. Всего 33 (6 гаплогрупп попали в «Остальные»). Их описание выполнено на основе аксиомы: «Среди казахских ханов не было документально зафиксированных фактов самозванства или усыновления. Важно отметить, что, как правило, казахские чингизиды знали друг друга [...] единственным механизмом инкорпорации в состав чингизидов другой гаплогруппы мог быть адюльтер» (Сабитов, 2012: 122).

Данные из Казахского ДНК-проекта рассмотрены в публикации (Сабитов, 2014). Включают торе ( $N=27$ ), кожа ( $N=62$ ) и представителей 10 казахских родов ( $N=386$ ). Род кожа связан «с проповедниками ислама среди казахов, которые, по всей видимости, имели различное происхождение» (Сабитов, 2014: 137). Данные по торе не прокомментированы. Как мы уже отмечали ранее, торе не являются потомками Чингисхана, но этот вывод находится в рамках его общепринятого происхождения.

В публикации (Жабагин, 2014) приведены результаты исследования, целями которого являлись верификация исторических гипотез о происхождении казахских родов торе и кожа, а также выявление степени связи между биологическим и социальным родством их членов. Тестираны торе ( $N=23$ ), кожа ( $N=71$ ), представители казахских родов жалайыр ( $N=100$ ) и керей ( $N=77$ ), а также монгольского рода борджигин ( $N=88$ ). По историческим свидетельствам, киреи и жалайыры

восходят к древнемонгольским родам, которые были в тесной исторической связи с чингизидами. А Чингисхан происходит из рода борджигин. Выборка авторов публикации является научной. По торе и кожа она не пересекается с данными из Казахского ДНК-проекта. Как она соотносится с выборкой торе из публикации (Сабитов, 2012) непонятно. По результатам исследований сделаны следующие предположения:

- мажорные гаплогруппы кожа R1a, J2 и R2a указывают на регионы происхождения миссионеров — Передняя Азия, Иран и Таджикистан;
- торе и кожа имеют две общие мажорные гаплогруппы — R1a и R2a, что может быть связано с их смешением в прошлом;
- генофонды родов торе и борджигин перекрываются «по мажорной гаплогруппе C3\*-M217(×M48), носителем которой, как считается, был их родоначальник Темучин (Чингисхан)» (Сабитов, 2012: 100).

В диссертации казахстанского генетика М.К. Жабагина (2017) приведены частоты гаплогрупп Y-хромосомы и их субкладов по 14 казахским родам (N=1982), включая торе (N=28) и кожа-сунак (N=107). Представляется, что данные по аристократическим родам частично опубликованы в статье (Жабагин, 2014), а новые данные — в (Zhabagin, 2017).

Данные по популяциям исторического региона Трансоксианы (бассейн Сырдарьи от Ферганской долины до её низовьев и низовья Амудары) приведены в публикации (Zhabagin, 2017). Тестираны четыре (регионы Арыси, Шымкента, Жана-кургана и Казалы) группы казахов из Туркестанской и Кызылординской областей Казахстана (N=349), а также популяции из Узбекистана: узбеки Хорезмской (N=98) и Ферганской (N=67) областей, Ташкента (N=52), дунгане Ташкентской области (N=31), каракалпаки (N=100) и туркмены (N=83) Каракалпакстана. Казахи включают торе (N=6) и кожа-сунак (N=94).

Согласно генеалогической традиции, клан кожа-сунак произошёл от мусульманских миссионеров с Ближнего Востока, принадлежавших к племени курайшитов и приходившихся родственниками по отцовской линии пророку Мухаммеду. Однако, носители гаплогруппы J1-M267, считающиеся маркером арабской экспансии, у них не обнаружены. Главный вывод авторов публикации (Zhabagin, 2017): кожа-сунак по отцовской линии происходят от нескольких неродственных местных предков. Авторы публикации предположили, что основой формирования клана явилась духовная традиция суфийских орденов Яссавия, Накшбандия и Бекташи.

Результаты исследования всех казахов Казахстана (N=1164) приведены в публикации (Khussainova, 2022). Они структурированы по родам и жузам (Старший, Средний и Младший). Отдельно приведены данные по торе и кожа. Дано только формальное описание фактических данных.

Общий объём опубликованных данных по торе и кожа приведён в таблице 1.

С данными по кожа имеется одна проблема. В публикации (Zhabagin, 2017) применяется два разных термина: «clans Kozha and Sunak» и «Kozha-Sunak tribe», в публикации (Khussainova, 2022) — «Kozha and Sunak clans» и «Kozha clan». Это при том, что в последней приведены результаты научной выборки, охватывающей всех казахов Казахстана.

Таблица 1

**Опубликованные данные по родам торе и кожа,  
а также по казахам других родов Казахстана**

Количество тестированных			Литература
Торе	Кожа	Казахи других родов	
33*	-	-	(Сабитов, 2012)
27	62	386	(Сабитов, 2014)
23	71	177	(Жабагин, 2014)
28	107**	1847	(Жабагин, 2017)
6	94**	249***	(Zhabagin, 2017)
6	16	1116	(Khussainova, 2021)

\*потомки хана Джанибека  
\*\*кожа-сунак.  
\*\*\*казахи Туркестанской и Кызылординской областей.

Для анализа генетических портретов торе и кожа сформировано три массива гаплогрупп и их субкладов. Первый включает торе потомков Джанибека (Сабитов, 2012). Второй — данные по торе и кожа из публикаций (Жабагин, 2014, 2017; Сабитов, 2014; Khussainova, 2021), а также по казахским жузам (Khussainova, 2021). Данные по торе и кожа из публикации (Сабитов, 2014) рассмотрены отдельно. Приведённая в них номенклатура гаплогрупп и субкладов отличается от номенклатуры в других публикациях. Третий массив характеризует казахов Туркестанской и Кызылординской областей, а также узбеков Ташкента (Zhabagin, 2017). К нему добавлены данные по узбекам Туркестанской области (N=20) и таджикам Таджикистана (N=20) (Zhabagin, 2022). При учёте того, что в горной части Ташкентской области находится анклав таджиков, этот массив характеризует популяции Сырдарьинского региона: Ташкентской, Туркестанской и Кызылординской областей.

## МЕТОДЫ

Методы анализа данных популяционной генетики основаны на этнической идентификации гаплогрупп Y-хромосомы и их субкладов. При этом она носит условный характер.

У монголов две субпопуляции — халха и ойраты (восточные и западные). Известны две крупные миграции монголов на запад за пределы территории их проживания в Центральной Азии. Первая — в процессе монгольских завоеваний в первой половине XIII в. В ней приняли участие халха и ойраты. Вторая — переход ойратов в Синьцзян, Семиречье и Северный Прикаспий в первой половине XVII в. По результатам первой миграции были сформированы улусы Джучи и Чигатая, второй — Калмыцкое ханство в Северном Прикаспии и Джунгарское в Семиречье и Синьцзяне. 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 в Бадахшан (Афганистан). Ещё одна группа (2,5 тыс. Кибиток) мигрировала в пределы Калмыцкого ханства (Тюрин, 2024а).

Гаплогруппы Y-хромосомы C2, O и D называют монгольскими. По YTree гаплогруппы Y-хромосомы (YTree) нами выделено четыре субклада гаплогруппы C2, характерные для монголов: C2a1a2a-M48 «Калмыки» (по частотам доминируют у калмыков), C2a1a2b-M504 «Калмаки» (доминирует у калмаков), C2b-F1067 «Халха» (доминирует у монголов-халха) и C2-Y10418 «Авары» (этнически не идентифицирован). Такое распределение их частот позволяет выполнять этническую идентификацию носителей гаплогруппы C2. Работоспособность метода показана на популяциях Евразии.

1. Следы миграций ойратов в XVII и XVIII вв. выявлены в YTree (YTree) у татар Татарстана, Томской, Нижегородской и Рязанской областей (Тюрин, 2024б). 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» (Тюрин, 2025а).

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

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

4. У казахов Казахстана 40–52 % носителей гаплогруппы C2. В этногенез казахов Старшего жуза определяющий вклад внесли калмаки, Младшего — калмыки. Их вклад в генетические портреты родов Среднего жуза дифференцированный. Монголов-халха на территории формирования этноса (восточная часть улуса Джучи и северо-восточная часть улуса Чигатая) не имелось. Частоты субклада «Халха» у них на уровне его частот у калмыков (Тюрин, 2025а). Исключение составляют казахи рода канырат.

5. У сибирских татар имеются носители гаплогруппы C2. Резко доминирует субклад «Калмыки». Генетических следов экспансии халха в XIII в. у них не имеется (Тюрин, 2025в).

Ниже приведена привязка индексов субкладов гаплогруппы C2 к применяемой китайскими генетиками. «In Altaic-speaking populations, especially most Mongolic-speaking populations, there are four predominant paternal lineages of C2\*-M217 clade, including C2b1a3a1-F3796 (previous C3\*-Star Cluster), C2a1a1b-M48, C2b1a1a1a-M407 and C2a1a1a2a-F1756» (Wen, 2020). Субклад C2b1a3a1-F3796 непосредственно восходит к субкладу C2a1a2b-M504 «Калмаки» (Y-DNA), субклад C2a1a1b-M48 соответствует субкладу C2a1a2a-M48 «Калмыки», субклад C2b1a1a1a-M407 является дочерним субклада C2b-F1067 «Халха», субклад C2a1a1a2a-F1756 — субклада C2-Y10418 «Авары».

В приведенной цитате есть примечание: «C2b1a3a1-F3796 (previous C3\*-Star Cluster)». При этом даётся ссылка на статью (Wei, 2018). Это давняя история. Авторы публикации (Zerjal, 2003) в гаплогруппе C\*(xC3c) выделили кластер гаплотипов и

назвали его C3\*-Star Cluster. Оказалось, что его модальный гаплотип и гаплотипы, отстоящие от него на 1 и 2 мутации, имеют широкое распространение у носителей гаплогруппы C2. Предположили, что основателем кластера является Чингисхан. Тогда носители гаплотипов кластера — его прямые потомки. Их примерно 8 % азиатских мужчин (16 миллионов). Авторы публикации (Wei, 2018) эту гипотезу дезавуировали. C3\*-Star Cluster является обычным для монголов. По нашей трактовке, относится к субкладу «Калмаки» (Тюрин, 2025а).

В соответствии с авторским вариантом филогении (Wei, 2018) C2\*-Star Cluster гаплотипов относится к линии C2b1a3a1-F3796 субклада с маркером M504 (Рис. 1). Он является независимым от субклада с маркером M48. Также соотносятся эти субклады в проектах Y-DNA (Y-DNA) и YTree (YTree). В YTree в линии C2b1a3a1-F3796 доминируют жители Китая. Также она включает 7 хазарейцев из Афганистана и Пакистана, 1 калмыка и 3 татар из России, 7 жителей Казахстана (этнос указан для 4 — казахи), 4 монголов из Китая и 1 из России. На основе вышесказанного отредактировано обозначение субкладов гаплогруппы C2. Ниже они обозначаются C2-M48 «Калмыки» и C2-M504 «Калмаки».

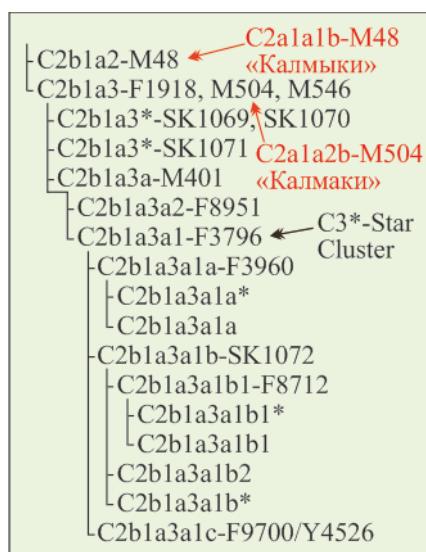


Рис. 1. Филогения Y-хромосомной линии C2\*-Star Cluster (Wei, 2018).  
Информация красным цветом нанесена А.М. Тюриным

Анализ данных популяционной генетики, характеризующих торе и кожа, выполнен в два этапа. На первом рассмотрены только частоты в популяциях монгольских гаплогрупп Y-хромосомы и субклады гаплогруппы C2 — «монгольский» компонент. На втором — приведенные частоты других гаплогрупп и их субкладов (частоты за вычетом носителей монгольских гаплогрупп). В них выделены переднеазиатские, южные, степные и сибирские ассоциации гаплогрупп и их субкладов. В гаплогруппах R1a, R1b и N имеются европейские и азиатские субклады и линии. В выборке по поволжским татарам они разделены (Акчурин, 2021). Но данные по казахам типизированы менее детально. Принято, что у них не имеется европейских

линий гаплогрупп R1b и N. В гаплогруппе R1a выявлены только единичные носители славянской гаплогруппы R1a-M458. Скорее всего, в ней резко доминирует субклад R1a-Z93, называемый «степным».

В обосновании по фактическим данным нуждается только южная ассоциация гаплогрупп. Гаплогруппы J и G являются переднеазиатскими (Восточное Средиземноморье, Аравийский полуостров, Месопотамия и Кавказ). Но в регион проживания казахов они попали разными путями. Авторы публикации (Balanovsky, 2015) генотипировали гаплогруппу G1-M285 (N=5346, 27 евразийских популяций) и выполнили детальную филогенетическую реконструкцию. Идентифицировано пять ветвей гаплогруппы, по частотам доминирующих среди её носителей, у казахов, монголов, армян, башкир и жителей Индостана. Разнообразие гаплотипов гаплогруппы уменьшается от Западного Ирана до Центральной Азии. Сформулирована гипотеза: гаплогруппа G1-M285 перенесена в евразийские степи экспансиеи ираноговорящих народов. Авторы публикации (Zhabagin, 2017) отметили, что кожа-сунак и казахи рода аргын имеют родственные гаплотипы этой гаплогруппы. Её частоты у аргынов аномально высокие — 66,9 %. Гаплотипы гаплогруппы образуют кластер. Время жизни его основателя — 600±200 лет назад (Жабагин, 2016).

У уйголов Хотана (N=478) 25,3 % носителей монгольских гаплогрупп и 15,7 % — гаплогруппы J. У уйголов Турфана — 30,1 % и 12,6 % (Liu Shuhu, 2018). Приведённые частоты гаплогруппы J в двух регионах — 21,0 и 18,0 %. У двух других популяций Синьцзяна (кериян и лопур) её частоты — 28,2 % и 59,4 %. У них резко доминирует гаплогруппа J2 — 25,6 % и 57,8 %. У родов жалайыр (N=92) и дулат (N=92), в прошлом соседей уйголов (населяли и район реки Или), значимо представлен субклад J2a-M401 — 14,1 % и 7,9 % соответственно (Аширбеков, 2018). Частоты гаплогруппы J у таджиков Таджикистана (N=40) — 15,0 %, персов восточного Ирана (N=62) — 44,2 % (Malyarchuk, 2012). У популяций Афганистана (N=212) — 13,2 % носителей гаплогруппы J2a (Haber, 2012). Носители гаплогруппы J1 у них не выявлены. Можно уверенно говорить, что предки торе и кожа, носители гаплогруппы J2, попали в регион проживания казахов с юга — Синьцзян, территории Таджикистана, Афганистана и восточного Ирана. Гаплогруппы R2, L и H1 являются специфичными для популяций Индии (Malyarchuk, 2012). Гаплогруппа T редкая. Её носители имеются и в Индии. У популяций Афганистана суммарная частота этих четырёх гаплогрупп составляет 18,9 % (Haber, 2012).

## РЕЗУЛЬТАТЫ

У шести линий потомков хана Джанибека следующие частоты мажорных гаплогрупп: C3( $\times$ C3c) — 48,7 % (в основном линии Усека, Ондана и Адиля), R2a — 20,5 % (линия Ишима), R1a1a — 15,4 % (линия Самеке) (Сабитов, 2012). Непонятно, какие субклады включает гаплогруппа C3( $\times$ C3c). У почти половины потомков хана предками были ойраты или халха.

Частоты субкладов гаплогруппы C2 у торе и кожа из Казахского ДНК-проекта и наша их этническая идентификация приведены в таблице 2. У торе высокие частоты носителей гаплогруппы C2 — 63,0 %, у кожа их — всего 6,5 %. У казахов других 10 родов — 43,5 % (Сабитов, 2014). Среди торе и кожа нет потомков монголов-халха

и минимальное число потомков калмыков. У коныратов (Средний жуз) (N=10) монголов-халха — 80,0 %. Это соответствует данным из публикации (Жабагин, 2017) (N=90) — 85,6 %. У других родов — 1,1 %.

Таблица 2

*Структура субкладов гаплогруппы Y-хромосомы C2 (по количеству тестированных) у казахских родов торе и кожа в Казахском ДНК-проекте (Сабитов, 2014) и их этническая идентификация (А.М. Тюрин)*

Субклады	Торе	Кожа	Этническая идентификация
N=	27	62	
C2*-M217	15	2	«Калмаки»+«Авары»
C2b1a2-M48	2	2	«Калмыки»
C2c1a1a1-M407	0	0	«Халха»
Всего:	17 63,0 %	4 6,5 %	

Частоты монгольских гаплогрупп выборок из публикаций (Жабагин, 2014, 2017; Khussainova, 2021) показаны в таблице 3. Для сопоставления приведены данные по трём жузам казахов (Khussainova, 2021). Частоты гаплогруппы C2 у казахов Старшего жуза — 46,8 %, Среднего — 42,6 %, Младшего — 78,0 %. У торе по трём выборкам 33,3…39,3 %, у кожа — 5,6…18,8 %. Частоты гаплогруппы O по жузам резко дифференцированы. Носители гаплогруппы D у казахов жузов и торе не выявлены. У кожа их — 6,3…9,9 %.

Таблица 3

*Структура монгольских гаплогрупп Y-хромосомы (%) у казахов*

Гаплогруппа	Жузы*			Торе <sup>1</sup>	Кожа <sup>1</sup>	Торе <sup>2</sup>	Кожа <sup>2</sup>	Торе <sup>3</sup>	Кожа-сунак <sup>3</sup>
	Старший <sup>1</sup>	Средний <sup>1</sup>	Младший <sup>1</sup>						
N=	408	467	241	6	16	23	71	28	107
C2	46,8	42,6	78,0	33,3	18,8	39,1	5,6	39,3	9,3
O	3,4	16,3	1,7	16,7	6,3	4,3	0	3,6	2,8
D	0	0	0	0	6,3	0	9,9	0	6,5
Итого:	50,2	58,9	79,7	50,0	31,3	43,5	15,5	42,9	18,7

\*без торе и кожа. <sup>1</sup>(Khussainova, 2021); <sup>2</sup>(Жабагин, 2014); <sup>3</sup>(Жабагин, 2017).

В выборке из публикации (Жабагин, 2014) в гаплогруппе C2 выделено два субклада — C3c-M48 и C3(×C3c)-M217(×M48). У торе — 4,3 % и 34,8 % их носителей. Гаплогруппа C3c-M48 идентифицируется однозначно — «Калмыки». Гаплогруппа C3(×C3c)-M217(×M48) по частотам доминирует у казахов родов жалайыр (38,0 %) и керей (64,9 %), а также у монголов рода борджигин (34,3 %). Частоты гаплогруппы

C3c-M48 у трёх родов — 2,0 %, 10,4 % и 18,2 % соответственно. В другой выборке у кереев (N=207) по частотам доминируют носители гаплогруппы C2 — 85,8 % (Zhabagin, 2024). Структура её субкладов: «Авары» — 2,9 %, «Калмаки» — 79,6 %, «Калмыки» — 1,9 %, «Халха» — 1,4 % (Тюрин, 2025a). У жалайыров (N=103) всего один носитель гаплогруппы C2-M407 (Жабагин, 2014). Таким образом, казахские кереи и жалайыры не восходят к древнемонгольским родам. Их предки были ойратами (калмаками).

В филогенетической сети гаплотипов (по 17 STR-маркерам) гаплогруппы C3( $\times$ C3c)-M217( $\times$ M48) в популяциях Евразии (N=783) обособилось три кластера (Жабагин, 2014). Кластер  $\alpha$  (дата общего предка 1000 $\pm$ 300 лет назад) включает предполагаемый гаплотип Чингисхана, то есть является C3\*-Star Cluster. В него попали и гаплотипы торе. Их предками были калмаки. Кластер  $\gamma$  (1100 $\pm$ 400 лет назад) сформирован гаплотипами рода конырат. Это единственный род казахов, предками которых были халха. Кластер  $\beta$  (600 $\pm$ 300 лет назад) включает только монголов. Данных для его этнической идентификации недостаточно. В выборке из публикации (Жабагин, 2017) у торе и кожа носителей субклада C2-M407 не имеется. Носителей субклада C2-M48 — 3,6 % и 2,8 % соответственно. В выборке из публикации (Khussainova, 2021) субклады в гаплогруппе C2 не выделены.

Данные по популяциям Сырдарьинского региона приведены в таблице 4. В клане кожа-сунак высокий процент носителей монгольских гаплогрупп у Abu Bakr — 46,7 %. У остальных суммарно — 4,7 %. У казахов региона — 71,9 %. Всего у кожа-сунак их частоты — 18,1 %, примерно находятся на уровне этого параметра у узбеков Ташкента — 15,4 %, но в два раза ниже, чем у узбеков Туркестанской области, — 35,0 %. У узбеков обоих регионов соотношение частот гаплогрупп О и C2 — 2,0 и 1,0. У казахов — 0,02.

Таблица 4  
Структура монгольских гаплогрупп Y-хромосомы (%) у казахов Туркестанской и Кызылординской областей в сопоставлении с узбеками и таджиками

Гаплогруппа и субклад	Кожа-сунак <sup>1</sup>						Торе <sup>1</sup>	Казахи без торе и кожа <sup>1</sup>	Узбеки Туркестанской области <sup>2</sup>	Узбеки Ташкента <sup>1</sup>	Таджики Таджикистана <sup>2</sup>	
	Ali (M.Khanafiya)	Abu Bakr	Ali (Seyed)	Umar	Без идентификации	Всего						
N=	33	30	10	5	16	94	6	249	20	52	20	
C2-( $\times$ M48)	0	20,0	0	0	6,3	7,4	33,3	39,8	5,0	3,8	0	
C2-M48	0	0	0	0	6,3	1,1	0	30,5	5,0	3,8	0	
O	0	10,0	0	0	0	3,2	16,7	1,6	20,0	7,7	0	
D-M174	3,0	16,7	0	0	0	6,4	0	0	5,0	0	5,0	
Итого:	3,0	46,7	0	0	12,5	18,1	50,0	71,9	35,0	15,4	5,0	

<sup>1</sup>(Zhabagin, 2017); <sup>2</sup>(Zhabagin, 2022).

В выборке из публикации (Сабитов, 2014) у торе высокие частоты гаплогруппы R2 — 22,2 %. Частоты гаплогрупп G1, J и Ra1 — 3,7 %. У кожа — R1a — 27,4 %, J — 12,9 % и R1b — 11,3 % (в том числе R1b1a2-M269 — 9,7 %). У этих двух родов носители гаплогруппы N не выявлены. У других казахских родов 3,6 % их носителей. Носители 20 гаплогрупп кожа в статье не приведены. Субклад R1b1a2-M269 в YTree (YTree) включает представителей Западной Европы, Северного Кавказа и арабов. По частоте резко доминирует у башкир рода бурзян (Юсупов, 2023). Скорее всего, гаплогруппа R1a представлена в основном субкладом R1a1-Z93. С высокими частотами он распространён у популяций Средней Азии, Алтая, Афганистана, Индии и других регионов Евразии.

Приведённые частоты не монгольских гаплогрупп по всем казахам показаны в таблице 5. Выборка, включающая 3 торе, в рассмотрение не включена.

Таблица 5

*Структура не монгольских гаплогрупп Y-хромосомы (%\*) у казахов*

Гаплогруппа	Жузы <sup>1</sup>			Торе <sup>1</sup>	Кожа <sup>1</sup>	Торе <sup>2</sup>	Кожа <sup>2</sup>	Торе <sup>3</sup>	Кожа-сунак <sup>3</sup>
	Старший	Средний	Младший						
N=	203	192	49	3	11	13	60	16	87
Скандинавские									
I1	1,0	0,5	0	0	0	0	1,7	0	1,1
Переднеазиатские									
J1a	10,8	5,2	0	0	0	0	0	12,5	0
G2	2,0	1,6	2,0	0	0	0	0	0	0
E	2,0	2,1	4,1	0	0	0	1,7	0	1,1
I2	5,9	2,1	2,0	0	0	0	0	0	0
Итого:	20,7	10,9	8,2	0	0	0	1,7	12,5	1,1
Южные									
G1	3,4	37,5	4,1	33,3	9,1	7,7	11,7	6,3	8,0
J2a	11,3	4,7	10,2	0	27,3	15,4	15,0	0	14,9
R2	3,4	0	2,0	0	9,1	30,8	13,3	43,8	12,6
L	0,5	0	0	0	0	0	0	0	4,6
H1	0	0,5	0	0	0	0	0	0	0
T	0	0	2,0	0	0	0	1,7	0	1,1
Итого:	18,7	42,7	18,4	33,3	45,5	53,8	41,7	50,0	41,4
Степные									
R1a	17,2	10,4	24,5	33,3	45,5	38,5	46,7	31,3	43,7
R1b	5,9	19,3	28,6	0	9,1	0	1,7	0	2,3
Итого:	23,2	29,7	53,1	33,3	54,5	38,5	48,3	31,3	46,0
Сибирские									
N	24,1	13,0	12,2	33,3	0	0	3,3	0	6,9
Q	12,3	3,1	8,2	0	0	7,7	3,3	6,3	3,4
Итого:	36,5	16,1	20,4	33,3	0	7,7	6,7	6,3	10,3

\*приведённые частоты (за вычетом носителей монгольских гаплогрупп).

<sup>1</sup>(Khussainova, 2021); <sup>2</sup>(Жабагин, 2014); <sup>3</sup>(Жабагин, 2017).

1. У казахов по жузам 8,2...20,7 % носителей переднеазиатских гаплогрупп. У торе и кожа их практически не имеется. Только в одной из двух рассматриваемых выборок торе есть носители переднеазиатской гаплогруппы J1a — 12,5 %.

2. Частоты сибирских гаплогрупп у торе и кожа — 6,3...10,3 %. У казахов их в разы больше — 16,1...39,5 %.

3. По степным гаплогруппам соотношение казахов и аристократических родов дифференцированно. У первых значимо представлена гаплогруппа R1b — 5,9...28,6 %, у торе её носителей не имеется, у кожа — 1,7...9,1 %. Гаплогруппа R1a по частотам доминирует у аристократических родов — 31,3...46,7 %, у казахов — 10,4...24,5 %.

4. Суммарные частоты южных гаплогрупп: у торе — 50,0 и 53,8 %, у кожа — 41,4...45,5 %, степной: у торе — 31,3 и 38,5 %, у кожа — 46,0...54,5 %. У торе несколько выше, чем у кожа частоты южных гаплогрупп, но ниже степных. Суммарно частоты южных и степных гаплогрупп у торе — 81,3 и 92,5 %, у кожа — 87,4...100 %. Кожа из научной выборки (Khussainova, 2021) являются носителями исключительно гаплогрупп этих ассоциаций.

5. Близкие частоты у торе и кожа отмечаются по гаплогруппам G1 — 6,3...11,7 %, R1a — 31,3...46,7 % (у торе несколько ниже, чем у кожа), R1b — 0...9,1 % и суммарно по L, H1 и T (у торе их носители не имеются, у кожа они единичные). У торе частоты гаплогруппы R2 — 30,8 и 43,8 %, в разы выше, чем у кожа — 9,1...13,3 %.

6. В одной из двух выборок торе 15,4 % носителей гаплогруппы J2a, в другой они не выявлены. У кожа — 14,9...27,3 %.

Распределение приведённых частот немонгольских гаплогрупп у популяций Сырдарынского региона имеет яркие особенности (Табл. 6). Выборка, включающая 3 торе, в рассмотрение тоже не включена.

Таблица 6

*Структура не монгольских гаплогрупп Y-хромосомы (%\*) у казахов Туркестанской и Кызылординской областей в сопоставлении с узбеками и таджиками*

Гаплогруппа	Кожа-сунак <sup>1</sup>						Торе <sup>1</sup>	Казахи без кожа и торе <sup>1</sup>	Узбеки Туркестанской области <sup>2</sup>	Узбеки Ташкента <sup>1</sup>	Таджики Таджикистана <sup>2</sup>	
	Ali (M.Khanafiy)	Abu bakr	Ali (Seyed)	Umar	Без идентификации	Всего						
N=	32	16	10	5	14	77	3	69	13	44	19	
Славянские												
R1a-M458	6,3	0	0	0	7,1	3,9	0	0	0	2,3	0	
Переднеазиатские												
J1a	0	0	0	0	0	0	0	5,8	7,7	4,5	0	
G2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4,5	0	
E	3,1	0	0	0	0	1,3	0	2,9	0	0	5,3	
I**	0	0	0	0	0	0	0	8,7	7,7	0	0	
Итого:	3,1	0	0	0	0	1,3	0	17,4	15,4	9,1	5,3	

Южные											
J2a	3,1	12,5	30,0	0	28,6	13,0	0	8,7	38,5	20,5	15,8
G1	21,9	0	0	0	0	9,1	33,3	1,4	0	0	0
R2a	6,3	18,9	10,0	100	0	14,3	0	1,4	0	2,3	15,8
L	0	25,0	0	0	0	5,1	0	0	7,7	4,5	5,3
T1a	3,1	0	0	0	0	1,3	0	0	0	0	0
H1	0	0	0	0	0	0	0	1,4	7,7	4,5	5,3
Итого:	34,4	56,3	40,0	100	28,6	42,9	33,3	12,9	53,8	31,8	42,1
Степные											
R1a	56,3	43,8	30,0	0	14,3	39,0	33,3	15,9	15,4	31,8	36,8
R1b	0	0	10,0	0	7,1	2,6	0	14,5	7,7	2,3	5,3
Итого:	56,3	43,8	40,0	0	21,4	41,6	33,3	30,4	23,1	34,1	42,1
Сибирские											
N	0	0	20,0	0	28,6	7,8	33,3	27,5	7,7	2,3	0
Q	0	0	0	0	14,3	2,6	0	11,6	0	20,5	10,5
Итого:	0	0	20,0	0	42,9	10,4	33,3	39,1	7,7	22,7	10,5

\*приведённые частоты (за вычетом носителей монгольских гаплогрупп).

\*\*условно отнесена к переднеазиатским.

<sup>1</sup>(Zhabagin, 2017); <sup>2</sup>(Zhabagin, 2022).

1. У кожа-сунак имеются три носителя славянского субклада R1a-M458, один его носитель у узбеков Ташкента. Субклад имеет две ветви — центрально-европейскую и западнославянскую (Рожанский, 2018). Скорее всего, этот субклад попал к отмеченным популяциям от славян переселенцев или «русского полона». Влияние последнего на этногенез поволжских татар рассмотрено в публикации (Тюрин, 2025б).

2. Суммарные частоты переднеазиатских гаплогрупп формируют «клин»: казахи — 17,4 %, узбеки Туркестанской области — 15,4 %, узбеки Ташкента — 9,1 %, таджики — 5,3 %, кожа-сунак — 1,3 %.

3. У казахов и узбеков имеются носители гаплогруппы J1a — 4,5...7,7 %, у кожа-сунак они не выявлены.

4. У кожа-сунак и таджиков Таджикистана совпадают суммарные частоты южных гаплогрупп — 42,9 и 42,1 %. Практически совпадают частоты четырёх гаплогрупп: J2a — 13,0 и 15,8 %, R2a — 14,3 и 15,8 %, L — 5,1 и 5,3 % и T — 1,3 и 0 %. Всего — 33,7 и 36,9 %. Наличие у узбеков и таджиков носителей гаплогруппы H1 скорее всего связано с проживанием среди них цыган люли, выходцев из Индии. У кожа-сунак 9,1 % носителей гаплогруппы G1. У узбеков и таджиков они не выявлены. У казахов представлены минимально — 1,4 %. Ситуация по этой гаплогруппе рассмотрена выше. Она могла попасть к кожа-сунак с территории Ирана. Могла попасть и от аргынов.

5. Отмеченная закономерность в пункте 4 проявилась и в двух степных гаплогруппах. Их частоты у кожа-сунак и таджиков — 41,6 и 42,1 %. Частоты гаплогруппы R1a — 39,0 и 36,8 %, R1b — 2,6 и 5,3 %. Немного ниже частоты этих гаплогрупп у узбеков Ташкента — 31,8 и 2,3 %.

6. Частоты сибирской гаплогруппы N тоже формируют «клин»: казахи — 27,5 %, узбеки Туркестанской области — 7,7 %, узбеки Ташкента — 2,3 %, таджики — 0 %. У кожа-сунак частоты этой гаплогруппы — 7,8 %, на уровне узбеков Туркестанской области.

7. Гаплогруппа Q значительно представлена у казахов — 11,6 %, узбеков Ташкента — 20,5 % и таджиков — 10,5. У узбеков Туркестанской области не выявлена. У кожа-сунак представлена минимально — 2,6 %. Гаплогруппа Q считается сибирской. Её частоты у кетов и селькупов 94 % и 66 %. Высокие частоты гаплогруппы у северных алтайцев. Есть ещё одна популяция с высокой долей носителей гаплогруппы Q. Это туркмены, проживающие на территории исторического региона Трансоксиана (Каракалпакстан). У них (N=83) — 73,5 % носителей этой гаплогруппы (Схаляхо, 2016; Zhabagin, 2017).

8. В южной ассоциации гаплогрупп имеется ещё один «клин». Частоты гаплогруппы R2a у таджиков — 15,8 %, узбеков Ташкента — 2,3, узбеков Туркестанской области — 0 %. Если эту гаплогруппу исключить, то суммарные частоты двух ассоциаций — южной и степной, будут примерно одинаковыми: узбеки Туркестанской области — 76,9 %, узбеки Ташкента — 63,6 %, таджики — 68,4 %. У узбеков двух объединённых выборок — 66,7 %.

9. У узбеков Ташкента и Туркестанской области соотношение частот гаплогрупп O и C2 не характерно для казахов Сырдарынского региона и монголов (Дамба, 2018). Гаплогруппа O по частотам доминирует у китайцев. Можно уверенно предполагать, что джунгарский ясырь включал и китайских полонянников. Часть узбеков, носителей гаплогруппы O, является их потомками.

Формальные выводы.

1. Число носителей монгольских гаплогрупп у торе — 42,9–50,0 %, находится на уровне их носителей у казахов Старшего жуза — 50,2 %, но несколько ниже, чем у них. У кожа в двух больших выборках число носителей этих гаплогрупп — 15,5 и 18,7 %, резко занижено относительно казахов. Среди торе, носителей монгольской гаплогруппы C2, не имеется потомков халха, минимально представлены потомки калмыков. Основная масса их предков была калмаками и носителями не идентифицированного субклада «Авары».

2. Генетические портреты торе и кожа по немонгольским гаплогруппам принципиально идентичны. У них резко доминируют носители южной и степной ассоциаций гаплогрупп. Отмечаются расхождения в частотах гаплогрупп R2 и J2a. Частоты первой выше у торе, а второй — у кожа. Носители переднеазиатской и сибирской ассоциации представлены минимально. Этим они отличаются от казахов (в среднем) других родов.

3. Генетические портреты кожа-сунак, таджиков Таджикистана и узбеков двух выборок принципиально идентичны. Ассоциация их гаплогрупп названа «таджики».

## ОБСУЖДЕНИЕ

В восточной горной части Ташкентской области находится анклав таджиков (посёлки Бурчмулла, Сиджак, Богустан, Нанай и др.). В прошлом они проживали и в долине реки Ангрен. Важная информация об их предках по состоянию на 1899 г. приведена в публикации (Кузнецов, 1900). К ней даны наши комментарии.

1. До прихода русских официальным языком в регионе являлся персидский, на котором пишут таджики. Таджики говорят на таджикском и узбекском языках. Автор описал процесс их перехода в сарты. Представляется, что он застал завершение этого процесса на равнине и в предгорьях. При учёте принципиальной идентичности

генетических портретов узбеков Сырдарьинского региона и таджиков Таджикистана можно сделать вывод: в прошлом здесь проживали представители одной популяции. Скорее всего, они же проживали в городах Ферганской долины, а также междуречья Сырдарьи и Амударьи. Из этой же популяции сформировались рода торе и кожа.

2. У таджиков было большое количество святых, могилы которых имеются на мазарах. Таджики считали их арабами выходцами из Мекки или Медины. Причём все святые современники друг другу. Это и есть первая генерация проповедников ислама. Потомки большинства из них стали ходжами.

3. Во время уборки урожая в регион на подработку прибывают казахи с Сырдарьи и Келеса. Автор привёл названия их родов. В том числе и один род ходжа, считающий себя потомками первых халифов.

4. Женщины у таджиков пользуются большой свободой, вплоть до того, что «пошливают». Адюльтер не редкость.

Всего выделяется 17 кланов кожа, включая сунак (Маликов, 2014). Автор публикации привёл этнографические данные по трём кланам ходжей Южного Казахстана: хорасан-ходжей, кылышты-ходжей и узбекоязычных ходжей. До национального размежевания в регионе (с 1924 г.) ходжи различали друг друга только по генеалогическому принципу, после стал доминировать этнический критерий, основанный на языковой аффилиации. То есть, в Сырдарьинском регионе первоначально единое сообщество хаджей в советский период разделилось на казахских кожа и узбекских ходжей.

Хорасан-ходжи в досоветский период кочевали. Считают себя потомками халифа Али. Вероятно, получили свое название от исторической провинции Хорасан. Проживали в Узгенте, Тугискене, Джанакургане, Кызыл-Орде. Кылышты-ходжи относятся к сейид-ходжам через двух святых. Информаторы утверждают, что родина кылышты-ходжей в Узгенте (Маликов, 2014). Этот город был расположен на территории Жанакурганского района западнее Сырдарьи. От него сохранилось городище (Городище). Тугискент — село и одноимённый могильник в Жанакурганском районе.

Узбекоязычные ходжи идентифицируют себя как узбеки (Маликов, 2014). Проживают в Туркестане и других городах Южного Казахстана. В Туркестане представлены потомками суфийских святых Гаухар-она, Али-ходжи, Садр-ота и др. По преданию, некоторые из них являются потомками ходжей из Бухары. По другому преданию, они потомки людей, служивших у суфийского лидера Ходжи Ахмеда Яссеви.

Этнографические сведения по рассматриваемому вопросу приведены в публикации (Ахметова, 2013). В XVIII в. кожа, потомки миссионеров шиитов, прибыли из Туркестана вслед за Аблаем на территорию бывшей Kokчетавской области. «Здесь они открыли мечети и мектебы, обучая местных казахов арабскому языку и Корану. Затем перевезли из Туркестана своих родственников. Кочуя с казахскими родами, они дошли до своего нынешнего места проживания в Омской области» (Ахметова, 2013: 13). Сегодня «на кладбище с одной стороны покоятся останки потомков шиитов, с другой стороны потомков суннитов» (Ахметова, 2013: 14). Эта информация подтверждает предположение автора публикации (Маликов, 2014) о том, что предки хорасан-ходжей были выходцами из Хорасана. На то, что они были шиитами,

указывает их генеалогическая легенда. Халиф Али почитается шиитами. Имеются сведения и о наличии на территории Среднего жуза кожа, считающих себя потомками кашгарского святого Аппакходжи (Бисултанова, 2017).

Перовский и Казалинский уезды Сырдарьинской области занимали нижнее течение реки Сырдарьи. По состоянию на 1863 г. на территории Казалинского уезда было 525 к. (к. — кибитка) (3,0 %) ходжей, в округе Перовска — 700 к. (3,0 %) (Радлов, 1989). В данных Туркестанского Статистического комитета за 1870 г. различаются ходжи и сунак (Картаева, 2010). В Яныкурганской волости Перовского уезда среди других родов казахов отмечены сунаки (149 к.) и ходжи (92 к.), что в сумме составляет 7,8 % от общего числа кибиток. В Кентубской и Кармакчинской волостях отмечены только ходжи — 432 и 10 к., 20,8 и 0,6 %. В данных по другим семи волостям эти рода не упоминаются. Автор публикации (Алпысбес, 2006) привёл список кланов кожей казахов. Всего 17. Сунак среди них не значится.

Всего ходжей в Перовском уезде (по числу кибиток) — 2,7 %, сунак — 0,7 %. В Казалинском уезде выделен особый род, состоящий из торе, толенгутов и ходжей. Их 4,0 %. Толенгуты — это казахский род, не входящий в систему жузов (как торе и кожа). По записям офицеров генерального штаба автор публикации (Картаева, 2010) локализовала регион проживания ходжей — по Сырдарье и Куандарье, около крепости Камыскурган. Здесь, скорее всего, имеется ввиду укрепление Кокандского ханства Камыш-Курган, которое находилось севернее Ак-Мечети (Кызылорды) (Турсунов, 2019). Для сравнения — по переписи 1861 г. в Каркалинском округе Западно-Сибирского генерал-губернаторства (территория Среднего жуза), ходжей насчитывалось 206 человек, 0,3% от всего населения (Бисултанова, 2017).

Сунаки в 1870 г. были локализованы в Яныкурганской волости. Из 77 тестированных кожа-сунак 65 — из Жаныкурганского района (Zhabagin, 2017). По другой информации, формирование субэтнической группы сунак связано с жителями Сыгнака (Сандыбаева, 2025). Сунак и Сыгнак — это два названия древнего города, развалины которого — Сунак-Курган — находятся в Жаныкурганском районе.

Сыгнак находился на правом берегу Сырдарьи. С XIV в. был политическим, военным и торговыми-экономическим центром на границе Дешт-и Кипчак и земледельческого региона. Им владели правители левого крыла улуса Джучи (Акимбеков, 2021). Со второй половины XV до конца XVI вв. Сыгнак был столицей Казахского ханства. Это превратило его в город-мавзолей (Нагаминэ, 2020). В последней публикации приведено свидетельство о начале XVI в.: «Могилы и гробницы всех ханов узбеков из шибановцев, юрты которых в старину были близки к Туркестану [Сырдарьинский регион], находятся в самом Сыгнаке и в его округе, потому что он является окраиной благоустроенной области [...] Поневоле, из именитых ханов Дашта гроб каждого, кому наступал час предопределенной смерти, обязательно доставляли в Сыгнак, над могилой его воздвигали здание, похожее на купол» (Нагаминэ, 2020: 543). Сыгнак являлся и центром земледельческого района. Сельхозугодья вокруг него орошались двумя каналами (Мургабаев, 2022). Один был выведен из Сырдарьи, другой — из озера, заполняемого во время её весенних разливов. Использовалась и вода небольших речек, стекающих с гор Карагату. Имеются письменные свидетельства, выданные религиозным деятелям города, о том, что они имеют право возделывать землю, используя воды конкретных арыков и речек.

Последние упоминания о Сыгнаке в документах первой половины XVII в.: рядом с Сыгнаком находился город Узгент, родина кылышты-ходжей. Это один из путей формирования кланов кожа. В данном случае два клана сформировались внутри городов. С прекращением их существования стали кочевниками. Но возможно и то, что первоначально кочевниками стала часть горожан, включая религиозных деятелей и небольшое количество кожа. Позднее бывшие жители Сыгнака стали сунаками, ещё позднее — кожа-сунаками. Главное здесь то, что эти кланы сформировались из жителей городов Сырдарынского региона, а они являлись частью популяции «таджики».

Казахами торе-чингизидами признавались потомки ханов Жанибека (династия тука-тимуридов 13-го сына Джучи) и Шибана (5-й сын Джучи) (Кият, 2024). Только они могли быть казахскими ханами (Акимбеков, 2021). Но в регионе были и торе, которые не являлись чингизидами. Среди ходжей был клан, члены которого возводили свою родословную к Пророку Мухаммеду. Себя они называли «тура». Титул «тура» или «тора» носили и ханские сыновья. В Бухарском эмирате вплоть до XX в. наследника престола называли тура. Этим словом называли и знатного человека, предводителя военного отряда. Мусульманские историки в XVIII в. называли «тура» правителей Джунгарского ханства. В данном случае «тура» — титул, синоним титула «хан» (Гафуров, 1987).

А. Гафуров считает слово «торе» тюркским (1987: 94). Но основания не приведены. В древнетюркском словаре этого слова нет (Древнетюркский..., 1969). Ближайшее по значению TÖRÄ — «закон, обычай». Перевод имени Дара (Därä) с древнеиранского — «обладатель доброй, благой власти» (Гафуров, 1987). В Wikipedia приведено 12 статей о правителях с именем Дарий. Оно образовано от древнеперсидского *dar* «владеть». Скорее всего, в большинстве письменных свидетельств указан титул правителя. Другая форма DÄRÄ — TOPE (Д>Т). Общий перевод — «властелин». Торе является частью слова *тархан* (торе+хан). Это титул, т.е. титул торе, применяемый у казахов к чингизидам, не является уникальным.

По данным популяционной генетики по казахским торе не представляется возможным сформулировать обоснованную гипотезу о гаплогруппе Чингисхана. Две гипотезы приведены ниже.

Пока не найдено ни одного захоронения членов семьи Чингисхана, включая его самого (Lkhagvasuren, 2016). Археологами предполагается, что таковыми являются пять погребений могильника Таван Толгой (Восточная Монголия). У останков трёх мужчин определена гаплогруппа R1b-M343. Сегодня она с высокими частотами распространена в Западной Европе. Заметно представлена на её других территориях и в сопредельных регионах Азии. Авторы отмеченной публикации предположили, что Чингисхан был её носителем. Но у казахских торе носители этой гаплогруппы не выявлены.

Представители клана Лу из Северо-Западного Китая утверждают, что являются потомками Тогана, шестого сына Чингисхана. Выполнены генетические исследования (N=30) (Wen, 2019). Все тестированные являются носителями монгольских гаплогрупп. По частоте доминирует субклад C2b1a1b1-F1756 — 53,3 %. По мнению авторов публикации, она может быть ещё одним кандидатом на гаплогруппу Чингисхана. По нашей трактовке, это субклад «Авары».

В публикации (Neparaczki, 2019) приведены результаты тестирования останков из погребений на территории Венгрии гуннов (V в.), аваров (конец VI–VII вв.) и мадьяр (конец IX–X вв.). По двум образцам из погребений аварского периода определена гаплогруппа C2. В публикации (Maroti, 2022) даны результаты тестирования останков из погребений этих же периодов. Гаплогруппа C2 определена в одном образце погребения аварского и в одном — мадьярского периодов. Результаты тестирования приведены в YTree (YTree). ПалеоДНК попали в субклад C-Y10418. На этом основании он назван «Авары» (Тюрин, 2024б). Недавно в этот субклад добавлены 43 палеоДНК с территории Австрии, объединенные в 5 линий. Представляется целесообразным выполнение более глубокого генотипирования гаплогруппы C2 казахских торе. В отмеченных публикациях субклады C2-M504 «Калмаки» и C2-Y10418 «Авары» не разделены. У монголов (N=852) 58,1 % носителей гаплогруппы C2 (Дамба, 2018). Носителей субклада «Авары» среди них всего 6,9 % (Тюрин, 2025а).

Авторы публикации (Сабитов, 2012) считают, что адюльтер является единственным механизмом инкорпорации в генетический портрет чингизидов чуждых им гаплогрупп. Это не исключается. Но был и другой механизм — шежире. «Если опираться на все вышеописанные шежире султанов, в Казахстане оказались разными судьбами чингизиды из домов Сибирского, Казанского, Хивинского ханств, Аральского и Каракалпакского владений, Ногайского юрта. Потомки всех этих султанов на данный момент проживают в Казахстане» (Кият, 2024: 1519). Иными словами, авторы статьи считают шежире вполне достоверными документами.

Другое мнение по шежире у автора публикации (Алпысбес, 2006): Ходжи «создавая, свою генеалогическую историю, не ограничивались этим и участвовали в создании, закреплении генеалогических историй чингизовых династий и, как показывает шежире казахов, внесли свою определённую лепту в формирование структуры генеалогических систем казахских родов и родовых объединений» (2006: 306). По-другому и быть не могло. Молодому Казахскому государству нужен был этнический миф. И он был создан. Шежире потомков Чингисхана обзавелись те, кому это было нужно и кто мог их заказать специалистам. Родовая знать была на виду, и сделать это для неё было проблематичным. А кожа и жители городов Сырдарынского региона смогли. Поэтому торе и кожа практически не отличимы по ассоциациям немонгольских гаплогрупп. Соответствующими шежире смогли обзавестись и калмаки, потерявшие связь со своими родами. Их интересовал титул торе. Поэтому у торе носителей монгольских гаплогрупп в разы больше, чем у кожа.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

1. В генетических портретах кожа и торе выделено два этнических компонента — «таджики» и «монголы». Популяция «таджики» в прошлом занимала территории Таджикистана, Северного Афганистана, Восточного Ирана. Проживала в городах Сырдарынского региона, возможно, Ферганской долины, а также междуречья Сырдарьи и Амударьи. «Монголы» маркируются гаплогруппами Y-хромосомы C2, O и D.

2. У торе частоты монгольских гаплогрупп в разы выше, чем у кожа. Среди носителей субкладов гаплогруппы C2 не имеется потомков монголов халха. Минимально представлены потомки калмыков. Большинство являются потомками калмаков и носителей этнически не идентифицированного субклада «Авары».

3. Предки-арабы с Аравийского полуострова у кога не выявлены.
4. Данные популяционной генетики по торе и кога не соответствуют их генеалогическим легендам.
5. Предполагается, что большая часть шежире кога и торе составлена в рамках формирования этнического мифа Казахского государства. В большинстве из них указана нереальная родословная семейств.

## Л и т е р а т у р а

- Акимбеков, С.М. (2021). *История степей. Феномен государства Чингисхана в истории Евразии*. 4-е издание. Алматы: ТОО «Институт Азиатских исследований».
- 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.
- Алпысбес, М. (2006). Ходжи в генеалогической системе казахского народа. *Парасат парызы*. Караганда: ҚарМУ баспасы. 303–307.
- Ахметова, Ш.К. (2013). Кожа в этнической истории казахов Западной Сибири. *Казанская наука*. 4. 12–14.
- Аширбеков, Е.Е., Хрунин, А.В., Ботбаев, Д.М. и др. (2018). Молекулярно-генетический анализ популяционной структуры казахского племенного объединения Старший жуз на основе полиморфизма Y-хромосомы. *Молекулярная генетика, микробиология и вирусология*. 36. 2. 72–75.
- Бисултанова, З.С.М., Горбунова, С.В. (2017). Ходжи в традиционном казахском обществе. *Актуальные проблемы истории, документоведения и педагогики*. 89–91.
- Гафуров, А. (1987). *Имя и история. Об именах арабов, персов, таджиков, тюрков*. Словарь. М.: «Наука».
- Городище Озгент. Древние городища Кызылординской области*. <https://silkadv.com/en/content/gorodishche-ozgent>
- 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.
- Древнетюркский словарь* (1969). Ленинград: Наука.
- Жабагин, М.К., Дибирова, Х.Д., Фролова, С.А. и др. (2014). Связь изменчивости Y-хромосомы и родовой структуры: генофонд степной аристократии и духовенства казахов. *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 1. 96–101.
- Жабагин, М.К., Сабитов, Ж.М., Агджоян, А.Т. и др. (2016). Генезис крупнейшей родоплеменной группы казахов — аргынов — в контексте популяционной генетики. *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 4. 59–68.
- Жабагин, М.К. (2017). *Анализ связи полиморфизма Y-хромосомы и родоплеменной структуры в казахской популяции*. Диссертация на соискание ученой степени кандидата биологических наук.
- Картаева, Т.Е. (2010). Этногеография казахов нижнего течения реки Сырдарьи (вторая пол. XIX–нач. XX вв.). *Вопросы истории Кыргызстана*. 3. 131–139.
- Кият, А., Сабитов, Ж.М. (2024). Казахские Шибаниды (XVIII–XIX вв.) в дореволюционных источниках. *Былые годы*. 19 (4). 1513–1522.
- Кузнецов, П. (1900). О таджиках Ташкентского уезда (краткий отчет). *Известия Туркестанского отдела Императорского Русского географического общества*. II. 2. 31–51.

- Маликов, А.М. (2014). Ходжи Южного Казахстана: история и идентичность. *Этнографическое обозрение*. 4. 35–45.
- Мургабаев, С.С., Малдыбекова, Л.Д., Бахтыбаев, М.М. и др. (2022). История орошения Сыганака. *Поволжская Археология*. 2 (40). 206–214.
- Нагаминэ, Х. (2020). Сыгнак как «порт Дашт-и Кыпчака» и «город-мавзолей»: период от правления левого крыла Джучидов до основания «казахского ханства». *Золотоординское обозрение*. 8. 3. 533–551.
- Радлов, В.В. (1989). *Из Сибири. Страницы дневника*. М.: «Наука».
- Рожанский, И.Л. (2018). Славянские супер-ветви: Y-ДНК как маркер ранних миграций славян. *Исторический формат*. 1–2 (13–14). 59–79.
- Сабитов, Ж.М., Тажигулова, И.М., Балановский, О.П. и др. (2012). Генеалогия казахстанских Чингизидов (Тука-Тимуридов и Шибанидов) в контексте данных популяционной генетики. *Средневековые тюрко-татарские государства*. 4. 121–125.
- Сабитов, Ж.М., Акчурин, М.М. (2014). Генеалогии (шежире) и генетические данные по происхождению постордынской родоплеменной аристократии. *Средневековые тюрко-татарские государства*. 6. 127–139.
- Сандыбаева, А.Д., Динашева, Л.С. (2025) Население Туркестанского региона в XVIII–начале XX вв.: культура, социальные и политические институты. *Известия Национальной Академии наук Кыргызской Республики*. 1. С1. 125–131.
- Схалихо, Р.А., Жабагин, М.К., Юсупов, Ю.М. и др. (2016). Генофонд туркмен Каракалпакстана в контексте популяций Центральной Азии (полиморфизм у-хромосомы). *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 3. 86–96.
- Тюрин, А.М. (2024а). Элементы этногенеза хазарейцев по данным популяционной генетики. *Nomadic civilization: historical research (Кочевая цивилизация: исторические исследования)*. 1. 37–49.
- Тюрин, А.М. (2024б). Структура субкладов гаплогруппы Y-хромосомы C как свидетельство миграций монголов в XIII, XVII и XVIII вв. *Nomadic civilization: historical research (Кочевая цивилизация: исторические исследования)*. 3. 41–50.
- Тюрин, А.М. (2025а). Этническая идентификация казахов по субкладам гаплогруппы Y-хромосомы C2. *Nomadic civilization: historical research (Кочевая цивилизация: исторические исследования)*. 2. 20–39.
- Тюрин, А.М. (2025б). Реконструкция элементов этнического прошлого кряшен по естественнонаучным данным. *Nomadic civilization: historical research (Кочевая цивилизация: исторические исследования)*. 1. 9–32.
- Турсунов, Б.Р. (2019). Начало покорения Кокандского ханства Российской империей (1852–1863 гг.). *Ученые записки Худжандского государственного университета им. академика Б. Гафурова*. Серия гуманитарно-общественных наук. 4 (61). 17–23.
- Юсупов, Ю.М., Асылгужин, Р.Р., Сабитов, Ж.М. (2023). Башкирские ете ырыу и казахские жетыру по данным этногенетических легенд и преданий и по результатам генетических исследований. *Проблемы востоковедения*. 4 (102). 22–28.
- Balanovsky, O., Zhabagin, M., Agdzhoyan, A. et al. (2015). Deep phylogenetic analysis of haplogroup G1 provides estimates of SNP and STR mutation rates on the human Y-chromosome and reveals migrations of Iranic speakers. *PLoS One*. 10(4).
- Haber, M., Platt, D.E., Ashrafian Bonab, M., et al. (2012). Afghanistan's Ethnic Groups Share a Y-Chromosomal Heritage Structured by Historical Events. *PLoS One*. 7(3).
- Khussainova, E., Kisselev, I., Iksan, O. et al. (2022). Genetic relationship among the Kazakh people based on Y-STR markers reveals evidence of genetic variation among tribes and zhuz. *Frontiers in Genetics*. 12.

- Liu Shuhu, NIZAM Yilihamu, RABIYAMU Bake et al. (2018). A study of genetic diversity of three isolated populations in Xinjiang using Y-SNP[J]. *Acta Anthropologica Sinica*. 37(01). 146–156.
- Lkhagvasuren, G, Shin, H, Lee, SE et al (2016) Molecular genealogy of a Mongol Queen's family and her possible kinship with Genghis Khan. *PLoS ONE*.11. e0161622.
- Malyarchuk, B., Derenko, M., Wozniak, M., Grzybowski, T. (2012). Y-chromosome variation in Tajiks and Iranians. *Ann. Hum. Biol.* 40. 48–54.
- Maróti, Z., Neparáczki, E., Schütz, O. et al. (2022). The genetic origin of huns, 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.
- Wei, LH., Yan, S., Lu, Y. et al. (2018). Whole-sequence analysis indicates that the Y chromosome C2\*-Star Cluster traces back to ordinary Mongols, rather than Genghis Khan. *Eur J Hum Genet*. 26(2). 230–237.
- Wen, SQ, Yao, HB, Du, PX et al. (2019). Molecular genealogy of Tusi Lu's family reveals their paternal relationship with Jochi, Genghis Khan's eldest son. *J Hum Genet*. 64(8). 815–820.
- Y-DNA Haplogroup C and its Subclades — 2019–2020.* <https://docs.google.com/spreadsheets/d/1XTMjVnybYFfj4mL1UwzDACTy9fZoJdCbENwdfvKWETQ/> edit?gid=928240711#gid= 928240711 (Дата обращения 01.12.2025).
- YTree v11.05.00* (29 сентября 2025). <https://www.yfull.com/tree/> Дата обращения 01.12.2025 г.
- Zerjal, T., Xue, Y.L., Bertorelle, G. et al. (2003). The genetic legacy of the Mongols. *Am. J. Hum. Genet*. 72. 717–721.
- Zhabagin, M., Balanovska, E., Sabitov, Z. et al. (2017). The connection of the genetic, cultural and geographic landscapes of Transoxiana. *Sci. Rep.* 7 (1). 3085.
- Zhabagin, M., Lan-HaiWei, Sabitov, Zh. et al. (2022). Ancient Components and Recent Expansion in the Eurasian Heartland: Insights into the Revised Phylogeny of Y-Chromosome from Central Asia. *Genes*. 13. 1776.
- Zhabagin, M., Bukayev, A., Dyussenova, Zh. et al. (2024). Y-chromosomal insights into the paternal genealogy of the Kerey tribe have called into question their descent from the stepfather of Genghis Khan. *PLoS ONE*. 19. 9. C. e0309080.

## References

- 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: Sh. Marjani Institute of History, Academy of Sciences of the Republic of Tatarstan (in Russian).
- Akhmetova, Sh. K. (2013). Kozha in the ethnic history of the Kazakhs of Western Siberia. *Kazan science*. 4. 12–14 (in Russian).
- Akimbekov, S. M. (2021). *History of the steppes. The phenomenon of the state of Genghis Khan in the history of Eurasia*. 4th edition. Almaty: TOO “Institute of Asian Studies” (in Russian).
- Alpysbes, M. (2006). Khoja in the genealogical system of the Kazakh people. *Parasat paryzy*. Karagandy: KarMU baspasy. 303–307 (in Russian).
- Ancient settlements of the Kyzylorda region.* <https://silkadv.com/en/content/gorodishche-ozgent> (in Russian)

- Ashirbekov, E.E., Khrunin, A.V., Botbaev, D.M., et al. (2018). Molecular genetic analysis of the population structure of the Kazakh tribal association Elder Zhuz based on Y-chromosome polymorphism. *Molecular Genetics, Microbiology and Virology*. 36. 2. 72–75 (in Russian).
- Balanovsky, O., Zhabagin, M., Agdzhoyan, A. et al. (2015). Deep phylogenetic analysis of haplogroup G1 provides estimates of SNP and STR mutation rates on the human Y-chromosome and reveals migrations of Iranian speakers. *PLoS One*. 10 (4).
- Bisultanova, Z.S.M., Gorbunova, S.V. (2017). Khojas in traditional Kazakh society. *Actual problems of history, documentation and pedagogy*. 89–91 (in Russian).
- Damba, L.D., Balanovskaya, E.V., Zhabagin, M.K., et al. (2018). Assessing the Contribution of the Mongol Expansion to the Tuvan Gene Pool. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 22. 5. 611–619 (in Russian).
- Gafurov, A. (1987). *Name and history. On the names of Arabs, Persians, Tajiks, Turks*. Dictionary. Moscow: “Science” (in Russian).
- Kartaeva, T.E. (2010). Ethnogeography of the Kazakhs of the Lower Reaches of the Syr Darya River (Second Half of the 19th–Early 20th Centuries). *Questions of the History of Kyrgyzstan*. 3. 131–139 (in Russian).
- Khussainova, E., Kisseelev, I., Iksan, O. et al. (2022). Genetic relationship among the Kazakh people based on Y-STR markers reveals evidence of genetic variation among tribes and zhuz. *Frontiers in Genetics*. 12.
- Kiyat, A., Sabitov, Zh.M. (2024). Kazakh Shibanids (18th–19th Centuries) in Pre-Revolutionary Sources. *Bylye Gody*. 19 (4). 1513–1522 (in Russian).
- Kuznetsov, P. (1900). On the Tajiks of the Tashkent District (Short Report). *Bulletin of the Turkestan Department of the Imperial Russian Geographical Society*. II. 2. 31–51 (in Russian).
- Liu Shuhu, NIZAM Yilihamu, RABIYAMU Bake et al. (2018). A study of genetic diversity of three isolated populations in Xinjiang using Y-SNP[J]. *Acta Anthropologica Sinica*. 37(01). 146–156.
- Lkhagvasuren, G, Shin, H, Lee, SE et al (2016). Molecular genealogy of a Mongol Queen’s family and her possible kinship with Genghis Khan. *PLoS ONE*.11. e0161622.
- Malikov, A.M. (2014). Khojas of Southern Kazakhstan: History and Identity. *Ethnographic Review*. 4. 35–45 (in Russian).
- Malyarchuk, B., Derenko, M., Wozniak, M., Grzybowski, T. (2012). Y-chromosome variation in Tajiks and Iranians. *Ann. Hum. Biol.* 40. 48–54.
- Maróti, Z., Neparáczki, E., Schütz, O. et al. (2022). The genetic origin of huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*. 32. 13. 2858–2870.e7.
- Murgabayev, S.S., Maldybekova, L.D., Bakhtybayev, M.M., et al. (2022). History of Syganak Irrigation. *Volga Region Archaeology*. 2 (40). 206–214 (in Russian).
- Nagamine, H. (2020). Sygnak as a “port of Dasht-i Kipchak” and a “mausoleum city”: the period from the rule of the left wing of the Jochid dynasty to the foundation of the “Kazakh Khanate”. *Golden Horde Review*. 8. 3. 533–551 (in Russian).
- 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.
- Old Turkic Dictionary* (1969). Leningrad: Nauka (in Russian).
- Ozgent settlement*. Haber, M., Platt, D. E., Ashrafian Bonab, M., et al. (2012). Afghanistan’s Ethnic Groups Share a Y-Chromosomal Heritage Structured by Historical Events. *PLoS One*. 7(3).
- Radlov, V.V. (1989). *From Siberia. Pages from a Diary*. Moscow: Nauka (in Russian).
- Rozhansky, I.L. (2018). Slavic Superbranches: Y-DNA as a Marker of Early Slavic Migrations. *Historical Format*. 1–2 (13–14). 59–79.

Sabitov, Zh.M., Tazhigulova, I.M., Balanovsky, O.P., et al. (2012). Genealogy of the Kazakh Chingizids (Tuka-Timurids and Shibanids) in the Context of Population Genetics Data. *Medieval Turkic-Tatar States*. 4. 121–125.

Sabitov, Zh. M., Akchurin, M. M. (2014). Genealogies (shezhire) and genetic data on the origin of the post-Horde tribal aristocracy. *Medieval Turkic-Tatar States*. 6. 127–139 (in Russian).

Sandybaeva, A. D., Dinasheva, L. S. (2025). Population of the Turkestan Region in the 18th–Early 20th Centuries: Culture, Social, and Political Institutions. *Bulletin of the National Academy of Sciences of the Kyrgyz Republic*. 1. S1. 125–131 (in Russian).

Skhalyakho, R. A., Zhabagin, M. K., Yusupov, Yu. M., et al. (2016). The gene pool of the Turkmen of Karakalpakstan in the context of Central Asian populations (y-chromosome polymorphism). *Bulletin of Moscow University. Series 23: Anthropology*. 3: 86–96 (in Russian).

Tyurin, A.M. (2024a). Elements of the ethnogenesis of the Hazaras according to population genetics. *Nomadic civilization: historical research*. 1: 37–49 (in Russian).

Tyurin, A.M. (2024b). 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. (2025a) Ethnic identification of the Kazakhs by subclades of the Y-chromosome haplogroup C2. *Nomadic civilization: historical research* (Nomadic civilization: historical research). 2. 20–39 (in Russian).

Tyurin, A.M. (2025b) Reconstruction of elements of the ethnic past of the Kryashens based on natural science data. *Nomadic civilization: historical research* (Nomadic civilization: historical research). 1. 9–32 (in Russian).

Tursunov, B.R. (2019). The beginning of the conquest of the Kokand Khanate by the Russian Empire (1852–1863). *Scientific notes of the Khujand State University named after academician B. Gafurov*. Series of Humanitarian and Social Sciences. 4 (61). 17–23 (in Russian).

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

Wen, S. Q., Yao, H. B., Du, P. X. et al. (2019). Molecular genealogy of Tusi Lu's family reveals their paternal relationship with Jochi, Genghis Khan's eldest son. *J Hum Genet*. 64(8). 815–820.

Yusupov, Yu. M., Asylguzhin, R. R., Sabitov, Zh. M. (2023). Bashkir Ete Yryu and Kazakh Zhetyru according to ethnogenetic legends and traditions and the results of genetic studies. *Problemy Vostokovedeniya*. 4 (102). 22–28.

*Y-DNA Haplogroup C and its Subclades — 2019–2020*. <https://docs.google.com/spreadsheets/d/1XTMjVnybYFfj4mL1UwzDACTy9fZoJdCbENwdfvKWETQ/> edit?gid=928240711#gid= 928240711 (Accessed 12/01/2025).

*YTree v11.05.00* (September 29, 2025). <https://www.yfull.com/tree/> Accessed 12/01/2025.

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

Zhabagin, M.K. (2017). *Analysis of the Association between Y-Chromosome Polymorphism and Tribal Structure in the Kazakh Population*. Dissertation for the Degree of Candidate of Biological Sciences.

Zhabagin, M.K., Dibirova, Kh.D., Frolova, S.A., et al. (2014). The Relationship between Y-Chromosome Variability and Lineage Structure: The Gene Pool of the Kazakh Steppe Aristocracy and Clergy. *Bulletin of Moscow University. Series 23: Anthropology*. 1. 96–101.

Zhabagin, M.K., Sabitov, Zh.M., Agdzhoyan, A.T., et al. (2016). Genesis of the Largest Tribal Group of Kazakhs — the Argyns — in the Context of Population Genetics. *Bulletin of Moscow University. Series 23: Anthropology*. 4. 59–68.

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

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

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