

УДК 39+575.17

# ЭТНИЧЕСКИЕ КОМПОНЕНТЫ КАЛМЫКОВ И ХАЗАРЕЙЦЕВ ПО ДАННЫМ ПОПУЛЯЦИОННОЙ ГЕНЕТИКИ

**Тюрин Анатолий Матвеевич**

кандидат геолого-минералогических наук,

Оренбургский государственный университет, Оренбург, Россия

E-mail: amturin1952@bk.ru

## Аннотация

У монголов две популяции — халха и ойраты (восточные и западные). У ойратов тоже две субпопуляции — калмыки и калмаки (джунгары). Калмыки пришли в Северный Прикаспий с территории западной Монголии в первой половине XVII в. Хазарейцы являются потомками калмаков, пришедших на территорию Афганистана в 1759 г., после разгрома империей Цин Джунгарского ханства. В данной статье нами рассмотрены данные популяционной генетики, характеризующие калмыков, хазарейцев, монголов и другие популяции. Они включают частоты гаплогрупп Y-хромосомы и мтДНК, а также аутосомные маркеры. Выделены ассоциации гаплогрупп Y-хромосомы и их субкладов: монгольская, европейская, переднеазиатская, южная, степная и сибирская. Частоты гаплогрупп монгольской ассоциации (C2, O и D) у калмыков — 58,0, 9,6 и 0,8 %, у хазарейцев — 36,0, 4,4 и 0 %, у монголов Монголии (халха и ойраты) — 58,1, 16,7 и 0,8 %. У калмыков и калмаков по частотам доминируют разные субклады гаплогруппы C2 — C2a1a2a-M48 «Калмыки» и C2a1a2b-M504 «Калмаки». У хазарейцев не имеется носителей первого субклада. У калмыков минимальные частоты носителей второго. В этногенезе калмыков приняла участие одна из популяций Тибета (гаплогруппы J2 и R2). Переднеазиатский вклад в их генетический портрет минимальный. В этногенезе хазарейцев — уйгуры (гаплогруппа J2) и популяции Афганистана. Значимый вклад внесли переднеазиатские популяции. Гаплогруппы мтДНК и результаты специальной обработки аутосомных маркеров подтверждают этнические компоненты популяций, выделенные по гаплогруппам Y-хромосомы.

## Ключевые слова

Калмыки, хазарейцы, монголы, Y-хромосома, гаплогруппы, субклады, этногенез.



UDC 39+575.17

## ETHNIC COMPONENTS OF KALMYKS AND KHAZARIANS ACCORDING TO POPULATION GENETICS

---

**Anatoliy M. Tyurin**

Candidate of Geological and Mineralogical Sciences

Orenburg State University, Russia

E-mail: amturin1952@bk.ru

### Annotation

---

The Mongols have two populations: the Khalkha and the Oirats (eastern and western). The Oirats also have two subpopulations: the Kalmyks and the Kalmaks (Dzungars). The Kalmyks arrived in the northern Caspian region from western Mongolia in the first half of the 17th century. The Hazaras are descendants of the Kalmaks who arrived in Afghanistan in 1759, after the Qing Empire defeated the Dzungar Khanate. Population genetic data characterizing the Kalmyks, Hazaras, Mongols, and other populations are reviewed. They include Y-chromosome and mtDNA haplogroup frequencies, as well as autosomal markers. Associations of Y-chromosome haplogroups and their subclades are identified: Mongolian, European, Near Eastern, Southern, Steppe, and Siberian. The frequencies of haplogroups of the Mongolian association (C2, O and D) are 58.0, 9.6 and 0.8% among Kalmyks, 36.0, 4.4 and 0% among Hazaras, and 58.1, 16.7 and 0.8% among the Mongols of Mongolia (Khalkha and Oirats). Different subclades of haplogroup C2 predominate among Kalmyks and Kalmaks in terms of frequencies: C2a1a2a-M48 «Kalmyks» and C2a1a2b-M504 «Kalmaks». The Hazaras do not have carriers of the first subclade. Kalmyks have minimal frequencies of carriers of the second subclade. One of the Tibetan populations (haplogroups J2 and R2) participated in the ethnogenesis of Kalmyks. The Near Eastern contribution to their genetic portrait is minimal. The Hazara people are descended from Uyghurs (haplogroup J2) and Afghan populations. Populations from the Near East also made a significant contribution. MtDNA haplogroups and the results of specialized analysis of autosomal markers confirm the ethnic components of the populations, as determined by Y-chromosome haplogroups.

### Key words

---

Kalmyks, Hazaras, Mongols, Y-chromosome, haplogroups, subclades, ethnogenesis.

## ВВЕДЕНИЕ

Численность калмыков в мире на сегодня 180 тыс. Проживают они в России, в основном в Республике Калмыкия. Небольшие их группы имеются в Кыргызстане и Китае (Синьцзян). Их язык входит в монгольскую языковую группу. Являются единственными буддистами в Европе. Прошлое калмыков начиная с XVII в. детально изучено по письменным свидетельствам (Беликов, 1967; Очиров, 2004). Их предки — ойраты, выйдя из Западной Монголии в начале XVII в., в его середине создали в Северном Прикаспии Калмыцкое ханство. Эти данные были обобщены нами ранее в контексте взаимодействия (включая обмен генами) калмыков с другими популяциями, прежде всего с ногаями Большой и Малой орд.

Население Афганистана на 1996 г. составляло 10,1 млн человек. По численности доминировали пуштуны (40 %), таджики (25,3 %), хазарейцы (18,0 %) и узбеки (6,3 %) (Окимбеков, 2019). Хазарейцы (хазара) проживают в центральной части Гиндукуша и территориях сопредельных с ним (провинции Бамиан, Газни, Варда и Гор), а также в Пакистане и Иране. Являются мусульманами-шиитами. Говорят на диалекте дари. Другие народы Афганистана преимущественно сунниты. География этнолингвистических популяций Афганистана показана на рисунке 1.

На основе яркой отличительной особенности хазарейцев — антропологической монголоидности — сформировалось мнение о том, что они являются потомками воинов, принявших участие в монгольских завоеваниях XIII–XIV вв. Данная точка зрения отражена в специальной литературе (Дебец, 1967; Кисляков, 1973; Темирханов, 1968, 1979). Считаем, что это мнение не основано на достоверных письменных свидетельствах. По данным популяционной генетики хазарейцы являются потомками одного рода монголов-ойратов (калмаков), ближайшими генетическими родственниками калмыков (Тюрин, 2024а). Особенно ценные свидетельства о калмаках, предках хазарейцев, приведены в истории княжества Бадахшан (Та'рих-и, 1997) и публикациях З.А. Джандосовой (1997, 1999). Здесь отметим, что генетики, изучающие хазарейцев, твердо придерживаются ошибочного мнения об их этногенезе. Например: «The Hazara could be of Turko-Mongol ancestry and theorized to be the descendants of an occupying army left in Afghanistan by Genghis Khan in 1300 AD» (Adnan et.al., 2021).

Ниже приведена наша обобщенная реконструкция прошлого ойратов, начиная с XVII в., выполненная по научным публикациям, письменным свидетельствам и данным популяционной генетики. Как мы сказали выше, 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 две субпопуляции монголов — халха и ойраты. Вторая — переход ойратов в Синьцзян, Семиречье и Северный Прикаспий в первой половине XVII в. В результате первой миграции были сформированы улусы Джучи и Чагатая, 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.

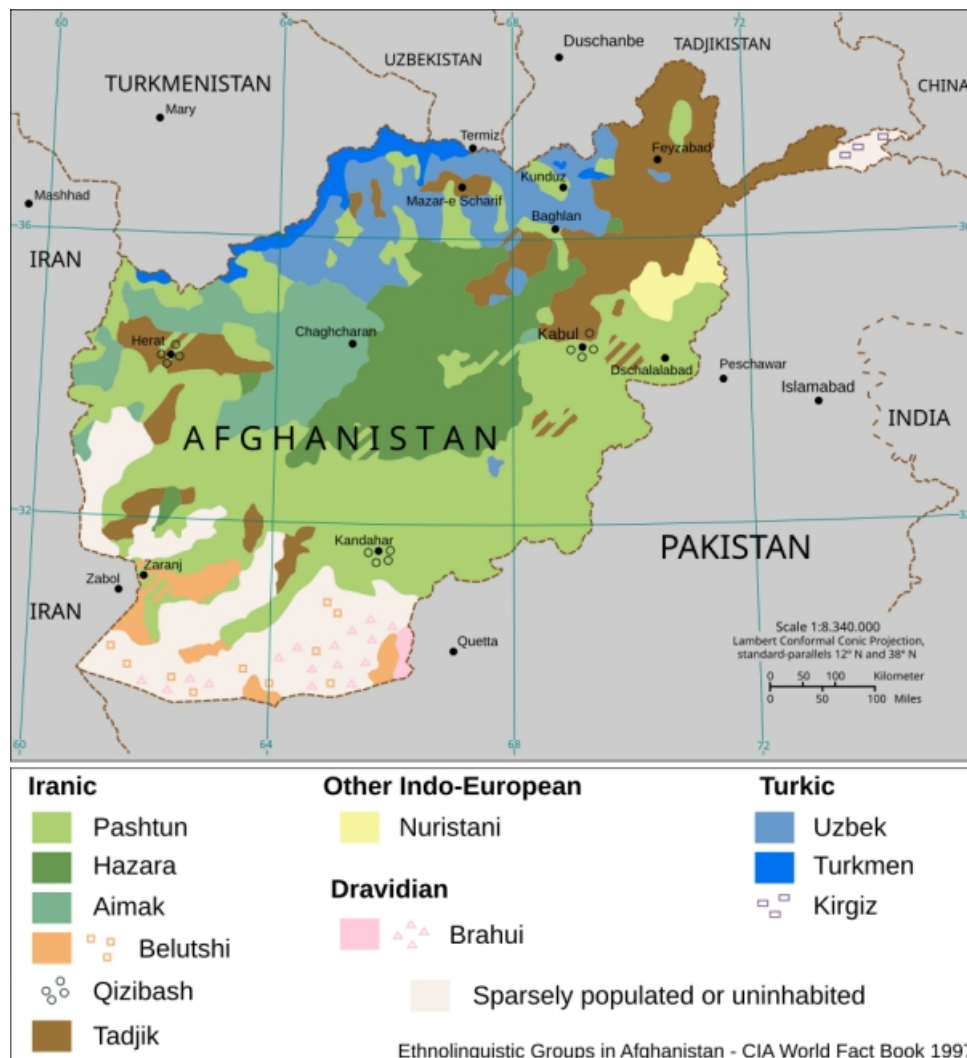


Рис. 1. География этнолингвистических популяций Афганистана

Была также 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 (Та’рих-и, 1997). Еще одна группа (2,5 тыс. кибиток) мигрировала в пределы Калмыцкого ханства (Тюрин, 2024а).

Княжество Бадахшан во второй половине XVIII в. занимало южную часть современной одноименной провинции Афганистана. На северо-западе и западе оно граничило с Каттаганом. Эта историческая область на севере Афганистана охватывала территории провинций Кундуз, Тахар, Баглан и Саманган. В Бадахшане проживали таджики, в Каттагане население было смешанным. В соответствии с Та’рих-и (1997), после прихода калмаков в Бадахшан в 1759 г. они подчинились

бадахшанскому эмиру Султан-шаху. На севере Афганистана сформировался регион проживания предков хазарейцев — Бадахшан и Каттаган. Султан-шах, имея в составе своей армии воинов- калмаков, начал завоевание территорий, сопредельных с Бадахшаном. В 1764 г. покорил Читрал (Та'рих-и, 1997). Можно предположить, что там он поселил некоторую часть калмаков. Так сформировался еще один регион их проживания — самая северная часть Пакистана. В период правления в Афганистане Дурранийской династии Тимур-шахом (1772–1793 гг.) «калмыки были приведены в Кабул (столица) и включены в корпус гулам-хана» (Джандосова, 1998: 278). Как мы понимаем, «приведены в Кабул» — это расселены в регионе рядом с ним. Можно предположить, что этим регионом являлся Хазараджат. Возможно, численность воинов-калмаков в корпусе составляла «хазар» (в персидском языке «тысяча»). Позднее это стало их новым этнонимом. Территория Хазараджата примерно соответствует зоне сегодняшнего проживания хазарейцев в Афганистане (см. рис. 1).

С точки зрения популяционной генетики калмыки и хазарейцы являются изолированными популяциями (территориально, этнически и конфессионально). Их генетические особенности изучены инструментами этой научной дисциплины. Совместный анализ данных, характеризующих две популяции, безусловно, представляет научный и методический интерес.

Рассмотрены данные популяционной генетики, характеризующие калмыков, хазарейцев, монголов и другие популяции. Они включают частоты гаплогрупп Y-хромосомы (передаются по мужской линии), мтДНК (по женской линии) и аутомные маркеры (по обеим линиям). Гаплогруппы Y-хромосомы C2, O и D называют монгольскими. У монголов (N=852, N — число тестированных) их частоты — 58,1, 16,7 и 0,8 % соответственно (Дамба, 2018). 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.

## МАТЕРИАЛЫ

---

### *Калмыки*

В 2005 г. опубликован первый массив гаплогрупп Y-хромосомы (Nasidze et al., 2005), характеризующий калмыков (N=99). Во внимание приняты только частоты гаплогруппы C2. Индексы остальных нам непонятны. Второй массив гаплогрупп калмыков (N=426) опубликован в 2013 г. (Malyarchuk et al., 2013). Его часть структурирована по трем их родам: дербеты (N=165), торгуты (N=150) и хошуты (N=82). В 2019 г. опубликован массив гаплогрупп (N=272) по родам дербетов, торгутов и хошутов калмыков России (N=155) и монголов северо-западной Монголии (N=105), а также по калмыкам Синьцзяна (N=12) (Balinova, 2019). В гаплогруппе C2 выделены семь субкладов и линий. Эти данные ранее рассмотрены в специальной научной литературе (Тюрин, 2025а). Генетические портреты монголов и калмыков Синьцзяна практически идентичны. Частоты их гаплогрупп рассмотрены суммарно (N=117).

Хошуты относятся к самым малочисленным родам калмыков. По результатам углубленного анализа данных (N=28) из публикации (Balinova et al., 2019)

уточнен их генетический портрет (Балинова и др., 2022). Носителей гаплогруппы C2 у хошутов — 50,0 %. Высокий процент носителей двух субкладов гаплогруппы N: N3a2-M2118 21,4 % и N3a2-F4205 — 7,4 %. Первый характерен для якутов, второй — для бурятов и монголов. Филогенетическая сеть гаплотипов гаплогруппы C3c1-M77 (представлена ветвью C3c1b-F6379) имеет ярко выраженное ядро. Его формируют гаплотипы калмыков (84 %) и монголов (16 %).

Ранее имеющиеся (Balinova et al., 2019) и новые данные по калмыкам России (N=577) опубликованы в статье (Булуктаев и др., 2024). В гаплогруппе C2 выделено четыре субклада. У дербетов высокие частоты гаплогруппы R2-M479 — 15,0 %. Представлена субкладом R2a-M124, который авторы назвали «ойратским» («монгольским»). Его этническая идентификация дана в публикациях (Джагрунов, 2023; Джагрунов и др., 2023). В YTree [YTree] в этом субкладе доминируют образцы из Индостана. Этническая идентификация субклада C2-F1067 приведена в публикациях (Джагрунов, Булуктаев, 2024a; Джагрунов, Булуктаев, 2024b). Обе идентификации базируются на этнонимах калмыцких родов и письменных свидетельствах.

По образцам из публикации (Balinova et al., 2019) определены полногеномные аутомаркеры (Balinova et al., 2024). В пространстве главных компонент (principal component) индивидуальных аутомаркеров геномов евразийских популяций точки родов калмыков и монголов-ойратов сформировали локальный кластер «Ойраты» в правой нижней части диаграммы. В ее левой нижней части — локальный максимум точек, характеризующих популяции Северного Кавказа (кластер «Северный Кавказ»). В пространстве между двумя кластерами — точки популяций Центральной Азии, в том числе (от первого кластера ко второму) киргизы, казахи, уйгуры и узбеки. Генетический вклад в их этногенез внесен ойратами и популяциями Северного Кавказа. Главный компонент этнически идентифицируется однозначно. Возрастание его значений соответствует возрастанию у названных популяций монголоидности.

Массив аутомаркеров обработан и по технологии ADMIXTURE (Balinova et al., 2024). У популяций Северного Кавказа резко доминирует компонент (по популяциям от 82 до 89 %) «Северный Кавказ». Он значимо представлен у ногайцев (58 %), узбеков (48 %), киргизов (14 %), башкир (14 %), алтайцев (Южный Алтай) (6 %), калмыков (7 %). У калмыков (N=33) доминируют «китайские» (44 %) и «якутские» (25 %) компоненты. Значимо представлен «эвенкийский» компонент (9 %).

Ранее данные по аутомаркерам калмыков по технологии ADMIXTURE (Yunusbayev et al., 2015) обрабатывались, но исходный массив был другим (93 популяции Евразии). Четко выделено восемь кластеров. У калмыков 44 % составляет восточносибирский, который доминирует у якутов, 27 % — китайский. Если составить массив данных, в котором будут доминировать монголоязычные популяции, а также территориальные группы монголов, и включить в него китайцев и якутов, то будет выделен кластер «Монголы», а у двух отмеченных популяций показана его доля. Но один вывод по двум результатам ADMIXTURE вполне достоверный. Калмыки отличаются от якутов наличием китайского компонента. Из данного вывода имеется одно следствие: если предки монголов и якутов в прошлом являлись единой популяцией, локализованной в Центральной Азии, то исход последних в Восточную Сибирь произошел ранее начала отмеченного процесса.

В публикации (Valinova et al., 2024) приведены гаплогруппы мтДНК калмыков России и Китая (Синьцзян), а также ойратов и монголов Монголии. Они разделены на западно- и восточно-евразийские. У монголов (N=23) и ойратов-торгутов (N=47) первых по 9 %. У ойратов-дербетов (N=17) — 17 %. У ойратов-хошутов (N=17) западно-евразийские гаплогруппы не выявлены. У калмыков Синьцзяна (N=12) их 9 %. По родам калмыков частоты западно-евразийских гаплогрупп дифференцированы — от 11 % у хошутов (N=28) до 28 % у торгутов (N=55). У дербетов (N=69) — 18 %, бузвов (N=54) — 22 %. Структура восточно-евразийских гаплогрупп по популяциям примерно одинаковая. По частотам доминируют гаплогруппы D, A и C (в порядке убывания). Исключение составляют ойраты-хошуты и монголы. У первых по частотам доминирует гаплогруппа G, у вторых — C.

*Хазарейцы, монголы, таджики, узбеки и киргизы*

В публикации (Haber et al., 2012) приведены результаты тестирования популяций Афганистана (N=204): хазарейцев (N=60), таджиков (N=56), узбеков (N=17), пуштунов (N=49), белуджей (N=13), нуристанцев (N=5), арабов (N=3) и туркмен (N=1). Хазарейцы из центрального региона страны. Методом медианного соединения (median-joining network of haplotypes) построена сеть гаплотипов четырех гаплогрупп (с привлечением данных по другим популяциям). В сети гаплогруппы C2 обособилось два кластера. В ядре одного доминируют китайцы, значимо представлены монголы. Ядро другого — «сборное»: хазарейцы из Афганистана и Пакистана, узбеки из Афганистана, китайцы и монголы. Ядро гаплотипов гаплогруппы E1b1b1-M35 сформировано популяциями Балкан. Значимо представлены ливанцы и иранцы. Гаплотипы хазарейцев и узбеков в разных ливанских линиях. Популяции Кавказа в балканско-сирийской. Результаты кластеризации гаплотипов гаплогрупп R1a1a-M17 и B-M60 для наших задач неинформативные.

В 2013 г. опубликованы результаты тестирования на гаплогруппы Y-хромосомы и мтДНК, а также на аутомные маркеры популяций Афганистана: хазарейцев (N=77, на мтДНК не тестированы), пуштунов (N=87), таджиков (N=142), туркмен (N=74), узбеков (N=127) (Di Cristofaro et al., 2013). Указаны регионы сбора образцов. В этом же формате приведены результаты тестирования популяций Пакистана (N=176), включающие и хазарейцев (N=25), Ирана (N=186) и Кыргызстана (N=150) Данные по монголам Монголии (N=160) районированы. В Афганистане протестированы хазарейцы провинций Бамиан (N=69) и Балх (N=8). Часть гаплогрупп типизирована на относительно большое число субкладов. Во внимание приняты популяции Афганистана, хазарейцы Пакистана и монголы северо-западной Монголии (регион проживания предков ойратов)

Массив аутомных маркеров (Di Cristofaro et al., 2013), характеризующих популяции Евразии (включая популяции Афганистана), обработан по технологии ADMIXTURE. Выявлено девять компонентов. Аутомные маркеры популяций Центральной Азии «свой» компонент не формируют. На популяции Афганистана значимо влияет компонент «Кавказ», но они находятся за пределами влияния компонента «Ближний Восток» (Рис. 2). На популяции северной части Афганистана минимально влияют компоненты «Индостан», «Скандинавия», «Восточная Сибирь» и «Китай». Условные названия компонент нами даны по регионам локализации их максимальных значений. Влияние компонента «Кавказ» прослеживается до южной части Индостана. Не генетический ли это след ариев?



*Рис. 2. Пространственное распределение компонент «Ближний Восток» и «Кавказ» по результатам обработки аутосомных маркеров по технологии ADMIXTURE (Di Cristofaro et al., 2013, выкопировка из Figure 2). Степень насыщенности цвета соответствует доли компонента у популяций (зависимость прямая)*

У хазарейцев Пакистана (г. Кветта, N=319) выявлено высокое разнообразие гаплогрупп мтДНК (Rakha, 2017). Из них западно-евразийские — 51,7 %, восточно- и юго-восточноазиатские — 29,8 %, южно-азиатские — 18,5 %. Наиболее высокие частоты имеют гаплогруппы H (14,1 %), K (14,7 %), D (9,7 %) и HV (9,4 %). Гаплогруппа D — восточно-евразийская, остальные — западно-евразийские.

Результаты анализа мтДНК 23 популяций Иранского плато, долины Инда и Центральной Азии приведены в публикации (Quintana-Murci et al., 2004). Тестировались и хазарейцы Пакистана (N=23). Распределение у них гаплогрупп (по круговой диаграмме): 40 % — западно-евразийских, 25 % — южно-азиатских и 35 % — восточно-евразийских. Первые резко доминируют у популяций Ирана. Восточно-евразийские имеют большую долю у туркмен, узбеков и памирских таджиков. У калашей выявлены только носители западно-евразийских гаплогрупп.

Авторы публикации (Ullah et al., 2017) изучили популяции (гаплогруппы Y-хромосомы и гаплотипы), населяющие горные районы на севере Пакистана. В поле главных компонент генетических дистанций между популяциями Афганистана и Пакистана точки «Хазарейцы Пакистана», «Хазарейцы Афганистана» и

«Узбеки Афганистана» находятся на минимальном расстоянии друг от друга. Это свидетельствует о том, что хазарейцы, проживающие в Афганистане и Пакистане, являются единой популяцией; между узбеками и хазарейцами был обмен генами.

В публикации (Adnan et al., 2019) рассмотрены результаты тестирования хазарейцев (N=153) г. Кветта. В публикации (Adnan et al., 2021) — хазарейцев Афганистана (N=260). Исследования авторов отмеченных публикаций выполнены в судебно-медицинской плоскости. Гаплогруппы Y-хромосомы тестированных хазарейцев в них не приведены. Данные по гаплогруппам хазарейцев из Афганистана (N=258) включены в базу Hazara Y-DNA (Hazara).

Авторы публикации (He, 2019) выполнили статистическую обработку данных по хазарейцам из Афганистана и Пакистана (N=468). Выборка включает и данные из публикаций (Adnan et al., 2019; Adnan et al., 2021), а также по другим популяциям Евразии. На основе реконструкции филогенетического родства установлено, что хазарейцы генетически ближе к тюркоязычным популяциям (уйгурам, казахам и киргизам), проживающих на северо-западе Китая, чем к монголам. Несут 57,8 % компонентов монголоидного происхождения. Прошли генетическое смешение с местным или соседним населением.

В публикации (Zhabagin et al., 2022) приведены частоты гаплогрупп по 10 популяциям Центральной Азии (N=187), включая хазарейцев (N=20). В гаплогруппе C2 выделены те же субклады, с которыми мы работаем (Тюрин, 2024б): C2a1a1b1-F1756, C2a1a2a-M48, C2a1a3-M504, C2b-F1067. Последний разделен на две составляющие: C2b\*-F1067×M407 и C2b1a1a1a-M407. Всего выявлено пять его носителей. У дунган и хазарейцев — первая составляющая, у казахов и уйгуров — вторая.

В Синьцзяне проживает 1,25 млн этнических казахов. Фактические данные по казахам Алтая (N=209) и бассейна Или приведены в публикации (Wang et al., 2023). Декларировано, что массив данных по казахам бассейна Или включает результаты анализа 202 образцов, но в «Supplementary Material» фактические данные приведены только по 113. В гаплогруппе C2 двух популяций выделено четыре субклада. Ранее они рассмотрены в работах исследователей (Тюрин, 2025а).

По казахам, монголам и калмыкам для двух субкладов гаплогруппы C2 рассчитаны сети гаплотипов (Wang et al., 2023). В сети гаплотипов субклада C2a1a2-M48 обособилось два кластера. Один из них имеет четко выраженное ядро, сформированное гаплотипами казахов. Две трети из них из Западного Казахстана, зоны проживания объединений байулы и алимулы (алчины) Младшего жуза, треть — из Южного. Скорее всего, последний регион включает и зону проживания алчинов в низовьях Сырдарьи. Ранее этот кластер выделен авторами публикации (Zhabagin et al., 2021). Датирован его основатель — 700±200 лет назад. На форумах сети его называют «Алчинским». Второй кластер «рыхлый», ядра не имеет. Внутри него обособился подкластер, ядро, которого сформировано гаплотипами калмыков (две трети) и монголов Монголии и Китая. Одна из двух ветвей кластера сформирована гаплотипами казахов Алтая (Россия), другая — казахов Южного Казахстана. Имеются все основания для названия этого кластера «Калмыцким». Формальный вывод: казахи-алчины обособились от калмыков через основателя, который жил, как сказано выше, сравнительно недавно — 700±200 лет назад.

Как можно понять, авторы публикации (Wang et al., 2023) под монголами понимают и ойратов. Гаплотипы ойратов в сети субклада C2a1a3-F1918 не фигурируют. Ядро кластера сформировано в основном казахами Южного Казахстана и Китая. Локальные ядра — гаплотипами киргизов Китая (доминируют), монголами Китая (примерно 50 %) и казахами Аксая (примерно 60 %) (Китай).

Частоты гаплогруппы Y-хромосомы монголов Китая (Внутренняя Монголия и Синьцзян, четыре территориальные группы), а также четырех популяций Синьцзяна приведены в публикации (Wang et al., 2024). В гаплогруппе O выделено 13 субкладов. Во внимание приняты данные по монголам Синьцзяна (N=165). В публикации (Guo et al., 2020) приведены частоты гаплогрупп Y-хромосомы киргизов Китая (Синьцзян) (N=239). В YTree приведено 18 гаплогрупп хазарейцев. Скорее всего, это часть из рассмотренных выше массивов данных.

Рассмотренные выше массивы гаплогрупп Y-хромосомы хазарейцев включены в проект Hazara Y-DNA (Hazara).

Опубликованные данные популяционной генетики (гаплогруппы Y-хромосомы) по калмыкам, хазарейцам, монголам и другим популяциям, составляющие информационную базу выполненного исследования, приведены в таблице 1 (Прил. 1).

Общий вывод: изолированные популяции калмыков и хазарейцев (территориально, этнически и конфессионально) хорошо изучены инструментами популяционной генетики.

## МЕТОДЫ

Методы анализа данных популяционной генетики основаны на этнической идентификации гаплогрупп Y-хромосомы и их субкладов, носящей условный характер.

Анализ гаплогрупп Y-хромосомы и их субкладов, характеризующих хазарейцев, калмыков, монголов и другие популяции, выполнен в три этапа. На первом выделены ассоциации гаплогрупп Y-хромосомы и их субкладов: монгольская (C2, O и D), европейская, переднеазиатская (Ближний Восток, Балканы, Кавказ и Аравийский полуостров), южная (Иран, Индостан и Синьцзян), степная (восточноазиатские субклады гаплогрупп R1a и R1b) и сибирская (гаплогруппа Q и восточноазиатские субклады гаплогруппы N). На втором этапе рассмотрены частоты в популяциях гаплогрупп монгольской ассоциации и субкладов гаплогруппы C2. На третьем этапе — приведенные частоты гаплогрупп и их субкладов (частоты за вычетом носителей ассоциации монгольских гаплогрупп) других ассоциаций.

В гаплогруппах R1a, R1b и N имеются европейские и азиатские субклады и линии. В массиве данных по поволжским татарам они разделены (Акчурун и др., 2021; Тюрин, 2025в). Но данные по рассматриваемым популяциям типизированы менее детально. С гаплогруппой N проблем не имеется. У тувинцев (N=187) выделено 10 ее субкладов и линий. Все отнесены к сибирским (Дамба, 2024). У кубанских ногайцев (N=60, 90) и караногайцев (N=150) число носителей гаплогруппы N1-LLY22 — 9 и 21 % (Схалыхо и др., 2016). Отнесена к восточно-евразийской. Скорее всего, в гаплогруппе R1a по частотам резко доминирует субклад R1a-Z93, называемый «степным». Принято, что у рассматриваемых популяций не имеется европейских линий отмеченных гаплогрупп.

Гаплогруппы J и G являются переднеазиатскими (Восточное Средиземноморье, Аравийский полуостров, Месопотамия и Кавказ). Но в регион проживания хазарейцев они попали разными путями. Этот вопрос рассмотрен в публикации (Тюрин, 2025б) на примере популяций Сырдарьинского региона. Гаплогруппа G1-M285 перенесена в евразийские степи экспансией ираноговорящих популяций (Balanovsky, 2015). Гаплогруппа J2 в регионе является не переднеазиатской, а «местной». Высокие частоты ее носителей у уйгуров и восточных иранцев. В конкретных популяциях «местный» компонент гаплогруппы J2 идентифицируется по отсутствию гаплогруппы J1 или ее минимальным частотам. С Передней Азии эти две гаплогруппы эмигрировали в другие регионы вместе. Гаплогруппы R2, L и H1 являются специфичными для популяций Индии (Malyarchuk et al., 2012). Гаплогруппа T редкая. Ее носители имеются и в Индии. У популяций Афганистана суммарная частота этих четырех гаплогрупп составляет 18,9 % (Haber et al., 2012). Условно названы «индостанскими». Включены в ассоциацию южных гаплогрупп.

По YTree гаплогрупп 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) (Тюрин, 2024б). 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 жителей Чечни, не имеется. Житель Калмыкии, скорее всего, калмык. У них по частотам доминирует субклад «Калмыки», но значимо представлен и субклад «Халха» (показано ниже).

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 ее разные субклады — «Калмаки», «Калмыки» и «Халха». Для всех тувинцев структура гаплогруппы C2 по субкладам идентична ее структуре у монголов.

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

5. У казахов два аристократических рода — кожа и торе, не входящие в систему жузов. Кожа по генеалогическим легендам ведет свое происхождение от Пророка Мухаммеда, его многочисленных сподвижников, четырех первых халифов или арабских завоевателей. Торе считаются потомками Чингисхана. У кожа 6,5...31,3 %, носителей монгольских гаплогрупп, в том числе гаплогруппы C2 — 6,5...18,8 %.

У торе 42,9...63,0 % и 39,1...63,0 % соответственно. Среди носителей гаплогруппы C2 не имеется потомков монголов халха (Тюрин, 2025б). 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.

6. У сибирских татар имеются носители гаплогруппы C2. Резко доминирует субклад «Калмыки». Генетических следов экспансии халха в XIII в. у них не выявлены (эти данные пока не опубликованы).

Привязка индексов субкладов гаплогруппы C2, применяемая китайскими генетиками, приведена в публикации (Тюрин, 2025а), дополнительные обоснования даны в исследовании (Тюрин, 2025б). В публикации (Булуктаев и др., 2024) один из субкладов калмыков обозначен C2b1a1b1-F3985. У него два главных снипа — F1756 и F3985 [Y-DNA]. Второй снип в YTree [YTree] не приведен, а первый соответствует ветви C2-F1756. Она входит в субклад «Авары», включает и палео-ДНК останков из захоронений на территории Венгрии, относимых к аварам.

При анализе гаплогрупп мтДНК рассматривалось соотношение их ассоциаций. Анализ аутосомных маркеров включал авторскую интерпретацию результатов их обработки по технологии *ADMIXTURE* и диаграмм главных компонент.

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

### *Монгольские гаплогруппы Y-хромосомы*

Результаты этнической идентификации субкладов гаплогруппы Y-хромосомы C2 и выделения ассоциаций не монгольских гаплогрупп приведены в приложении 1 (Табл. 2–11). Для субкладов гаплогруппы C2 рассматриваются абсолютные и относительные (среди ее носителей) значения их частот. Последние обозначаются индексом %\*. При описании результатов этнических идентификаций под узбеками и таджиками понимаются только жители Афганистана, под киргизами — Китая, под монголами — северо-западной Монголии и Китая (Синьцзян), если не указано «у всех монголов».

У всех монголов в гаплогруппе C2 выделено четыре субклада (Дамба, 2018). Их идентификация: C2b1a1-F3918 (6,9 %\*) — «Авары», C2b1a3-F3791 (30,1 %\*) — «Калмаки», C2b1a2a-M86 (45,9 %\*) — «Калмыки», C2c1-F2613 (16,6 %\*) — «Халха» (Тюрин, 2025а). Не типизировано (C2\*-M217) — 0,6 %\*.

По данным из публикации (Nasidze et al., 2005) число носителей гаплогруппы Y-хромосомы C2 у калмыков — 60,4 %. Выделен только субклад C3c-M48 — 36,6 % — «Калмыки». Его относительная частота — 60,9 %\*.

В другом массиве данных частоты монгольских гаплогрупп у калмыков: C2 — 56,1 %, O — 12,2 %, D — 1,2 % (Malyarchuk et al., 2013). В гаплогруппе C2 выделено два субклада — C3c1-M77, C3d-M407, и ее не типизированная часть — C3\*-217, (Табл. 2). Субклад C3c1-M77 имеет две ветви: C3c1a-Z40439 и C3c1b-F6379 (Балинова и др., 2022). Первая распространена у тунгусоязычных эвенов и эвенков, а также у бурятов и монголов. Вторая с частотой 40,3 % у ойратов.

По нашей идентификации она входит в субклад C2a1a2a-M48 — «Калмыки» (Тюрин, 2025a). Субклад C3d-M407 — «Халха». По «остаточному» принципу C3\*-217 — «Калмаки»+«Авары»? В массиве данных из публикации (Булуктаев и др., 2024) у калмыков частоты носителей субкладов «Калмаки» и «Авары» соотносятся как 3 к 1 (Табл. 4). По этой пропорции разделено число носителей двух субкладов при расчете их общих частот у монгольских популяций (Табл. 11). В публикации (Wei et al., 2018) ветвь C3c1a-Z40439 названа C2-Daur Clada (субклад «Калмаки»).

Число носителей гаплогруппы O у калмыков дифференцировано по родам и обратно пропорционально числу носителей субклада «Халха» (Malyarchuk et al., 2013). Самые высокие частоты гаплогруппы у хошутов — 17,1 %. Носители субклада «Халха» у них не выявлены. Самые низкие у дербетов — 7,9 %\*. У них самый высокий процент его носителей — 18,8 %\*. По родам число носителей субклада «Калмыки» — 33,3...46,0 %, в целом — 38,7 %. В относительных частотах: «Калмыки» — 69,0 %\*, «Халха» — 19,2 %\*, «Калмаки»+«Авары» — 11,7 %\*.

В более полном массиве данных по калмыкам частоты монгольских гаплогрупп: C2 — 59,4 %, O — 7,6 %, D — 0,5 % (Булуктаев и др., 2024). В гаплогруппе C2 выделено четыре субклада, идентифицируются однозначно (Табл. 4). По частотам доминирует субклад «Калмыки». По родам (без учета хошутов) — 53,8...75,9 %\*, в среднем — 69,1 %\*. Субклад «Калмаки» по родам представлен дифференцированно — от 9,5 до 30,8 %\*, в среднем 19,0 %\*. Наиболее высокие его частоты у зюнгар — 30,8 %\*, что соответствует этнониму рода. Вклад калмаков (зюнгар) в этногенез калмыков рассмотрен (по письменным свидетельствам) в публикации (Шантаев, 2009). Носители субклада «Халха» представлены у калмыков минимально — 2,7...7,7 %\*. Исключение составляют бузавы (потомки донских казаков). У них 15,4 %\* его носителей. Частоты субклада «Авары» у калмыков — 3,4...11,2 %\*. Всего у них носителей субкладов ойратов 80,0...93,9 %\*. В среднем 88,1 %\*.

У хазарейцев частоты монгольских гаплогрупп: C2 — 33,3 %, O — 1,7 % (Haber et al., 2012). У таджиков аномальное соотношение частот гаплогрупп C2 — 3,6 % и O — 8,9 % (Табл. 6). Носители гаплогруппы D у этих популяций не выявлены. У узбеков имеются только носители гаплогруппы C2. Ее частота — 41,2 %, выше, чем у хазарейцев. В этом массиве данных в гаплогруппе C2 субклады не выделялись. Про хазарейцев сказано следующее: «30 % of the lineages in Hazara were previously associated to Genghis Khan and his Mongol army». Под «previously» имеется в виду публикация (Zerjal et al., 2003). Авторы выделили кластер гаплотипов гаплогруппы C2 — C3\*-Star Cluster (ранее у гаплогруппы C2 был индекс C3). Оказалось, что его модалный гаплотип и гаплотипы, отстоящие от него на 1 и 2 мутации, имеют широкое распространение у носителей гаплогруппы. Предположили, что основателем кластера является Чингисхан, т. е. носители гаплотипов C3\*-Star Cluster subclade — его прямые потомки. Их среди азиатских мужчин примерно 8 % (16 млн). Авторы публикации (Wei et al., 2018) эту гипотезу дезавуировали. C3\*-Star Cluster является обычным для монголов. По нашей трактовке, относится к субкладу «Калмаки» (Тюрин, 2025a).

В другом массиве данных (Di Cristofaro et al., 2013) частоты монгольских гаплогрупп у хазарейцев: C2 — 37,3 %, O — 2,9 %, у таджиков — 9,2 и 2,8 %, у узбеков — 3,9 и 2,4 %. (Табл. 7). Субклады C2-M86 и C2-M401 идентифицируются как «Калмыки»

и «Калмаки». Они входят в субклад C2-M532. То, что отнесено к оставшейся его части, условно идентифицировано как «Калмаки». Субклад C2-M386 идентифицирован по «остаточному» принципу — «Авары». У хазарейцев 86,5 %\* носителей субклада «Калмаки» и 13,5 %\* — «Авары». У узбеков выявлены только носители субклада «Калмаки». У таджиков те же субклады, что и у хазарейцев. Но у них высокий процент носителей субклада «Авары» — 53,8 %\*. Носителей субкладов «Калмыки» и «Халха» в этом массиве данных не имеется. По нему вывод практически однозначный. Таджики и узбеки получили монгольские гаплогруппы от хазарейцев.

У таджиков Афганистана 9,2 % носителей гаплогруппы C2 (Табл. 7). Но в провинции Бадахшан (N=37) их 18,9 % (Di Cristofaro et al., 2013). Причем доминируют носители субклада «Авары» — 16,2 %. «Хазара Бадахшана полностью оседлые» (Кисляков, 1973: 133). Скорее всего, один из родов калмаков, у которого доминировали носители субклада «Авары», не принял предложение о переселении в будущей Хазараджат. Сегодня потомки части из них являются таджиками. В массиве данных из публикации (Haber, 2012) у узбеков аномально высокие частоты гаплогруппы C2 (Табл. 6). 13 из 17 тестированных — из провинции Тахар. Среди них 53,8 % носителей гаплогруппы C2. Генетически они калмаки. Провинция Джаузджанна на юге граничит с провинцией Сари-Пуль. У узбеков первой провинции (N=94) 1,1 % носителей гаплогруппы C2, второй (N=28) — 14,3 % («Калмаки» — 10,7 %) (Di Cristofaro et al., 2013). Провинция Сари-Пуль включает часть территории Хазараджата. Таджики и узбеки Афганистана получили монгольскую гаплогруппу C2 от калмаков только в тех районах, где контактировали с ними непосредственно. Важно, что имеются генетические следы их пребывания в Бадахшане и Каттагане.

У казахов Алтая частоты монгольских гаплогрупп: C2 — 64,1 %, O — 4,8 %, D — 5,5 % (Wang et al., 2023). Бассейна Или — 50,4, 23,8 и 0,9 % соответственно. Этническая идентификация субкладов гаплогруппы C2 казахов Китая выполнена ранее (Тюрин, 2025a). Казахи Алтая: C2a1a1b1-F1756 (2,9 %\*) — «Авары», C2a1a3-F1918 (49,8 %\*) — «Калмаки» (F1918 — одна из его линий, Y-DNA), C2a1a2-M48 (9,7 %\*) — «Калмыки», C2b1a1a1a-M407 (1,4 %\*) — «Халха», C2b-F8456 (1 носитель). Казахи бассейна Или: C2a1a3-F1918 (43,4 %\*) — «Калмаки», C2a1a2-M48 (4,2 %\*) — «Калмыки», C2b1a1a1a-M407 (2,7 %\*) — «Халха».

В таблице 9 приведены данные по хазарейцам Афганистана (из трех публикаций), киргизам и монголам Китая (Синьцзян), а также монголам северо-западной Монголии — зоны проживания потомков ойратов. У монголов Синьцзяна в гаплогруппе C2 выделено пять субкладов: C2a-F1396, C2a1a2-M48, C2b1-F2613, C2b1a1a1a-M407, C2a1a3a-F3796. Субклады C2b1-F2613 — снип Z1338 (DNA) и C2b1a1a1a-M407 входят в субклад C2b-F1067 «Халха». Субклад C2a-F1396 является не типизированной частью гаплогруппы C2. По «остаточному» принципу идентифицирован как «Авары».

Частоты гаплогруппы C2 у хазарейцев (рассматривается только массив данных из публикации (Adnan et al., 2021) — 34,5 %, ниже, чем у монголов Монголии — 52,6 %. У хазарейцев не имеется носителей субклада «Калмыки». По частотам доминируют носители субклада «Калмаки» — 64,0 %\*. У монголов Монголии и Китая носителей ойратских субкладов — 82,3 и 64,5 %\*. У последних высокий процент носителей субклада «Халха» — 31,1 %\*. У хазарейцев и монголов Монголии — 2,2 и 11,8 %\*.

У хазарейцев высокие частоты так называемого субклада «Авары» — 33,7 %\*. Это их отличает от монголов двух регионов и киргизов. У них 3,2...5,9 %\* его носителей. У киргизов 26,8 % носителей гаплогруппы C2. Если не рассматривать субклад «Авары», то структура частот ее субкладов идентична структуре у хазарейцев. У монголов Синьцзяна высокие частоты гаплогруппы O — 23,6 %, и D — 6,1 %, при относительно низких C2 — 29,1 %.

Сводные данные по калмыкам (Табл. 2–5), хазарейцам (Табл. 6–10) и монголам (Табл. 9 и 10) приведены в таблице 11. У монголов высокие частоты гаплогруппы O — 19,8 %. Соотношение с частотами гаплогруппы C2 составляет 0,52. У всех монголов — 0,29 (Дамба, 2018). У калмыков — 0,17, хазарейцев — 0,12. Для гаплогруппы D — 0,11, 0,01 и 0 соответственно. Можно предположить, что монголы, потомки ойратов получили большой объем гаплогрупп O и D после ухода калмыков и калмаков из Западной Монголии и Синьцзяна. Предки хазарейцев были изолированы от эмиссии гаплогруппы D.

У казахского рода найман (Восточный Казахстан, N=336) 43,5 % носителей гаплогруппы O (Жабагин, 2017), у казахов бассейна Или — 23,8 %. В гаплогруппе O выделено восемь субкладов и ее не типизированная часть — O3-M122\* (Di Cristofaro et al., 2013). Носители субклада O3a1-KL2 имеются у хазарейцев (1), таджиков (2) и узбеков (1). В других популяциях, в том числе и у монголов, они не выявлены. У хазарейцев два носителя гаплогруппы O попали в не типизированную часть гаплогруппы. Они имеются у киргизов (2) и моголов (3). Какой-то субклад из O3-M122\* хазарейцами получен на территории проживания своих предков, а O3a1-KL2 — на территории Афганистана.

У хазарейцев не имеется носителей субклада «Калмыки», число носителей субклада «Халха» минимальное. Относительные частоты субклада «Авары» более чем в пять раз превышают их значение у калмыков и монголов.

Геногеография C2-Star Cluster определена по результатам анализа 18210 индивидуальных данных по 292 популяциям Евразии (Wei et al., 2018). В первом приближении она соответствует геногеографии субклада C2-M504 «Калмаки». Этническая интерпретация ее элементов показана на рисунке 3. На территории Восточной Монголии и к востоку от нее локальная зона максимальных значений частот C2-Daur Clada, не связанная с калмаками. Четко обозначился генетический след Джунгарского ханства. Центр локального максимума частот находится на территории Восточного Казахстана. Локальный максимум частот на территории проживания калмыков, у которых доминирует субклад «Калмыки», но значимо представлен и субклад «Калмаки» — 6,9 %\* (Табл. 11). По другим данным среди калмыков (N=60) 1,7 % носителей C2-Star Cluster (Деренко и др., 2007). На территории проживания хазарейцев, потомков калмаков, контрастный локальный максимум.

Основа «Distribution of the Y-chromosome lineage C2\*-Star Cluster across Eurasia» (Wei et al., 2018): кружки темно-серого цвета соответствуют ранее опубликованным данным, красного — данным авторов статьи. Красными стрелками показаны направления миграций носителей C2\*-Star Cluster. Этническая интерпретация элементов геногеографии выполнена А.М. Тюриным (темно-синий цвет).

Выше приведена этническая идентификация монголов из публикации (Дамба и др., 2018). В субклад «Калмаки» попали и носители линии C2\*-Daur clade.

Она значимо представлена у халха, популяций Забайкалья и северо-восточного Китая (Рис. 3). Это ограничивает возможности метода этнической идентификации калмаков. Достоверные данные он даст только для популяций, локализованных в прошлом западнее Центральной Монголии.

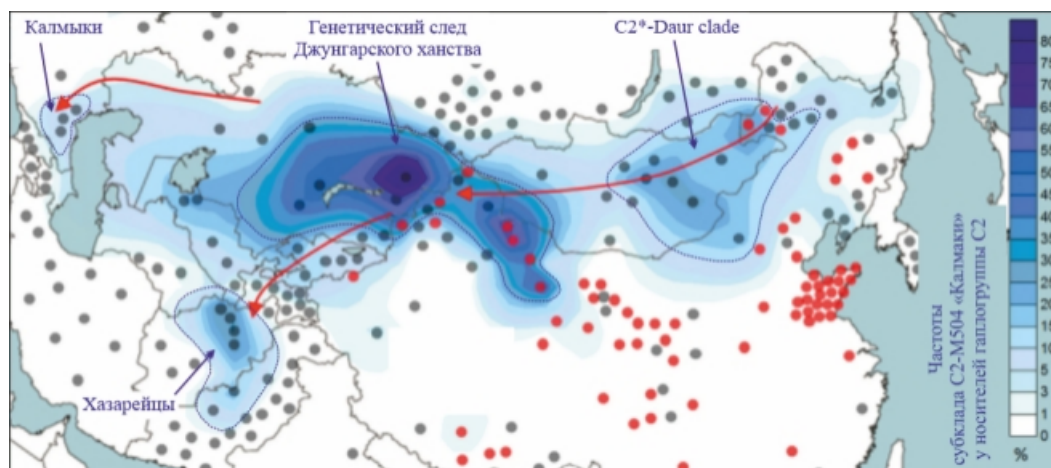


Рис. 3. Геногеография субклада C2-M504 «Калмаки»

#### *Не монгольские гаплогруппы Y-хромосомы*

Для не монгольских гаплогрупп и их ассоциаций в таблицах 3, 5, 6, 8, 10 и 11 даны приведенные частоты (за вычетом носителей монгольских гаплогрупп). В тексте и таблицах обозначаются индексом %°.

Гаплогруппа II Y-хромосомы является единственной европейской, достоверно представлена у калмыков, хазарейцев и монголов. Ее частоты минимальные 1,0...1,6 %. Высокие частоты носителей этой гаплогруппы у шведов и норвежцев (по регионам до >50 %), значимо представлены у русских. У поволжских татар (N=1970) 4,67 % ее носителей (Акчурин и др., 2021). По массиву аутомных маркеров (Di Cristofaro et al., 2013) установлено, что на популяции северной части Афганистана минимально, но заметно влияет и компонент «Скандинавия». Здесь может идти речь об эмиссии генов — гаплогруппы II и аутомных маркеров.

Переднеазиатская ассоциация гаплогрупп Y-хромосомы у калмыков представлена минимально — 3,8 %° (Табл. 3) и 6,4 %° (Табл. 5), всего 5,4 %° (Табл. 11). У бузавов 8,1 %° носителей гаплогруппы I2 (Табл. 5).

После Азовских походов Петра I (1695 и 1696 гг.) часть участвовавших в них калмыков поселили в Чугуеве с определением на казацкую службу. Прибывали туда калмыки и позднее. К 1788 г. из них было сформировано 8 сотен корпуса передовой стражи Екатеринославского пехотного полка (Гумилевский, 1857). Всего 1014 человек. Позднее калмыков перевели в донские казаки и переселили в Сальские степи. Сегодня их потомками является часть бузавов. В начале 50-х годов XVIII в. рядом с калмыками корпуса передовой стражи образована Новая Сербия (район Луганска, Славяносербска и Бахмута), где были локализованы военные переселенцы с Балкан, главным образом, сербы (у них по частотам доминирует гаплогруппа I2). В 1754 г. в ней числилось 2225 душ мужского пола (Белова, 2008). На переселенцев была

возложена охрана южной границы Российской империи, протяженностью 385 верст. Какой-то участок границы в районе Чугуева охраняли калмыки. Вполне возможно, предки бузавов получили гаплогруппы I2 от сербов. У кубанских ногайцев 9,3 % носителей гаплогруппы I2 (Схаляхо и др., 2016). Но бузавы не могли получить ее от их предков ногаев. У них не выявлены носители гаплогрупп E1 и J1 переднеазиатской ассоциации (Табл. 5).

У хазарейцев частоты ассоциации переднеазиатских гаплогрупп относительно высокие — 17,9, 21,3 и 22,6 %° (Табл. 6, 8, 10). Всего 29,5 %° (Табл. 11). У их соседей таджиков и узбеков — 8,2 и 10,0 %° (Табл. 6), 12,8 и 8,4 %° (Табл. 8). У киргизов и монголов Монголии — 1,9 и 6,3 %°. У монголов Китая они не выявлены (Табл. 10). Хазарейцы не могли получить эти гаплогруппы от отмеченных популяций. Частоты гаплогрупп этой ассоциации у хазарейцев, таджиков и узбеков соответствуют результатам обработки аутосомных маркеров по технологии ADMIXTURE (Рис. 2, компонент «Кавказ»). Ниже приведены три гипотезы, объясняющие особенность генетического портрета хазарейцев.

1. В Афганистане проживают сейиды, ведущие свою генеалогию от рода Мухаммеда. Их предки внедряли среди населения региона нормы Ислама — основы веры и правила общежития. Сейиды, проживающие среди хазарейцев, являются шиитами. Справку по хазарейцам по состоянию на 1964–1966 гг. дал Г.Ф. Дебеч: «В ответ на вопрос о кауме всегда отвечают «хазара», в том числе и сейиды, хотя последние не без колебания» (1967: 87). Каум — в первом приближении «клан, род, племя, сообщество». То есть, в отмеченный период завершался процесс вхождения сейидов в популяцию хазарейцев. Важно то, что предки сейидов-шиитов могли попасть в Афганистан только из регионов, где доминируют гаплогруппы рассматриваемой ассоциации. Ближайший — Хоросан. В публикации (Тюрин, 2025б) приведены свидетельства того, что у казахских кожа имеются и предки шииты, возможно, выходцы из Хорасана.

2. В публикациях (Шигабутдинов, 2024, 2025) рассмотрен запутанный вопрос о татарах Афганистана в контексте прошлого хазарейцев. Одна групп татар считает, что в самом начале XV в. их предки были переселены Тамерланом на территорию Афганистана из Египта и Сирии. Возможно, часть переселенцев была ассимилирована хазарейцами.

3. По результатам рассмотрения данных популяционной генетики, характеризующих караногайцев и кубанских ногайцев, сделан вывод: ногаи Большой и Малой орд изначально являлись популяциями Северного Кавказа. 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. География компонента «Кавказ» (Рис. 2) подтверждает ранее выполненные генетические реконструкции. Возможно, в родовые гены предков хазарейцев были интегрированы ногаи.

Компонент «Кавказ» сформирован, в основном, по популяциям Северного Кавказа (Рис. 2). Он значимо представлен у популяций Северного Афганистана. Скорее всего, основной вклад в него внесли узбеки. Они не отличаются от узбеков Узбекистана. «Среди них есть и потомки дешт-и-кыпчакских узбеков с племенами коунрад, кенегес и т. п.» (Дебец, 1967: 88).

В первой половине XVII в. калмыки разгромили Большую ногайскую орду. Часть ногайских родов была включена в калмыцкие улусы и в их составе в середине века перешла Волгу. В 20-х годах XVIII в. ногаи вышли из подчинения калмыкам. Ушли в Крымское ханство (в Приазовье). Позднее были переведены в северо-западное Причерноморье. За почти 100 лет плотных контактов с ногаями калмыки не получили от них заметного количества гаплогрупп переднеазиатской ассоциации.

У торгутов большое число носителей гаплогруппы J2 — 16,7 %° (Табл. 3) и 22,9 %° (Табл. 5) при минимальных частотах гаплогруппы J1 — 4,2 и 0 %°. Этот факт указывает на доминирование у ее носителей южных субкладов. У хазарейцев число носителей гаплогруппы J2 — 18,0 %°, у таджиков и узбеков по 16,8 %° (Табл. 8). В другом массиве данных ее частоты у хазарейцев резко доминируют над частотами в двух других популяциях — 41,0, 18,4 и 10,0 %° соответственно при отсутствии носителей гаплогруппы J1 (Табл. 6). В третьем массиве частота гаплогруппы у хазарейцев — 20,0 %°, у киргизов — 10,1 %°, у монголов — 15,6 и 10,1 %° (Табл. 10). Хазарейцы не могли получить гаплогруппу J2 от таджиков и узбеков, поскольку у них процент носителей указанной гаплогруппы выше, чем у этих популяций. Теоретически она могла к ним попасть от сообществ Ирана, у которых 25,8 % ее носителей (Di Cristofaro et al., 2013). Но их образцы попали в шесть разных субкладов гаплогруппы J2a-M410 и ее не типизированную часть, а у хазарейцев выявлены носители только двух. Носители этих субкладов имеются и у монголов. Остается один вариант. Калмыки и хазарейцы получили гаплогруппу J2 от популяции (популяций) в регионе проживания их предков. От нее же эту гаплогруппу получили монголы и киргизы.

У калмыков аномально высокие частоты имеет и гаплогруппа R2: дербеты — 45,5 %°, торгуты — 12,5 %° (Табл. 3), дербеты — 38,3 %°, бузавы — 27,0 %° (Табл. 5). В трех массивах данных по хазарейцам ее частоты 0, 1,6, 2,6 %° (Табл. 6, 8, 10). У таджиков в двух первых таблицах — 4,1 и 8,0 %°, у киргизов и монголов в последней — 1,3 и 0 и 1,5 %°.

Таким образом, две гаплогруппы из южной ассоциации — J2 и R2, имеют аномальные частоты у калмыков, а первая — у хазарейцев. Получить их в местах своего сегодняшнего проживания они не могли.

У уйгуров Хотана (N=478) 25,3 % носителей монгольских гаплогрупп и 15,7 % — гаплогруппы J. У уйгуров Турфана (N=143) — 30,1 % и 12,6 % (Liu Shuhu et al., 2018). Приведенные частоты гаплогруппы J — 21,0 и 18,0 %° соответственно. Ухуаньцы являются потомками древних охотников с территории Монголии. Сегодня проживают в северо-восточном Китае. У них (N=23) 34,8 % носителей гаплогруппы J. У казахов родов жалайыр (N=92) и дулат (N=92), в прошлом соседей уйгуров (насеяли и район реки Или), значимо представлен субклад J2a-M401 — 14,1 и 7,9 %° соответственно (Аширбеков и др., 2018), приведенные частоты — 27,1 и 38,3 %°.

У монголов — 0,7 %, алтайцев — 5,3 % (Дамба и др., 2018). У китайцев провинции Ганьсу (с юго-востока сопрягается с Синьцзяном) — 10,0 % (Liu Shuhu et al., 2018). Область высоких частот гаплогруппы J2 локализована в Синьцзяне. Хазарейцы ее получили в этом регионе. Скорее всего, их предки калмаки кочевали на южных склонах Тянь-Шаня. Здесь они были частично изолированы и от эмиссии гаплогрупп О и D.

В публикации (Liu Shuhu et al., 2018) приведены генетические портреты двух изолированных малочисленных популяций Синьцзяна. У кериян высокие частоты групп J2a1b1 (25,6 %), R1a1a1b2a (20,5 %), R2a (18,0 %) и R1a1a1b2a2 (15,4 %). У лопнур — J2a1 (43,75 %), J2a2 (14,06 %), R2 (9,38 %) и L1c (7,81 %). Первая по частотам гаплогрупп J2 и R2 и отсутствию других гаплогрупп, значимо представленная на Индостане, идеально решает проблемный вопрос калмыков. По справочникам сообщается, что предки кериян (Gug people) пришли в Синьцзян с Тибетского нагорья. Таким образом, ассоциация двух рассматриваемых гаплогрупп у калмыков с высокой вероятностью восходит к одной из популяций северного Тибета. Это предположение, безусловно, можно проверить обработкой имеющихся данных инструментами популяционной генетики.

Гаплогруппы южной ассоциации — R2, L1, H1 и T, хазарейцы получили от популяций Афганистана. Их суммарные частоты — 7,7...21,3 %°. У хазарейцев также выявлены носители экзотических для региона гаплогрупп M (1) и B (3). Первая распространена в Индонезии и Океании, вторая — в Центральной Африке.

Частоты гаплогруппы R1a у калмыков 10,8 и 14,4 %° (Табл. 3, 5), у хазарейцев — 10,3, 11,5 и 18,1 %° (Табл. 6, 8, 10). В прошлом их соседями были алтайцы. У них (N=76) число ее носителей — 69,7 %° (Дамба и др., 2018). Соседями предков хазарейцев были и киргизы. У них — 73,0 %°. После прихода калмаков на территорию Афганистана соседями их потомков являются таджики и узбеки — 36,7 и 30,0 %° (Табл. 6), 31,2 и 31,1 %° (Табл. 8). У монголов — 24,2 %° (Дамба и др., 2018). По этим данным можно сделать вывод об умеренной эмиссии гаплогруппы R1a в популяции ойратов.

У калмыков частота гаплогруппы R1b — 5,4 и 9,1 %° (Табл. 3, 5), у хазарейцев — 0, 18,0, 14,8 %° (Табл. 6, 8, 10), среднее значение — 12,3 %°. У других рассматриваемых популяций — 4,1...11,8 %° (Табл. 6, 8, 10). Исключение составляют узбеки — 30,0 %° (Табл. 6). У монголов — 5,3 %° (Дамба, 2018). Частоты гаплогруппы у хазарейцев в двух массивах данных несколько выше, чем у других популяций. Возможно, это связано с вкладом узбеков в их этногенез.

У хошутов высокие частоты гаплогруппы N — 91,7 %°, у дербетов и торгутов — 20,0 и 20,8 %° (Табл. 3), у зюнгар и хошутов — 40,0 и 66,7 %°, у других трех родов — 16,2...18,7 %° в среднем — 19,3 %° (Табл. 5). У хазарейцев — 0...10,3 %°, у таджиков 2,0 и 4,0 %°, узбеков — 10,0 и 4,2 %°, у киргизов — 5,0 %°, у монголов Китая — 17,6 %°, у монголов Монголии — 40,6 %° (Табл. 6, 8, 10). У всех монголов — 27,6 %°, у алтайцев — 9,5 %° (Дамба и др., 2018). У тувинцев (N=419) — 60,8 %° (Харьков и др., 2013). У хазарейцев пониженные частоты гаплогруппы, относительно других монгольских популяций. У монголов северо-западной Монголии, соседей тувинцев, резко повышенные частоты данной гаплогруппы.

На основе фактических данных в работах (Дамба и др., 2018; Тюрин, 2025в) доказано, что речь может идти не об экспансии, а об обычной эмиссии генов между соседними популяциями. От соседей в рода тувинцев внедрялись отдельные кланы калмыков, калмаков и халха. Имелась и эмиссия гаплогруппы O от казахов рода найман. Эмиссия гаплогруппы N происходила и в южном направлении к ойратам. Но хошуты, носители двух субкладов гаплогруппы N, не являются потомками тувинцев. У последних (N=187) не имеется носителей субклада N3a2-M2118 (Дамба и др., 2024), по частотам, доминирующего у хошут. Носителей у тувинцев субклада N3a2-F4205 — 11,2 %. Эти данные подтверждают заключение авторов публикации (Балинова и др., 2022): два субклада гаплогруппы N у хошут получены ими от разных популяций. Первый — от якутов или их материнской популяции, второй — от бурятов. Возможно, предками части хошут был клан из популяции, локализованной в Южной Сибири или к северу от нее.

Гаплогруппа Q считается сибирской. Ее высокие частоты у кетов и северных алтайцев. Частоты ее носителей у калмыков — 6,2 и 10,3 %° (Табл. 3, 5), у хазарейцев — 4,5, 6,6, 10,3 %° (Табл. 6, 8, 10), у монголов Монголии — 21,9 %°, Китая — 11,8 %° (Табл. 10). У всех монголов — 10,7 %° (Дамба и др., 2018). В субкладах гаплогруппы Q-M242 выделяется Q1a2-M25, доминирующий по частотам у туркмен (N=74) — 31,1 % (Di Cristofaro et al., 2013). У хазарейцев он не представлен. Их субклады попали в не типизированную часть гаплогруппы Q-M242\*. В нее же попали узбеки — 13,4 %° и часть монголов. По этим данным можно утверждать, что калмыки и хазарейцы получили эту гаплогруппу в регионе проживания их предков.

#### *Гаплогруппы мтДНК*

Калмыки Калмыкии по частотам гаплогрупп мтДНК практически не отличаются от калмыков Китая, ойратов и монголов Монголии (Balinova et al., 2024). Только у них на 10 % выше частоты западно-евразийских гаплогрупп. Это примерно то, что они получили после от кочевания их предков из западной Монголии в начале XVII в.

По женской линии хазарейцы Пакистана являются смешанной популяцией. Но эти данные не характеризуют хазарейцев Афганистана. «Брачная изоляция [афганских] хазара от соседних групп еще сохраняется» (Дебец, 1967: 88). Можно ожидать доминирование у них восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК.

#### *Аймаки и моголы*

Историки, антропологи и этнографы ошибочно считают хазарейцев потомкам монголов, пришедших на территорию Афганистана в XIII–XIV вв. Этим обусловлена «неразбериха» в версиях этногенеза их соседей — аймаков и моголов (Кисляков, 1973), проживающих в западной части Гиндукуша и на сопредельных равнинах (Рис. 1). В указанной статье по ссылке приведена их численность — около 400 и 16 тыс. все они являются суннитами. У этих популяций имеются антропологические признаки монголоидности (Дебец, 1967; Кисляков, 1973), а моголы в ранний этнографический период говорили на монгольском языке (Дебец, 1967). Представляется, что эти вопросы можно прояснить на основе нашей идентификации предков хазарейцев — калмаков, пришедших в Бадахшан в 1759 г.

В публикации (Шигабутдинов, 2025) приводится свидетельство конца XIX в.: пуштуны племени гильзай называли хазарейцев «могель». Так могли называть

выходцев из Моголистана (восточная часть улуса Чагатая). Моголы тоже выходцы из этого региона. Этноним аймаков монгольский. Он объединяет несколько народностей. Другие его формы «чараймаки» и «чахараймаки» (Кисляков, 1973). «Чар», «чахар» — в персидском языке «четыре», «аймак» в монгольском — «племя», «народ». «Четыре народа» известны и на территории Западной Монголии.

Оригинальная форма этнонима «ойрат» — «ойрад». П.С. Паллас считал, что это слово означает «объединенный или союзный». В бурятском языке «арад» — «народ». Ойраты, как монголоязычное сообщество, сложились к началу XVII в., «сами называли себя «дурбэн-ойратами» (ойрат, дөрвөн ойрад, букв. «четыре ойрата») (Санчилов, 2013: 50). По нашему мнению, «ойрад» — это одна из форм слова «орда». Последняя его часть — редуцированное «уд» означает «обособленное сообщество». Таким образом, «чараймаки» или «чахараймаки» — это калька «дөрвөн ойрад».

Можно предположить, что вместе с калмаками на территорию Афганистана пришло несколько неойратских сообществ, которые в последней четверти XVIII в. были расселены в западной части Гиндукуша. Возможно, кочевые сообщества приходили из Синьцзяна в район Гиндукуша и ранее. Разобраться в этом вопросе возможно на основе этнической идентификации хазарейцев.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

1. По гаплогруппам Y-хромосомы и их субкладам, а также их ассоциациям этнические компоненты у монголов, потомков ойратов, калмыков и хазарейцев выделяются уверенно.

1.1. Монголы северо-западной Монголии и Синьцзяна (Китай) (N=262): монгольский (61,8 %), европейский (1,0 %°), переднеазиатский (2,0 %°), южный (17,0 %°), степной (40,0 %°), сибирский (40,0 %°).

1.2. Калмыки (N=1003): монгольский (68,4 %), европейский (1,6 %°), переднеазиатский (5,4 %°), южный (35,6 %°), степной (20,5 %°), сибирский (36,9 %°).

1.3. Хазарейцы (N=458): монгольский (40,4 %), европейский (1,1 %°), переднеазиатский (20,9 %°), южный (35,9 %°), степной (30,0 %°), сибирский (12,1 %°).

2. Калмыки и хазарейцы являются ойратами. Различаются по доминирующим у них частотам субкладов гаплогруппы C2 — «Калмыки» и «Калмаки». У хазарейцев не имеется носителей субклада «Калмыки». У калмыков минимальные частоты носителей субклада «Калмаки».

3. В этногенезе калмыков, скорее всего, приняла участие одна из популяций Тибета (гаплогруппы J2 и R2). Переднеазиатский вклад в этногенез калмыков минимальный.

4. В этногенезе хазарейцев — уйгуры (гаплогруппы J2) и популяции Афганистана. Значимый вклад внесли переднеазиатские популяции.

5. Гаплогруппы мтДНК и результаты специальной обработки аутосомных маркеров подтверждают этнические элементы популяций, выделенные по гаплогруппам Y-хромосомы.

## Литература

- 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.
- 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.
- Балинова, Н.В., Джаубермезов, М.А., Хуснутдинова, Э.К. и др. (2022). Популяционное исследование ойратов и вопрос генетического родства с потомками Чингисхана. *Медицинская генетика*. 21. 6. 25–36.
- Белова, Е.В. (2008). Из прошлого Новороссии: сербы на охране российских границ (1750–1760-е гг.). *Новый исторический вестник*. 17. 39–49.
- Булуктаев, А.А., Мацакова, Д.И., Адыянова, А.Б. и др. (2024). Частоты встречаемости аллелей STR-маркеров Y-хромосомы у калмыков. *Живые и биокосные системы*. 50. 5.
- Гумилевский, Д.Г. (Филарет) (1857). *Историко-статистическое описание Харьковской епархии. Отд. IV* (Чугуевские округа военного поселения; уезды — Змиевской и Волчанский). Х.: Университетская типография. 177–268.
- 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.
- Дамба, Л.Д., Пылев, В.Ю., Пономарев, Г.Ю., Балановская, Е.В. (2024). Структура генофонда тувинской родовой группы монгуш по данным о полиморфизме Y-хромосомы *Медицинская генетика*. 23. 1. 40–51.
- Дебец, Г.Ф. (1967). Антропологические исследования в Афганистане. *Советская этнография*. 4. 75–93.
- Деренко, М.В., Малярчук, Б.А., Возняк, М. и др. (2007). Распространенность мужских линий «чингизидов» в популяциях северной Евразии. *Генетика*. 43. 3. 422–426.
- Джагрунов, С.В. (2023). Дурбан, ойрат, сог-по: о Борте-Чино, Гоа-Марал и началах ойратской исторической общности (в свете данных по субкладу Y-хромосомы R2a-M124 у калмыков). *Oriental Studies*. 16. 6. 1550–1561.
- Джагрунов, С.В., Булуктаев, А.А., Намысов, Б.С. и др. (2023). Чонос, тайджиут, хашханер: в поисках общего знаменателя (по материалам STR-гаплотипов Y-хромосомы R2a-M124 у калмыков). *Oriental Studies*. 16. 4. 826–846.
- Джагрунов, С.В., Булуктаев, А.А. (2024a). Цорос, чорос, багатуд: к вопросу о происхождении цоросов (по материалам Y-STR-гаплотипов C2-F1067 у калмыков). Часть 1: дербеты. *Oriental Studies*. 17. 4. 835–848.
- Джагрунов, С.В., Булуктаев, А.А. (2024b). Цорос, чорос, багатуд: к вопросу о происхождении цоросов (по материалам Y-STR-гаплотипов C2-F1067 у калмыков). Часть 2: торгуты, зюнгары, бузавы. *Oriental Studies*. 17. 5. 1098–1117.
- Джандосова, З.А. (1997). История покорения Хазараджата по сообщениям «Сирадж аг-таварих». *Вестник Восточного института*. 1 (5). 3. 53–73.
- Джандосова, З.А. (1999). Шах Заман — последний император Афганистана. *Страны и народы Востока*. Вып. XXX. Центральная Азия. Гиндукуш. СПб.: Петербургское востоковедение. 263–279.

- Жабагин, М.К. (2017). Анализ связи полиморфизма Y-хромосомы и родоплеменной структуры в казахской популяции. *Диссертация на соискание ученой степени кандидата биологических наук*. 148.
- Кисляков, В.Н. (1973). Хазарейцы, аймаки, моголы (к вопросу об их происхождении и расселении). *Советская этнография*. 4. 130–139.
- Окимбеков, У.В. (2019). Население Афганистана: динамика численности, состав и этнические конфликты на этнической почве. *Труды Института востоковедения РАН*. 26. 307–345.
- Очиров, У.Б. (2004). К вопросу о численности калмыцких этнических групп на Дону и Северном Кавказе в кон. XVII–нач. XX вв. *Юг России: культурно-исторический феномен*. Сборник научных статей. Элиста: АПП «Джангар». 67–70.
- Очерки истории Калмыцкой АССР. Дооктябрьский период*. (1967). Москва: «Наука».
- Санчиров, В.П. (2013). О происхождении основных ойратских этнонимов. *Полевые исследования*. 1. 45–58.
- 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.
- Та'рих-и Бадахшан (История Бадахшана)* (1997). Факсимиле рукописи. Издание текста, пер. с перс. А. Н. Болдырева при участии С. Е. Григорьева. Введ. А. Н. Болдырева и С. Е. Григорьева. Примеч. и прил. С. Е. Григорьева. М.: Вост. лит.
- Темирханов, Л. (1968). О некоторых спорных вопросах этнической истории хазарейского народа. *Советская этнография*. 1. 93–94.
- Темирханов, Л. (1979). *Хазарейцы: Очерки новой и новейшей истории*. Душанбе: ТаджГУ.
- Трепавлов, В. В. (2016). *История Ногайской Орды*. 2-е изд., испр. и доп. Казань: Издательский дом «Казанская недвижимость».
- 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 С 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 С2. *Nomadic civilization: historical research (Кочевая цивилизация: исторические исследования)*. 2. 20–39.
- Тюрин, А. М. (2025б) Этническая идентификация предков аристократических родов казахов — кожа и торе. *Nomadic civilization: historical research (Кочевая цивилизация: исторические исследования)*. 4. 49–72.
- Тюрин, А. М. (2025в) Реконструкция элементов этнического прошлого кряшен по естественнонаучным данным. *Nomadic civilization: historical research (Кочевая цивилизация: исторические исследования)*. 1. 9–32.
- Харьков, В. Н., Хамина, К. В., Медведева, О. Ф. и др. (2013). Структура генофонда тувинцев по маркерам Y-хромосомы. *Генетика*. 49. 12. 1416.
- Шантаев, Б. А. (2009). О структуре родов калмыков-зюнгаров. *Проблемы этнической истории и культуры тюрко-монгольских народов*. 1. 140–145.
- Шигабутдинов, Д. Р. (2024). Афганские татары в материалах исторического и политического справочника Афганистана Людвиг Адамека. *Эхо веков*. 3 (116). 91–102.

Шигабутдинов, Д. Р. (2025). Общность афганских татар в свете исследований, посвященных изучению хазарейцев. *Актуальные проблемы регионоведения и науковедения: Сборник материалов XIV Республиканской научно-практической конференции* (Казань, 28 марта 2025 года). Казань: Академия наук Республики Татарстан. 184–200.

Adnan, A., Rakha, A., Kasim, K., et al. (2019). Genetic characterization of Y-chromosomal STRs in Hazara ethnic group of Pakistan and confirmation of DYS448 null allele. *Int J Legal Med.* 133(3). 789–793.

Adnan, A., Rakha, A., Nazir, S., et al. (2021). Forensic features and genetic legacy of the Baloch population of Pakistan and the Hazara population across Durand line revealed by Y-chromosomal STRs. *Int J Legal Med.* 135(5). 1777–1784.

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). e0122968.

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.

Di Cristofaro, J., Pennarun, E., Mazières, S., et al. (2013). Afghan Hindu Kush: where Eurasian sub-continent gene flows converge. *PLoS One.* 8(10). e76748.

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). e34288

Hazara Y-DNA <https://genoplot.com/discussions/topic/13270/hazara-y-dna>. Дата обращения 01.02.2026 г.

He, G., Adnan, A., Rakha, A. et al. (2019). A comprehensive exploration of the genetic legacy and forensic features of Afghanistan and Pakistan Mongolian-descent Hazara. *Forensic Sci Int Genet.* 42. e1–e12.

Guo, Y., Xia, Z., Cui, W. et al. (2020). Joint Genetic Analyses of Mitochondrial and Y-Chromosome Molecular Markers for a Population from Northwest China. *Genes (Basel).* 11(5). 564.

Liu Shuhu, Nizam Yilihamu, Rabihamu 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.

Malyarchuk, B., Derenko, M., Wozniak, M., Grzybowski, T. (2012) Y-chromosome variation in Tajiks and Iranians. *Ann. Hum. Biol.* 40. 48–54.

Malyarchuk, B., Derenko, M., Denisova, G. et al. (2013). Y-chromosome diversity in the Kalmyks at the ethnical and tribal levels. *J Hum Genet.* 58(12). 804–811.

Nasidze, I., Quinque, D., Dupanloup, I. et al. (2005). Genetic evidence for the Mongolian ancestry of Kalmyks. *Am J Phys Anthropol.* 128(4). 846–854.

Rakha, A., Fatima, Peng MS, Adan, A. et al. (2017). MtDNA sequence diversity of Hazara ethnic group from Pakistan. *Forensic Sci Int Genet.* 30. e1–e5.

Quintana-Murci, L., Chaix, R., Wells, RS. et al. (2004). Where west meets east: the complex mtDNA landscape of the southwest and Central Asian corridor. *Am J Hum Genet.* 74(5). 827–845.

Ullah, I., Olofsson, J.K., Margaryan, A. et al. (2017). High Y-chromosomal differentiation among ethnic groups of Dir and Swat districts, Pakistan. *Annals of Human Genetics.* 81 (6). 234–248.

Wang, B., Liang, J., Allen, E. et al. (2023). Y chromosome evidence confirms northeast Asian origin of Xinjiang Kazakhs and genetic influence from 18th century expansion of Kerey clan. *Front. Ecol. Evol. Sec. Evolutionary and Population Genetics.* 11.

Wang, Y., Xie, L., Wang, K. et al. (2024). Genetic origins and migration patterns of Xinjiang Mongolian group revealed through Y-chromosome analysis. *Front. Ecol. Evol.* 12. 1349231.

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.

*Y-DNA Haplogroup C and its Subclades.* 2019–2020.

<https://docs.google.com/spreadsheets/d/1XTMjVnybYFfj4mL1UwzDACTy9fZoJdCbENwdfvKWETQ/edit?gid=928240711#gid=928240711>. Дата обращения 01.02.2026 г.

*YTree v11.05.00* (29 сентября 2025). <https://www.yfull.com/tree/> Дата обращения 01.02.2026 г.

Yunusbayev, B., Metspalu, M., Metspalu, E. et al. (2015). The genetic legacy of the expansion of Turkic-speaking nomads across Eurasia. *PLoS Genet.* 11(4). e1005068.

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., Sabitov, Z., Tazhigulova, I. et al. (2021). Medieval super-grandfather founder of western kazakh clans from haplogroup C2a1a2-M48. *J. Hum. Genet.* 66 (7). 707–716.

Zhabagin, M., Wei, L.-H., Sabitov, Z. et al. (2022). Ancient Components and Recent Expansion in the Eurasian Heartland: Insights into the Revised Phylogeny of Y-Chromosomes from Central Asia. *Genes.* 13. 1776.

## References

---

Adnan, A., Rakha, A., Kasim, K., et al. (2019). Genetic characterization of Y-chromosomal STRs in Hazara ethnic group of Pakistan and confirmation of DYS448 null allele. *Int J Legal Med.* 133(3). 789–793.

Adnan, A., Rakha, A., Nazir, S., et al. (2021). Forensic features and genetic legacy of the Baloch population of Pakistan and the Hazara population across Durand line revealed by Y-chromosomal STRs. *Int J Legal Med.* 135(5). 1777–1784.

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

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.V., Dzhaubermesov, M.A., Khusnutdinova, E.K., et al. (2022). A population study of the Oirats and the issue of genetic relationship with the descendants of Genghis Khan. *Medical Genetics.* 21. 6. 25–36 (in Russian).

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.

Belova, E.V. (2008). From the past of Novorossiia: Serbs guarding the Russian borders (1750–1760). *Novyi istoricheskii vestnik.* 17. 39–49 (in Russian).

Buluktayev, A.A., Matsakova, D.I., Adyanova, A.B., et al. (2024). Frequencies of alleles of Y-chromosome STR markers in Kalmyks. *Living and bio-inert systems.* 50. 5 (in Russian).

Damba, L.D., Balanovskaya, E.V., Zhabagin, M.K., et al. (2018). Assessing the Contribution of Mongol Expansion to the Tuvan Gene Pool. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 22: 5–611 (in Russian).

Damba, L.D., Pylev, V.Yu., Ponomarev, G.Yu., Balanovskaya, E.V. (2024). The Structure of the Gene Pool of the Tuvan Mongush Tribal Group Based on Y-Chromosome Polymorphism Data. *Medical Genetics*. 23: 1–40 (in Russian).

Debets, G.F. (1967). Anthropological Research in Afghanistan. *Soviet Ethnography*. 4. 75–93 (in Russian).

Derenko, M.V., Malarchuk, B.A., Voznyak, M., et al. (2007). Prevalence of “Genghisid” Male Lineages in the Populations of Northern Eurasia. *Genetics*. 43. 3. 422–426 (in Russian).

Dzhagrunov, S.V. (2023). Durban, Oirat, Sog-po: On Borte-Chino, Goa-Maral, and the Beginnings of the Oirat Historical Community (in Light of Data on the Y-Chromosome Subclade R2a-M124 in Kalmyks). *Oriental Studies*. 16. 6. 1550–1561 (in Russian).

Dzhagrunov, S.V., Buluktayev, A.A., Namysov, B.S., et al. (2023). Chonos, Taydzhiut, Khashkhaner: In Search of a Common Denominator (Based on Y-Chromosome STR Haplotypes R2a-M124 in Kalmyks). *Oriental Studies*. 16. 4. 826–846 (in Russian).

Dzhagrunov, S.V., Buluktayev, A.A. (2024a). Tsoros, Choros, Bagatud: On the Origin of the Tsoros People (Based on Y-STR Haplotypes C2-F1067 in Kalmyks). Part 1: Derbets. *Oriental Studies*. 17. 4. 835–848 (in Russian).

Dzhagrunov, S.V., Buluktayev, A.A. (2024b). Tsoros, Choros, Bagatud: On the Origin of the Tsoros People (Based on Y-STR Haplotypes C2-F1067 in Kalmyks). Part 2: Torghuts, Zungars, Buzavas. *Oriental Studies*. 17. 5. 1098–1117 (in Russian).

Di Cristofaro, J., Pennarun, E., Mazières, S., et al. (2013). Afghan Hindu Kush: where Eurasian sub-continent gene flows converge. *PLoS One*. 8(10).

*Essays on the history of the Kalmyk ASSR. Pre-October period.* (1967). Moscow: “Nauka” (in Russian).

Guo, Y., Xia, Z., Cui, W. et al. (2020). Joint Genetic Analyses of Mitochondrial and Y-Chromosome Molecular Markers for a Population from Northwest China. *Genes (Basel)*. 11(5). 564.

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). e34288

Hazara Y-DNA <https://genoplots.com/discussions/topic/13270/hazara-y-dna>. Дата обращения 01.02.2026 г.

He, G., Adnan, A., Rakha, A. et al. (2019). A comprehensive exploration of the genetic legacy and forensic features of Afghanistan and Pakistan Mongolian-descent Hazara. *Forensic Sci Int Genet*. 42. e1–e12.

Jandosova, Z.A. (1997). The History of the Conquest of Hazarajat According to the Siraj Al-Tawarikh. *Bulletin of the Oriental Institute*. 1 (5). 3. 53–73 (in Russian).

Jandosova, Z.A. (1999). Shah Zaman — the Last Emperor of Afghanistan. Countries and Peoples of the East. Issue XXX. Central Asia. Hindu Kush. St. Petersburg: Petersburg Oriental Studies. 263–279 (in Russian).

Kislyakov, V.N. (1973). Hazaras, Aimaks, and Mughals (On the Issue of Their Origin and Settlement). *Soviet Ethnography*. 4. 130–139 (in Russian).

Kharkov, V. N., Khamina, K. V., Medvedeva, O. F., et al. (2013). The Structure of the Tuvan Gene Pool Based on Y-Chromosome Markers. *Genetics*. 49. 12. 14–16 (in Russian).

Liu Shuhu, Nizam Yilihamu, Rabiya 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.

Malyarchuk, B., Derenko, M., Wozniak, M., Grzybowski, T. (2012). Y-chromosome variation in Tajiks and Iranians. *Ann. Hum. Biol.* 40. 48–54.

- Malyarchuk, B., Derenko, M., Denisova, G. et al. (2013). Y-chromosome diversity in the Kalmyks at the ethnical and tribal levels. *J Hum Genet.* 58(12). 804–811.
- Nasidze, I., Quinque, D., Dupanloup, I. et al. (2005). Genetic evidence for the Mongolian ancestry of Kalmyks. *Am J Phys Anthropol.* 128(4). 846–854.
- Ochirov, U.B. (2004). On the Issue of the Size of Kalmyk Ethnic Groups in the Don and North Caucasus in the Late 17th–early 20th centuries. South of Russia: A Cultural and Historical Phenomenon. Collection of Scientific Articles. Elista: APP “Dzhangar”. 67–70 (in Russian).
- Okimbekov, U.V. (2019). Population of Afghanistan: Population Dynamics, Composition, and Ethnic Conflicts on Ethnic Grounds. *Transactions of the Institute of Oriental Studies of the Russian Academy of Sciences.* 26. 307–345 (in Russian).
- Quintana-Murci, L., Chaix, R., Wells, R.S. et al. (2004). Where west meets east: the complex mtDNA landscape of the southwest and Central Asian corridor. *Am J Hum Genet.* 74(5). 827–845.
- Rakha, A., Fatima, Peng MS, Adan, A. et al. (2017). MtDNA sequence diversity of Hazara ethnic group from Pakistan. *Forensic Sci Int Genet.* 30. e1–e5.
- Sanchirov, V.P. (2013). On the origin of the main Oirat ethnonyms. *Field research.* 1. 45–58 (in Russian).
- Skhalyakho, R.A., Chukhryaeva, M.I., Agdzhoyan, A.T., et al. (2016). Nogai gene pools in the context of the population of the Eurasian steppe belt (based on Y-chromosome markers). *Golden Horde civilization.* 9. 326–333 (in Russian).
- Shantayev, B. A. (2009). On the Structure of the Kalmyk-Zungar Clans. *Problems of Ethnic History and Culture of the Turkic-Mongol Peoples.* 1. 140–145 (in Russian).
- Shigabutdinov, D. R. (2024). Afghan Tatars in the Materials of Ludwig Adamek’s Historical and Political Handbook of Afghanistan. *Echo of Centuries.* 3 (116). 91–102 (in Russian).
- Shigabutdinov, D. R. (2025). The Commonality of Afghan Tatars in Light of Research on the Hazaras. Actual Problems of Regional Studies and Science Studies: Collection of Materials of the XIV Republican Scientific and Practical Conference (Kazan, March 28, 2025). Kazan: Academy of Sciences of the Republic of Tatarstan. 184–200 (in Russian).
- Ta’rikh-i Badakhshan (History of Badakhshan) (1997). Facsimile of the manuscript. Edition of the text, translated from Persian. A. N. Boldyreva with the participation of S. E. Grigorieva. Introduction by A. N. Boldyreva and S. E. Grigorieva. Notes and Appendices by S. E. Grigorieva. Moscow: Vost. Lit.
- Temirkhanov, L. (1968). On Some Controversial Issues in the Ethnic History of the Hazara People. *Soviet Ethnography.* 1. 93–94 (in Russian).
- Temirkhanov, L. (1979). *The Hazaras: Essays on Modern and Contemporary History.* Dushanbe: Tajik State University (in Russian).
- Trepavlov, V. V. (2016). *History of the Nogai Horde.* 2nd ed., corrected and enlarged. Kazan: Kazan Real Estate Publishing House (in Russian).
- Tyurin, A. M. (2024a). Elements of the Ethnogenesis of the Hazaras According to Population Genetics Data. *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* (in Russian).
- Tyurin, A. M. (2025a). Ethnic identification of the Kazakhs based on subclades of Y-chromosome haplogroup C2. *Nomadic civilization: historical research.* 2. 20–39 (in Russian).
- Tyurin, A. M. (2025b). Ethnic identification of the ancestors of the Kazakh aristocratic clans — Kozha and Tore. *Nomadic civilization: historical research.* 4. 49–72 (in Russian).
- Tyurin, A. M. (2025c). Reconstruction of elements of the Kryashens’ ethnic past based on scientific data. *Nomadic civilization: historical research.* 1. 9–32 (in Russian).

Ullah, I., Olofsson, J.K., Margaryan, A. et al. (2017). High Y-chromosomal differentiation among ethnic groups of Dir and Swat districts, Pakistan. *Annals of Human Genetics*. 81 (6). 234–248.

Wang, B., Liang, J., Allen, E. et al. (2023). Y chromosome evidence confirms northeast Asian origin of Xinjiang Kazakhs and genetic influence from 18th century expansion of Kerey clan. *Front. Ecol. Evol. Sec. Evolutionary and Population Genetics*. 11.

Wang, Y., Xie, L., Wang, K. et al. (2024). Genetic origins and migration patterns of Xinjiang Mongolian group revealed through Y-chromosome analysis. *Front. Ecol. Evol.* 12. 1349231.

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.

*Y-DNA Haplogroup C and its Subclades*. 2019–2020.

<https://docs.google.com/spreadsheets/d/1XTMjVnybYFfj4mL1UwzDACTy9fZoJdCbENwdfvKWETQ/edit?gid=928240711#gid=928240711> Дата обращения 01.02.2026 г.

YTree v11.05.00 (29 сентября 2025). <https://www.yfull.com/tree/> Дата обращения 01.02.2026 г.

Yunusbayev, B., Metspalu, M., Metspalu, E. et al. (2015). The genetic legacy of the expansion of Turkic-speaking nomads across Eurasia. *PLoS Genet*. 11(4). e1005068.

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 Relationship Between Y-Chromosome Polymorphism and Tribal Structure in the Kazakh Population*. Dissertation for the Degree of Candidate of Biological Sciences (in Russian).

Zhabagin, M., Sabitov, Z., Tazhigulova, I. et al. (2021). Medieval super-grandfather founder of western kazakh clans from haplogroup C2a1a2-M48. *J. Hum. Genet*. 66 (7). 707–716.

Zhabagin, M., Wei, L.-H., Sabitov, Z. et al. (2022). Ancient Components and Recent Expansion in the Eurasian Heartland: Insights into the Revised Phylogeny of Y-Chromosomes from Central Asia. *Genes*. 13. 1776.

Приложения

Таблица 1

**Опубликованные данные популяционной генетики  
(частоты гаплогрупп Y-хромосомы), характеризующие калмыков,  
хазарейцев, монголов и другие популяции**

Популяция	Страна	Количество тестируемых	Источник информации
Калмыки	Россия	99	(Nasidze et al., 2005)
Калмыки	Россия	426	(Malyarchuk et al., 2013)
Калмыки	Россия	155	(Balinova et al., 2019)
Калмыки	Китай	12	
Калмыки	Россия	577	(Булуктаев и др., 2024)
Хазарейцы Таджики Узбеки	Афганистан	60 56 17	(Haber et al., 2012)
Хазарейцы Таджики Узбеки Монголы	Афганистан и Пакистан Афганистан Афганистан Монголия (северо-запад)	102 142 127 97	(Di Cristofaro et al., 2013)
Хазарейцы	Афганистан	258	(Adnan et al., 2021)
Хазарейцы	Афганистан	20	(Zhabagin et al., 2022)
Хазарейцы	Афганистан и Пакистан	18	(Y-DNA)
Киргизы	Китай, Синьцзян	239	(Guo et al., 2019)
Монголы	Монголия	852	(Дамба и др., 2018)
Монголы	Китай, Синьцзян	165	(Wang et al., 2024)
Монголы	Монголия (северо-запад)	105	(Balinova et al., 2019)

Примечания к таблицам 2–11. Для субкладов гаплогруппы Y-хромосомы C2 в таблицах приведены абсолютные (%) и относительные (%\*) (среди ее носителей) значения их частот. Для немонгольских гаплогрупп и их ассоциаций — приведенные частоты (%°) (за вычетом носителей монгольских гаплогрупп).

Таблица 2

**Россия, калмыки (2013 г.). Монгольские гаплогруппы Y-хромосомы  
и структура гаплогруппы C2 по родам**

Гаплогруппы и субклады	Дербеты	Торгуты	Хошуты	Всего по родам	Все калмыки*	Этническая идентификация
N=	165	150	82	397	426	
Монгольские (%)						
C2	57,6	65,3	39,0	56,7	56,1	«Монголы»
O	7,9	16,7	17,1	12,8	12,2	
D	1,2	2,0	0	1,3	1,2	
Итого:	66,7	84,0	56,1	70,8	69,5	
Структура гаплогруппы C2 по субкладам (абсолютные частоты, %)						
N=	95	98	32	225	239	
C3*-217	5,5	10,7	1,2	6,5	6,6	«Калмаки»+«Авары»?
C3c1-M77	33,3	46,0	37,8	39,0	38,7	«Калмыки»
C3d-M407	18,8	8,7	0	11,1	10,8	«Халха»

Структура гаплогруппы C2 по субкладам (относительные частоты, %*)						
C3*-217	9,5	16,3	3,1	11,6	11,7	«Калмаки»+«Авары»?
C3c1-M77	57,9	70,4	96,9	68,9	69,0	«Калмыки»
C3d-M407	32,6	13,3	0	19,6	19,2	«Халха»
Исходные данные из публикации (Malyarchuk et al., 2013).						
*Включая калмыков, не указавших свой род.						

Таблица 3

**Россия, калмыки (2013 г.).****Структура не монгольских гаплогрупп Y-хромосомы по родам**

Гаплогруппы	Дербеты	Торгуты	Хошуты	Всего по родам	Все калмыки*
N=	55	24	36	115	130
Европейские					
I1	0	0	0	0	0,8
Переднеазиатские					
E	0	4,2	0	0,9	0,8
I2	0	0	0	0	0,8
G	0	0	0	0	0,8
J1	1,8	4,2	0	1,7	1,5
Итого:	1,8	8,3	0	2,6	3,8
Южные					
J2	5,5	16,7	0	6,1	6,0
R2	45,5	12,5	2,8	25,2	25,4
Итого:	50,1	29,2	2,8	31,3	32,3
Степные					
R1a	10,9	29,2	0	11,3	10,8
R1b	5,5	8,3	2,8	4,3	5,4
Итого:	16,4	37,5	2,8	16,5	16,2
Сибирские					
N	20,0	20,8	91,7	42,6	40,8
Q	10,9	4,2	2,8	7,0	6,2
Итого:	30,9	25,0	94,4	49,6	46,9
Исходные данные из публикации (Malyarchuk et al., 2013).					
*Включая калмыков, не указавших свой род.					

Таблица 4

**Россия, калмыки (2024 г.). Монгольские гаплогруппы Y-хромосомы и структура гаплогруппы C2 по родам**

Гаплогруппы и субклады	Дербеты	Торгуты	Бузавы	Зюнгары	Хошуты	Всего	Этническая идентификация
N=	273	168	111	19	6	577	
Монгольские (%)							
C2	53,8	69,0	58,6	68,4	33,3	59,4	«Монголь»
O	6,6	8,9	8,1	5,3	16,7	7,6	
D	0,4	1,2	0	0	0	0,5	
Итого:	60,8	79,2	66,7	73,7	50,0	67,6	
Структура гаплогруппы C2 по субкладам (абсолютные частоты, %)							
N=	147	116	65	13	2	343	
C2-M48	35,5	52,4	38,7	36,8	33,3	41,1	«Калмыки»
C2-F1918	1,5	2,4	9,0	5,3	0	3,3	«Калмаки»

C2-F1067	15,0	6,5	8,1	21,1	0	11,3	«Халха»
C2-F3985	1,8	7,7	2,7	5,3	0	3,8	«Авары»
Структура гаплогруппы C2 по субкладам (относительные частоты, %*)							
C2-M48	66,0	75,9	66,2	53,8	100	69,1	«Калмыки»
C2-F1918	27,9	9,5	13,8	30,8	0	19,0	«Калмаки»
C2-F1067	2,7	3,4	15,4	7,7	0	5,5	«Халха»
C2-F3985	3,4	11,2	4,6	7,7	0	6,4	«Авары»
Ойраты:	93,9	85,4	80,0	84,6	100	88,1	
Исходные данные из публикации (Булуктаев и др., 2024).							

Таблица 5

**Россия, калмыки (2024 г.).**

**Структура немонгольских гаплогрупп Y-хромосомы по родам**

Гаплогруппы	Дербеты	Торгуты	Бузавы	Зюнгары	Хошуты	Всего
N=	107	35	37	5	3	187
Европейские						
I1	2,8	0	2,7	0	0	2,1
Переднеазиатские						
E	0,9	0	0	20,0	0	1,1
I2	1,8	2,9	8,1	0	0	3,2
G2	0,9	2,9	2,7	0	0	1,6
J1	0,9	0	0	0	0	0,5
Итого:	4,7	5,7	10,8	20,0	0	6,4
Южные						
J2	2,8	22,9	5,4	0	0	7,0
R2	38,3	14,3	27,0	20,0	33,3	31,0
Итого:	41,1	37,1	32,4	20,0	33,3	38,0
Степные						
R1a	12,1	20,0	18,9	0	0	14,4
R1b	6,5	14,3	10,8	20,0	0	9,1
Итого:	18,7	34,3	29,7	20,0	0	23,5
Сибирские						
N	18,7	17,1	16,2	40,0	66,7	19,3
Q	14,0	5,7	8,1	0	0	10,7
Итого:	32,7	22,9	24,3	40,0	66,7	29,9
Исходные данные из публикации (Булуктаев и др., 2024).						

Таблица 6

**Афганистан (2012 г.). Структура гаплогрупп Y-хромосомы по популяциям**

Гаплогруппы	Хазарейцы	Таджики	Узбеки	Пуштуны	Белуджи	Всего*
N=	60	56	17	49	13	204
Монгольские (%)						
C3	33,3	3,6	41,2	2,0	0	14,7
O	1,7	8,9	0	0	7,7	3,4
D	0	0	0	0	0	0
Итого:	40,0	12,5	41,2	2,0	7,7	18,1
Не монгольские гаплогруппы (%°)						
N=	39	49	10	48	12	167
Переднеазиатские						
E	7,7	0	10,0	0	8,3	3,0
G2	5,1	4,1	0	6,3	0	4,2
J1	0	2,0	0	0	0	0,6

I2	5,1	2,0	0	0	0	1,8
Итого:	17,9	8,2	10,0	6,3	8,3	9,6
<b>Южные</b>						
J2	41,0	18,4	10,0	2,1	0	16,8
G1	0	2,0	0	0	0	0,6
R2	0	4,1	0	2,1	16,7	4,2
L1	2,6	10,2	10,0	12,5	75,0	14,4
H1	5,1	8,2	0	6,3	0	5,4
T	0	4,1	0	0	0	1,2
M	2,6	0	0	0	0	0,6
B	7,7	0	0	0	0	1,8
Итого:	59,0	46,9	20,0	22,9	91,7	44,9
<b>Степные</b>						
R1a	10,3	36,7	30,0	52,1	0	32,3
R1b	0	4,1	30,0	0	0	3,0
Итого:	10,3	40,8	60,0	52,1	0	35,3
<b>Сибирские</b>						
N	2,6	2,0	10,0	0	0	1,8
Q	10,3	2,0	0	18,8	0	8,4
Итого:	12,8	4,1	10,0	18,8	0	10,2
Исходные данные из публикации (Haber et al., 2012).						
*Включает нуристанцев: J2(1), R1a(3), R2(1); арабов: L1(2), R2(1); туркмен: R1a(1).						

Таблица 7

**Афганистан (2013 г.).****Структура монгольских гаплогрупп Y-хромосомы по популяциям**

Гаплогруппы и субклады	Хазарейцы	Таджики	Узбеки	Этническая идентификация
N=	102	142	127	
<b>Монгольские (%)</b>				
C2	37,3	9,2	3,9	«Монголы»
O	2,9	2,8	2,4	
D	0	0	0	
Всего:	40,2	12,0	6,3	
<b>Структура гаплогруппы C2 по субкладам (абсолютные частоты, %)</b>				
N=	37	13	5	
C2-M86	0	0	0	«Калмыки»
C2-M401	29,4	2,1	3,1	«Калмаки»
C2-M532	2,0	2,1	0,8	«Калмаки»?
C2-M407	0	0	0	«Халха»
C2-M386	4,9	4,9	0	«Авары»?
<b>Структура гаплогруппы C2 по субкладам (относительные частоты, %*)</b>				
C2-M86	0	0	0	«Калмыки»
C2-M401	81,1	23,1	80,0	«Калмаки»
C2-M532	5,4	23,1	20,0	«Калмаки»?
C2-M407	0	0	0	«Халха»
C2-M386	13,5	53,8	0	«Авары»?
Ойрагы:	86,5	46,2	100	
Исходные данные из публикации (Di Cristofaro et al., 2013).				

Таблица 8

*Афганистан (2013 г.).*

**Структура не монгольских гаплогрупп Y-хромосомы по популяциям**

Гаплогруппы	Хазарейцы	Таджики	Узбеки
N=	61	125	119
Европейские			
I-M258	1,6	0	0
Переднеазиатские			
E	11,5	1,6	1,7
I2	3,3	2,4	0
G2	6,6	5,6	4,2
J1	0	3,2	2,5
Итого:	21,3	12,8	8,4
Южные			
J2	18,0	16,8	16,8
G1	1,6	1,6	0
R2	1,6	8,0	3,4
H1	14,8	6,4	3,4
T	0	1,6	1,7
L	4,9	7,2	10,1
Итого:	41,0	41,6	35,3
Степные			
R1a	11,5	31,2	31,1
R1b	18,0	6,4	11,8
Итого:	29,5	37,6	42,9
Сибирские			
N	0	4,0	4,2
Q	6,6	4,0	9,2
Итого:	6,6	8,0	13,4

Исходные данные из публикации (Di Cristofaro et al., 2013).

Таблица 9

*Афганистан, Монголия и Китай (2013–2024 гг.).*

**Структура монгольских гаплогрупп Y-хромосомы по популяциям**

Гаплогруппы и субклады	Афганистан			Монголы <sup>4</sup> , Монголия*	Китай**		Этническая идентификация
	Хазарейцы <sup>1</sup>	Хазарейцы <sup>2</sup>	Хазарейцы <sup>3</sup>		Монголы <sup>5</sup>	Киргизы <sup>6</sup>	
N=	258	20	18	97	165	239	
Монгольские (%)							
C2	34,5	52,6	44,4	52,6	29,1	26,8	«Монголы»
O	5,4	0	11,1	13,4	23,6	3,3	
D	0	0	0	1,0	6,1	3,3	
Итого:	39,9	52,6	55,6	67,0	58,8	33,5	
Структура гаплогруппы C2 по субкладам (абсолютные частоты, %)							
N=	89	10	8	51	48	64	
C2-M217	0	0	0	0	1,8	0,8	?
C2-M48	0	0	0	30,9	7,9	0	«Калмыки»
C2-F1918	22,1	15,8	38,9	12,4	9,7	24,3	«Калмаки»
C2-F1067	0,8	5,3	5,6	6,2	8,5	0,8	«Халха»
C2-F3985	11,6	31,6	0	3,1	1,2	0,8	«Авары»?»

Структура гаплогруппы C2 по субкладам (относительные частоты, %*)							
C2-M217	0	0	0	0	6,3	3,1	?
C2-M48	0	0	0	58,8	28,9	0	«Калмыки»
C2-F1918	64,0	30,0	87,5	23,5	35,6	93,5	«Калмаки»
C2-F1067	2,2	10,0	12,5	11,8	31,1	3,2	«Халха»
C2-F3985	33,7	60,0	0	5,9	4,4	3,2	«Авары»?
Ойраты:	64,0	30,0	87,5	82,3	64,5	93,5	
Исходные данные из публикаций: <sup>1</sup> (Adnan et al., 2021), <sup>2</sup> (Zhabagin et al., 2022), <sup>3</sup> (Y-DNA), <sup>4</sup> (Di Cristofaro et al., 2013), <sup>5</sup> (Wang et al., 2024), <sup>6</sup> (Guo et al., 2019). *Северо-западная Монголия. **Синьцзян.							

Таблица 10

**Афганистан, Монголия и Китай (2013–2024 гг.).****Структура не монгольских гаплогрупп Y-хромосомы по популяциям**

Гаплогруппы и субклады	Афганистан			Монголы <sup>4</sup> , Монголия**	Китай	
	Хазарейц <sup>1</sup>	Хазарейцы <sup>2</sup>	Хазарейцы <sup>3</sup>		Монголы <sup>5</sup>	Киргизы <sup>6</sup>
N=	155	10	8	32	68	159
Европейские						
I1	1,3	0	0	0	1,5	0,6
Переднеазиатские						
E	2,6	0	0	0	0	0
I2	11,6	10,0	12,5	3,1	0	0
G2	7,7	0	0	0	0	0,6
J1	0,6	0	0	3,2	0	1,3
Итого:	22,6	10,0	12,5	6,3	0	1,9
Южные						
J2	20,0	40,0	12,5	15,6	5,9	10,1
G1	0	0	0	0	0	0
R2	2,6	0	0	0	1,5	1,3
L	2,6	10,0	0	0	0	1,9
T1a	0	0	0	0	0	0
H1	3,3	0	0	0	10,3	0
Итого:	28,4	50,0	12,5	15,6	17,6	13,2
Степные						
R1a	18,1	30,0	62,5	6,3	35,3	73,0
R1b	14,8	10,0	0	9,4	16,2	6,3
Итого:	32,9	40,0	62,5	15,6	51,5	79,2
Сибирские						
N	10,3	0	0	40,6	17,6	5,0
Q	4,5	0	12,5	21,9	11,8	0
Итого:	14,8	0	12,5	62,5	29,4	5,0
Исходные данные из публикаций: <sup>1</sup> (Adnan et al., 2021), <sup>2</sup> (Zhabagin et al., 2022), <sup>3</sup> (Y-DNA), <sup>4</sup> (Di Cristofaro et al., 2013), <sup>5</sup> (Wang et al., 2024), <sup>6</sup> (Guo et al., 2019). *Северо-западная Монголия. **Синьцзян.						

Таблица 11

**Калмыки, хазарейцы и монголы.  
Структура гаплогрупп Y-хромосомы (сводные данные)**

Гаплогруппы и субклады	Калмыки <sup>1</sup>	Хазарейцы <sup>2</sup>	Монголы <sup>3</sup>
N=	1003	458	262
Монгольские (%)			
C2	58,0	36,0	37,8
O	9,6	4,4	19,8
D	0,8	0	4,2
Итого:	68,4	40,4	61,8
Структура гаплогруппы C2 по субкладам (относительные частоты, %*)			
N=	583	144	96 <sup>x</sup>
«Калмыки»	69,0	0	44,8
«Калмаки»	6,9	68,8	29,2
«Халха»	19,0	2,8	20,8
«Авары»	5,0	28,5	5,2
Структура не монгольских гаплогрупп (приведенные частоты, %°)			
N=	317	273	100
Европейский	1,6	1,1	1,0
Переднеазиатские	5,4	20,9	2,0
Южные	35,6	35,9	17,0
Степные	20,5	30,0	40,0
Сибирские	36,9	12,1	40,0
<sup>1</sup> Таблицы 2, 3, 4, 5; <sup>2</sup> таблицы 6, 7, 8, 9, 10; <sup>3</sup> таблицы 9, 10. <sup>x</sup> без учета недотипизированной части гаплогруппы C2.			