

УДК 39+575.1

ЭТНИЧЕСКИЕ КОМПОНЕНТЫ КИРГИЗОВ ПО ДАННЫМ ПОПУЛЯЦИОННОЙ ГЕНЕТИКИ

Тюрин Анатолий Матвеевич

кандидат геолого-минералогических наук

Оренбургский государственный университет, Оренбург, Россия

E-mail: amturin1952@bk.ru

А н н о т а ц и я

Рассмотрены данные популяционной генетики, характеризующие киргизов Кыргызстана, Таджикистана (Памир) и Китая (Синьцзян). Они включают частоты гаплогрупп Y-хромосомы и мтДНК, а также аутосомные маркеры. По аутосомным маркерам киргизы находятся на периферии влияния компонент «Северо-Западная Европа», «Кавказ» и «Индостан», в области значимого влияния компонента «Сибирь», умеренного — «Южный Китай». Выделены ассоциации гаплогрупп Y-хромосомы и их субкладов: монгольская (C2, O и D), европейская (I1), переднеазиатская (E1, I2, G2, J1), южная (J2, G1, R2, L, T1a, H1), степная (субклад R1a-Z93, субклады R1b) и сибирская (Q, субклады N). По гаплогруппам Y-хромосомы у киргизов резко доминируют два этнических компонента — субклад R1a-Z93 и монгольская ассоциация гаплогрупп. У киргизов Кыргызстана 53,9 и 23,7% их носителей. Первый компонент древний, на территории Кыргызстана как минимум с бронзового века (определено по палеоДНК). По субкладам гаплогруппы C2 установлено, что второй компонент получен от калмаков (зюнгаров) в XVII–XVIII вв. От них же часть сибирского компонента — 7,8%. Гаплогруппа J2 — 3,3% у киргизов характеризует их контакты с уйгурами. Остальные гаплогруппы южной ассоциации (кроме G1) — следствие эмиссии генов с Индостана и Тибета. Подавляющее число носителей второй составляющей степной ассоциации — субкладов гаплогруппы R1b — выявлено у киргизов юга Кыргызстана — 12,7%. У киргизов Таджикистана высокие частоты субкладов гаплогруппы N — около 25,0%. По структуре восточно-евразийской ассоциации гаплогрупп мтДНК (A, B, C, D, E, F, G, Y, Z) киргизы Кыргызстана и Китая не отличаются от монголов и казахов. У киргизов и казахов близки и их суммарные частоты — 55,0...58,7%. У монголов — 70,9...74,6 %. Предки киргизов и южных алтайцев в прошлом входили в популяцию, у которой по частотам резко доминировал субклад R1a-Z93 (R1a-Z2124). Первичное формирование субклада произошло в бронзовом веке, предположительно в Тяньшань-Саянской зоне (авторская гипотеза). Позднее носители субклада мигрировали в Восточную Европу и Северный Индостан.

Ключевые слова

Киргизы, популяционная генетика, гаплогруппы Y-хромосомы, субклады, этногенез.



UDC 39+575.1

ETHNIC COMPONENTS OF THE KYRGYZ ACCORDING TO POPULATION GENETICS DATA

Anatoliy M. Tyurin

Candidate of Geological and Mineralogical Sciences

Orenburg State University, Russia

E-mail: amturin1952@bk.ru

Annotation

The article presents the review of population genetics data on the Kyrgyz of Kyrgyzstan, Tajikistan (Pamir), and China (Xinjiang). These data include frequencies of Y-chromosome and mtDNA haplogroups, as well as autosomal markers. According to autosomal markers, the Kyrgyz are on the periphery of the influence of the «Northwestern Europe», «Caucasus» and «Hindustan» components, in the area of significant influence of «Siberia» component, and moderate influence of the «Southern China» component. The following associations of Y-chromosome haplogroups and their subclades are identified: Mongolian (C2, O, and D), European (I1), West Asian (E1, I2, G2, J1), Southern (J2, G1, R2, L, T1a, H1), Steppe (subclad R1a-Z93, subclades R1b), and Siberian (Q, subclades N). Among the Kyrgyz, two ethnic components clearly predominate among Y-chromosome haplogroups: the R1a-Z93 subclade and the Mongolian haplogroup association. These components account for 53.9% and 23.7% of carriers among the Kyrgyz of Kyrgyzstan. The first component is ancient, having been present in Kyrgyzstan since at least the Bronze Age (determined by paleoDNA). Based on the subclades of haplogroup C2, it has been established that the second component was derived from the Kalmaks (Zungars) in the 17th–18th centuries. They also contributed 7.8% of the Siberian component. Haplogroup J2, which accounts for 3.3% of the Kyrgyz, reflects their contact with the Uyghurs. The remaining haplogroups of the Southern Association (except G1) are the result of gene emission from Hindustan and Tibet. The overwhelming majority of carriers of the second component of the steppe association — subclades of haplogroup R1b, were found among the Kyrgyz of southern Kyrgyzstan — 12.7%. The Kyrgyz of Tajikistan have high frequencies of subclades of haplogroup N — about 25.0%. According to the structure of the East Eurasian association of mtDNA haplogroups (A, B, C, D, E, F, G, Y, Z), the Kyrgyz of Kyrgyzstan and China do not differ from the Mongols and Kazakhs. The Kyrgyz and Kazakhs have similar total frequencies — 55.0 ... 58.7%. Among the Mongols — 70.9 ... 74.6%. The ancestors of the Kyrgyz and southern Altaians in the past were part of a population in which the subclade R1a-Z93 (R1a-Z2124) was sharply dominant in frequencies. Its initial formation during the Bronze Age occurred in the Tien Shan-Sayan zone (the author's hypothesis). Later, carriers of the subclade migrated to Eastern Europe and Northern Hindustan.

Key words

Kyrgyz, population genetics, Y-chromosome haplogroups, subclades, ethnogenesis.

ВВЕДЕНИЕ

Киргизы относятся к смешанным популяциям, обладающим европеоидно-монголоидными морфологическими особенностями (Ходжайов, 2015). Они близки к казахам, а также узбекам из Ферганской и Бухарской областей. Имеют значительное сходство с популяциями центрально-азиатской расы (тувинцы, калмыки и монголы). Киргизский и алтайский языки формируют киргизо-кипчакскую группу тюркских языков. По вероисповеданию киргизы — мусульмане-сунниты. Их численность — 6,5 млн. человек. Проживают в основном в Кыргызстане (5,5 млн), а также в Узбекистане (293 тыс.), Китае (232 тыс.) и других странах. Предки киргизов были кочевниками. В хозяйственном отношении у них преобладало скотоводство альпийского типа (вертикальные перекочёвки).

В 2024 и 2025 гг. опубликовано три массива данных популяционной генетики, характеризующих киргизов (Chen, 2025; Isakova, 2025; Wang, 2024). Выделение по ним этнических компонентов популяции представляет научный и методический интерес.

МАТЕРИАЛЫ

Рассмотрены данные популяционной генетики, характеризующие киргизов и другие популяции. Они включают частоты гаплогрупп Y-хромосомы (передаются по мужской линии), мтДНК (по женской линии) и аутосомные маркеры (по обоим линиям).

Первую попытку реконструкции элементов этногенеза киргизов по данным популяционной генетики осуществила О.А. Балаганская (2011). В автореферате диссертации привела данные по частотам гаплогрупп Y-хромосомы популяций Алтая, Саян, Тянь-Шаня и Памира. Они включают киргизов Нарынской и Таласской областей Кыргызстана (N=140) и Мургабского района Горно-Бадахшанской области Таджикистана (N=106). Частоты гаплогрупп для двух популяций киргизов приведены суммарно: R1a1a-M198 — 42,1, C-M130 — 33,1, N1b-P43 — 12,1%. Частоты остальных гаплогрупп меньше 5,0%. Частота гаплогруппы O — 3,7%. Носители гаплогруппы D не выявлены. У киргизов Кыргызстана частоты гаплогруппы C2 составляют более трети генофонда, Таджикистана — его пятую часть (Балаганская, 2016).

Высокие частоты гаплогруппы R1a1a-M198 у северных (N=202) и южных (N=207) алтайцев — 29,8 и 51,1% (у алтай-кижи — 57,9%, теленгитов — 44,3%) соответственно, шорцев (N=139) — 56,9% (у горных — 60,7%), хакасов (N=185) — 25,9%, популяций Южной Сибири (N=1643) — 39,0% (Балаганская, 2011). Филогенетическая сеть гаплотипов гаплогруппы имеет сложное строение. Северные и южные алтайцы формируют обособленные кластеры. Обособленный кластер сформирован частью гаплотипов киргизов и южных алтайцев. Относительно выраженное ядро имеется только в кластере южных алтайцев. По нашему мнению, можно выделить ещё два кластера, первый включает гаплотипы киргизов, южных алтайцев и шорцев. Другие гаплотипы шорцев и гаплотипы хакасов формируют второй кластер. Гаплотипы индийцев «рассыпаны» по всей филогенетической сети.

Местами в их ветви вкраплены гаплотипы монголов. Имеются короткие ветви, отходящие от ядра, сформированного в основном гаплотипами шорцев. Одна короткая ветвь — от гаплотипов киргизов.

Частота гаплогруппы N1b-P43 у киргизов Кыргызстана минимальная, а у киргизов Памира — около 25,0%. Гаплотипы киргизов и южных алтайцев в филогенетической сети попали в одно поле, ядро которого формируют в основном гаплотипы хакасов. В поле четыре ветви. Три образованы гаплотипами киргизов, одна — южных алтайцев. Наш вывод сделан на основе этих данных: киргизы, а также популяции Алтая и Саян получили субклад N1b-P43 от одной и той же популяции Сибири.

По гетерогенности (частоты гаплогрупп Y-хромосомы) популяции разделились на две группы. Наименьшие её значения у киргизов, южных алтайцев и шорцев, наибольшие — у казахов, северных алтайцев и хакасов. На дендрограмме генетических взаимоотношений киргизы и южные алтайцы формируют обособленный кластер. Киргизы Таджикистана ближе к алтайцам, чем киргизы Кыргызстана.

Общий вывод: в генофонде тюркоязычных популяций Алтая, Саян, Тянь-Шаня и Памира выявлены три главных направления потока генов: западно-евразийское (маркируемое гаплогруппой R1a1a), восточно-евразийское (гаплогруппы C, D, O) и северо-евразийское (N1b, N1c1 и Q) (Балаганская, 2011). Этот же вывод продублировали авторы публикации (Балановская, 2014). В части гаплогруппы R1a1a он некорректный. В регионе она представлена субкладом R1a-Z93 (обоснование дано ниже). Предполагается, что популяция, в которой он резко доминировал по частотам, сформировалась в азиатской части Великой степи. Отсюда произошло её распространение на запад до Северного Кавказа и Волго-Уральского региона, а также на юг — до Индостана. По структуре филогенетической сети гаплотипов сделан вывод: «территория Алтая была не центром происхождения этой гаплогруппы, а зоной вторичного заселения» (Балаганская, 2011, с. 23). Данный вывод следует из ошибочной идентификации гаплогруппы R1a1a как западно-евразийской.

Автор публикации (Сабитов, 2013) рассмотрел фактические данные популяционной генетики (частоты гаплогруппы Y-хромосомы) по киргизам по состоянию на 2013 г. Учитывались племенная идентификация тестируемых, исторические свидетельства и санжира (устные генеалогии). Частоты гаплогрупп: R1a — 52,1, C2 — 27,1, O — 6,3%. Однако небольшой массив фактических данных (N=48) не позволил получить внятные результаты.

В 2013 г. опубликованы результаты тестирования на гаплогруппы Y-хромосомы и мтДНК, а также на аутомомные маркеры популяций Афганистана: хазарейцев (N=77, на мтДНК не тестированы), пуштунов (N=87), таджиков (N=142), туркмен (N=74), узбеков (N=127) (Di Cristofaro, 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), в том числе киргизов (N=132). Киргизы территориально районированы: юго-запад, северо-запад, восток и центральная часть Кыргызстана. Данные по монголам Монголии (N=160) тоже районированы. В Афганистане протестированы хазарейцы провинций Бамиан (N=69) и Балх (N=8). Часть гаплогрупп типизирована на относительно большое число субкладов. Частоты гаплогрупп у киргизов: R1a — 55,3, C2 — 19,7, O — 6,1, J — 3,8%. Носители гаплогруппы D не выявлены.

Массив аутосомных маркеров (Di Cristofaro, 2013), характеризующих популяции Евразии, обработан по технологии ADMIXTURE. Выявлено девять компонентов. Аутосомные маркеры популяций Центральной Азии «свой» компонент не формируют. Точка, характеризующая киргизов, находится на периферии влияния компонент: «Северо-Западная Европа», «Кавказ» и «Индостан», в области значимого влияния компонента «Сибирь», умеренного — «Южный Китай». Условные названия компонент нами даны по регионам локализации их максимальных значений.

По технологии ADMIXTURE обработаны аутосомные маркеры по 93 популяциям Евразии (Yunusbayev, 2015). Обособилось восемь кластеров. Из-за небольшого числа образцов монголов соответствующий им кластер не сформировался. Структура кластеров у киргизов и казахов одинаковая. К ним близка структура шорцев, хакасов, алтайцев и тувинцев. Но у них практически не представлен кластер «Кавказ», а у киргизов и казахов его доля составляет порядка 10%.

В публикации (Guo, 2020) приведены частоты гаплогрупп Y-хромосомы (N=239) и мтДНК (N=138) киргизов Китая (Синьцзян). Ещё один массив частот гаплогрупп Y-хромосомы у киргизов Синьцзяна (N=314) представлен в публикации (Song, 2021). В ней дана детальная филогения гаплогрупп Y-хромосомы. Все носители гаплогруппы R1a — 44,4% относятся к субкладу R1a1a1b2-Z93, часто называемому «степным» или «азиатским» (Дамба, 2018). Наиболее высокие частоты у его дочернего субклада R1a1a1b2a2-Z2124 — 34,7%. Гаплогруппа O (частота 3,5%) детально расчленена на субклады и линии. Образцы киргизов попали в три разных субклада. По частотам субклады этой гаплогруппы резко доминируют у китайцев.

По образцам из публикации (Balinova, 2019) определены полногеномные аутосомные маркеры (Balinova, 2024). В пространстве главных компонент (principal component) индивидуальных аутосомных геномов евразийских популяций точки родов калмыков и монголов-ойратов сформировали локальный кластер «Ойраты» в правой нижней части диаграммы. В её 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 внесён ойратами и популяциями Северного Кавказа. Последний компонент у киргизов минимальный. Главный компонент этнически идентифицируется однозначно. Возрастание его значений соответствует возрастанию у популяций монголоидности.

В статье (Chen, 2025) опубликованы результаты первого полногеномного (аутосомные маркеры) изучения популяции киргизов Синьцзяна (N=36). У них выделено четыре основных генетических компонента: восточноазиатский (41,7%), сибирский (25,6%), западно-евразийский (25,2%) и южноазиатский (7,6%). Обособление киргизов Синьцзяна от киргизов Кыргызстана (имелся только ограниченный поток генов между ними) произошло 447 лет назад. Первое смешение восточно- и западно-евразийских генов (технология ADMIXTURE) произошло 2225 лет назад, вторичное — примерно от 875 до 425 лет назад. На секторной диаграмме ADMIXTURE киргизы Синьцзяна по генетическим компонентам близки к киргизам Кыргызстана, уйгурам, узбекам, хазарейцам, казахам (Казахстан и Синьцзян), калмыкам и алтайцам.

Гаплогруппы Y-хромосомы киргизов Кыргызстана (N=514) сгруппированы по трём регионам их проживания: северо-восточный (N=134), северо-западный (N=183) и южный (N=197) (Isakova, 2025). По результатам анализа гаплотипов сделан вывод о слабой генетической дифференциации между региональными субпопуляциями. В поле их многомерного шкалирования точка «киргизы Южного Кыргызстана» попала в поле точек популяций Центральной Азии. Точки двух других субпопуляций находятся от него далеко. Частота гаплогруппы R1a для всех киргизов — 53,9%. В филогенетической сети её гаплотипов сформирован чётко структурированный кластер. В его ядро входят гаплотипы трёх субпопуляций примерно в равном количестве.

По публикациям (Bermisheva, 2004; Derbeneva, 2002; Guo, 2020; Kolman, 1996; Naumova, 2009; Shan, 2014) сформирован массив гаплогрупп мтДНК, характеризующий киргизов (Кыргызстана и Китая), монголов, казахов, уйгуров и узбеков.

Во внимание также приняты фактические данные и результаты их интерпретации из публикаций (Тюрин, 2025а; 2026). В них приведены данные по хазарейцам Афганистана и Пакистана (Haber, 2012), (N=60), в гаплогруппе C2 субклады не выделены (Di Cristofaro, 2013), (N=102) и (Adnan, 2021), (N=258).

МЕТОДЫ И РЕЗУЛЬТАТЫ

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

Анализ гаплогрупп Y-хромосомы и их субкладов, характеризующих киргизов и другие популяции, выполнен в три этапа. На первом выделены ассоциации гаплогрупп Y-хромосомы и их субкладов: монгольская (C2, O и D), европейская (I1), переднеазиатская (E1, I2, G2, J1), южная (J2, G1, R2, L, T1a, H1), степная (субклад R1a-Z93, субклады R1b) и сибирская (Q, субклады N). На втором рассмотрены частоты в популяциях гаплогрупп монгольской ассоциации и субкладов гаплогруппы C2. На третьем — приведённые частоты гаплогрупп и их субкладов (частоты за вычетом носителей ассоциации монгольских гаплогрупп) других ассоциаций.

У монголов две субпопуляции — халха и ойраты (восточные и западные). Известны две крупные миграции монголов на запад за пределы территории их проживания в Центральной Азии. Первая — в процессе монгольских завоеваний в первой половине XIII в. В ней приняли участие халха и ойраты. Вторая волна миграции — переход ойратов в Синьцзян, Семиречье и Северный Прикаспий в первой половине XVII в. В результате первой миграции были сформированы улусы Джучи и Чигатай, включавшие в себя и территорию проживания предков киргизов, 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. — 1758 г.), — калмаки. Калмаков в русских письменных свидетельствах называют зюнгарами, в специальной литературе — джунгарами. Была и миграция калмаков с территории Джунгарского ханства в другие регионы после его разгрома войсками империи Цин в 1755–1758 гг.

Одна их группа численностью 9 тыс. кибиток ушла в 1759 г. в Ферганскую долину, другая — 3 тыс. кибиток — через Памир в Бадахшан (Афганистан). Ещё одна группа — 2,5 тыс. кибиток — мигрировала в пределы Калмыцкого ханства (Тюрин, 2024а). Потомками калмаков, ушедших в Афганистан, являются хазарейцы (Тюрин, 2024а, 2026).

По YTree гаплогрупп Y-хромосомы 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 (Тюрин, 2025а; 2025б; 2025в и др.). Обоснования гаплогрупп и их субкладов других ассоциаций приведены в публикациях (Тюрин, 2024б; 2025а; 2026). Результаты этнической идентификации гаплогрупп и субкладов киргизов и монголов даны в таблицах 1 и 2. Для субкладов гаплогруппы C2 рассматриваются абсолютные и относительные (среди её носителей) значения их частот. Последние обозначены индексом %*. Для не монгольских гаплогрупп и их ассоциаций даны приведённые частоты (за вычетом носителей монгольских гаплогрупп). Обозначаются индексом %°.

Таблица 1

**Киргизы и монголы. Монгольские гаплогруппы Y-хромосомы
и структура гаплогруппы C2**

Гаплогруппы и субклады	Кыргызстан, киргизы ¹				*Китай			**Монголия, монголы ⁵	Этническая идентификация
	Северо-восток	Северо-запад	Юг	Все	Киргизы ²	Киргизы ³	Монголы ⁴		
N=	134	183	197	514	314	239	165	97	
Структура монгольских гаплогрупп (абсолютные частоты, %)									
C2	14,2	16,9	31,5	22,0	34,7	26,8	29,1	52,6	«Монголы»
O	3,0	1,1	1,5	1,8	3,2	3,3	23,6	13,4	
D	0	0	0	0	4,8	3,3	6,1	1,0	
Итого:	17,2	18,0	33,0	23,7	42,7	33,5	58,8	67,0	
Структура гаплогруппы C2 по субкладам (абсолютные частоты, %)									
C2-M217	3,7	1,6	4,1	3,1	0	0,8	1,8	0	Misc
C2-M48	0	0	0	0	1,0	0	7,9	30,9	«Калмыки»
C2-F1918	9,0	1,1	13,7	8,2	29,0	24,3	9,7	12,4	«Калмаки»
C2-F1067	0	0	0,5	0,2	0,6	0,8	8,5	6,2	«Халха»
C2-F3985	1,5	14,2	13,2	10,5	4,1	0,8	1,2	3,1	«Авары»
Структура гаплогруппы C2 по субкладам (относительные частоты, %*)									
N=	19	31	62	113	109	64	48	51	
C2-M217	26,3	9,7	12,9	14,2	0	3,1	6,3	0	Misc
C2-M48	0	0	0	0	2,8	0	28,9	58,8	«Калмыки»

C2-F1918	63,2	6,5	43,5	37,2	83,5	93,5	35,6	23,5	«Калмаки»
C2-F1067	0	0	1,6	0,9	1,8	3,2	31,1	11,8	«Халха»
C2-F3985	10,5	83,9	41,9	47,8	11,9	3,2	4,4	5,9	«Авары»
Ойраты:	63,2	6,5	43,5	37,2	86,3	93,5	64,5	82,3	
Исходные данные из публикаций: ¹ (Isakova, 2025), ² (Song, 2021), ³ (Guo, 2020), ⁴ (Wang, 2024), ⁵ (Di Cristofaro, 2013).									
Misc — гаплогруппа на субклады не типизирована.									
*Синьцзян.									
**Северо-Западная Монголия.									

Таблица 2

**Киргизы и монголы. Структура не монгольских гаплогрупп
Y-хромосомы по популяциям (относительные частоты, %)**

Гаплогруппы и субклады	Кыргызстан, киргизы ¹				*Китай			**Монголия, монголы ⁵
	Северо-восток	Северо-запад	Юг	Все	Киргизы ²	Киргизы ³	Монголы ⁴	
N=	111	150	131	393	180	159	68	32
Европейские								
I1	0,9	0,7	0,8	0,8	0,6	0,6	1,5	0
Переднеазиатские								
E1	0	0	0	0	0	0	0	0
I2	0	0	0	0	0	0	0	3,1
G2	0	10,7	0	4,1	1,1	0,6	0	0
J1	0	0	1,5	0,5	0,6	1,3	0	3,2
Итого:	0	10,7	1,5	4,6	1,7	1,9	0	6,3
Южные								
J2	2,7	2,0	8,4	4,3	11,1	10,1	5,9	15,6
G1	0	1,3	0	0,5	0	0	0	0
R2	0	0	0,8	0,3	0	1,3	1,5	0
L	1,8	0	3,8	1,8	2,2	1,9	0	0
T1a	0,9	0	0	0,3	0	0	0	0
H1	0	0	0	0	1,1	0	10,3	0
Итого:	5,4	3,3	13,0	7,2	14,4	13,2	17,6	15,6
Степные								
R1a	91,0	80,7	42,0	70,5	75,6	73,0	35,3	6,3
R1b	0	0,7	19,1	6,6	4,4	6,3	16,2	9,4
Итого:	91,0	81,3	61,1	77,1	80,0	79,2	51,5	15,6
Сибирские								
Q	1,8	2,0	2,3	2,0	2,2	0	11,8	21,9
N	0,9	2,0	21,4	8,1	1,1	5,0	17,6	40,6
Итого:	2,7	4,0	23,7	10,2	3,3	5,0	29,4	62,5
Исходные данные из публикаций: ¹ (Isakova, 2025), ² (Song, 2021), ³ (Guo, 2020), ⁴ (Wang, 2024), ⁵ (Di Cristofaro, 2013).								
*Синьцзян.								
**Северо-Западная Монголия.								

В генофондах популяций Евразии выделяют западно- и восточно-евразийские гаплогруппы мтДНК. Последние включают гаплогруппы A, B, C, D, E, F, G, Y, Z, а также часть линий гаплогруппы M и одну линию гаплогруппы N — N9a. При выполнении генетических исследований не всегда выделяют восточно-евразийские линии гаплогрупп M и N. Гаплогруппа Y относительно редкая. Поэтому сформированный нами массив гаплогрупп мтДНК (киргизы и соседние популяции) не включает гаплогруппы M, N и Y. В него входят и частоты западно-евразийской гаплогруппы H, доминирующей в Западной Евразии. Частоты восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК киргизов и соседних популяций приведены в таблице 3.

Таблица 3

Популяции Центральной Азии.
Частоты восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК (%)

Популяции	N	Восточно-евразийские гаплогруппы								*3-е
		A	B	C	D	F	G	Z	Σ	H
Монголы ¹	103	3,9	9,7	14,6	30,1	5,8	2,9	3,9	70,9	7,8
Монголы ²	47	13,0	14,9	17,0	10,6	6,4	10,6	2,1	74,6	?
Монголы ³	198	7,1	11,1	13,1	27,8	6,6	5,1	3,5	74,3	4,1
Казахи ⁴	82	7,3	3,7	11,0	17,1	3,7	3,7	8,5	55,0	14,6
Киргизы ⁴	92	3,3	6,5	14,1	19,6	3,3	8,7	1,1	56,6	16,3
Киргизы ⁵	138	6,5	7,2	14,5	20,3	0	8,7	1,4	58,7	13,8
Уйгуры ⁴	99	6,1	4,0	4,0	15,2	7,1	5,1	0	41,5	16,2
Узбеки ⁶	58	3,4	1,7	1,7	22,4	8,8	6,8	0	44,8	1,3

Исходные данные из публикаций: ¹(Derbeneva, 2002), ²(Naumova, 2009), ³(Kolman, 1996), ⁴(Bermisheva, 2004), ⁵(Guo, 2020) (Синьцзян, Китай), ⁶(Shan, 2014).
 *3-е — западно-евразийская гаплогруппа H (остальные в таблице не приведены).

ОБСУЖДЕНИЕ

Ойраты после разгрома Джунгарского ханства империей Цин начали экспансию на запад с территории Северо-Западной Монголии. Сюда империей Цин были переведены некоторые их подразделения после разгрома Джунгарского ханства. Монголы этого региона в некоторой степени характеризуют ойратов. Это же относится к монголам Синьцзяна. Иными словами, под монголами понимаются две субпопуляции, часть предков которых были ойратами.

Монгольский компонент у киргизов дифференцирован по регионам (Табл. 1). Частоты монгольских гаплогрупп у киргизов северо-востока и северо-запада Кыргызстана относительно низкие — 17,2 и 18,0%, у киргизов юга Кыргызстана и Синьцзяна — 33,0...42,7%, у монголов — 58,0 и 67,0%. У монголов повышенные частоты гаплогруппы O — 13,4 и 23,6%, у киргизов они минимальные — 1,1...3,3%. У киргизов Кыргызстана не выявлены носители гаплогруппы D, у киргизов Синьцзяна и монголов их 1,0...6,1%.

По структуре монгольских гаплогрупп и субкладов гаплогруппы C2 киргизы Кыргызстана незначительно отличаются от хазарейцев Афганистана и Пакистана, обобщённые данные по которым приведены в публикации (Тюрин, 2026). У обеих популяций не выявлены носители гаплогруппы D. Частоты гаплогруппы O низкие.

У хазарейцев — 1,7, 2,9 и 5,4%, у киргизов — 1,8%. Не выявлены носители субклада «Калмыки», минимальное число носителей субклада «Халха». У хазарейцев — 0 и 2,2%*, у киргизов — 0,9%*. По относительным частотам резко доминируют два субклада — «Калмаки» и «Авары». У хазарейцев в целом — 68,8 и 28,5%*, у киргизов — 37,2 и 47,8%*. Единственное значимое отличие — разное соотношение их частот. Киргизы Синьцзяна тоже близки к хазарейцам. Но у них относительные частоты субклада «Авары» — 3,2 и 11,9%*, примерно соответствуют этому показателю у монголов — 4,4 и 5,9%*. Низкие частоты гаплогруппы О у киргизов объясняются умеренным влиянием на них компонента «Южный Китай».

Элементы этнических реконструкций по монгольским гаплогруппам.

1. По частотам монгольских гаплогрупп Y-хромосомы киргизы разделились на северных (северо-восток и северо-запад Кыргызстана) и южных (юг Кыргызстана и Синьцзян). У первых их суммарные частоты — 17,2 и 18,0%, у вторых — 33,0...42,7%.

2. У киргизов минимальное число носителей субкладов гаплогруппы С2 «Калмыки» и «Халха». По частотам резко доминирует субклад «Калмаки», значимо также представлен субклад «Авары». Монгольские гаплогруппы они получили от калмаков Джунгарского ханства.

3. У калмаков, пришедших в 1759 г. на территорию Афганистана и Ферганской долины, была одинаковая структура монгольских гаплогрупп и субкладов гаплогруппы С2. Потомками тех, кто пришёл на территорию Афганистана, являются хазарейцы. А тех, кто пришёл на территорию Ферганской долины, — киргизы северо-запада и юга Кыргызстана, а также узбеки.

4. Киргизы Синьцзяна и северо-востока Кыргызстана получили монгольские гаплогруппы от субпопуляций калмаков с низкими относительными частотами субклада «Авары».

5. Киргизы в Синьцзяне проживают в основном в Кызылсу-Киргизском автономном округе с центром в городе Артуш. Географически округ соответствует северо-востоку Кыргызстана. Получается, что киргизы восточной и западной частей ареала их проживания отличаются по частотам субклада «Авары».

У киргизов всех субпопуляций имеются единичные носители гаплогруппы I1 (Табл. 2). Максимальные её частоты у популяций Скандинавии. У русских Ярославской области (N=42) — 14,3% её носителей (Чухряева, 2017), у поволжских татар (N=1970) — 4,7% (Акчурин, 2021). Наличие этой гаплогруппы у киргизов коррелируется с результатами обработки аутосомных маркеров. Характеризующая их точка находится на периферии влияния компонента «Северо-Западная Европа». Здесь речь может идти об эмиссии генов из Скандинавии по направлению к Центральной Азии.

По результатам рассмотрения данных популяционной генетики, характеризующих карангайцев и кубанских ногайцев, сделан вывод: ногаи Большой и Малой орд изначально являлись популяциями Северного Кавказа (Тюрин, 2019). Подтверждён 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 реки 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. Данный посыл иллюстрирует география компонента «Кавказ» из публикации (Di Cristofaro, 2013). Точка, характеризующая киргизов, находится на периферии его влияния. Поток генов с Северного Кавказа внёс значимый вклад в генетический портрет киргизов северо-запада Кыргызстана (гаплогруппа G2) — 10,7%, и монголов Монголии (гаплогруппы I2 и J1) — 6,3%, но не оказал влияние на киргизов северо-востока и монголов Синьцзяна.

Относительно высокие частоты гаплогруппы G2 у киргизов северо-востока Кыргызстана можно объяснить на основе письменных свидетельств. На рубеже первой и второй четвертей XVIII в. большая группа кипчаков оказалась в горных районах Северной Ферганы (Шаниязов, 1974). «Кипчак» — это самоназвание кочевников Большой ногайской орды. К концу XIX в. произошло их смешение с узбеками и киргизами (Атаханов, 2025). Киргизы — носители гаплогруппы G2 — являются потомками кипчаков.

В южной ассоциации гаплотипов по приведённым частотам доминирует гаплогруппа J2. В субпопуляциях киргизов её частоты возрастают с севера на юг: северо-восток и северо-запад Кыргызстана — 2,0 и 2,7%, его юг — 8,4%, Синьцзян — 10,1 и 11,1%. Это результат эмиссии гаплогруппы от уйгуров и увода полона из Синьцзяна в кочевья киргизов. Например, в 1747 г. полоны были уведены из Кашгара (Пилипчук, 2022). 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% (Shuhu, 2018). Приведённые частоты гаплогруппы J в двух регионах — 21,0 и 18,0%. У двух других популяций Синьцзяна — кериян (N=39) и лопур (N=64) — её частоты составляют 28,2 и 59,4%. У них резко доминирует гаплогруппа J2 — 25,6 и 57,8%. У родов казахов 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, 2018). Признаки эмиссии с юга просматриваются и для суммарных частот гаплогрупп указанной ассоциации. Остальные гаплогруппы южной ассоциации (кроме G1) — следствие эмиссии генов с Индостана и Тибета. Их суммарная частота у киргизов — 2,2...3,3%, что соответствует периферии влияния компонента «Индостан» на популяции южной Евразии.

По приведённым частотам у территориальных субпопуляций киргизов резко доминирует гаплогруппа R1a — 73,0...91,0%. Исключением являются киргизы юга Кыргызстана — 42,0%. У них гаплогруппа R1a представлена субкладом R1a-Z93. По частотам доминирует его дочерний субклад R1a-Z2124 (Song, 2021). В YTree в его линию R1a-YP1563 входят образцы исключительно с территории Кыргызстана (N=20) или территориально не идентифицированные (N=4) (YTree). Её родительская линия R1a-YP1456 включает (без учёта линии R1a-YP1563) 10 палеодНК с территорий Казахстана, Киргизии и Синьцзяна, а также образцы жителей России (1 татарин из Башкортостана и 1 житель Алтая), Китая (3, в том числе 1 из Синьцзяна), Кыргызстана (1), Турции (2), Болгарии (1), Португалии (1) и территориально не идентифицированные (2).

Автор публикации (Рожанский, 2022) собрал и систематизировал палеодНК гаплогруппы R1a. Они приведены на картах по каменому+неолиту, бронзовому и железному векам, а также эпохам Средневековья и Нового времени. В восточной

части их ареала — Южный Урал, Южная Сибирь и Центральная Азия — доминируют носители субклада R1a-Z93, конкретно, его дочернего субклада R1a-Z2124. Исследователями отмечено, что «его происхождение пока остается загадкой в контексте археологии (с. 16).

На сводной карте для бронзового и железного веков, а также Средневековья, нами выделена Тяньшань-Саянская зона, включающая горные массивы Центрального и Восточного Тянь-Шаня, Джунгарский Алатау, Тарбагатай, Алтай и Саяны (Рис. 1). Её границы проведены с учётом локализации погребений с носителями субклада R1a-Z93, зон проживания популяций с высокими частотами гаплогруппы R1a, горных массивов и природно-климатических условий. Западная часть зоны соответствует территории проживания киргизов, у которых по частотам доминирует субклад R1a-Z93, конкретно, его линия R1a-YP1563.

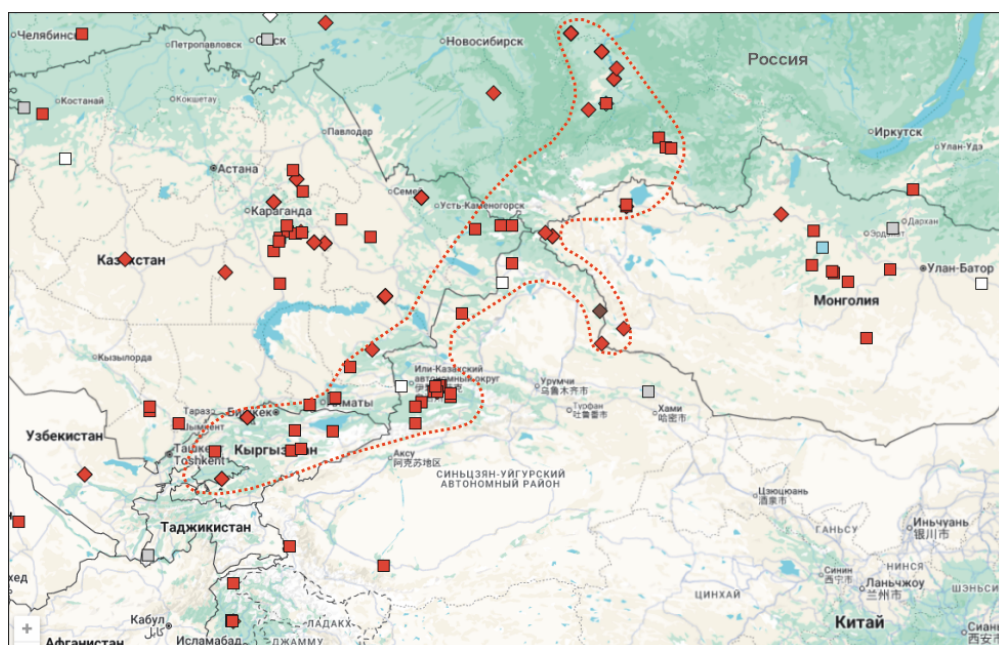


Рис. 1. Локализация палеоДНК гаплогруппы Y-хромосомы R1a (фрагмент карты из публикации (Рожанский, 2022))

Ромбики — погребения бронзового века, квадратики — железного и Средневековья. Красный цвет — субклад R1a-Z93. Другие цвета — остальные субклады гаплогруппы. Точечной линией красного цвета оконтурена Тяньшань-Саянская зона (А.М. Тюрин, 2026 г.).

Выше отмечалось, что линия R1a-YP1456 включает 10 палеоДНК. Три могильника, тестирование останков в которых дало отмеченную линию, локализованы на территории Кыргызстана — Баския-2 и Кеден (Нарынская область), Уч-Курбу (Иссык-Кульская область). Три — на территории Восточно-Казахстанской области Казахстана — Каракемер, Елеке Сазы и Каракаба, один — Синьцзян (Или-Казахский автономный округ) — Ходжир Терт. Таким образом, семь могильников находятся в Тяньшань-Саянской зоне. Три могильника — Карашокты, Акбиет и Талды-2 — в Карагандинской области Казахстана. Они попали в Карагандинскую зону погребений, носителей субклада R1a-Z93.

В XVII в. в период колонизации Южной Сибири Московским царством в Минусинской котловине существовал политический союз Хангорай. В русских письменных свидетельствах его называли «Кыргызская земля» (Пилипчук, 2018). В регионе проживали европеоидные кыргызы (Майногашева, 2020) и зависимые от них сообщества (кыштымы). На этот счет имеется обоснованное мнение, что енисейские кыргызы и тянь-шаньские киргизы являются разными этносами (Кызласов, 1959; Майногашева, 2020). К началу XVIII в. в регионе проживало примерно 15–20 тыс. человек. В 1703 г. джунгары переселили енисейских кыргызов в Джунгарское ханство. По русским письменным свидетельствам «в Хакасско-Минусинском крае осталось всего 600 «луков» — боеспособных кыргызских мужчин» (Очерки, 2008, с. 251). За Иртышем, по р. Эмель-гол, было образовано особое кочевье (оток), включающее 4000 кибиток с четырьмя зайсанами. В 1703 г. было также переселено население Северного Алтая и территории Тувы (Бутанаев, 2021). Жители последнего региона составили на реке Эмель-гол три оттока общей численностью 4300 человек.

Можно предположить, что погребения в регионе Саян и Тувы с останками носителей субклада R1a-Z93 принадлежат предкам тех, кто проживал в регионе до 1703 г. Их потомками является часть хакасов, шорцев и тувинцев. Число носителей гаплогруппы R1a у первых трёх популяций приведено выше. У хакасов-сагайцев (N=69) их 33,3% (Дамба, 2018). У шести кланов тувинцев 13...25% носителей этой гаплогруппы (Дамба, 2018; 2024). Ее носители составляют основу генофонда объединения оюнов (Дамба, 2022). На данное время в российской части Алтая не выявлено палео-ДНК с гаплогруппой R1a-Z93. Однако они имеются в его казахстанской и монгольской частях.

Элементы этнических реконструкций по субкладу R1a-Z93

1. В преимущественно горной Тяньшань-Саянской зоне с бронзового века проживала популяция, у которой по частотам доминировали носители близкородственных линий субклада R1a-Z93. Объединяющим их началом являлось скотоводство альпийского типа.

2. Во второй половине XVI — начале XVII вв. ойраты вытеснили её с монгольской части Алтая, Тарбагатая, Джунгарских Алатау и Восточного Тянь-Шаня.

3. В начале XVIII в. восточная часть популяции (Саяны и Северный Алтай) была «расформирована» джунгарами. Её генетические следы сохранились у хакасов, шорцев, тувинцев и северных алтайцев.

4. У населения западной части Тяньшань-Саянской зоны и Южного Алтая сохранилась генетическая преемственность по субкладу R1a-Z93, начиная с бронзового века до сегодняшнего дня.

5. Киргизы и южные алтайцы являются прямыми потомками популяции бронзового века и ныне проживают в местах обитания своих предков. Их гаплотипы гаплогруппы R1a в филогенетической сети формируют два общих кластера. Языки киргизов и южных алтайцев входят в киргизо-кипчакскую группу тюркских языков.

Носителей азиатских субкладов второй гаплогруппы степной ассоциации R1b у киргизов северо-востока Кыргызстана не выявлены. У киргизов северо-запада их приведённые частоты минимальные — 0,7%, но у киргизов юга они аномально высокие — 19,1%. К этому значению близки частоты субкладов у монголов Синьцзяна — 16,2%. У киргизов Синьцзяна частоты гаплогруппы — на уровне 4,4 и 6,3%.

Приведённые частоты гаплогруппы Q у киргизов низкие — 0...2,3‰. У хазарейцев — 4,5...10,3‰. Низкие частоты и субкладов гаплогруппы N — у киргизов северо-востока и северо-запада Кыргызстана, а также в одном массиве из Синьцзяна — 0,9...2,0‰. У киргизов второго массива — 5,0‰. У хазарейцев — 0...10,3‰. Сибирская ассоциация гаплотипов попала к киргизам вместе с монгольскими гаплогруппами от калмаков. Но у киргизов юга Кыргызстана частоты субкладов гаплогруппы N аномально высокие — 21,4‰. У киргизов Памира их абсолютные частоты — около 25,0% (Балаганская, 2011). В двух сопредельных регионах наблюдается аномалия частот этих субкладов. На Памир они не могли попасть от калмаков. У проживающих там киргизов всего 20% носителей гаплогруппы C2 (Балаганская, 2016). Таким образом, по субкладам гаплогрупп R1b и N у киргизов юга Кыргызстана — аномалия высоких частот. Такая же аномалия по субкладам гаплогруппы N у киргизов Памира.

В 1718–1722 гг. джунгары завоевали Иссык-Кульскую, а позднее Чуйскую и Таласскую долины, что обусловило миграцию киргизов с севера на юг (Бийлибаев, 2019). Вторая волна миграции киргизов на юг была в 1732–1733 гг. Киргизы продвинулись до Каратегина, Гиссара и Куляба. В начале второй половины XVIII в. киргизы начали освобождать свои родовые земли. В процессе отмеченных масштабных миграций произошло смешение подразделений киргизских родов в регионах их проживания. Этим, скорее всего, объясняется слабая генетическая дифференциация между региональными субпопуляциями киргизов по гаплотипам (Isakova, 2025).

По суммарным частотам восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК доминируют монголы — 70,9...74,6% (Табл. 3). У киргизов Кыргызстана и Синьцзяна, а также казахов, практически одинаковая их структура, не отличающаяся от структуры двух массивов данных по монголам. По частотам доминируют гаплогруппы D и C. У киргизов и казахов близки и суммарные частоты восточно-евразийских гаплогрупп — 55,0...58,7%. Близкие частоты у уйгуров и узбеков — 41,5 и 44,8%. Но у них доминируют гаплогруппы D и F. Генофонд монголов, казахов и киргизов иллюстрирует «клин» убывания частот восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК с востока на запад у популяций, предки которых были кочевниками.

По аутосомным маркерам доля западно-евразийского компонента у киргизов Синьцзяна составляет 25,2% (Chen, 2025). В публикации (Guo, 2020) приведена структура их линий гаплогрупп M и N мтДНК. При учёте восточно-евразийских, частота западно-евразийского компонента у киргизов составила 34,8%. Он коррелируется с гаплогруппами Y-хромосомы I1, J2 и переднеазиатской ассоциации. Их суммарные частоты — 7,3 и 7,6%, средняя — 7,5%. Средняя доля западно-евразийского компонента у киргизов по гаплогруппам Y-хромосомы и мтДНК составляет 21,2%, что практически совпадает с его величиной, оцененной по аутосомным маркерам. Из данных цифр следуют два вывода: у киргизских женщин доля западно-евразийского компонента гораздо выше, чем у мужчин; субклад R1a-Z93 с ним не коррелируется.

Скажем, что на сей счет имеется гипотеза цивилизационного уровня, включающая и мифические составляющие. Это приход Ариев на Север Индостана и создание там самобытной цивилизации. Мы, рассматривая данные популяционной генетики,

характеризующие киргизов, неожиданно попали в её поле. Отметим особенности распределения гаплотипов индусов в филогенетической сети гаплотипов гаплогруппы R1a популяций Центральной Азии, включая киргизов (Балаганская, 2011).

В публикации (Narasimhan, 2019) приведены результаты тестирования (гаплогруппы Y-хромосомы и аутосомные маркеры) останков (N=523) из погребений, главным образом, бронзового и железного веков, степной зоны (Россия и Казахстан), Центральной Азии, Индостана и территории Ирана. Они обработаны инструментами популяционной генетики. Вывод авторов: «The Steppe ancestry in South Asia has the same profile as that in Bronze Age Eastern Europe» («Степной генетический компонент в Южной Азии имеет тот же профиль, что и в Восточной Европе эпохи бронзы»). Всё остальное — «likely». Предполагается, что в период ямной археологической культуры в зоне с центром в междуречье Волги и Дона сформировалась популяция, включающая и субклад R1a-Z93. Путь её миграции в Северный Индостан (South Asia) проходил через территорию Кыргызстана (Fig. 3). Смешение пришельцев с местными популяциями произошло около 1700 г. до н. э. Это один из вариантов гипотезы о миграции Ариев в Северный Индостан. Наш главный вывод основан все же на фактических данных: предки киргизов, носителей субклада R1a-Z93, проживали на территории Кыргызстана с бронзового века. Получается, что в Северный Индостан пришли не «люди ямной культуры», а часть предков киргизов. В более широком аспекте речь, конечно же, идёт о популяции Тяньшань-Саянской зоны.

Авторы публикации (Song, 2021) по результатам анализа (admixture modelling with other datasets) гаплотипов субклада R1a1b2a2-Z2124 киргизов Синьцзяна сделали определённый вывод: «Kyrgyz ethnic group had great genetic affinity with Punjabi from Lahore, Pakistan». У популяций Пенджаба по частотам доминирует субклад R1a-Z93 (маркер Ариев) (Punjabi DNA). Самая высокая его частота у Jat Sikh ~ 40–50%. Частоты других гаплогрупп у них R1b ~ 5–8, J2 ~ 8–12%. Приведены данные и по земледельческой и воинской кастам, представители которых проживают в основном на севере Индии — R1a ~ 45–55%. Частоты других гаплогрупп R1b ~ 5–8, J2 ~ 8–10%. На Индостане самые высокие частоты гаплогруппы R1a у брахманов Индии (N=681) — 72,2% (Sharma, 2009).

В YTree (YTree) в субкладе R1a-Z2124 имеются линии, в которых значимо представлены образцы из Пакистана и Афганистана (например, R1a-YP413). В линии R1a-Y46 доминируют образцы из Индии, в параллельной ей линии R1a-YP1521 — из Афганистана, в линии R1a-YP523 — образцы из этих двух стран. В линии R1a-YP123094 — два близкородственных образца из Индии и Афганистана (узбек) и серия образцов из России (в основном, татары).

Наша гипотеза: центром первичного формирования популяции (бронзовый век), у которой по частотам резко доминировал субклад R1a-Z2124, была Тяньшань-Саянская зона. Из данной зоны его носители мигрировали в Восточную Европу и Северный Индостан. Выдвинутая нами гипотеза сопрягается с гипотезой авторов публикации (Narasimhan, 2019) через предположение о том, что погребения с носителями указанного субклада более древние, чем возможно имеющиеся в Восточной Европе, которые пока что не выявлены. При этом заметим, что исследователями палеодНК еще не рассматривались в комплексе с данными, характеризующими современные популяции. Изучение популяций Евразии инструментами популяционной генетики, безусловно, первоочередная задача современных ученых.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

1. По гаплогруппам Y-хромосомы у киргизов резко доминируют два этнических компонента — субклад R1a-Z93 и монгольская ассоциация гаплогрупп.
2. Первый компонент древний, на территории Кыргызстана как минимум с бронзового века.
3. По субкладам гаплогруппы C2 установлено, что второй компонент получен от калмаков (зюнгаров) в XVII–XVIII вв.
4. По структуре восточно-евразийской ассоциации гаплогрупп мтДНК киргизы Кыргызстана и Китая не отличаются от монголов и казахов.

Авторская гипотеза. Предки киргизов и южных алтайцев в прошлом входили в популяцию, у которой по частотам резко доминировал субклад R1a-Z93 (R1a-Z2124). Её первичное формирование произошло в бронзовом веке в Тяньшань-Саянской зоне. Позднее носители данного субклада мигрировали в Восточную Европу и Северный Индостан.

Литература

- Акчурина, 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.
- Атаханов, Р. С. (2025). Миграционные процессы в Ферганской долине в XVIII–XIX веках. *Universum: общественные науки*. 2 (117). 15–18.
- 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.
- Балаганская, О. А. (2011). *Полиморфизм Y-хромосомы у тюркоязычного населения Алтая, Саян, Тянь-Шаня и Памира в контексте взаимодействия генофондов Западной и Восточной Евразии*. Автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидат биологических наук.
- Балаганская, О. А., Дамба, Л. Д., Жабагин, М. К. и др. (2016). Монгольский след в генофонде народов вдоль степной полосы Евразии. *Современные проблемы науки и образования*. 4. 211.
- Балановская, Е. В., Балаганская, О. А., Дамба, Л. Д. и др. (2014). Влияние природной среды на формирование генофонда тюркоязычного населения гор и степных предгорий Алтае-Саян, Тянь-Шаня и Памира. *Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология*. 2. 46–55.
- Бийлибаев, К. Ш. (2019). Борьба киргизов против джунгарских завоевателей (XVII–XVIII вв.). *Вестник Таджикского государственного университета права, бизнеса и политики. Серия гуманитарных наук*. 80. 27–36.
- Бутанаев, В. Я. (2021). Джунгарское ханство и историческая судьба тюрков Саяно-Алтая. *Народы Алтая в социокультурном пространстве России на рубеже эпох*. 224–232.
- 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., Балановская, Е. В. (2022). Междисциплинарный подход к изучению этногенеза: геногеография и филогеография тувинских родовых групп. *Oriental Studies*. 15. 5. 1064–1076.

Дамба, Л. Д., Пономарёв, Г. Ю., Пылёв, В. Ю., Балановская, Е. В. (2024). Структура генофонда южных родовых групп тувинцев. *Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология*. 3. 91–101.

Кызласов, Л. Р. (1959). О связях киргизов Енисея и Тянь-Шаня (к вопросу о происхождении киргизского народа). *Труды Киргизской археолого-этнографической экспедиции*. 3. 104–113.

Майногашева, В. Е. (2020). К вопросу об этногенезе енисейских киргизов и тянь-шаньских кыргызов. *Научное обозрение Саяно-Алтая*. 2 (26). 46–53.

Очерки истории Хакасии (с древнейших времен до современности) (2008). Гл. ред. В. Я. Бутанаев, науч. ред. Н. Н. Молодин. Абакан: Изд-во Хакас. гос. ун-та им. Н. Ф. Катанова.

Пилипчук, Я. В. (2018). Хонгорай в центральноазиатском треугольнике: отношения енисейских кыргызов с русскими, халха-монголами, джунгарами и империей Цин. *Parabellum Novum: военно-исторический журнал*. 9 (42). 129–154.

Пилипчук, Я. В. (2022). Ойраты в политике Внутренней Азии. *BUTA*. 4 (9). 44–98.

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

Сабитов, Ж. (2013). *Происхождение кыргызов с точки зрения полиморфизма Y-хромосомы*. Агентство АКИpress. https://kgcode.akipress.org/unews/un_post:1828 Дата обращения 08.06.2026 г.

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

Тюрин, А. М. (2019). Элементы этногенеза караногайцев и кубанских ногайцев по данным популяционной генетики. *Ногайцы: XXI век. История. Язык. Культура. От истоков — к грядущему*. 194–198.

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 C2. *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. (2026). Этнические компоненты калмыков и хазарейцев по данным популяционной генетики. *Nomadic civilization: historical research* (Кочевая цивилизация: исторические исследования). 1. 46–80.

Ходжайов, Т. К., Ходжайова, Г. К. (2015). К проблеме формирования антропологического состава киргизов. *Вестник археологии, антропологии и этнографии*. 3 (30). 82–91.

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

Шаниязов, К. Ш. (1974). *Этнические истории узбекского народа*. Ташкент: Фан.

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.

- 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.
- Bermisheva, M. A., Kutuev, I. A., Korshunova, T. Iu. et al. (2004). Filogeograficheskiĭ analiz mtDNK nogaitsev: vysokii uroven' smesheniia materinskikh liniĭ vostochnoi i zapadnoi Evrazii [Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA Nogays: the high level of mixture of maternal lineages from Eastern and Western Eurasia]. *Mol Biol (Mosk).* 38(4):617–24.
- Chen, S., Lu, Y., Chen, H. et al. (2025). Tracing the Genetic Heritage of the Kirgiz People: Dual-Wave Admixture and Ancestry-Biased Adaptation. *Mol Biol Evol.* 42(8): msaf196.
- Derbeneva, O. A., Starikovskaya, E. B., Wallace, D. C., Sukernik, R. I. (2002) Traces of early Eurasians in the Mansi of northwest Siberia revealed by mitochondrial DNA analysis. *Am J Hum Genet.* 70(4):1009-14.
- 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.
- 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
- Isakova, Z., Bukayev, A., Irsaliev, M. et al. (2025). Population data of 23 Y chromosome STR loci for Kyrgyz population from Kyrgyzstan. *Data Brief.* 30. 61:111706.
- Kolman, C.J., Sambuughin, N., Bermingham, E. (1996) Mitochondrial DNA analysis of Mongolian populations and implications for the origin of New World founders. *Genetics.* 142: 1321–1334.
- Narasimhan, V.M., Patterson, N., Moorjani, P. et al. (2019). The formation of human populations in South and Central Asia. *Science.* 6;365(6457):eaat7487.
- Naumova, O.Y., Rychkov, S.Y., Morozova, I.Y., et al. (2008) Mitochondrial DNA Diversity in Siberian Tatars of the Tobol-Irtysh Basin. *Russian Journal of Genetics.* 44(2):215–226.
- Punjabi DNA & Ancestry: Genetic Heritage of Punjab.* <https://helixline.in/blog/punjabi-dna-ancestry> (дата обращения 08.06.2026 г.).
- Shan, W., Rena, Zh., Wub, W. et al. (2014). Maternal and Paternal Diversity in Xinjiang Kazakh Population from China. *Russian Journal of Genetics.* 50(11): 1218–1229.
- Sharma, S., Rai, E., Sharma, P. et al. (2009). The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. *J Hum Genet.* 54(1): 47–55.
- Shuhu, L., Yilihamu, N., Bake, R. 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.
- Song, F., Song, M., Luo, H. et al. (2021). Paternal genetic structure of Kyrgyz ethnic group in China revealed by high-resolution Y-chromosome STRs and SNPs. *Electrophoresis.* 42(19): 1892–1899.
- 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.
- 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.
- YTree v11.05.00 (29 сентября 2025). <https://www.yfull.com/tree/> (дата обращения 08.06.2026 г.).

References

- 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: Sh. Marjani Institute of History, Tatarstan Academy of Sciences (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 the Elder Zhuz Based on Y-Chromosome Polymorphism. *Molecular Genetics, Microbiology, and Virology*. 36 (2): 72–75 (in Russian).
- Atakhanov, R. S. (2025). Migration Processes in the Fergana Valley in the 18th–19th Centuries. *Universum: Social Sciences*. 2 (117). 15–18 (in Russian).
- Balaganskaya, O. A. (2011). *Y-chromosome polymorphism in the Turkic-speaking population of the Altai, Sayan, Tien Shan, and Pamir mountains in the second junction of the gene pools of Africa and Eastern Eurasia*. Abstract of a dissertation for the research of the academic degrees of candidate of biological sciences (in Russian).
- Balaganskaya O. A., Damba L. D., Zhabagin M. K. et al. (2016). Mongolian trace in the gene pool along the steppe belt of Eurasia. *Modern problems of science and education*. 4. 211 (in Russian).
- Balanovskaya E. V., Balaganskaya O. A., Damba L. D. et al. (2014). Study of the natural environment at the ends of the gene pool of the Turkic-speaking population of the mountains and steppe foothills of the Altai-Sayan, Tien Shan, and Pamir mountains. *Bulletin of Moscow University. Series 23: Anthropology*. 2. 46–55 (in Russian).
- Balinova, N., Post, H., Kushniarevich, A. et al. (2019). Y-chromosomal analysis of clan structure of Kalmyks, the only European Mongol people, and their relationship to Oirat Mongols of Inner Asia. *Am. J. Hum. Genet.* 27. 1466–1474.
- Balinova, N., Hudjašov, G., Pankratov, V. et al. (2024). Gene pool preservation across time and space In Mongolian-speaking Oirats. *European Journal of Human Genetics*. 32. 1150–1158.
- Bermisheva, M.A., Kutuev, I.A., Korshunova, T.Iu. et al. (2004). Filogeograficheskiĭ analiz mtDNK nogaitsev: vysokii uroven' smesheniia materinskikh liniĭ vostochnoi i zapadnoi Evrazii [Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA Nogays: the high level of mixture of maternal lineages from Eastern and Western Eurasia]. *Mol Biol (Mosk)*. 38(4):617–24.
- Biylibaev, K. Sh. (2019). The Struggle of the Kyrgyz against the Dzungar Conquerors (17th–18th Centuries). *Bulletin of the Tajik State University of Law, Business, and Politics. Humanitarian Series*. 80: 27–36 (in Russian).
- Butanaev, V. Ya. (2021). The Dzungar Khanate and the Historical Fate of the Sayan-Altai Turks. *The Peoples of Altai in the Sociocultural Space of Russia at the Turn of Eras*. 224–232 (in Russian).
- Chen, S., Lu, Y., Chen, H. et al. (2025). Tracing the Genetic Heritage of the Kirgiz People: Dual-Wave Admixture and Ancestry-Biased Adaptation. *Mol Biol Evol.* 42(8): msaf196.
- Chukhryaeva M. I., Pavlova E.S., Napolskikh V. V., et al. (2017). Are Traces of Finno-Ugric Workers Preserved in the Gene Pool of the Russian Population of the Yaroslavl Region? Evidence from the Y Chromosome. *Genetics*. 53. 3. 378–389.
- Damba, L. D., Balanovskaya, E. V., Zhabagin, M.K. et al. (2018). Assessing the Contribution of the Mongol Expansion to the Tuvan Gene Pool. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 22: 5–611 (in Russian).

Damba, L. D., Pylev, V. Yu., Balanovskaya, E. V. (2022). An Interdisciplinary Approach to the Study of Ethnogenesis: Genogeography and Phylogeography of Tuvan Tribal Groups. *Oriental Studies*. 15. 5. 1064–1076 (*in Russian*).

Damba, L. D., Ponomarev, G. Yu., Pylev, V. Yu., Balanovskaya, E. V. (2024). The Structure of the Gene Pool of the Southern Tribal Groups of Tuvans. *Bulletin of Moscow University. Series XXIII. Anthropology*. 3. 91–101 (*in Russian*).

Derbeneva, O. A., Starikovskaya, E. B., Wallace, D. C., Sukernik, R. I. (2002) Traces of early Eurasians in the Mansi of northwest Siberia revealed by mitochondrial DNA analysis. *Am J Hum Genet*. 70(4):1009-14.

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.

Essays on the History of Khakassia (From Ancient Times to the Present) (2008). Ed.-in-Chief V. Ya. Butanaev, Research Ed. N. N. Molodin. Abakan: Publishing House of Khakass. State University named after N. F. Katanov (*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

Isakova, Z., Bukayev, A., Irsaliev, M. et al. (2025). Population data of 23 Y chromosome STR loci for Kyrgyz population from Kyrgyzstan. *Data Brief*. 30. 61:111706.

Kolman, C. J., Sambuughin, N., Bermingham, E. (1996) Mitochondrial DNA analysis of Mongolian populations and implications for the origin of New World founders. *Genetics*. 142: 1321–1334.

Khodjayov, T. K., Khodjayova, G. K. (2015). On the Formation of the Anthropological Composition of the Kyrgyz. *Bulletin of Archeology, Anthropology, and Ethnography*. 3: 82–91 (*in Russian*).

Kyzlasov, L. R. (1959). On the Relationships of the Kirghiz of the Yenisei and Tien Shan (Towards the Issue of the Origin of the Kirghiz People). *Transactions of the Kirghiz Archaeological and Ethnographic Expedition*. 3. 104–113 (*in Russian*).

Mainogasheva, V. E. (2020). On the Ethnogenesis of the Yenisei Kyrgyz and Tian Shan Kyrgyz. *Scientific Review of Sayan-Altai*. 2 (26). 46–53 (*in Russian*).

Narasimhan, V. M., Patterson, N., Moorjani, P. et al. (2019). The formation of human populations in South and Central Asia. *Science*. 6; 365(6457): eaat7487.

Naumova, O. Y., Rychkov, S. Y., Morozova, I. Y., et al. (2008) Mitochondrial DNA Diversity in Siberian Tatars of the Tobol-Irtysh Basin. *Russian Journal of Genetics*. 44(2): 215–226.

Pilipchuk, Ya. V. (2018). Khongorai in the Central Asian Triangle: Relations of the Yenisei Kyrgyz with the Russians, Khalkha Mongols, Dzungars, and the Qing Empire. *Parabellum Novum: Military-Historical Journal*. 9 (42). 129–154 (*in Russian*).

Pilipchuk, Ya. V. (2022). Oirats in the Statement of Inner Asia. BUTA. 4 (9). 44–98. Rozhansky, I. L. (2022). A Review of Fossil DNA Data: R1a Haplomap. *Historical Format*. 1 (29). 11–23 (*in Russian*).

Punjabi DNA & Ancestry: Genetic Heritage of Punjab. <https://helixline.in/blog/punjabi-dna-ancestry> (дата обращения 08.06.2026 г.).

Sabitov, Zh. (2013). The Origin of the Khodyrgyz from the Point of View of Y-Chromosome Polymorphism. AKIpress Agency. https://kgcode.akipress.org/unews/un_post:1828/ Accessed June 8, 2026 (*in Russian*).

Shan, W., Rena, Zh., Wub, W. et al. (2014). Maternal and Paternal Diversity in Xinjiang Kazakh Population from China. *Russian Journal of Genetics*. 50(11): 1218–1229.

Sharma, S., Rai, E., Sharma, P. et al. (2009). The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. *J Hum Genet.* 54(1): 47–55.

Shuhu, L., Yilihamu, N., Bake, R. 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.

Song, F., Song, M., Luo, H. et al. (2021). Paternal genetic structure of Kyrgyz ethnic group in China revealed by high-resolution Y-chromosome STRs and SNPs. *Electrophoresis.* 42(19): 1892–1899.

Trepavlov, V. V. (2016). *History of the Nogai Horde*. 2nd ed., corr. and add. Kazan: Kazan Real Estate Publishing House (in Russian).

Tyurin, A. M. (2019). Elements of the Ethnogenesis of the Kara-Nogai and Kuban Nogai According to Population Genetics. *Nogai: 21st Century. History. Language. Culture. From the Origins to the Future.* 194–198 (in Russian).

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

Tyurin, A. M. (2024b). The Structure of Y-Chromosome C Haplogroup Subclades as Evidence of Mongol Migration in the 13th, 17th, and 18th Centuries. *Nomadic Civilization: Historical Research.* 3: 41–50 (in Russian).

Tyurin, A. M. (2025a). Ethnic Identification of the Kazakhs 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. (2026). Ethnic Components of the Kalmyks and Hazaras Based on Population Genetics. *Nomadic Civilization: Historical Research.* 1: 46–80.

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.

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.

YTree v11.05.00 (29 сентября 2025). <https://www.yfull.com/tree/> (дата обращения 08.06.2026 г.).