

Баимбетов Г.¹, Баймуханов Н.²

¹Аналитик генетической гениалогии научно-исследовательского проекта «Shejire DNA»,
Казахстан, Алматы, e-mail: g.baimbetov@list.ru

²Руководитель научно-исследовательского проекта «Shejire DNA»,
Казахстан, Алматы, e-mail: baimukhan@gmail.com

**ИЗМЕНЕНИЕ ГЕНОФОНДА
У НАСЕЛЕНИЯ КАЗАХСТАНА И СМЕЖНЫХ РЕГИОНОВ,
В ЧАСТНОСТИ РОСТА МОНГОЛОИДНЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ
КОМПОНЕНТОВ, НА ФОНЕ ИСТОРИЧЕСКИХ
МИГРАЦИОННЫХ ПРОЦЕССОВ
ОТ ЖЕЛЕЗНОГО ВЕКА ДО СОВРЕМЕННЫХ КАЗАХОВ**

В статье проанализированы выборочные данные древнего ДНК палео образцов, результаты которых были опубликованы в научной статье 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes в журнале Nature (2018). Основной целью данной статьи является анализ роста монголоидных генетических компонентов у древнего населения живших на территории Казахстана и смежных регионов от железного века, до наших дней. На основе исторических реконструкции, миграционных процессов и сравнительных анализов роста монголоидных генетических компонентов, авторы сделали попытку реконструкции всего эволюционного пути, начиная с железного века к формированию генофонда современного казахского этноса.

Ключевые слова: генофонд, история, антропология, племена, миграционные процессы.

Baimbetov G.¹, Baimukhanov N.²

¹Analyst of the genetic genealogy of the research project “Shejire DNA”,
Kazakhstan, Almaty, e-mail: g.baimbetov@list.ru

²Head of the research project “Shejire DNA”,
Kazakhstan, Almaty, e-mail: baimukhan@gmail.com

**Change in the gene pool of the population of Kazakhstan and adjacent regions,
in particular the growth of Mongoloid genetic components, against the background
of historical migration processes from the Iron Age to modern Kazakhs**

The article analyzes the selected data of ancient DNA of paleo samples, the results of which were published in the scientific article 137 of ancient human genomes from across the Eurasian steppes in the journal Nature in 2018. The main purpose of this article is to analyze the growth of Mongoloid genetic components in the ancient population living on the territory of Kazakhstan and adjacent regions from the Iron Age to our days. Based on historical reconstruction, migration processes and comparative analyzes of the growth of Mongoloid genetic components, the authors made an attempt to reconstruct the entire evolutionary path, starting from the Iron Age to the formation of the gene pool of the modern Kazakh ethnos.

Key words: gene pool, history, anthropology, tribes, migration processes.

Баимбетов Г.¹, Баймуханов Н.²

¹«ShejireDNA» ғылыми-зерттеу жобасының генетикалық генеалогия зерделеушісі,
Қазақстан, Алматы қ., e-mail: g.baimbetov@list.ru

²«ShejireDNA» ғылыми-зерттеу жобасының жетекшісі
Қазақстан, Алматы қ., e-mail: baimukhan@gmail.com

Қазақстанның аумағындағы және көршілес өңірлердегі халықтың генофондының өзгеруі, атап айтқанда, монголоидтық генетикалық компоненттердің тарихи көші-қон үдерістерінің ықпалы негізінде темір дәуірінен бастап қазіргі қазақ этносына дейін өсуі

Мақалада палео үлгілерінің көне ДНК таңдаулы деректері талданған. Аталған үлгілердің нәтижелері Nature (2018) журналының “137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes” ғылыми мақаласында жарияланған. Бұл мақаланың негізгі мақсаты – Қазақстан аумағында және көршілес өңірлерде өмір сүрген көне халықтың монголоидтық генетикалық компоненттерінің темір дәуірінен бастап қазіргі күндерге дейін өсуін талдау. Көші-қон үдерістерін тарихи тұрғыдан қалпына келтірудің және монголоидтық генетикалық компоненттердің өсуін талдаудың негізінде, авторлар темір дәуірінен бастап қазіргі қазақ этносы генофондының қалыптастырылуына дейінгі эволюциялық жолды түгелдей қалпына келтіруге талпынды.

Түйін сөздер: генофонд, тарих, антропология, тайпалар, көші-қон процестері.

Введение

История Казахстана неразрывно связана с миграционными процессами, которые происходили во всем историческом периоде кочевого образа жизни древнего населения. Переселение древних племен, метисация европеоидного населения с монголоидным, смена языков, симбиоз древних культур – способствовали появлению современных культур, традиции, фенотипа и менталитета казахов и родственных народов. До появления популяционной генетики, лишь палеоантропологические исследования могли в той или иной форме показать изменения морфологических особенностей каждого периода древнего населения Казахстана. Современные исследования древнего ДНК (далее дДНК) позволяют проанализировать изменения генофонда в сравнении с антропологическими данными и воссоздать картину появления того или иного генетического компонента в популяции. Согласно историческим данным казахский народ как этнополитическая единица появилась после распада монгольского государства (Улуса Джучи) на территории средневекового восточного Дешт-и-Кипчака. В связи с чем, возникают вопросы – насколько изменился генофонд с появлением монголов, и каким он был

до их появления, и является ли он основополагающим для казахов? Для понимания всех исторических миграционных процессов, до появления собственно монголов Чингисхана на территории Казахстана, важно проанализировать весь эволюционный путь монголоидных компонентов, его рост и ослабление, и эпоху в которой сложились близкие к казахам морфологические особенности в антропологическом понимании и общеаутосомный состав в генетическом.

Материалы и методы

В данной работе проанализированы генетические палео образцы из научной работы «137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes». Для определения генетических компонентов были использованы аутосомные калькуляторы и оракулы проектов MDLP-22 и Harappa World. Под определения уровня монголоидности были суммарно выведены следующие аутосомные генетические компоненты: сибирский, восточноазиатский, компонент юго-восточной Азии, тибетский, самоедский и различные арктические генетические компоненты. Периоды для исследования были разделены согласно известным миграционным процессам.

Таблица 1 – Периоды исследования генофонда

Период	Время	Племена	Миграционные события
Сакский	1 тыс. до н.э. – 1 в.д.н.э.	саки, сарматы	Немассовое переселение монголоидных групп

Период	Время	Племена	Миграционные события
Хуннский	1 в. н.э – 4 в. н.э.	хуны, усунь, кангюй	Переселение хунов
Тюркский	5 в.н.э. – 7 в.н.э.	тюрки	Переселение тюрков
Домонгольский	8 в.н.э. – 12 в.н.э.	кипчаки, кимаки, караханиды, тюрки тянь-шаня.	Переселение восточных племен, появление кимакского каганата. Переселение киданей в семеречье.
Монгольский	13 в.н.э.-15 в.н.э.	монголы	Переселение монголов

Сакский период

В данный период мы относим и анализируем палео-генетические данные кочевых племен железного века, в частности саков и сарматов. Согласно палеоантропологическим выводам: изменения морфологических особенностей древнеказахстанцев начались в сакское время в связи с проникновением монголоидных групп. Они коснулись прежде всего лицевого отдела черепа. У них стало более высокое и широкое лицо, менее профилированный лицевой скелет, несколько сгладилось выступание переносья и носовых костей и некоторое другое. В целом черепа этого времени более грацильны. Особенно значительно изменились признаки, определяющие степень уплощенности лица. По нашим данным, его средний индекс в сакское время увеличился по сравнению с предшествующим периодом приблизительно на 22%. Столь существенное изменение комплекса признаков — это результат не механического смешения разных типов в изученных краниологических сериях, а процесса метисации, происходившего в течение длительного времени. Приведенные данные показывают, что центральноазиатские племена стали проникать на территорию Казахстана уже в сакское время. Наличие монголоидного компонента в антропологическом составе местного населения того времени теперь подтверждает не только расово-типологическая характеристика отдельных черепов, но и серия в целом. Однако надо признать, что удельный вес монголоидной примеси был еще незначителен. В основе антропологического типа сакских племен по-прежнему лежали местные европеоидные черты эпохи бронзы, но более смягченные. По морфологическим особенностям племена сакского времени в целом напоминали расы Среднеазиатского междуречья. (Исмагулов, 1970:139)

Генетические данные аутосомной ДНК показали, что у образца таньшаньского сака 25,58% монголоидных генетических компонентов по

калькулятору проекта MDLP и 26,8% по калькулятору Harappa World (далее HW). Митохондриальная ДНК (МтДНК) — с восточно-евразийской гаплогруппой D4j8. Что доказывает, поменьше мере, родство с монголоидными группами по материнской линии. Однако, гаплогруппа ДНК Y-хромосомы, в отличие от известных нам гаплогруппам бронзового века андроновцев (Kaiser C., 2009) — отличается, что указывает, что со времен бронзового века были миграции скорей всего и из юга, либо запада. Что способствовало появлению в степной зоне гаплогруппы J-Y14698. Сармат же в отличие от тяньшаньского сака имеет значительно меньше монголоидных компонентов (MDLP=13,83%; HW=9,54%), которые вошли скорей всего не с монголоидными группами, а на основе родства с восточными племенами, в частности с саками.

Хуннский период

Хуннский период на территории Казахстана начинается практически с начало появления государства Хунну в монгольских степях (III-II в. до н. э.). В частности это проявлялось в политических связях с усунями. Но первое переселение и тесные родственные контакты произошли во второй половине I века до н.э. входе междоусобных войн двух хуннских шаньюев Хуханье и Чжичжи. Первый, из которых получил поддержку со стороны Китая, а второй, опасаясь внезапного нападения могущественного теперь Хуханье, ищет спасения в бегстве на запад, путь куда лежал через территорию усуней. (История Казахстана, 2010: 248).

По палео-антропологическим данным, в усуньское время заметно усилилась примесь монголоидных элементов. Древнеказахстанский тип подвергся дальнейшей метисации. Это произошло вследствие продвижения гуннов, которые во II в. до н. э. достигли территории Средней Азии и Казахстана. На основе имеющихся фактов, на наш взгляд, должно быть пересмотрено традиционное мнение о связи пер-

вой волны монголоидов с вторжением гуннов на территорию Казахстана и Средней Азии. За усуньское время произошел ощутимый сдвиг в сторону монголоидности морфологических особенностей местных племен. Несколько изменилось строение носовой области, ширина и уплощенность лица. Об усилении монголоидной примеси говорят средние данные по индексу уплощенности лица, который увеличился по сравнению с этим индексом у сакских племен примерно на 13%. Следовательно, племена

усуньского времени в своем антропологическом облике имели несколько больше монголоидных элементов, чем их предшественники. Морфологические различия между ними могут быть проиллюстрированы следующим образом. Если племена сакского этапа в антропологическом отношении напоминали современных узбеков без родовых делений, то племена усуньского времени по типу были сходны с узбеками, сохранившими родовое деление (Исмагулов, 1970: 139-140).

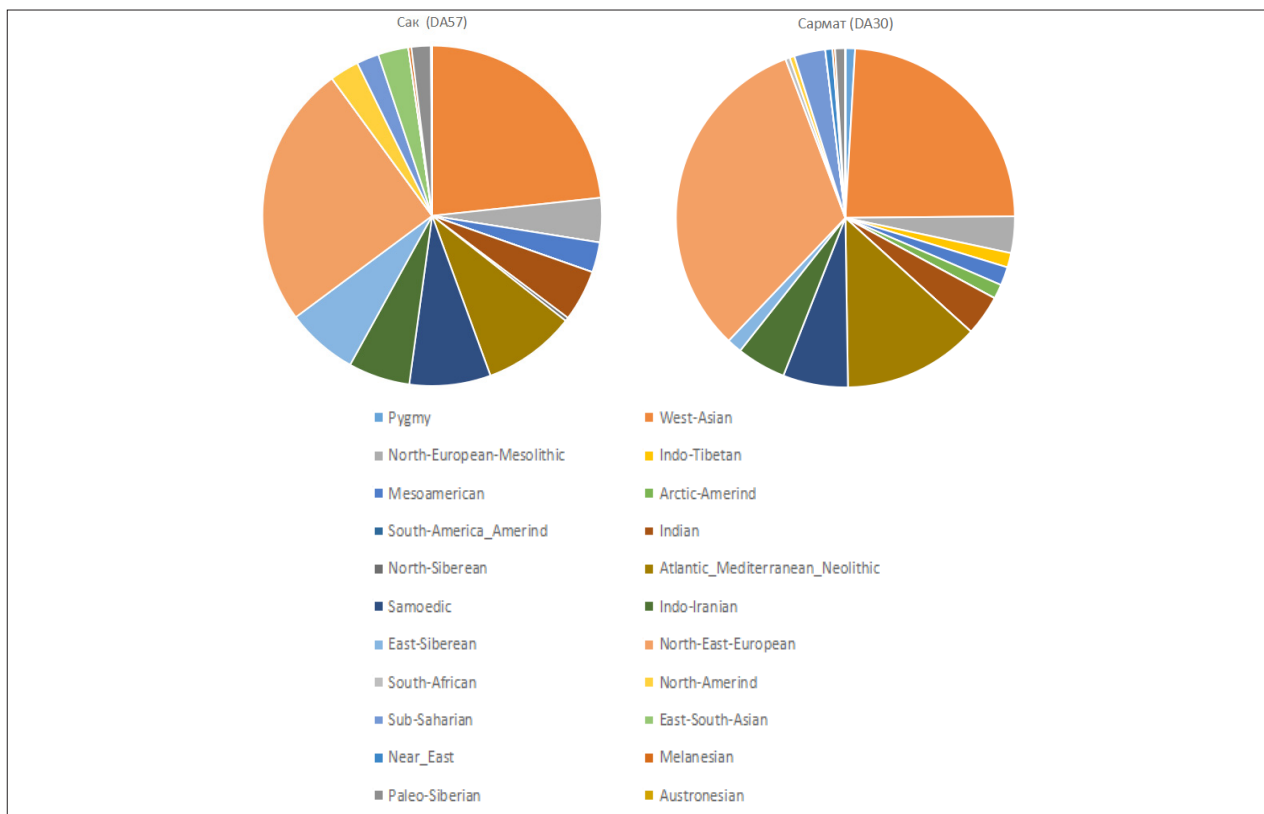


Рисунок 1 – Диаграммы аутосомных компонентов у сака и сармата по калькулятору проекта MDLP

Генетические данные аутосомной ДНК показали, что у образца усуня (женский) MDLP=31,09%, HW=21,86% монголоидных компонентов. Это на 5-7% больше чем у сака. МтДНК так же относится к восточно-евразийской гаплогруппе С4а1а. Образец кангюя (женский) показал очень низкий процент монголоидных компонентов MDLP=10,71%, HW=5,45%, что указывает на малую долю родственных контактов с хунну. МтДНК у кангюя относится к западно-евразийской гаплогруппе Н6а1а. Образцы двух тянь-шаньских хуннов, достаточно противоречивы. В частности один из них (образец DA65) имеет ДНК Y-хромосомы га-

плогруппу E-Y37003 и мтДНК гаплогруппу N9a9. Что не являются восточно-евразийскими гаплогруппами, но при этом он имеет монголоидные компоненты MDLP=38,76%, HW=33,42%. Таким образом, данный хуннский образец, показывает, как может меняться отцовская и материнская линия, через несколько поколений, но при этом относится к народу не по прямой генеалогической линии. Второй образец имеет восточно-евразийскую гаплогруппу Q-L713 в Y-хромосоме и западно-евразийскую мтДНК гаплогруппу H7b. Процент монголоидных компонентов MDLP=51,65%, HW=38,59%.

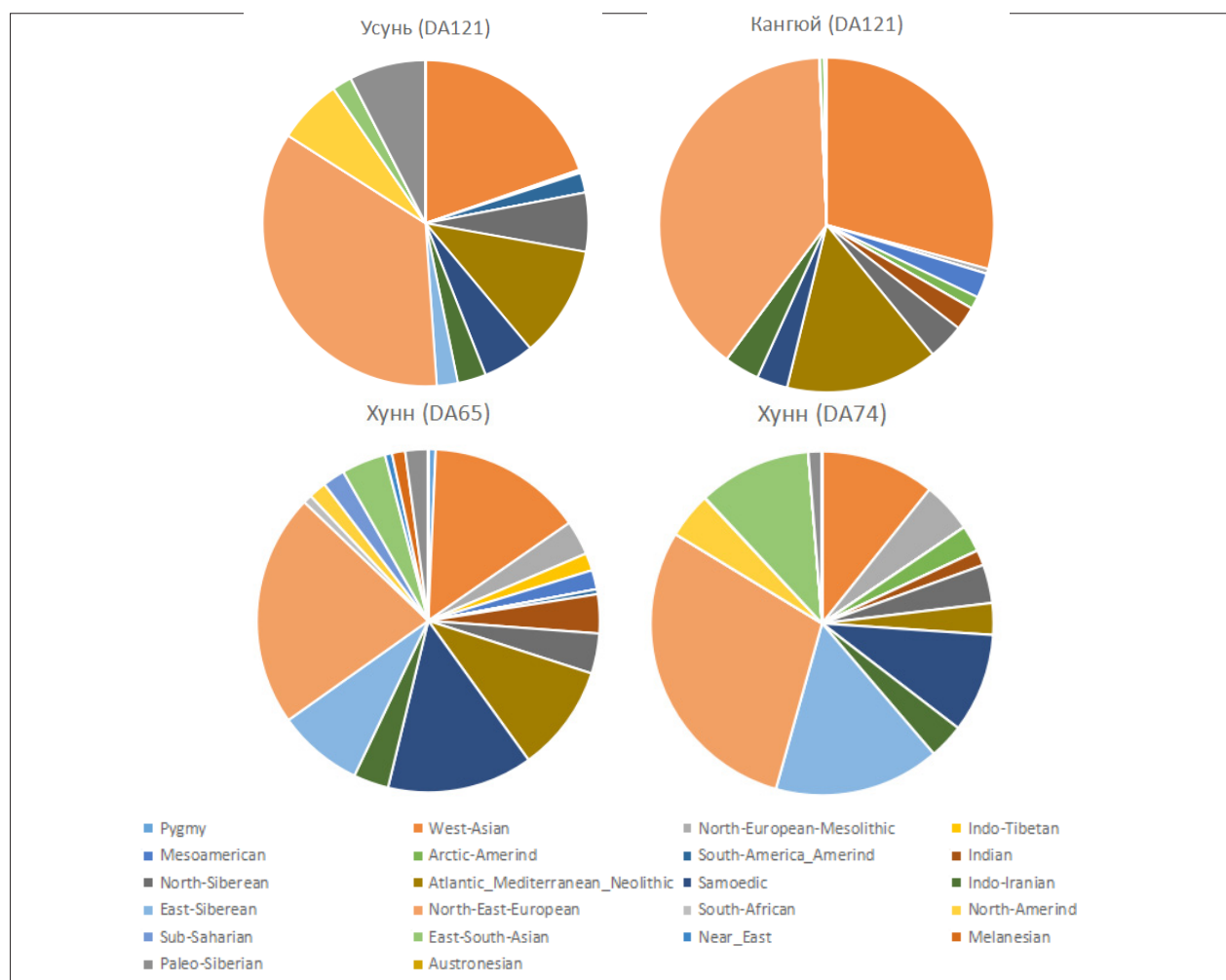


Рисунок 2 – Диаграммы аутосомных компонентов у усуня, кангюя и хуннов по калькулятору проекта MDLP

Тюркский период

Согласно палеоантропологическим данным, данный период был насыщен многочисленными народными переселениями, в результате которых в физическом типе коренных насельников Казахстана еще более ослабились европеоидные черты и усилилась монголоидность. Это очень заметно при сопоставлении средних величин черепов тюркского и усуньского времени. Однако по всем ведущим расовым признакам первого порядка население тюркского времени обнаруживает генетическую преемственность с населением предшествующего времени. Это в известной мере подкрепляется и археологическими данными. Изменения морфологического облика населения выразились главным образом в усилении монголоидных черт. В этом убеждает прежде всего рост высотных и широтных размеров лица, степень уплощенности в горизонтальной плоскости, а также уменьшение выступания пе-

реносья, угла выступания носа и некоторые другие признаки. Согласно средним данным индексов, степень уплощенности лица стала больше примерно на 13%. Однако на обширной территории Казахстана степень участия монголоидных групп в формировании антропологического состава населения тюркского времени была неодинаковой (Исмагулов, 1970: 140).

Генетический анализ также фиксирует неоднородность монголоидных компонентов в данном периоде. В частности заметен высокий монголоидный компонент у тюркских племен Тянь-Шаня, а точнее, в Иссык-кульской области Кыргызстана (Боз-Адыр и Кызыл Туу). В данном регионе общекомпонентный состав аутосомной ДНК стал схожим с казахским. Тогда как в северо-восточном и в южном Казахстане региональные компоненты имеют уникальную структуру, но схожие по проценту общемонголоидных компонентов.

Образец тюрка в Южно-Казахстанской области, обращает на себя внимание, прежде всего своей ДНК Y-хромосомы, гаплогруппа которой O-F714. Что больше соответствует китайцам, нежели степным племенам. Однако, если обратиться к истории хуннского периода, то были прецеденты когда китайцы уходили к хуннам. (Ивик О. Ключков В. 2014: 70). И в данном случае, не смотря на мужскую генеалогическую линию, данный тюрк по аутосомам даже имея относительно высокий

процент компонентов юго-восточной Азии, не соответствует китайцам, общемонголоидный компонент, которого составляет MDLP=46,77%, HW=40,88%, а МтДНК имеет восточно-евразийскую гаплогруппу A15с. Тюрк Тянь-Шаня 5 века имеет монголоидные компоненты MDLP=68,2%, HW=57,36%, другой тюрк уже 7 века имеет монголоидные компоненты MDLP=60,9%, HW=50,38%. Кимаки 7 века имеют монголоидные компоненты MDLP=48,46%, HW=39,36%.

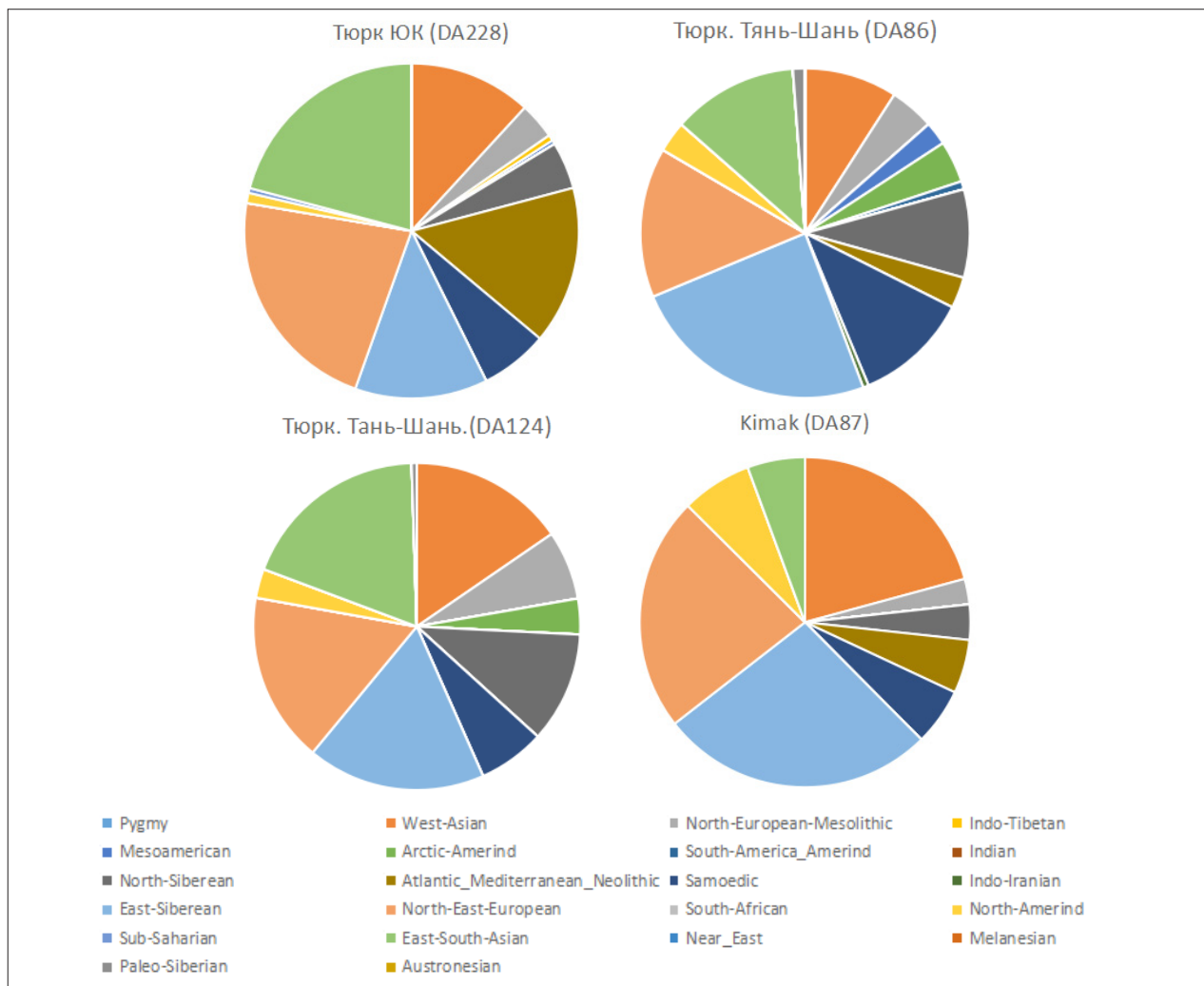


Рисунок 3 – Диаграммы аутосомных компонентов у тюрков ЮК, Тянь-Шаня, и Кимака по калькулятору проекта MDLP

Домонгольский период

Домонгольский период ознаменован, прежде всего, с появлением на территории Казахстана кипчакских племен, переселением с восточной Азии монголызычных кочевников и метисацией с местным населением, генофонд

которого сложился еще в тюркский период, но все еще был неоднородным. Появление на территории Казахстана каракиданей увеличило монголоидные компоненты в таньшаньском регионе и в северном Кыргызстане. После падение уйгурского каганата, восточноазиатские

племена примкнули к племенам восточного Казахстана, что послужило появлению кимакского каганата. Так как этот период наиболее важен для казахского генофонда, каждый, как мы полагаем, ключевой палео образец дДНК мы проанализируем отдельно.

Кипчак

Палео образец кипчака DA23 был взят из захоронения в Кустанайской области (Лисаковск, курган «кипчакский»), и датирован радиоуглеродным методом, возраст которого составил 920+-25 лет (~12 век).

Гаплогруппа ДНК Y-хромосомы имеет восточно-евразийское происхождение, субклад которого уже не встречается в восточной Азии. В филогенетическом древе данную ветвь отмечают как C2b1a4 или C-F9992 (ISOGG). Однако, из образца можно выделить еще одну терминальную ветвь, которая имеет общие мутации ZQ354, Z30635, Z30637 с современным образцом словака. Современные люди с гаплогруппой C-F9992 встречаются в основном в Европе. И если про-

анализировать STR гаплотипы данной гаплогруппы, то можно выделить два типа. Один, из которых имеют на локусе DYS385 значения 11-14, а второй 13-13. В данном случае у словака второй тип, можно предположить, что носители второго типа, вероятней всего будут той же общей с кипчаком ветви, что и словак. Тем самым можно сделать вывод, что в Европе носители гаплогруппы C- ZQ354 являются прямыми потомками средневековых кипчаков. На данный момент, второй тип гаплотипа замечен у одного словака, балкарца и у немца (Генетический проект гаплогруппы C-M217).

Гаплогруппа мтДНК так же является восточно-евразийской F1b1b, которая встречается и у казахов, и свойственна как восточной Азии, так и центральной.

Монголоидные компоненты из аутосомной ДНК составили по MDLP = 70,84%, HW=63,27%.

Оракулы проектов показали, что наиболее генетически близкие к кипчаку из современных народов – алтайцы, хакасы и казахи.

Таблица 2 – Результаты проектных оракулов аутосомной ДНК палео образца кипчака на предмет генетического родства к современным этносам

MDLP World-22			HarappaWorld		
#	Population (source)	Distance	#	Population (source)	Distance
1	Altaic (derived)	8.18	1	altaian (rasmussen)	10.97
2	Hakas (derived)	9.16	2	kazakh (harappa)	11.18
3	Kazakh (derived)	10.62	3	kyrgyz (xing)	13.83
4	Karakalpak (derived)	12.03	4	kyrgyz (hodoglugil)	14.98
5	Shor (derived)	13.03	5	mongolian(rasmussen)	20.87
6	Kyrgyz (derived)	14.54	6	tuvinian (rasmussen)	21.69
7	Tuva (derived)	20.26	7	uzbek (behar)	23.28
8	Uygur (derived)	20.75	8	hazara (hgdp)	23.54
9	Bashkir (derived)	20.94	9	uyghur (hgdp)	24.53
10	Hazara (derived)	21.09	10	buryat (xing)	26.17
11	Kalmyk (derived)	21.32	11	buryat (rasmussen)	26.52
12	Buryat (derived)	22.73	12	yukaghir (rasmussen)	26.7
13	Uzbek (derived)	22.77	13	selkup (rasmussen)	28.88
14	Mongol (derived)	23.65	14	ket (rasmussen)	31.27
15	Nivhi (derived)	23.79	15	oroqen (hgdp)	32.2
16	Yukagir (derived)	24.22	16	chuvash (behar)	37.91
17	Tatar_Lithuania (derived)	28.51	17	dolgan (rasmussen)	38.02
18	Ste7 (derived)	28.65	18	daur (hgdp)	39.87
19	Dolgan (derived)	30.12	19	nogai (yunusbayev)	40.36
20	Oroqen (derived)	30.99	20	hezhen (hgdp)	40.53



Рисунок 4 – Пластическая реконструкция лица по черепу из кургана «кипчакский». Автор Г.В. Лебединская. (Памятники Лисаковской округи, 2013)

Кимаки

Палео образец кимака DA93, был взят из захоронения в Павлодарской области аула Караоба, и датирован радиоуглеродным методом, возраст которого составил 1203 +/- 50 года (~9 век). Так как данное захоронение было грабленое, в связи с чем, культура данного номада археологами не была идентифицирована. Но на основе территориального захоронения – у реки Иртыш и датировки, его можно идентифицировать как кимака.

ДНК Y-хромосомы у данного образца имеет гаплогруппу R1b-Y14051, субклад которого встречается в основном в центральной Азии. Среди казахов данный субклад имеет род кара-кипчак. МтДНК относится к восточно-евразийской гаплогруппе D4j8 (такая же, как у сака DA57).

Монголоидные компоненты MDLP=69,81%, HW=58,47%. Оракулы проектов показали, что наиболее генетически близкие к кимаку из современных народов – хакасы, шорцы и алтайцы.

В разделе тюркского периода мы уже рассматривали образец раннего кимака (DA87), у которого гаплогруппа Y-хромосомы такая же как у данного кимака. Однако, если рассмотреть монголоидные компоненты в аутосомной ДНК, то они возросли за 2 века (с 7 века по 9 век) на 19-22%. Данные показатели хорошо согласовываются с классической историей кимаков. Где говорится, что ранний этап истории кимаков был связан с племенем яньмо, отмеченным в китайских источниках в связи с событиями VII века

в западнотюркской среде. Синологи отождествляют яньмо с племенем йемек (имек), которое, как считают большинство исследователей, фонетической разновидностью имени кимек. Яньмо, одно из телеских племен, в начале VII в. обитало в бассейне Кобдо, в северозападной Монголии. К середине VII века имеки (кимаки) откочевали в район севернее Алтайских гор и в Прииртышье.

После распада в 840 г. Уйгурского каганата в Центральной Монголии, часть входивших в него племен (эймур, баяндур, татар) присоединилось к ядру кимекского объединения. Именно в это время складывается кимацкая федерация в составе семи племен (История Казахстана, 2010: 322). Обобщая данную тему племен пришедших в Прииртышье, можно рассмотреть версию С.А. Ахинжанова, где основываясь на известии Тамима ибн Бахра, определил первоначальное местообитания кимаков под именем кумоси в Восточной Монголии и Западной Маньчжурии по соседству с киданями. Обитая на территории, населенной преимущественно народами монгольского этнического круга, кумоси были, по всей вероятности, нетюркоязычны (Ахинжанов, 1995: 118).

Таким образом, можно сделать вывод, что в 9-10 веке, восточные, вероятней всего даже монголоязычные племена, переселяются на территорию северо-востока Казахстана, в связи с чем на данной территории за столь непродолжительное время увеличиваются монголоидные компоненты в генофонде.

Таблица 3 – Результаты проектных оракулов по ауtosомной ДНК палео образца кимака на предмет генетического родства к современным этносам

MDLP World-22			HarappaWorld		
#	Population (source)	Distance	#	Population (source)	Distance
1	Hakas (derived)	8.02	1	kazakh (harappa)	16.9
2	Shor (derived)	8.34	2	altaian (rasmussen)	17.97
3	Altaic (derived)	14.47	3	kyrgyz (xing)	20.1
4	Bashkir (derived)	14.68	4	kyrgyz (hodoglugil)	21.65
5	Kazakh (derived)	16.46	5	uzbek (behar)	23.4
6	Karakalpak (derived)	16.71	6	selkup (rasmussen)	25.51
7	Kyrgyz (derived)	20.64	7	hazara (hgdp)	25.94
8	Uyгур (derived)	23.21	8	uyghur (hgdp)	26.72
9	Hazara (derived)	23.22	9	yukaghir (rasmussen)	27.91
10	Uzbek (derived)	23.93	10	tuvinian (rasmussen)	28.02
11	Tuva (derived)	25.94	11	mongolian(rasmussen)	28.54
12	Kalmyk (derived)	27.98	12	ket (rasmussen)	29.23
13	Tatar_Lithuania (derived)	28.2	13	chuvash (behar)	31.72
14	Yukagir (derived)	28.56	14	buryat (xing)	33.22
15	Nenets (derived)	29.02	15	buryat (rasmussen)	33.33
16	Ste7 (derived)	29.15	16	nogai (yunusbayev)	38.16
17	Buryat (derived)	29.63	17	tajik (yunusbayev)	38.39
18	Mari (derived)	29.95	18	dolgan (rasmussen)	39.83
19	Mongol (derived)	30.4	19	oroqen (hgdp)	39.94
20	Nivhi (derived)	30.77	20	turkmen (yunusbayev)	40.93

Караханид

Палео образец караханида DA205, был взят из археологического комплекса Булак-I, который расположен к юго-востоку от города Алматы. Расчетный возраст примерно 1000-700 лет.

Данный образец является женским, связи с чем, гаплогруппу Y- хромосомы, конкретного образца, определить невозможно. Но по мужским образцам данного археологического комплекса, можно сделать вывод, что караханиды данного региона имели гаплогруппу J-Y14698, такую же как и у тяньшанских саков. Что делает данных караханидов потомками саков по прямой мужской линии. МтДНК рассматриваемого нами образца имеет западно-евразийскую гаплогруппу J1c. Монголоидные компоненты в ауtosомной ДНК MDLP=65,15%, HW=56,5%. Оракулы проектов показали, что наиболее генетически близкие к караханиду из современных народов – казахи, каракалпаки и киргизы.

В образовании и ранней истории Караханидского государства наибольшую роль сыграли

племена карлукской конфедерации, куда наряду с карлуками входили чигили и ягма. В X веке часть ягма вместе с карлуками обитала в Семиречье, к югу от Нарына. Позднее, в XI веке ягма жили гораздо севернее – в долине Или. В этой же долине расселились чигили, прикочевавшие из северных районов Прииссыкуля. Чигилей имелось несколько групп, локализовавшихся близ Тараза, в Куябе, за Барсханом, в селении Чигиль и т.д.

Образование государства Караханидов связано с политическими событиями, происходившими на обширной территории от Семиречья до Испиджаба на западе и до Кашгара на востоке, а так же с распадом Карлукского каганата (История Казахстана, 2010: 398).

Палео образец тянь-шаньского номада DA106 был взят из захоронения Боз-Адыр, в Иссыкульской области Кыргызстана, и датирован радиоуглеродным методом, возраст которого составил 833+- 34 года (~12 век).

Таблица 4 – Результаты проектных оракулов аутосомной ДНК палео образца караханида на предмет генетической родства к современным этносам

MDLP World-22			HarappaWorld		
#	Population (source)	Distance	#	Population (source)	Distance
1	Karakalpak (derived)	8.59	1	kazakh (harappa)	6.32
2	Kazakh (derived)	10.44	2	kyrgyz (xing)	9.93
3	Kyrgyz (derived)	13.25	3	kyrgyz (hodoglugil)	11.3
4	Uygur (derived)	13.26	4	hazara (hgdp)	13.54
5	Altaic (derived)	13.96	5	uzbek (behar)	14.09
6	Hazara (derived)	13.99	6	uyghur (hgdp)	14.81
7	Uzbek (derived)	15.36	7	altaian (rasmussen)	15.1
8	Hakas (derived)	16.17	8	mongolian(rasmussen)	21.04
9	Shor (derived)	18.53	9	tuvinian (rasmussen)	26.63
10	Kalmyk (derived)	23.27	10	buryat (xing)	28.77
11	Bashkir (derived)	23.5	11	buryat (rasmussen)	30.05
12	Tuva (derived)	24.27	12	nogai (yunusbayev)	33.15
13	Mongol (derived)	24.93	13	tajik (yunusbayev)	33.86
14	Turkmen (derived)	25.95	14	oroqen (hgdp)	33.99
15	Buryat (derived)	26.2	15	turkmen (yunusbayev)	34.33
16	Nogai (derived)	27.26	16	yukaghir (rasmussen)	34.68
17	Nivhi (derived)	29.06	17	selkup (rasmussen)	37.17
18	Tatar_Lithuania (derived)	29.33	18	daur (hgdp)	38.44
19	Ste7 (derived)	30.1	19	hezhen (hgdp)	39.13
20	Yukagir (derived)	31.05	20	ket (rasmussen)	39.47

Тань-шаньский номад

Гаплогруппа ДНК Y-хромосомы имеет восточно-евразийское происхождение. Субклад которого C-Y12825. Данный субклад встречается у казахов, в частности у рода Алшын (Алимулы, Байулы), младшего жуза, а так же у рода Ергенекты Найман, среднего жуза. В связи с плохим прочтением дДНК, опреде-

лить конкретный субклад, оказалось невозможным. Гаплогруппа мтДНК восточно-евразийская C4b1a. Монголоидные компоненты по аутосомной ДНК MDLP=75,48%, HW=67,74%. Оракулы проектов показали, что наиболее генетически близкие к тань-шаньскому номаду из современных народов – алтайцы, казахи и киргизы.

Таблица 5 – Результаты проектных оракулов аутосомной ДНК палео образца тань-шаньского номада на предмет генетического родства к современным этносам

MDLP World-22			HarappaWorld		
#	Population (source)	Distance	#	Population (source)	Distance
1	Altaic (derived)	8.79	1	kazakh (harappa)	7.5
2	Kazakh (derived)	12.25	2	altaian (rasmussen)	7.63
3	Hakas (derived)	13.34	3	kyrgyz (xing)	7.68
4	Kyrgyz (derived)	13.49	4	kyrgyz (hodoglugil)	8.28

	MDLP World-22			HarappaWorld	
5	Tuva (derived)	15.54	5	mongolian(rasmussen)	13.65
6	Karakalpak (derived)	15.63	6	tuvinian (rasmussen)	17.89
7	Shor (derived)	16.88	7	buryat (xing)	20.45
8	Kalmyk (derived)	17.49	8	buryat (rasmussen)	21.46
9	Mongol (derived)	19.52	9	hazara (hgdp)	21.57
10	Buryat (derived)	19.94	10	uyghur (hgdp)	22.44
11	Uygur (derived)	22.24	11	uzbek (behar)	23.09
12	Hazara (derived)	23.89	12	oroqen (hgdp)	25.83
13	Oroqen (derived)	24.75	13	yukaghir (rasmussen)	29.3
14	Nivhi (derived)	25.09	14	daur (hgdp)	33.05
15	Yukagir (derived)	25.96	15	hezhen (hgdp)	33.91
16	Bashkir (derived)	26.37	16	selkup (rasmussen)	34.55
17	Uzbek (derived)	26.88	17	ket (rasmussen)	35.71
18	Dolgan (derived)	28.96	18	mongola (hgdp)	36.81
19	Ste7 (derived)	30.67	19	dolgan (rasmussen)	38.75
20	Hezhen (derived)	32.15	20	nogai (yunusbayev)	39.84

Монгольский период

Монгольский период на территории Казахстана начался после завоевания монголами Чингисхана государств кереитов и найманов. Поход начался в сентябре 1219 г. с берегов Иртыша. Судя по данным источников, Чингисхан вел войска от Иртыша до Сырдарьи тем же путем, что и прежние завоеватели, – через Семиречье. При походе к Отырару Чингисхан оставил для осады войска под началом сыновей Чагатая и Угедея, Джучи-хана отправил к низовьям Сырдарьи – на города Дженд и Янгикент, третий отряд пошел покорять города в верховьях Сырдарьи, а сам с основными силами пошел на Бухару.

30-тысячный корпус под командованием полководцев Джэбэ-нойона и Субэдэй-нойона, выступив из Северного Ирана, в 1220 г. вторгся на Кавказ и, разбив аланов, кыпчаков (половцев в русских летописях) и русских на реке Калке, разорив южные окраины русских земель, через степи современного Казахстана (Восточный Дешт-и-Кыпчак) вернулся в 1224 г. в орду Чингисхана на Иртыш. Таким образом, в результате нашествия монголов 1219-1224 гг. Казахстан и Средняя Азия вошли в состав империи Чингисхана. (История Казахстана, 2010: 443-444). Большая часть территории Казахстана войдет в Улус

Джучи, в истории данный улус так же известен как Золотая Орда.

Монгол Золотой Орды. Палео образец средневекового монгола DA28 был взят из месторождения Карасуыр, в горах Улытау в Карагандинской области. Датировка радиоуглеродным методом показала, что возраст захоронения 707±44 года (~14 век). ДНК Y-хромосомы относится к гаплогруппе C-Y4580 или C-F9700. Это один из субкладов который называют Starcluster или гаплотип Чингисхана. Согласно статье Фунданского университета по данному субкладу гаплогруппа C-F9700 имеет две ветви: первая C-F9747 которая встречается в основном у монголов из племени баргут и у бурят, и вторая C-Y4541 встречается в большей степени у тюркоязычных народов центральной Азии, в том числе и у казахов. (Lan-Han Wei, 2018) Однако, у данного средневекового монгола Золотой Орды, третья ветвь (имеет свои приватные мутации), которая на данный момент не найдена у современных народов, и вероятней всего является тупиковой ветвью. МтДНК имеет восточно-евразийскую гаплогруппу D4m2. Монголоидные компоненты аутосомной ДНК MDLP=99,09%, HW=97,37%. Оракулы проектов показали, что наиболее генетически близкие к средневековому монголу из современных народов – буряты.

Таблица 6 – Результаты проектных оракулов аутосомной ДНК палео образца средневекового монгола на предмет генетического родства к современным этносам

MDLP World-22			HarappaWorld		
#	Population (source)	Distance	#	Population (source)	Distance
1	Buryat (derived)	9.98	1	buryat (rasmussen)	6.42
2	Oroqen (derived)	12.22	2	buryat (xing)	8.12
3	Tuva (derived)	13.8	3	tuvinian (rasmussen)	11.02
4	Mongol (derived)	16.2	4	oroqen (hgdp)	13.25
5	Kalmyk (derived)	16.47	5	mongolian(rasmussen)	18.67
6	Yakut (derived)	17.82	6	altaian (rasmussen)	21.76
7	Evenk (derived)	23.46	7	yakut (hgdp)	26.88
8	Dolgan (derived)	24.96	8	kyrgyz (hodoglugil)	28.15
9	Altaic (derived)	25.04	9	kyrgyz (xing)	28.87
10	Daur (derived)	25.65	10	daur (hgdp)	30.18
11	Kyrgyz (derived)	26.36	11	dolgan (rasmussen)	30.72
12	Hezhen (derived)	26.78	12	hezhen (hgdp)	31.43
13	Nivhi (derived)	27.68	13	kazakh (harappa)	31.82
14	Even (derived)	29.62	14	yukaghir (rasmussen)	32.32
15	Kazakh (derived)	30.08	15	evenki (rasmussen)	33.47
16	Mongola (derived)	31.67	16	mongola (hgdp)	39.14
17	Hakas (derived)	32.91	17	ket (rasmussen)	39.91
18	Shor (derived)	34.88	18	xibo (hgdp)	42.89
19	Karakalpak (derived)	34.91	19	selkup (rasmussen)	43.28
20	Xibo (derived)	38.64	20	hazara (hgdp)	43.35

Общеконпонентный анализ аутосомной ДНК население домонгольского и монгольского периода в сравнении с генетическими компонентами современных казахов

Результаты двух используемых нами проектных калькуляторов и их оракулов на предмет генетического родства, показал – что в домонгольский период на территории Казахстана и смежных регионов жило население близкое по своему антропологическому типу и генофонду к современным казахам (Рисунок 5). Но при этом, по общим монголоидным компонентам домонгольское населения в своем генофонде имело на 3-12% больше чем у современных казахов (Таблица 8). В связи с чем, оракулы проектов домонгольское население Казахстана и смежных регионов роднит больше к алтайским народам, с которыми казахи так же имеют генетическое

родство. Если оракул проекта MDLP показывает, что относительно близкое родство к казахам имеет кипчак и караханид, то оракул проекта Harappa World буквально указывает практически идентичность к казахам тянь-шаньского номада и караханида (Таблица 7).

Таблица 7 – Результаты оракулов проектов на предмет генетического родства средневековых племен к современным казахам по аутосомной ДНК

Народ/Племя	Оракул MDLP-22, дистанция	Оракул Harappa World, дистанция
Кипчак	10,62	11,18
Кимак	16,46	16,9
Караханид	10,44	6,32
Номад Т/Ш	12,25	7,5
Монгол З/О	30,08	31,82

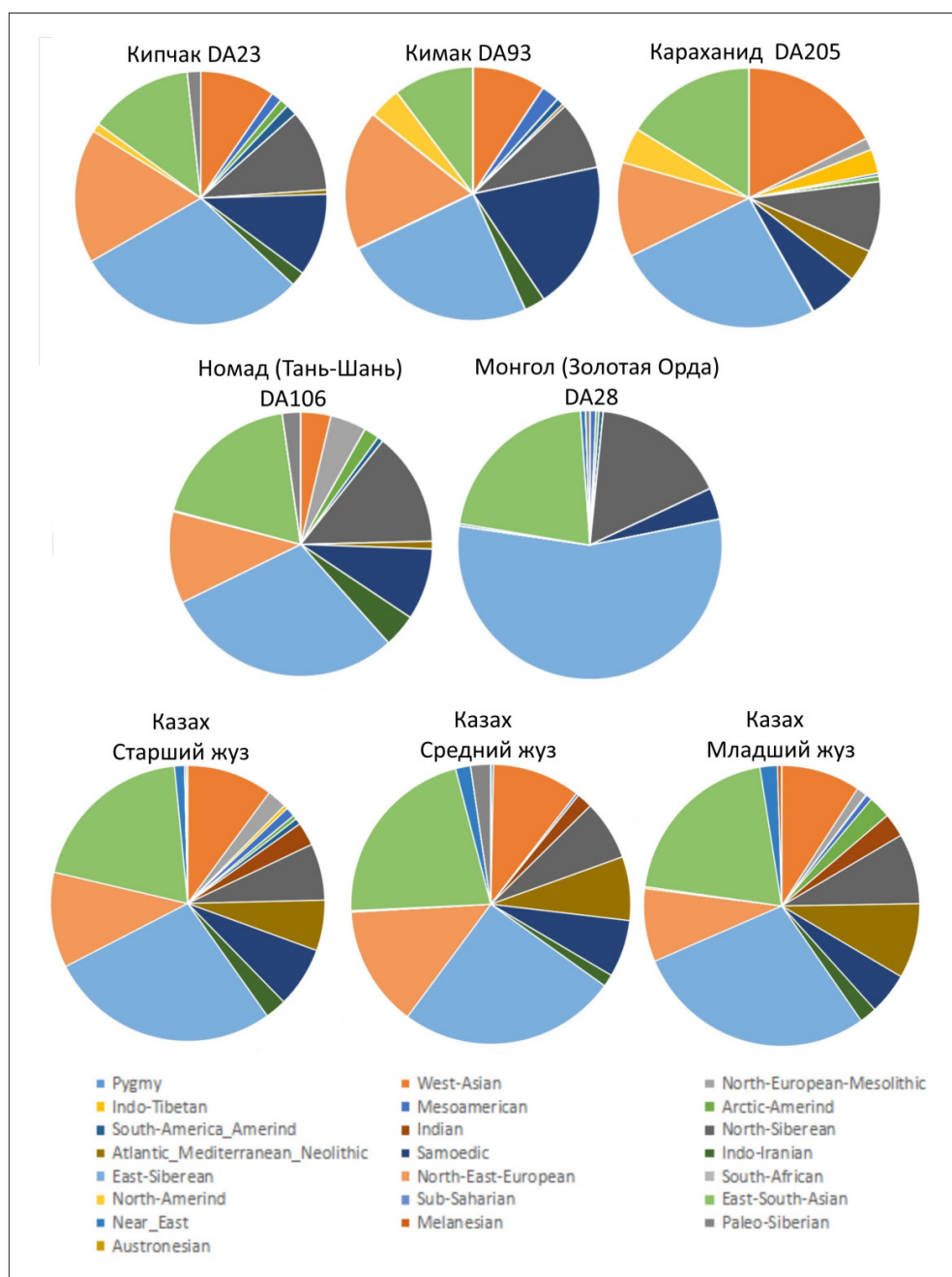


Рисунок 5 – Сравнение общих компонентов аутосомной ДНК казахов трех жузов с племенами домонгольского и монгольского периодов в диаграммах.

Заключения и выводы

В сакский период, происходили первые контакты с восточными племенами, в связи с чем, у сака-скифских племен монголоидные компоненты в генофонде составили в среднем 20%. Однако, они не были однородными и убывали с востока на запад.

В хуннский период, произошли массовые переселения, в связи с междоусобными войнами

между восточными племенами. Однако, по всей видимости хуннских племен было значительно меньше автохтонного населения, проживавших на территории современного Казахстана, в связи с чем монголоидных компонентов увеличилось лишь на 10-15%, составив в среднем 28-35%. Однако, население было неоднородным по общим компонентам аутосомной ДНК, даже учитывая лишь племена тянь-шаньского региона и южного Казахстана.

Таблица 8 – Общая таблица со всеми образцами и расчетами монголоидных компонентов в аутосомной ДНК

Периоды	Номер	Народ/Племя	Возраст образца	Y-DNA	MtDNA	Mongoloid % MDLP-22	Mongoloid % Harappa World	Mongoloid % Средний	Общий средний %
Сакский период	DA57	Сак (Т-Ш)	2099+-32	J-Y14698	D4j8	25,58%	26,80%	26,19%	18,94%
	DA30	Сармат	2013+-32	I-S17511	U4a2	13,83%	9,54%	11,69%	
Хуннский период	DA201	Усунь	2005	женский	C4a1a	31,09%	21,86%	26,48%	28,30%
	DA121	Канглы	1687 +-37	женский	H6a1a	10,71%	5,45%	8,08%	
	DA65	Хун (Т-Ш)	1629 +- 40	E-Y37003	N9a9	38,76%	33,42%	36,09%	
	DA74	Хун (Т-Ш)	1624+-46	Q-L713	H7b	51,65%	38,59%	42,54%	
Тюркский период	DA86	Тюрк (Т-Ш)	1582+-42	Q-L715	C4b1	68,20%	57,37%	62,79%	51,54%
	DA228	Тюрк (ЮК)	1400-1100	O-F714	A15c	46,77%	40,88%	43,83%	
	DA87	Кимак	1352+-45	R-Y14051	A2f2	48,46%	39,36%	43,91%	
	DA124	Тюрк (Т-Ш)	1332 +-32	J-PF4993	H26b	60,90%	50,38%	55,64%	
Домонгольский период	DA93	Кимак	1203 +-50	R-Y14051	D4j8	69,81%	58,47%	64,14%	65,92%
	DA205	Караханид	1000-700	женский	J1c	65,15%	56,50%	60,83%	
	DA23	Кипчак	920+-25	C-Y11990	F1b1b	70,84%	63,27%	67,10%	
	DA106	Тюрк (Т-Ш)	833+-34	C-Y12825	C4b1a	75,48%	67,74%	71,61%	
Монгольский период	DA28	Монгол (З-О)	707+-44	C-Y4580	D4m2	99,09%	97,39%	98,24%	98,24%
		Старший жуз	modern			63,96%	60,95%	62,50%	62,76%
Современные казахи		Средний жуз	modern			63,54%	59,17%	61,40%	
		Младший жуз	modern			65,66%	63,12%	64,39%	

В тюркский период, с появлением союза племен произошли так же массовые переселения. В связи с чем, монголоидных компонентов увеличилось на 25%, составив в среднем 46-55%. Если в восточном и южном Казахстане общемонголоидные компоненты в генофонде имели примерно одинаковый процент, то в тянь-шаньском регионе его уровень доходил практический к тому же уровню, что у современных казахов.

В домонгольский период, на территории Казахстана появились кипчакские племена. А с падением уйгурского каганата в 9 веке, на территорию восточного Казахстана мигрировали племена с восточной Монголии (вероятно даже, что часть их были монголоязычными), которые стали основоположниками Кимакского каганата. В 12 веке после падения киданской империи Ляо, часть киданских племен мигрировала на территорию Семиречья.

Все эти миграции племен, по происхождению из восточной Азии, не могли не сказаться на генофонде населения, в частности роста монголоидных компонентов, которые увеличились от 15 до 25%. Средний процент который составил 66%.

В монгольский период, произошли большие завоевания и присоединения территории современного Казахстана к империи Чингисхана, в Улус Джучи, который в истории больше изве-

стен как Золотая Орда. Но, не смотря, на то, что палео образец монгола имеет почти 100% монголоидных генетических компонентов, на генофонд со времен домонгольского периода монголоидных компонентов не увеличилось. Даже напротив, они ослабели на 3-7%, если учитывать генофонд аутосомной ДНК у современных казахов (Рисунок 7). Вероятней всего, самих этнических средневековых монголов в Улусе Джучи было очень мало, и они попросту ассимилировались. Если обратиться к историческим источникам, то по сведенью Рашид-ад-Дина в Улус Джучи были пожалованы всего 4000 монголов (Рашид-ад-Дин, 1952:274), что вероятней всего, данное сообщение было ближе к истине.

Таким образом, можно сделать вывод, что генофонд генетических компонентов аутосомной ДНК, который по своей структуре был бы ближе к генофонду современных казахов, сложился еще в домонгольский период (9-12 вв.), на территории восточного и центрального регионов современного Казахстана, а так же в тянь-шаньском регионе Семиречья и Иссык-кульской области современного Кыргызстана. Однако, если учитывать общекомпонентные данные аутосомной ДНК у населения в домонгольский период, то в каждом регионе уровни тех или иных генетических компонентов имели свою уникальную структуру, что указывало на то что племе-

на данного периода жили обособленно. В монгольский же период, произошло объединение данных племен и племен западной части восточ-

ного Дешт-и-Кипчака, что способствовало к созданию генофонда аутосомной ДНК идентичной к генофонду современных казахов.

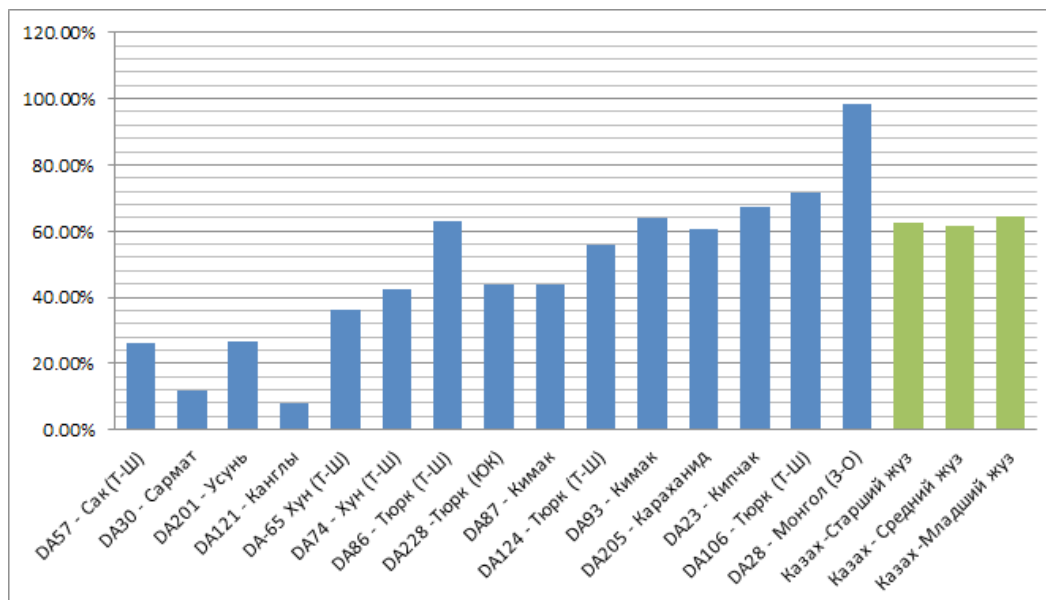


Рисунок 6 – Гистограмма уровней монголоидных компонентов по средним показателям двух калькуляторов

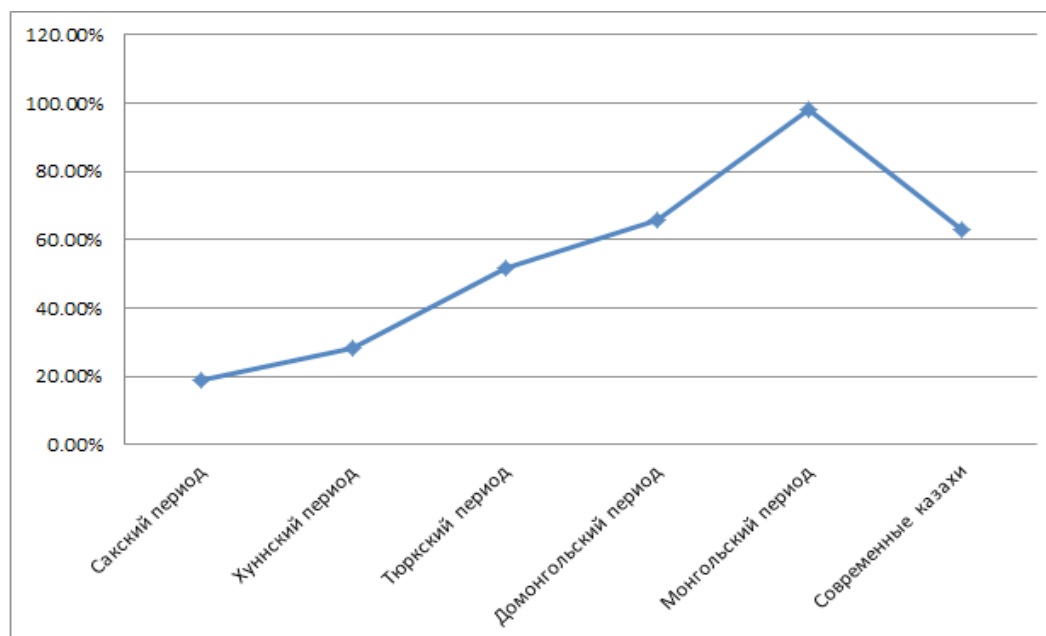


Рисунок 7 – График роста монголоидных компонентов в разных периодах

Литература

- Ахинжанов С.М. Кыпчаки в истории средневекового Казахстана. Издание исправленное. – Алматы «Гылым» 1995. – 296с.
 Генетический проект гаплогруппы C-M217 <https://www.familytreedna.com/public/C3?iframe=yresults>
 Ивик О., Ключников В. Сюнну, предки гуннов, создатели первой степной империи. Москва «Ломоносовъ» 2014. – 272с.
 Исмагулов О. Население Казахстана от эпохи бронзы до современности. (Палеоантропологическое исследование). – Алма-Ата «Наука» 1970. – 239с.
 ISOGG. Филогенетическое древо гаплогруппы C. https://isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpC.html
 История Казахстана (с древнейших времен до наших дней). В пяти томах. Т. 1. – Алматы «Атамұра» 2010. 544 с.
 Keyser C., Bouakaze C., Crubézy E., Nikolaev V., Montagnon D., Reis T., Ludes B. Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people. *Hum Genet.* 2009
 Lan-Hai Wei, Shi Yan, Yan Lu, Shao-Qing Wen, Yun-Zhi Huang, Ling-Xiang Wang, Shi-Lin Li, Ya-Jun Yang, Xiao-Feng Wang, Chao Zhang, Shu-Hua Xu, Da-Li Yao, Li Jin, Hui Li. Whole-sequence analysis indicates that the Y chromosome C2*- Star Cluster traces back to ordinary Mongols, rather than Genghis Khan. *European Journal of Human Genetics* 2018.
 Памятники Лисаковской округи: Археологические сюжеты. Караганда – Лисаковск. 2013.
 Peter de Barros Damgaard, Nina Marchi, Simon Rasmussen, Michaël Peyrot, Gabriel Renaud, Thorfinn Korneliussen, J. Víctor Moreno-Mayar, Mikkel Winther Pedersen, Amy Goldberg, Emma Usmanova, Nurbol Baimukhanov, Valeriy Loman, Lotte Hedeager, Anders Gorm Pedersen, Kasper Nielsen, Gennady Afanasiev, Kunbolot Akmatov, Almaz Aldashev, Ashyk Alpaslan, Gabit Baimbetov, Vladimir I. Bazaliiskii, Arman Beisenov, Bazartseren Boldbaatar, Bazartseren Boldgiv, Choduraa Dorzhu, Sturla Elingvag, Diimaajav Erdenebaatar, Rana Dajani, Evgeniy Dmitriev, Valeriy Evdokimov, Karin M. Frei, Andrey Gromov, Alexander Goryachev, Hakon Hakonarson, Tatyana Hegay, Zaruhi Khachatryan, Ruslan Khaskhanov, Egor Kitov, Alina Kolbina, Tabaldiev Kubatbek, Alexey Kukushkin, Igor Kukushkin, Nina Lau, Ashot Margaryan, Inga Merkyte, Ilya V. Mertz, Viktor K. Mertz, Enkhbayar Mijiddorj, Vyacheslav Moiyesev, Gulmira Mukhtarova, Bekmukhanbet Nurmukhanbetov, Z. Orozbekova, Irina Panyushkina, Karol Pieta, Václav Smrčka, Irina Shevnina, Andrey Logvin, Karl-Göran Sjögren, Tereza Štolcová, Kadicha Tashbaeva, Alexander Tkachev, Turaly Tulegenov, Dmitriy Voyakin, Levon Yepiskoposyan, Sainbileg Undrakhbold, Victor Varfolomeev, Andrzej Weber, Nikolay Kradin, Morten E. Allentoft, Ludovic Orlando, Rasmus Nielsen, Martin Sikora, Evelyne Heyer, Kristian Kristiansen & Eske Willerslev. 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature.* 2018.
 Рашид-ад-Дин. Сборник летописей. Т. 1. Книга первая. – Издательство академии наук СССР – Москва – Ленинград. 1952 – 281 с.

References

- Akhinzhonov S.M. Kypchaki v istorii srednevekovogo Kazakhstana. [Kypchaks in the history of medieval Kazakhstan] Izdanie ispravlenoe – Alamy, “Gylm” 1995. -296 s.
 Geneticheskiy proekt gaplogruppy C-M217 [Genetic project of haplogroup C-M217] <https://www.familytreedna.com/public/C3?iframe=yresults>
 Ivik O., Klyuchnikov V., Syunnu, predki gunnov, sozdateli pervoi stepnoi imperii. [Syunnu, the ancestors of the Huns, the creators of the first steppe empire] Moskva “Lomonosov” 2014. 272 s.
 Ismagulov O., Naselenie Kazakhstana ot epohi bronzy do sovremenosti. (Paleoantropologicheskoe issledovanie) [The population of Kazakhstan from the Bronze Age to the present. (Paleo Anthropological study).] – Alma-Ata “Nauka” 1970. -239 s.
 ISOGG. Filigeneticheskoe drevo gaplogruppy C. [Phylogenetic tree of haplogroup C] https://isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpC.html
 Istoriya Kazakhstana (s drevnih vremen do nashih dnei). [The history of Kazakhstan (from ancient times to our days)]. V pyati tomah. T.1. – Almaty “Atamura” 2010. 544 s.
 Keyser C., Bouakaze C., Crubézy E., Nikolaev V., Montagnon D., Reis T., Ludes B. Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people. *Hum Genet.* 2009
 Lan-Hai Wei, Shi Yan, Yan Lu, Shao-Qing Wen, Yun-Zhi Huang, Ling-Xiang Wang, Shi-Lin Li, Ya-Jun Yang, Xiao-Feng Wang, Chao Zhang, Shu-Hua Xu, Da-Li Yao, Li Jin, Hui Li. Whole-sequence analysis indicates that the Y chromosome C2*- Star Cluster traces back to ordinary Mongols, rather than Genghis Khan. *European Journal of Human Genetics* 2018.
 Pamyatniki Lisakovskoy okrugy: Archiologicheskije syuzhety.[Monuments of the Lisakovsk district: Archiological subjects]. Karagandy – Lisakovsk. 2013.
 Peter de Barros Damgaard, Nina Marchi, Simon Rasmussen, Michaël Peyrot, Gabriel Renaud, Thorfinn Korneliussen, J. Víctor Moreno-Mayar, Mikkel Winther Pedersen, Amy Goldberg, Emma Usmanova, Nurbol Baimukhanov, Valeriy Loman, Lotte Hedeager, Anders Gorm Pedersen, Kasper Nielsen, Gennady Afanasiev, Kunbolot Akmatov, Almaz Aldashev, Ashyk Alpaslan, Gabit Baimbetov, Vladimir I. Bazaliiskii, Arman Beisenov, Bazartseren Boldbaatar, Bazartseren Boldgiv, Choduraa Dorzhu, Sturla Elingvag, Diimaajav Erdenebaatar, Rana Dajani, Evgeniy Dmitriev, Valeriy Evdokimov, Karin M. Frei, Andrey Gromov, Alexander Goryachev, Hakon Hakonarson, Tatyana Hegay, Zaruhi Khachatryan, Ruslan Khaskhanov, Egor Kitov, Alina Kolbina, Tabaldiev Kubatbek, Alexey Kukushkin, Igor Kukushkin, Nina Lau, Ashot Margaryan, Inga Merkyte, Ilya V. Mertz, Viktor K. Mertz, Enkhbayar Mijiddorj, Vyacheslav Moiyesev, Gulmira Mukhtarova, Bekmukhanbet Nurmukhanbetov, Z. Orozbekova, Irina Panyushkina, Karol Pieta, Václav Smrčka, Irina Shevnina, Andrey Logvin, Karl-Göran Sjögren, Tereza Štolcová, Kadicha Tashbaeva, Alexander Tkachev, Turaly Tulegenov, Dmitriy Voyakin, Levon Yepiskoposyan, Sainbileg Undrakhbold, Victor Varfolomeev, Andrzej Weber, Nikolay Kradin, Morten E. Allentoft, Ludovic Orlando, Rasmus Nielsen, Martin Sikora, Evelyne Heyer, Kristian Kristiansen & Eske Willerslev. 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature.* 2018.
 Rashid-ad-Din. Sbornik letopisey.[Collection of the chronicles] T.1. Kniga pervaya. – Izdanie akademii nauk SSSR – Moskva – Leningrad. 1952 -281 s.