

РОДОВЫЕ ОБЪЕДИНЕНИЯ СЕВЕРО-ВОСТОЧНЫХ БАШКИР В СВЕТЕ ДАННЫХ ГЕНОГЕОГРАФИИ (ПО ПОЛИМОРФИЗМУ Y-ХРОМОСОМЫ)*

© **Ю.М. Юсупов,**

кандидат исторических наук,
руководитель центра,
Институт стратегических исследований РБ,
ул. Кирова, 15,
450000, г. Уфа, Российская Федерация,
эл.почта: ufa1980@yandex.ru

© **Р.А. Схаляхо,**

кандидат биологических наук,
старший научный сотрудник,
Медико-генетический научный центр,
ул. Москворечье, 1,
115478, г. Москва, Российская Федерация,
эл.почта: shalyaho.roza@yandex.ru

© **А.Т. Агджоян,**

Институт общей генетики,
научный сотрудник,
Российская академия наук,
ул. Губкина, 3,
119991, г. Москва, Российская Федерация,
эл.почта: aagdzhojan@gmail.com

© **Р.Р. Асылгузин,**

кандидат философских наук,
старший научный сотрудник,
Институт стратегических исследований РБ,
ул. Кирова, 15,
450000, г. Уфа, Российская Федерация,
эл.почта: asrafil@yandex.ru

© **Р.М. Рыскулов,**

младший научный сотрудник,
Институт стратегических исследований РБ,
ул. Кирова, 15,
450000, г. Уфа, Российская Федерация,
эл.почта: rados2011@gmail.com

© **Ж.М. Сабитов,**

PhD,
Евразийский национальный университет
им. Л.Н. Гумилева,
ул. Сатпаева, 2,
Z05H0P9 010008, г. Астана, Республика
Казахстан,
эл.почта: babasan@yandex.ru

Исследованы пять родовых объединений северо-восточных башкир (N=115) – табын, катый, кудей, кошсо (кушчи), упей – по широкой панели 41 SNP и 17 STR маркеров Y-хромосомы. Исследования охватили 6 сельских районов Республики Башкортостан. Данные геногеографии позволяют выдвинуть гипотезу о формировании генофонда северо-восточных башкир в основном через трансуральский путь миграций кочевых племен, связывавший Западную Сибирь и Приуралье в эпоху раннего железного века и средневековья. Две трети генофонда северо-восточных башкир представлено гаплогруппой R1a-M198, филогенетический анализ которой указывает на единый источник миграций для этого обширного региона: большинство представителей всех кланов северо-восточных башкир вошли в единый «северо-восточный» кластер. Такое генетическое разрастание одного прото-клана коррелирует с представлениями об общем предке Майкы-бие в генеалогических преданиях северо-восточных и северных башкир. Учитывая возраст кластера (900+300 лет) и его географию, можно предположить связь формирования северо-восточных башкир с археологическими культурами Западной Сибири и Зауралья средневековья, когда миграция шла с востока на запад. В генофонде клана кошсо отразилась поздняя миграция семейно-родовых групп с запада башкирского ареала (Прикамья): ее характеризует гаплогруппа R1b-M269, которая превалирует в генофонде гайнинцев и обнаруживается у байларских башкир. Неожиданным оказался генетический портрет клана упей, который в этнографической литературе ассоциируется с угро-самодийскими племенами, но в их генофонде доминирует гаплогруппа G2a-P16, характерная для народов Центрального Кавказа.

Ключевые слова: генофонд, гаплогруппа, Y-хромосома, SNP и STR маркеры, клан, северо-восточные башкиры, табын, катый, кудей, кошсо, упей

*Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ 16-36-50051, РФФИ 14-14-00827, РФФИ №16-06-00303_a, Программ Президиума РАН «Молекулярная и клеточная биология», «Динамика генофондов», а также в рамках Программно-целевого финансирования МОН РК (№ 0114PK00492) Назарбаев Университет.

© **М.К. Жабagin,**
 младший научный сотрудник,
 National Laboratory Astana,
 Назарбаев Университет,
 проспект Кабанбай Батыр, 53,
 Z05H0P9 (010017), г. Астана, Республика
 Казахстан,
 эл.почта: mzhabagin@gmail.com

© **Ю.В. Богунов,**
 кандидат биологических наук,
 старший научный сотрудник,
 Институт общей генетики,
 Российская академия наук,
 ул. Губкина, 3,
 119991, г. Москва, Российская Федерация,
 эл.почта: forbogunov@inbox.ru

© **Х.Д. Дибирова,**
 кандидат биологических наук,
 ведущий научный сотрудник,
 Медико-генетический научный центр,
 ул. Москворечье, 1,
 115478, г. Москва, Российская Федерация,
 эл.почта: hadizha-dibirova@mail.ru

© **Е.В. Балановская,**
 доктор биологических наук,
 заведующая лабораторией,
 Медико-генетический научный центр,
 ул. Москворечье, 1,
 115478, г. Москва, Российская Федерация,
 эл.почта: balanovska@mail.ru

**Yu.M. Yusupov¹, R.A. Skhalyakho², A.T. Agdzhoyan³,
 R.R. Asylguzhin⁴, R.M. Ryskulov⁵, Zh.M. Sabitov⁶,
 M.K. Zhabagin⁷, Yu.V. Bogunov⁸, Kh.D. Dibirova⁹,
 E.V. Balanovskaya¹⁰**

CLANS OF THE NORTH-EASTERN BASHKIRS IN THE LIGHT OF GENOGEOGRAPHY (ACCORDING TO POLYMORPHISM OF Y-CHROMOSOME)

^{1,4,5}Institute for Strategic Studies
 of the Republic of Bashkortostan
 15, ulitsa Kirova,
 450000, Ufa, Russian Federation,
 e-mail: ufa1980@yandex.ru;
 asrafil@yandex.ru;
 rados2011@gmail.com

^{2,9,10} Research Centre for Medical Genetics,
 Russian Academy of Sciences,
 1, ulitsa Moskvorechie,
 115478, Moscow, Russian Federation,
 e-mail: shalyaho.roza@yandex.ru;
 hadizha-dibirova@mail.ru ;
 balanovska@mail.ru

There are five clans (Tabyn, Katay, Kudey, Koshso/Kushchi, Upey) of the north-eastern Bashkirs (N=115) that have been studied by a broad panel of the 41 SNP and 17 STR markers of the Y-chromosome. The study covered 6 rural districts of the Republic of Bashkortostan. Genographic data have allowed the authors to propose a hypothesis about the formation of the gene pool of the north-eastern Bashkirs. It was formed mostly by the migration of nomadic tribes via the Trans-Urals. This route connected Western Siberia and the Ural region in the Early Iron Age and the Middle Ages. Two thirds of the gene pool of the NE Bashkirs is represented by the haplogroup R1a-M198. Phylogenetic analysis of haplogroup R1a reflects a single source migration for this vast region. Most of the clan representatives of the NE Bashkirs entered into a single "north-eastern" cluster. Such genetic proliferation of one proto-clan corresponds to the concept of the common ancestor "Maiky-Bий", as found in genealogical legends of the north-eastern and northern Bashkirs. Considering the age of the cluster (900±300 years) and its geography, the relation can be assumed between the north-eastern Bashkirs and

^{2,3,8} Vavilov Institute for General Genetics,
Russian Academy of Sciences,
3, ulitsa Gubkina,
119333, Moscow, Russian Federation,
e-mail: aagdzhoyan@gmail.com;
forbogunov@inbox.ru

⁶ Gumilev Eurasian National University,
2, Satpayev str.,
Z05H0P9 010008, Astana, Republic of
Kazakhstan,
e-mail: babasan@yandex.ru

⁷ National Laboratory Astana,
Nazarbayev University,
53, Kabanbay batyr Ave.
Z05H0P9 (010017), Astana, Republic of
Kazakhstan,
e-mail: mzhabagin@gmail.com

archaeological cultures of Western Siberia and the Trans-Urals during the Middle Ages, when gradual migration occurred from east to west. The gene pool of the Clan Koshso reflects the latest migration of family and tribal groups from the west of the Bashkir area (Kama region). It is characterized by the haplogroup R1b-M269 prevailing in the gene pool of the Gayny Bashkirs and is also found in the Baylar Bashkirs. The clan Upey has an unexpected genetic portrait. The ethnographic literature associates Upey with the Ugro-Samoyedic tribes, but their gene pool is dominated by the haplogroup G2a-P16 typical for the Central Caucasus peoples.

Key words: gene pool, haplogroup, Y-Chromosome, SNP and STR markers, clan, north-eastern Bashkirs, Tabyn, Katay, Kudey, Koshso, Upey

Введение. Одной из актуальных проблем популяционной генетики человека является оценка связи этнокультурных процессов и динамики генофонда. Цель данной работы – рассмотреть эту проблему в ракурсе связи родовой структуры и полиморфизма Y-хромосомы северо-восточной этнографической группы башкир.

Родовая структура зачастую неверно интерпретируется как пережиток родоплеменного строя. Основной единицей социальной организации кочевников выступает клан (родовое объединение), а детерминантом идеологии кланового объединения является родословная, включающая системные знания о его структуре. Хотя родовое единство имело символический характер, кочевник обычно не отличал его от реального родства. Причина в том, что родовое объединение кочевых и полукочевых народов – это явление, в первую очередь, политическое или военно-административное. Включение человека в клан означало включение в систему социальных и политико-правовых отношений, а выход из клана – выход из этой системы. Гибкая родовая структура позволяла кланам складываться в государственные образования и вновь рассыпаться при необходимости. Например, в Золотой Орде, правящее население за весь период существования так и не обрело устойчивого этнонима (использовались «узбек», «кыпчак», «татар» и т.д.), в то же время главным политическим субъек-

том в Золотой Орде выступал клан («кун-грат», «баарын», «кыпчак», «кыят» и др.).

Если для большинства народов степного пояса Евразии была характерна «вертикальная» (иерархическая) модель родовой структуры, то для башкир характерна иная – «горизонтальная» (эгалитарная) [1, с. 260]: кланы предстают как равнозначные субъекты политики. Различия этих двух моделей отразились во многих аспектах жизни: в превалировании типа хозяйствования (преобладание смешанного полукочевого скотоводства у башкир и кочевого – у народов Центральной Азии [2, с. 88–96]); на правовых отношениях (у башкир клан оказался главным субъектом вотчинного права); на специфике военной организации (у башкир главной тактической единицей выступал военный отряд, а не армия). Патрилокальность кланов обеспечивает эффективность исследования связи родовой структуры с полиморфизмом Y-хромосомы, наследующейся, как и род, по отцовской линии [3; 4; 5; 6]. На сегодняшний день, клановая структура сохранилась лишь как историческая память, в некоторых регионах полностью исчезнув. Однако во многих случаях она поддается историко-этнографической реконструкции. Согласно этнографическим данным и земельным актам XVII–XIX вв. у башкир фиксируется более 45 кланов. Цель данной работы – создать генетические портреты пяти кланов северо-восточных башкир: катая,

кошсо (кушчи), кудей, табын, упей, учитывая, что у трех последних представления общности происхождения отражены в генеалогических преданиях [7; 8].

Материалы и методы. Образцы венозной крови (N=115) северо-восточных башкир собраны в ходе экспедиционного обследования населения Башкортостана в 2012–2014 гг. коллективом сотрудников Медико-генетического научного центра (МГНЦ), Института общей генетики РАН и Академии наук Республики Башкортостан под руководством Е.В. Балановской (координатор экспедиции Ю.М. Юсупов). Все предки обследованных как минимум до третьего поколения относили себя к башкирам, а по мужской линии — к одному из пяти кланов: катый, кошсо, кудей, табын, упей. В выборку включены лишь неродственные между собой индивиды. Сбор образцов осуществлялся с обязательным письменным информированным согласием обследуемого под контролем Этической комиссии ФГБНУ «МГНЦ» (табл.).

ДНК изученных башкир получена фенол-хлороформной экстракцией с использованием протеиназы K. Генотипирование SNP-маркеров Y-хромосомы проведено методом ПЦР в реальном времени с применением TaqMan зондов по 41 SNP маркерам [9]. Фрагментный анализ 17 локусов STR маркеров проведен с использованием набора Yfiler PCR Amplification Kit (Applied Biosystems). Филогенетическая сеть STR-гаплотипов носителей гаплогруппы **R1a1-M198** построена в программах Network и Network Publisher (Fluxus Technology Ltd.). Датировки кластеров STR-гаплотипов даны по алгоритму reduced median с использованием «генеало-

гической» скорости мутирования [10]; итоги полного секвенирования Y хромосомы [11; 12] подтвердили корректность этой оценки [13, с. 60–63].

Результаты и их обсуждение. Созданы генетические портреты северо-восточных башкир. Две трети их генофонда составляет гаплогруппа **R1a-M198** (67%), три гаплогруппы **G2a-P16**, **R1b-M269** и **N1c1-M178** обнаружены с частотами 8–10%, остальные встречаются менее 2%. Ареал гаплогруппы **R1a-M198** — один из самых обширных в Евразии с максимальными частотами в Восточной Европе, но **R1a-M198** распространена и на северо-востоке, в Зауралье и центральной части Башкортостана [13, с. 80–81]. На рисунке 1 приведены генетические портреты как суммарно северо-восточных башкир, так и каждого из пяти кланов.

Табын. Это крупное родовое объединение подразделяется на западных (Центральная Башкирия) и восточных (верховья Яика и водораздел уральских и западносибирских рек) табынцев. Их происхождение связывается с древним тюрко-монгольским взаимодействием: предки табынцев жили вместе с усунями в Семиречье, но в конце I тыс. н.э. были подхвачены кыпчакской миграцией на запад. До вхождения в башкирский этнос в рамках кимако-кыпчакской конфедерации создали Табынскую конфедерацию, основанием для которой служили представления об общем первопредке — Майкы-бие [14, с. 264–245], что выделяло их из общей модели политической системы башкир.

В генофонде табынцев преобладает гаплогруппа **R1a** (61%), второе место (10%) занимает гаплогруппа **N1c-M178**, обширный ареал которой тянется широким поясом от

Таблица – Родовые объединения северо-восточных башкир, включенные в выборку для изучения генофонда

Родовое объединение	Объем выборки	Районы Башкортостана
Табын	23	Архангельский, Учалинский
Катый	31	Белорецкий
Кудей	30	Нуримановский, Салаватский
Кошсо (кушчи)	17	Мечетлинский
Упей	14	Мечетлинский

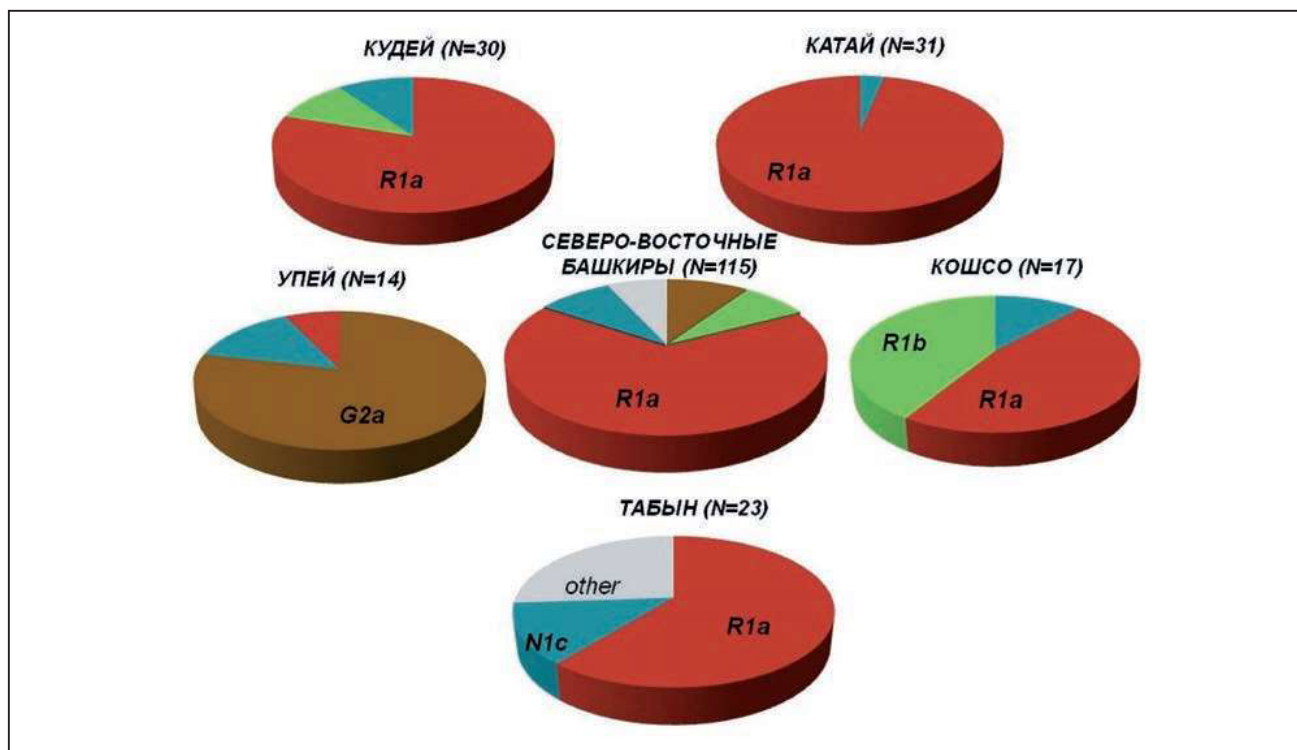


Рис. 1. Генетические портреты северо-восточных башкир

Прибалтики на западе до Чукотки на востоке, от тундры на севере до степей Евразии на юге [13, с. 95–97]. В генофонде табынцев также фиксируются «переднеазиатские» (J2a-M172, G2a-P303) и «средиземноморские» (E1b-M35, I2a-P37.2) по происхождению гаплогруппы.

Катай. Согласно Р.Г. Кузееву [14, с. 257–259], катаяцы происходят от кара-китаев, создавших в XII в. государственное образование в Туркестане. Появление их на Южном Урале связывается с миграцией тюрко-монгольских кочевых племен. Выборка образцов (N=31) в равной степени представляет обе основные группы катаяцев: западных (N=16) и зауральских (улу-катыацы, ялан-катыацы, бала-катыацы, N=15). Генофонды обеих групп катаяцев оказались абсолютно идентичными и гомогенными – все они принадлежат к гаплогруппе R1a-M198 (за исключением одного образца зауральской группы). При анализе STR-маркеров образцы восточной, северо-восточной и северной Башкирии в большинстве своем образовали один кластер (рис. 2), условно названный «северо-восточным» или «табынским» [15].

Появление среднеазиатского этнонима

«кидань/катай» вряд ли можно связывать с миграцией кара-киданей на Южный Урал: мы не обнаруживаем генетических связей северо-восточных башкир с населением Центральной Азии. Много вероятнее «конвергентное» происхождение этого этнонима: выделившаяся родовая группа приняла более престижный среди кочевников этноним.

Кудей. Этнографы происхождения кудейцев связывают с территориями Алтая и Центральной Азии, где у кыргызов и тувинцев фиксируются этнонимические аналогии. Отделение башкирских кудейцев от древнекудейской общности, согласно этой версии [14, с. 211], произошло еще на территории Алтае-Саян, но, прежде чем попасть на северо-восток Башкирии, они прошли долгий путь от Алтая до Северного Кавказа и нижневолжских степей в составе древнебашкирской общности. Этим и объясняет Р.Г. Кузеев [14, с. 211] бытование этногенетических преданий, указывающих на различные прародинны кудейцев. В генофонде кудейцев резко преобладает гаплогруппа R1a-M198 (80%).

Кошсо (кушчи). Генофонд этого клана

оказался наиболее гетерогенным, включив гаплогруппы **R1a-M198**, **R1b-M269**, **N1c-M178**, причем **R1a-M198** и **R1b-M269** составляют более 80% генофонда. Поскольку гаплогруппа **R1a-M198** характерна для большинства кланов северных и северо-восточных башкир, то наибольший интерес представляет гаплогруппа **R1b-M269**. Ее высокая частота обнаружена у юго-восточных башкир — клана бурзян, пермских башкир — клана гайны, также — у северо-западных башкир — клана байлар. Ареал распространения этой гаплогруппы охватывает территории от юго-восточного Закамья по бассейну р. Тулвы до верховьев р. Уфа. Не исключено, что часть кушчинцев имеет генетическое родство с гайнинцами, что подтверждается сведениями о миграции гайнинцев в бассейн р. Уфа и фактами принятия гайнинцев кушчинцами и упейцами в качестве башкир-припушенников и, возможно, типтярей. Учитывая, что у кушчинцев сохранилась память о миграциях с запада, можно предполагать, что в их генофонде гаплогруппа **R1b-M269** появляется позднее, чем **R1a-M198**.

Упей. Данные о генофонде упейцев оказались неожиданными. Р.Г. Кузеев проис-

хождение их этнонима связывал с угро-самодийскими племенами, отмечая, что эта версия противоречит преданиям о переселении клана со стороны Приуралья [14, с. 219]. Данные геногеографии не подтверждают версию угро-самодийского происхождения. Генофонд клана упей отличается высокая частота (79%) гаплогруппы **G2a-P18** (подвариант гаплогруппы **G2a-P16**), характерная для народов Центрального Кавказа: в популяциях осетин она достигает 66%, а также присутствует в генофондах карачаевцев и балкарцев [16; 17]. Это позволяет предполагать миграцию основателя этого клана с территории Центрального Кавказа в эпоху средневековья. Исследование генофонда клана упей по широкогеномным панелям аутосомных маркеров позволит верифицировать не только по отцовским линиям родства, но и по иным версиям происхождения их генофонда.

Филогенетический анализ генофонда северо-восточных башкир. По другому классу маркеров Y-хромосомы — по панели быстро мутирующих 17 STR маркеров — проведен филогенетический анализ гаплогруппы **R1a** для изученных кланов в контексте всего генофонда башкир. На филогенетической

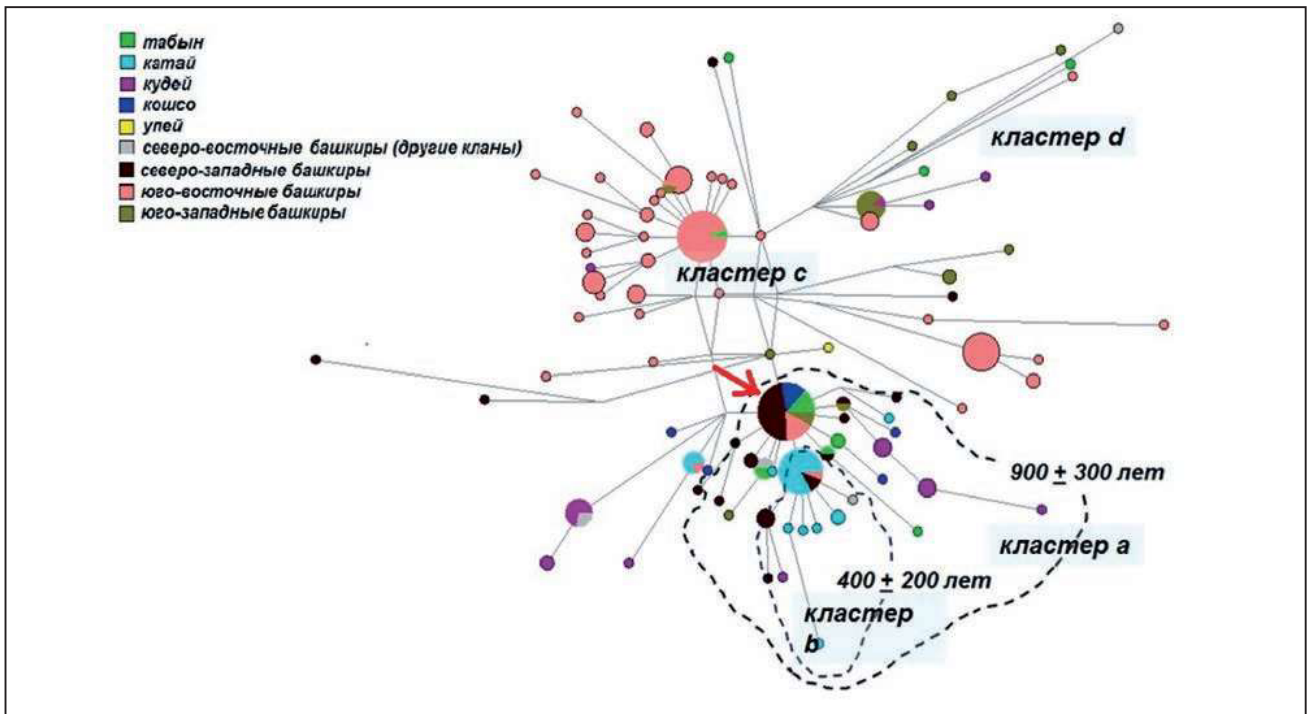


Рис. 2. Филогенетическая сеть гаплогруппы R1a для пяти изученных кланов в контексте всех этнографических групп башкир (стрелкой указан предполагаемый гаплотип основателя «северо-восточного» кластера)

- Ш. Турдикулова, Р.Р. Асылгужин, А.Р. Акильжанова, О.П. Балановский, Е.В. Балановская // Вестн. Моск. ун-та. Сер. XXIII. Антропология. 2016. № 3. С. 83–93.
7. Уметбаев М. Башкиры // Бельские просторы. 2007. № 3 (100) Март. С. 45–53.
8. Волков В.Г. Каримов А.А. Происхождение и родственные связи рода Танып по данным генетических исследований // История башкирских родов. Танып. Т. 6. / С.И. Хамидуллин, Ю.М. Юсупов, Р.Р. Асылгужин, Р.Р. Шайхеев, И.Р. Саитбатталов, Ф.Х. Гайсина, Р.М. Рыскулов, А.Я. Гумерова, Г.Ю. Галеева, Г.Д. Султанова. Уфа: ГУП РБ Уфимский полиграфкомбинат, 2014. С. 50–65.
9. Y DNA Haplogroup Tree 2016 [Электронный ресурс] URL: http://isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html (дата обращения: 14.06.2016)
10. Mutation rates at Y chromosome short tandem repeats in Texas populations / J Ge, B. Budowle, XG. Aranda, JV Planz, AJ Eisenberg, R.Chakraborty // Forensic Science international Genetics. 2009. Jun. 3(3): 179–184.
11. A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture / M. Karmin, L. Saag, M. Vicente, M. Wilson Sayres, M. Järve, U. Talas, S. Rootsi, A.-M. Ilumäe, R. Mägi, M. Mitt, L. Pagani, T. Puurand, Z. Faltyskova, F. Clemente, A. Cardona, E. Metspalu, H. Sahakyan, B. Yunusbayev, G. Hudjashov, M. DeGiorgio, E.-L. Loogväli, C. Eichstaedt, M. Eelmeets, G. Chaubey, K. Tambets, S. Litvinov, M. Mormina, Y. Xue, Q. Ayub, G. Zoraqi, T. Korneliussen, F. Akhatova, J. Lachance, S. Tishkoff, K. Momyaliev, F.-X. Ricaut, P. Kusuma, H. Razafindrazaka, D. Pierron, M. Cox, G. Sultana, R. Willerslev, C. Muller, M. Westaway, D. Lambert, V. Skaro, L. Kovač evič, S. Turdikulova, D. Dalimova, R. Khusainova, N. Trofimova, V. Akhmetova, I. Khidiyatova, D. Lichman, J. Isakova, E. Pocheshkhova, Zh. Sabitov, N. Barashkov, P. Nymadawa, E. Mihailov, J. Seng, I. Evseeva, A. Migliano, S. Abdullah, G. Andriadze, D. Primorac, L. Atramentova, O. Utevska, L. Yepiskoposyan, D. Marjanovic, A. Kushniarevich, D. Behar, C. Gilissen, L. Vissers, J. Veltman, E. Balanovska, M. Derenko, B. Malyarchuk, A. Metspalu, S. Fedorova, A. Eriksson, A. Manica, F. Mendez, T. Karafet, K. Veeramah, N. Bradman, M. Hammer, L. Osipova, O. Balanovsky, E. Khusnutdinova, K. Johnsen, M. Remm, M. Thomas, C. Tyler-Smith, P. Underhill, E. Willerslev, R. Nielsen, M. Metspalu, R. Villems, T. Kivisild // Genome Res, 2015. Apr. 25(4):459-66. Epub. 2015. Mar. 13. DOI:10.1101/gr.186684.114
12. Deep phylogenetic analysis of haplogroup G1 provides estimates of SNP and STR mutation rates on the human Y chromosome and reveals migrations of Iranic speakers / O. Balanovsky, M. Zhabagin, A. Agdzhoyan, M. Chukhryaeva, V. Zaporozhchenko, O. Utevska, G. Highnam, Zh. Sabitov, E. Greenspan, Kh. Dibirova, R.A. Skhalyakho, M. Kuznetsova, S. Koshel, Yu. Yusupov, P. Nymadawa, Zh. Zhumadilov, E. Pocheshkhova, M. Haber, P.A. Zalloua, L. Yepiskoposyan, A. Dybo, C. Tyler-Smith, E. Balanovska // PLoS One, 2015. Apr. 7. Epub ahead of print. DOI:org/10.1371/journal.pone.0122968
13. Балановский О.П. Генофонд Европы. М.: Товарищество научных изданий КМК, 2015. 354 с.
14. Кузеев Р.Г. Происхождение башкирского народа: Этнический состав, история расселения. М.: Наука, 1974. 572 с.
15. Трансуральский путь миграций кочевых племен (по данным о полиморфизме Y-хромосомы у башкирских кланов) / Ю.М. Юсупов, А.Я. Гумерова, Р.А. Схаляхо, Х.Д. Дибирова, Ж. Сабитов, М. Жабагин, Е.В. Балановская // 5-я Международная конференция «Алексеевские чтения» памяти академиков Т.И. Алексеевой и В.П. Алексеева «Человек в окружающей среде: этапы взаимодействия» (6–8 ноября 2013 г. Москва) (стендовый доклад).
16. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region / O. Balanovsky, K. Dibirova, A. Dybo, O. Mudrak, S. Frolova, E. Pocheshkhova, M. Haber, D. Platt, T. Schurr, W. Haak, M. Kuznetsova, M. Radzhabov, O. Balaganskaya, A. Romanov, T. Zakharova, D. Hernanz, P. Zalloua, S. Koshel, M. Ruhlen, C. Renfrew, R. Wells, C. Tyler-Smith, E. Balanovskaya and the Genographic Consortium // Molecular Biology and Evolution, 2011, vol. 28, no. 10, pp. 2905–2920.
17. Балановский Тюрки Кавказа: сравнительный анализ генофондов по данным о Y-хромосоме / Р.А. Схаляхо, Э.А. Почешхова, И.Э. Теучеж, Х.Д. Дибирова, А.Т. Агджоян, О.М. Утевская, Ю.М. Юсупов, Л.Д. Дамба, Ж.Т. Исакова, К.Т. Момыналиев, Ш.Г. Тагирли, М.А. Кузнецова, А.С. Коньков, С.А. Фролова, Е.В. Балановская, О.П. // Вестн. Моск. ун. Сер. XXIII. Антропология. 2013. № 2. С. 34–48.
18. Савельев Н.С. Месягутовская лесостепь в эпоху раннего железа. Уфа: Гилем, 2007. 260 с.
19. Буканова Р.Г. Города-крепости на территории Башкортостана в XVI-XVII вв. Уфа: Китап, 2010. 264 с.

[The origin of the Bashkir people: Ethnic composition, settlement history]. Moscow, Nauka, 1974. 572 p. (In Russian).

15. Transuralskiy put migratsiy kochevykh plemen (po dannym o polimorfizme Y-khromosomy u bashkirskikh klanov) [Trans-Ural path of nomadic clans (according to the data on Y-chromosome polymorphism of Bashkir clans)] / Yu.M. Yusupov, A.Ya. Gumerova, R.A. Skhalyakho, Kh.D. Dibirova, Zh. Sabitov, M. Zhabagin, E.V. Balanovskaya // 5th International Conference "Alekseev Readings" dedicated to the memory of academicians T.I. Alekseev and V.P. Alekseev "The Human in the Environment: Stages of Interaction" (November 2013, Moscow) (poster presentation) (In Russian).

16. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region / O. Balanovskiy, K. Dibirova, A. Dybo, O. Mudrak, S. Frolova, E. Pocheshkhova, M. Haber, D. Platt, T. Schurr, W. Haak, M. Kuznetsova, M. Radzhabov, O. Balaganskaya, A. Romanov, T. Zakharova, D. Hernanz, P. Zalloua, S. Koshele, M. Ruhlen, C. Renfrew, R. Wells, C. Tyler-Smith, E. Balanovskaya and the Genographic Consortium //

Molecular Biology and Evolution, 2011, vol. 28, no. 10, pp. 2905–2920.

17. Tyurki Kavkaza: sravnitelnyy analiz genofondov po dannym o Y-khromosome [Turkic speakers of the Caucasus: A comparative analysis of their gene pools from the Y-chromosomal perspective] / R.A. Skhalyakho, E.A. Pocheshkhova, I.E. Teuchezh, Kh.D. Dibirova, A.T. Agdzhoyan, O.M. Utevska, Yu.M. Yusupov, L.D. Damba, Zh.T. Isakova, K.T. Momynaliev, Sh.G. Tagirli, M.A. Kuznetsova, A.S. Konkov, S.A. Frolova, E.V. Balanovskaya, O.P. Balanovskiy // Vestnik Moskovskogo universiteta – Bulletin of the Moscow State University. Ser. 23. Anthropology, 2013, no. 2, pp. 34–48 (In Russian).

18. Savelyev N.S. Mesyagutovskaya lesostep v epokhu rannego zheleza. [Forest-steppe of Mesyagutovo in the Early Iron Age]. Ufa, Gilem, 2007. 260 p. (In Russian).

19. Bukanova R.G. Goroda-kreposti na territorii Bashkortostana v XVI-XVII vv. [Fortress towns in Bashkortostan in the 16th and 17th centuries]. Ufa, Kitap, 2010. 264 p. (In Russian).

* Авторы выражают благодарность всем участникам, предоставившим свои образцы для исследования.