

УДК 575.1

**ИССЛЕДОВАНИЯ ПОЛИМОРФИЗМА  
У-ХРОМОСОМЫ В КОНТЕКСТЕ ИСТОРИИ:  
СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ**

***Ж.М. Сабитов***

*(Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева)*

Исследования полиморфизма У-хромосомы являются междисциплинарной наукой, которая с помощью биотехнологических методов популяционной генетики отвечает на исторические вопросы, подтверждая или опровергая те или иные исторические гипотезы. Исследования полиморфизма У-хромосомы начались еще в конце 90-х годов XX века. Исследования полиморфизма У-хромосомы являются частью Популяционной генетики. В силу специфики У-хромосомы (генетические STR и SNP-маркеры передаются по прямой мужской линии от отца к сыну в почти неизменном виде), данная часть Популяционной генетики может быть использована историками для решения сугубо исторических проблем. В 2002 году был разработан единый стандарт SNP-древа маркеров. В статье описываются также такие методы популяционной генетики как кластерный анализ, построение филогенетических сетей, многомерное шкалирование, расчет генетических дистанций, полный сиквенс У-хромосомы, анализ времени жизни первого общего предка (TMRCA). Выявлены достоинства и недостатки данных методов. Показаны примеры неправильных исторических интерпретаций на основе этих статистических методов, используемых в исследованиях полиморфизма У-хромосомы. Также в данной статье автор представляет свой взгляд на методологические проблемы становления новой прикладной исторической науки (исследования полиморфизма У-хромосомы). Приведены примеры ошибочных исследований этногенеза народов Евразии с типичными ошибками начинающих исследователей (абсолютизация данных малых выборок, абсолютизация У-хромосомы при определении этничности, невнимание к исторической части исследуемых объектов). Также в статье рассмотрен вопрос историографии – изучение этногенеза тюркских народов Евразии методами популяционной генетики. Выделены перспективы развития инструментария и методов изучения полиморфизма У-хромосомы.

**Ключевые слова:** полиморфизм У-хромосомы, этногенез, тюркские народы, Золотая Орда, методы популяционной генетики, Проект Генографик, методологические ошибки.

С конца 1990-х годов начались исследования по STR и SNP-мутациям У-хромосомы. Исследования полиморфизма У-хромосомы представляют собой лишь некоторую часть популяционной генетики. В 2002 году был введен единый стандарт по поводу SNP-мутаций и названий гаплогрупп (консорциум У-хромосомы). До этого существовало не менее пяти различных классификаций гаплогрупп. Примерно с этого времени стартовал проект National Geographic, целью которого было изучение всех популяций мира по STR и SNP-мутациям У-хромосомы. Мелким недостатком данного проекта был неучет родового деления у народов, сохранивших родоплеменной строй.

В основу был положен принцип географии проживания. Результаты исследований участников данного проекта вылились в сотни статей по этногенезу разных народов Земли в специализированных популяционно-генетических журналах, в основном на английском языке. Ниже мы постараемся описать современное состояние популяционной генетики как прикладной исторической дисциплины и ее перспективы, а также описать историографию изучения популяций, происходящих от кочевого населения Золотой орды.

Говоря о методологии популяционной генетики, стоит отметить следующие методы.

#### 1. Методы сбора и анализа ДНК-образцов.

1.1. «Количественный анализ ДНК-образцов». В среднем на популяцию (субэтнос) нужно собрать не менее 30 образцов (100 – оптимальное количество) на один род (субэтнос, фамилию или другой квазигенетический маркер), а на весь народ нужно собрать образцы не менее 1000 человек (1500 человек – оптимальное количество). После сбора этих данных можно проводить количественные (статистические) методы анализа.

1.1.1. Анализ ТМРСА (Time to Most Recent Common Ancestor), определяющий время жизни первого общего предка для этой популяции. Данный вид анализа очень интересен, но имеет один малый недостаток: интервалы погрешности жизни предка для этой популяции могут быть большими (200–400 лет), что снижает возможности использования этого вида анализа для исторических реконструкций.

1.1.2. Кластерный анализ, Построение филогенетических сетей, Многомерное шкалирование, Расчет «генетических» расстояний. Эти виды анализов позволяют визуально и статистически обоснованно видеть, к кому ближе та или иная популяция. Недостатком здесь является то, что зачастую все зависит от этики и квалификации исследователей. К примеру, используя эти виды анализа, А. Биро с соавторами начали доказывать, что Тургайские мадяры (ветвь казахских аргынов по шежире) являются родственниками венгров (самоназвание мадяр) [18]. Полученные результаты «генетических» расстояний показывали близость венгров и мадяров. Данный результат был получен, видимо, путем выборочного подбора популяций («для получения нужного результата») для этого вида анализа. Если бы указанные авторы ввели в свою анализируемую группу казахских аргынов, а также массу других популяций Евразии, то они бы обнаружили, что Тургайские мадяры оказываются ближе всего к казахским аргынам (согласно шежире, они представляют младшую ветвь казахских аргынов), потом к другим кочевым народам Евразии и т.д.

#### 1.2. «Качественный анализ ДНК-образцов».

1.2.1. Анализ распределения субкладов (SNP-мутаций) гаплогруппы позволяет рассмотреть происхождение каждого конкретного субклада, примерно его датировать, и после этого факт можно использовать в исторических реконструкциях. Данный вид анализа делится на две категории.

1.2.1.1. Тестирование большого количества SNP-мутаций (более 10 тысяч SNP-мутаций) посредством чиповой технологии (к примеру, Генетический тест Geno2).

1.2.1.2. Полный сиквенс Y-хромосомы – как коммерческий продукт он уже появился, научные результаты по полному сиквенсу Y-хромосомы пока отсутствуют, но зато присутствуют результаты (научные статьи) по частич-

ному сиквенсу Y-хромосомы. Полный сиквенс Y-хромосомы покажет все SNP-мутации, которые были у предков данного человека. Судя по предварительным результатам, в среднем происходит одна SNP-мутация на три поколения. То есть потенциально можно будет восстановить генеалогии и происхождение (построить генетические деревья на основе всех SNP-мутаций) для тех групп людей, которые не сохранили свою генеалогию или утратили ее. Тут все дело заключается в базе данных. Пока она ничтожна мала, но со временем будет только увеличиваться. Здесь также стоит отметить тенденцию увеличения известной научной информации по всем гаплогруппам и субкладам. С каждым годом количество новой информации растет, причем она касается в основном качественной характеристики (мы узнаем новые субклады в каждой гаплогруппе). Вполне возможно, что уже через 3–5 лет будет собрано достаточно много сведений обо всех субкладах внутри каждой гаплогруппы и в последующем рост знаний будет происходить за счет роста научной базы данных по полным сиквенсам Y-хромосомы. Таким образом, здесь стоит резюмировать, что в ближайшем времени любой человек при соответствующем желании сможет точно установить свое происхождение вплоть до трех поколений (в рамках потомков семьи одного дедушки или прадедушки).

1.2.2. Анализ разнообразия STR-мутаций и SNP-мутаций Y-хромосомы у представителей одной группы, отобранной на основе сходства одного квази-генетического маркера (люди одного рода или одной фамилии) при точном и глубоком фиксировании генеалогии каждого тестируемого для установления или проверки версий происхождения данной популяции (рода или фамилии).

1.3. Анализ древнего ДНК (дДНК), который позволяет пролить свет на вопрос, кто были по происхождению захороненные люди и где их потомки сейчас проживают. Но при таком исследовании требуется очень хорошая техническая работа палеогенетиков, без которой получение результатов маловероятно.

Стоит отметить, что первая часть методологии относится сугубо к работе популяционных генетиков. Здесь разделение труда между дисциплинами (популяционная генетика и история) должно быть таким же, как между криминалистами и патологоанатомами с одной стороны и следователями с другой стороны. То есть первые должны предоставлять неоспоримые факты, а вторые, используя эти факты, должны реконструировать исторический ход событий.

Однако ни первые, ни вторые не должны вмешиваться в работу друг друга. В случае, если генетики начинают делать попытки провести исторические реконструкции, то получатся такие казусы, как «Чингиз-хан был из рода керейт» [16, с. 8]. Такие заключения популяционных генетиков, построенные на основании тестирования одного казахского рода керей, широкого распространения среди них старкстера – т.н. гена Чингиз-хана, и убежденности об идентичности казахских киреев и монгольских керейтов XIII века (при существовании отдельного казахского рода керейт в Младшем Жузе), могут вызвать только улыбку у историков, которые занимаются проблемами генеалогии Чингизидов.

Другим примером, искажающим факты, являются «труды» некоего Булата Муратова. В частности, он выделяет среди субклада Z2123 гаплогруппы R1a три ветви:

1. Усуньская ветвь. *Она характерна для башкир из кланов суун, балыкчи, кудей, кальсер, ирэкте, часть табын и айле* [5, с. 124–130].

2. Алано-Массагетская ветвь. Непонятно, кто к ней относится.

3. Сако-Динлинская ветвь. *Эта подветвь субклада Z2123 характерна для башкир из кланов карый-кыпсак, хуун-кыпсак, санкем-кыпсак, бошман-кыпсак, суюн-нугай-бурзян, сура-уф-телеу и буре-телеу. Как мы видим, большая часть перечисленных башкирских кланов относится к башкирским кипчакам и телеу. Мы связываем эту подветвь башкир с сако-динлинскими (sakes-dinlings) племенами* [5, с. 113].

Здесь стоит отметить, что Б. Муратов безапелляционно говорит о том, что представители данных племен относятся к этим трем выделенным субкладам. При этом он забывает, что:

1. Протестировано малое количество, по несколько человек из рода, что говорит о малой выборке. Можно ли на основании нескольких результатов представителей одного рода (к примеру, кудей или айле) говорить о том, что все представители этого рода имеют такую же гаплогруппу и тот же самый субклад? Если же рассмотреть статью Б. Муратова про башкирских тамьянов и катаев [6], то даже не особо компетентному специалисту будет понятно, что на основе одного результата представителя рода Тамьян и двух результатов рода Катай нельзя строить «глобальные» версии происхождения этих двух родов, ведь полученные результаты нерепрезентативны и могли быть результатом «дрейфа генов».

2. На эту SNP-мутацию (Z2123) проверено малое количество людей. К примеру, из 18 человек, которых Б. Муратов относит к первой группе, только один из общедоступной базы данных вообще проверялся на наличие мутации Z2123. Данный представитель рода Ун (Су-ун), безусловно, относится к этому субкладу, но нужно учитывать, что остальные 17 человек не проверялись на мутацию. Можно ли здесь безапелляционно утверждать, что они образуют определенную ветвь внутри субклада Z2123, если только один из 18 человек точно относится к этому субкладу, а позиции остальных не определялись? В этом случае нужно писать, что «на основании близости STR-маркеров мы можем предположить, что остальные 17 человек, имеющие близкие гаплотипы к тому человеку, который относится к субкладу Z2123, также могут относиться к субкладу Z2123. Но данный вопрос нуждается в дальнейшем исследовании путем тестирования (хотя бы части людей) на SNP-мутацию Z2123». Б. Муратов же в этом случае просто фальсифицирует факты, вводя читателей в заблуждение по поводу того, что факт принадлежности тестируемых к этому субкладу точно установлен. Таким же выглядит его тезис о том, что башкирские кипчаки (карый-кипчаки, бачман-кипчаки, суун-кипчаки, санкым-кипчаки) относятся к третьему (Сако-Динлинскому) субкладу Z2123. Судя по открытой базе данных, десять представителей этих кипчакских подродов на SNP-мутации не проверялись вообще. Возможно, кто-то один из кипчаков проверялся на этот SNP-мутацию и тест оказался положительным, но это все нужно описывать так, как есть: «Один образец тестировался на мутацию Z2123+, остальные нет, но, судя по близости гаплотипов, они также должны

относиться к этому субкладу», так как случаи гомоплазии (случайное сходство гаплотипов, которые относятся к разным субкладам и даже гаплогруппам) не редки. Можно ли безапелляционно утверждать, что эти все люди относятся к этому субкладу, если ДНК-образцы башкирских кипчаков из открытых баз данных вообще не проверялись на эту SNP-мутацию?

3. Для того, чтобы говорить о «ветвях» (кластерах) внутри субклада, нужно провести действия по следующему алгоритму<sup>1</sup>:

3.1. Построить филогенетические сети на основе всех доступных гаплотипов из различных баз данных.

3.2. На основе этих сетей выделить различные кластеры («ветви») близкородственных гаплотипов.

3.3. Выделить модальные гаплотипы («гаплотипы основателей») того или иного кластера (субклада).

3.4. Посчитать TMRCA на основе генеалогических и популяционных скоростей мутаций.

В работе же Булата Муратова филогенетические сети построены для 5–20 гаплотипов разного происхождения (иногда и разных гаплогрупп), кластеры не выделены, а названы «ветвями» не понятно, на какой основе. Модальные гаплотипы не выделены. TMRCA посчитано на основе непонятной формулы СКРЖАММ (название от первых букв фамилий семи человек, из которых более половины об этой формуле просто не знают). А так как нет методологического объяснения метода подсчета TMRCA по формуле СКРЖАММ в научной литературе, то, скорее всего, этот метод подсчета TMRCA грешит огромными методологическими неточностями, так как был разработан и выдвинут не математиками, а Б. Муратовым, не разбирающимся в скоростях мутаций и в вероятностной математике (мутации не имеют постоянных скоростей, а происходят случайно и рассчитывать их стоит на основе теории вероятностей).

4. Также Б. Муратов, не проводя никаких исследований по палеогенетике образцов из захоронений саков, усуней (причем идентичность башкирских табынов и древних усуней, ушедших в V веке на Памир, очень сомнительна), аланов, массагетов и динлинов, нехитрым путем «на глаз» определил точную связь каждой группы внутри субклада Z2123 с алано-массагетами, сакодинлинами и усунями соответственно. Такое фривольное обращение с исторической терминологией и этнонимами только вредит развитию новой дисциплины в исторической науке, притягивая в нее разного рода шарлатанов, доказывающих абсурдные идеи. Если при этом Б. Муратов будет говорить безапелляционным тоном, то многие в силу того, что слабо разбираются в популяционной генетике, могут поверить таким авторам «на слово».

Также стоит отметить, что нужно избегать абсолютизации Y-хромосомы при попытках реконструкции истории. Сама по себе Y-хромосома является самой малой из 46 хромосом и одержит в себе не более 80 генов, в то время как общий геном (все 46 хромосом) содержит в себе более 28000 генов. То есть Y-хромосома по своему вкладу составляет менее 0,3 % от всего генома. Поэтому, когда из Y-хромосомы начинают делать какой-то фетиш и связы-

<sup>1</sup> Наиболее адекватно использование этих методов можно увидеть в диссертационной работе О. Балаганской [1, с. 21–24].

вать носителей гаплогрупп с какими-то языками (негенетический маркер), это все исходит из непонимания сути исследований полиморфизма Y-хромосомы. Тестирование по аутосомным маркерам (все хромосомы, а не только Y-хромосома) показывает, что любая современная нация будет более-менее однородной. Также стоит помнить, что изучение полиморфизма Y-хромосомы является лишь прикладным историческим инструментом, который поможет раскрыть некоторые исторические загадки, но данные исследования полиморфизма Y-хромосомы не могут заменить классическую историю и ее методы.

Относительно этногенеза постордынских народов следует напомнить, что ранее нами уже была описана историография изучения вопроса до начала 2011 года [13]. Ниже мы постараемся рассмотреть те научные работы, которые вышли после 2011 года (времени написания предыдущей статьи, где описывалось состояние историографии изучения постордынских популяций на тот момент). На тот момент нами была выдвинута идея о том, что в Золотой Орде присутствовали 92 клана (знаменитый список 92 племен из восточных источников) и в Улусе Джучи не существовало двух этносов (татары на Западе и «кочевые узбеки» на востоке Улуса Джучи), а был единый золотоордынский этнос [10, с. 173], состоявший из 92 племен (кланов) [11]. Среди казахов проживают, в основном, потомки только 20 родов, которые присутствовали в Золотой Орде. Потомки остальных родов и племен проживают среди сибирских, астраханских, польско-литовских, крымских, казанских татар, каракалпаков, узбеков, башкир, ногайцев и т.д. Исследуя этногенез всех этих этносов, мы можем реконструировать этногенетическую историю Золотой Орды.

В конце 2011 года начали выходить первые итоговые работы по этногенезу казахов в целом [20] и отдельных казахских родов в частности. К примеру, в 2011 году вышли научные работы по этногенезу казахских уйсун [7], в 2012 году – исследования таких родов, как керей [16] [9], казахские табыны [8], Торе (потомки Чингиз-хана) [4, 15]. В 2013 году появились работы по этногенезу казахских аргынов [21] и найманов [19]. Помимо исследований казахов выходили исследования, касающиеся башкир [5, 12], каракалпаков [14], генеалогических потомков Чингиз-хана [17], а также общие работы по тюркским народам Алтая [2, 3].

Несмотря на рост количества публикаций по данной тематике, перед нами все еще стоит задача накопления генетических данных по народам, которые являются генетическими наследниками золотоордынского государства. Только после формирования достаточно большой базы данных можно будет перейти к следующему этапу – систематизации и комплексному изучению этногенеза тюркского населения Золотой Орды.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Балаганская О.А. Полиморфизм Y-хромосомы у тюркоязычного населения Алтая, Саян, Тянь-Шаня и Памира в контексте взаимодействия генофондов Западной и Восточной Евразии. Диссертация на соискание ученой степени кандидата биологических наук. М., 2011. 160 с.

2. Балаганская О.А., Балановский О.П., Лавряшина М.Б., Кузнецова М.А., Романов А.Г., Дибирова Х.Д., Фролова С.А., Захарова Т.А., Баранова Е.Е., Сабитов Ж.,

Нимадава П., Балановская Е.В. Генетическая структура по маркерам Y-хромосомы народов Алтая (России, Казахстана, Монголии) // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. 2011. № 2. С. 25–36.

3. Балаганская О.А., Балановская Е.В., Лавряшина М.Б., Исакова Ж.Т., Сабитов Ж.М., Фролова С.А., Романов А.Г., Дибирова Х.Д., Кузнецова М.А., Захарова Т.А., Pitcharran R., Урасин В.М., Балаганский А.Г., Баранова Е.Г., Балановский О.П. Полиморфизм Y-хромосомы у тюркоязычного населения Алтае-Саян, Тянь-Шаня и Памира в контексте взаимодействия генофондов западной и восточной Евразии // Медицинская генетика. 2011. Т. 10. № 3. С. 12–22.

4. Жабгагин М.К., Сабитов Ж.М., Юсупов Ю.М. Генофонд рода торе в контексте родовой структуры казахов и монголов (по данным о полиморфизме Y-хромосомы) // Материалы X Конгресса этнографов и антропологов России (2–5 июля 2013 года). М., 2013. С. 234.

5. Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. М., 2013. 267 с.

6. Муратов Б.А. Катайские и тамьянские башкиры (по данным ДНК-генеалогии) // Вестник Академии ДНК-генеалогии. Vol. 6, № 12. December 2013. С. 2077–2085.

7. Сабитов Ж.М. О происхождении казахских родов сары-уйсун, дулат, албан, суан, ысты, шапрашты, ошакты, сргелы // Russian Journal of Genetic Genealogy. (Русская версия). Т. 3. № 3 (2011) / Т. 4. № 1 (2012). С. 94–98.

8. Сабитов Ж.М. О происхождении казахского рода табын // The Russian Journal of Genetic Genealogy (Русская версия). Vol. 4, № 2 (2012). С. 13–16.

9. Сабитов Ж.М. О происхождении кереев с точки зрения популяционной генетики // Russian Journal of Genetic Genealogy (Русская версия). Т. 3. №3 (2011) / Т. 4. № 1 (2012). С. 91–93.

10. Сабитов Ж.М. «О происхождении этнонима ‘узбек’ и ‘кочевые узбеки’» // Золотоордынская цивилизация. Ред. изд. И.М. Миргалеев. Вып. 4. Казань: ООО «Фолиант», Институт истории им. Ш.Марджани АН РТ, 2011. С. 166–173.

11. Сабитов Ж.М. Политическая система Золотой Орды: генезис основных политических институтов // Золотоордынская цивилизация / Ред. изд. И.М. Миргалеев. Вып. 5. Казань: ООО «Фолиант»; Институт истории им. Ш. Марджани АН РТ, 2012. С. 269–275.

12. Сабитов Ж.М. Этногенез башкир с точки зрения популяционной генетики // Russian Journal of Genetic Genealogy. (Русская версия) 2011. Т. 3. № 2. С. 35–41.

13. Сабитов Ж.М., Балаганская О.А., Кузнецова М.А., Тажигулова И.М., Балановский О.П., Дубербаев Д.М. Возможности популяционной генетики в реконструкции этногенеза тюркских народов // Золотоордынское наследие. Вып. 2. Материалы второй Международной научной конференции «Политическая и социально-экономическая история Золотой Орды», посвященной памяти М.А. Усманова. Казань, 29–30 марта 2011 г. / Отв. ред. и сост. И.М. Миргалеев. Казань: Институт истории им. Ш. Марджани АН РТ, 2011. С. 237–244.

14. Сабитов Ж.М., Даулет Б. Гаплогруппы и гаплотипы 50-ти каракалпаков // Russian Journal of Genetic Genealogy (Русская версия). Т. 3. № 3 (2011) / Т. 4. № 1 (2012). С. 83–90.

15. Сабитов Ж.М., Тажигулова И.М., Балановский О.П., Балановская Е.В., Жабгагин М.К. Генеалогия казахстанских чингизидов (Тука-Тимуридов и Шибанидов) в контексте данных популяционной генетики // Средневековые тюрко-татарские государства. Вып. 4. Казань. 2012. С. 121–125.

16. Abilev S., Malyarchuk B., Derenko M., Wozniak M., Grzybowski T., Zakharov I. The Y-chromosome C3\* star-cluster attributed to Genghis Khan's descendants is present at high frequency in the Kerey clan from Kazakhstan // Human Biology. Volume 84. Issue 1, Article 12.

17. *Batbayar Kh., Sabitov Zh.* The Genetic Origin of the Turko-Mongols and Review of The Genetic Legacy of the Mongols. Part 1: The Y-chromosome Lineages of Chinggis Khan // *The Russian Journal of Genetic Genealogy*. Vol. 4, No 2 (2012) / Vol. 5, No 1 (2013). P. 1–8.

18. *Biro A., Zalan A., Volgyi A., Pamjav H.* A Y-chromosomal comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary) // *American Journal of Physical Anthropology*. 2009. Vol. 139. Issue 3. P. 305–310.

19. *Tarlykov P., Zholdybayeva E., Akilzhanova A., Nurkina Zh., Sabitov Zh., Rahypbekov T., Ramanculov E.* Mitochondrial and Y-chromosomal profile of the Kazakh population from East Kazakhstan // *Croatian Medical Journal*. 2013. Vol. 54 (1). P. 17–24.

20. *Turuspekov Y., Sabitov Zh., Daulet B., Sadykov M., Khalidullin O.* The Kazakhstan DNA project hits first hundred Y-profiles for ethnic Kazakhs // *Russian Journal of Genetic Genealogy*. 2011. Vol. 2. № 1. P. 69–84.

21. *Zhabagin M., Sabitov Zh., Tazhigulova I., Tarlykov P., Yusupov Y., Dibirova K., Nymadawa P., Balanovska E., Zakharov I., Balanovsky O.* The gene pool of Argyn in the context of generic structure of Kazakhs according to data on SNP-Y-Chromosome markers // *European Journal of Human Genetics*. June 2013. Vol. 21. Supplement 2. P. 570.

**Сведения об авторе:** Жаксылык Муратович Сабитов – доцент кафедры политологии Евразийского национального университета им. Л.Н. Гумилева, PhD (010008, ул. Мунайпасова, 5, Астана, Казахстан); babasan@yandex.ru

---

**STUDIES OF Y-CHROMOSOME POLYMORPHISM  
IN THE CONTEXT OF HISTORY:  
CURRENT STATE OF THE DISCIPLINE**

*Zh.M. Sabitov*

*(L.N. Gumilev Eurasian National University)*

Polymorphism of Y-chromosome is an interdisciplinary science which aims to answer historical questions related to the peoples' ethnogenesis on the basis of population genetic research. Scientific research of Y-chromosome polymorphism began at the end of 1990s. Studies of Y-chromosome polymorphism represent only part of population genetic researches. In 2002 there was introduced a single standard regarding SNP-tree mutations and names haplogroups (consortium of Y-chromosome). Prior to this there was no less than 5 different classifications haplogroups. About this time, the National Geographic Project have been started, which purpose was to explore all the world populations by STR (short tandem repeats) and SNP (single nucleotide polymorphism) mutations of Y-chromosome. The basis is the principle of geographical residence. The results of research of the participants of this project resulted in hundreds of articles on the ethnogenesis of different nations of the earth published in journals specialized in population genetics, mainly in the English. In this article, the author presents his view on the methodological problems related to establishing of new application of historical science (the study of polymorphism of the Y-chromosome). The article contains descriptions and examples of faulty research and methodological mistakes. The author also addressed the issue of historiography of the study of the ethnogenesis of the Turkic peoples of Eurasia and methods of population genetics identifying the tools and methods for the study of Y-chromosome polymorphism. This article describes the methods of population genetics such as cluster analysis, phylogenetic networks, multidimensional scaling, calculation of "genetic" distances, TMRCA.



**Keywords:** Y-chromosome polymorphism, Ethnogenesis, Turkic peoples, Golden Horde, methods of population genetics, National Geographic Project, methodological mistakes.

## REFERENCES

1. Balaganskaya O.A. *Polimorfizm Y- khromosomy u tyurkoyazychnogo naseleniya Altaya, Sayan, Tyan'-Shanya i Pamira v kontekste vzaimodeystviya genofondov Zapadnoy i Vostochnoy Evrazii* [Y-chromosome Polymorphism among the Turkic-Speaking Population of the Altai, Sayan, Tien Shan, and Pamir Mountains in the Context of Interaction of Genofund of the Western and Eastern Eurasia]. *Dissertatsiya na soiskanie uchenoy stepeni kandidata biologicheskikh nauk* [PhD dissertation]. Moscow, 2011. 160 p.
2. Balaganskaya O.A., Balanovskiy O.P., Lavryashina M.B., Kuznetsova M.A., Romanov A.G., Dibirova Kh.D., Frolova S.A., Zakharova T.A., Baranova E.E., Sabitov Zh., Nimadava P., Balanovskaya E.V. *Geneticheskaya struktura po markeram Y-khromosomy narodov Altaya (Rossii, Kazakhstana, Mongolii)* [Genetic Structure according to Y-chromosome Markers of the Altai Peoples (Russia, Kazakhstan, Mongolia)]. *Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya XXIII. Antropologiya* [Bulletin of Moscow University. Series XXIII. Anthropology]. 2011, no. 2, pp. 25–36.
3. Balaganskaya O.A., Balanovskaya E.V., Lavryashina M.B., Isakova Zh.T., Sabitov Zh.M., Frolova S.A., Romanov A.G., Dibirova Kh.D., Kuznetsova M.A., Zakharova T.A., Pitchappan R., Urasin V.M., Balaganskiy A.G., Baranova E.G., Balanovskiy O.P. *Polimorfizm Y-khromosomy u tyurkoyazychnogo naseleniya Altae-Sayan, Tyan'-Shanya i Pamira v kontekste vzaimodeystviya genofondov zapadnoy i vostochnoy Evrazii* [Y-chromosome Polymorphism among the Turkic-Speaking Population of the Altai, Sayan, Tien Shan, and Pamir Mountains in the Context of Interaction of Genofund of the Western and Eastern Eurasia]. 2011, vol. 10, no. 3, pp. 12–22.
4. Zhabagin M.K., Sabitov Zh.M., Yusupov Yu.M. *Genofond roda tore v kontekste rodovoy struktury kazakhov i mongolov (po dannym o polimorfizme Y-khromosomy)* [The Tore Tribe Genofund in the Context of the Clan System of the Kazakhs and Mongols (according to the statistics of the Y-chromosome polymorphism)]. *Materialy X Kongressa etnografov i antropologov Rossii (2–5 iyulya 2013 goda)* [Proceedings of the X Congress of Russian ethnographers and anthropologists (2–5 July 2013)]. Moscow, 2013, pp. 234.
5. Muratov B.A. *Etnogenez bashkir: istoriografiya i sovremennye issledovaniya*. [Ethnogenesis of Bashkirs: historiography and modern research]. Moscow, 2013. 267 p.
6. Muratov B.A. *Katayskie i tam'yanskije bashkiry (po dannym DNK-genealogii)* [Cathay and Tamyran Bashkirs (according to DNA genealogy)]. *Vestnik Akademii DNK-genealogii* [Bulletin of the Academy of DNA-Genealogy]. Vol. 6, no. 12. December 2013, pp. 2077–2085.
7. Sabitov Zh.M. *O proiskhozhdenii kazakhskikh rodov Sary-uyusun, Dulat, Alban, Suan, Ysty, Shaprashty, Oshakty, Srgely* [On the origin of the Kazakh clans Sary-Uyusun, Dulat, Alban, Suan, Ysty, Shaprashty, Oshakty, Srgely]. *Russian Journal of Genetic Genealogy (Russian version)*. Vol. 3, no. 3 (2011), vol. 4, no. 1 (2012), pp. 94–98.
8. Sabitov Zh.M. *O proiskhozhdenii kazakhskogo roda tabyn* [On the origin of the Kazakh tribe Tabin]. *The Russian Journal of Genetic Genealogy (Russian version)*. Vol. 4, no. 2 (2012), pp. 13–16.
9. Sabitov Zh.M. *O proiskhozhdenii kereev s tochki zreniya populyatsionnoy genetiki* [On the origin of Kereys in terms of population genetics]. *Russian Journal of Genetic Genealogy (Russian version)*. Vol. 3, no. 3 (2011), vol. 4, no. 1 (2012), pp. 91–93.
10. Sabitov Zh.M. *O proiskhozhdenii etnonima «uzbek» i «kochevye uzbeki»* [On the origin of the ethnonym «Uzbek» and «nomadic Uzbeks»]. *Zolotoordynskaya tsivilizatsiya* [The Golden Horde Civilization: Collected articles]. Vol. 4. Kazan, 2011, pp. 166–173.

11. Sabitov Zh.M. *Politicheskaya sistema Zolotoy Ordy: genezis osnovnykh politicheskikh institutov* [The political system of the Golden Horde: the genesis of the main political institutions]. *Zolotoordynskaya tsivilizatsiya* [Golden Horde Civilization: Collected articles]. Vol. 5. Kazan, 2012, pp. 269–275.

12. Sabitov Zh.M. *Etnogenez bashkir s tochki zreniya populyatsionnoy genetiki* [Bashkir ethnogenesis in terms of population genetics]. *Russian Journal of Genetic Genealogy (Russian version)*. 2011. Vol. 3, no. 2, pp. 35–41.

13. Sabitov Zh.M., Balaganskaya O.A., Kuznetsova M.A., Tazhigulova I.M., Balanovskiy O.P., Duberbaev D.M. *Vozможности populyatsionnoy genetiki v rekonstruktsii etnogeneza tyurkskikh narodov* [Possibility of population genetics in the reconstruction of ethnogenesis of Turkic peoples]. *Zolotoordynskoe nasledie. Materialy Mezhdunarodnoy nauchnoy konferencii Politicheskaya i social'no-jekonomicheskaya istoriya Zolotoy Ordy*. [Heritage the Golden Horde: Proceedings of the International Conference Political and social-economic history of the Golden Horde]. Kazan, 2011, pp. 237–244.

14. Sabitov Zh.M., Daulet B. *Gaplogruppy i gaplotipy 50-ti karakalpakov* [Haplogroups and haplotypes of 50 Karakalpaks]. *Russian Journal of Genetic Genealogy (Russian version)*. Vol. 3, no. 3 (2011), vol. 4, no. 1 (2012), pp. 83–90.

15. Sabitov Zh.M., Tazhigulova I.M., Balanovskiy O.P., Balanovskaya E.V., Zhabagin M.K. *Genealogiya kazakhstanskikh chingizidov (Tuka-Timuridov i Shibanidov) v kontekste dannykh populyatsionnoy genetiki* [Genealogy of Kazakhstan Genghisids (Tuka-Timurides and Shibanides) in the context of population genetics]. *Srednevekovye tyurkotatarskie gosudarstva* [Medieval Turko-Tatar states]. Vol. 4. Kazan, 2012, pp. 121–125.

16. Abilev S., Malyarchuk B., Derenko M., Wozniak M., Grzybowski T., Zakharov I. The Y-chromosome C3\* star-cluster attributed to Genghis Khan's descendants is present at high frequency in the Kerey clan from Kazakhstan. *Human Biology*. Vol. 84, is. 1, Article 12.

17. Batbayar Kh. Sabitov Zh. The Genetic Origin of the Turko-Mongols and Review of The Genetic Legacy of the Mongols. Part 1: The Y-chromosome Lineages of Chinggis Khan. *The Russian Journal of Genetic Genealogy*. Vol. 4, no 2 (2012), vol. 5, no 1 (2013), pp. 1–8.

18. Biro A., Zalan A., Volgyi A., Pamjav H. A Y-chromosomal comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary). *American Journal of Physical Anthropology*. 2009. Vol. 139, is. 3, pp. 305–310.

19. Tarlykov P., Zholdybayeva E., Akilzhanova A., Nurkina Zh., Sabitov Zh., Rahypbekov T., Ramanculov E. Mitochondrial and Y-chromosomal profile of the Kazakh population from East Kazakhstan. *Croatian Medical Journal*. 2013, vol. 54(1), pp. 17–24.

20. Turuspekov Y., Sabitov Zh., Daulet B., Sadykov M., Khalidullin O. The Kazakhstan DNA project hits first hundred Y-profiles for ethnic Kazakhs. *Russian Journal of Genetic Genealogy*. 2011, vol. 2, no. 1, pp. 69–84.

21. Zhabagin M., Sabitov Zh., Tazhigulova I., Tarlykov P., Yusupov Y., Dibirova K., Nymadawa P., Balanovska E., Zakharov I., Balanovsky O. The gene pool of Argyn in the context of generic structure of Kazakhs according to data on SNP-Y-Chromosome markers. *European Journal of Human Genetics*. June 2013. Vol. 21. Supplement 2. P. 570.

**About the author:** Zhaksylyk Muratovich Sabitov – Associate Professor, Political Science Department, L.N. Gumilev Eurasian National University, PhD (010008, Munaytpasov st., 5, Astana, Kazakhstan); babasan@yandex.ru