

УДК 575.174

**ГЕНЕТИЧЕСКОЕ И ЛИНГВИСТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ
ЧЕТЫРНАДЦАТИ ПОПУЛЯЦИЙ ЕВРАЗИИ***Е.А. Булыгина, В.Д. Соловьев***Аннотация**

Проведен анализ четырнадцати популяций Евразии на основе наиболее полной на сегодняшний день подборки данных по частотам Y-гаплогрупп, митохондриальной ДНК, однонуклеотидных полиморфизмов. Оценен вклад каждого из этих разделов генома в генетические расстояния между популяциями. Определена степень корреляции между генетическими, географическими и лингвистическими расстояниями. Рассмотрена филогеография отдельных линий Y-хромосомы и мтДНК. Некоторые популяции занимают неожиданное положение в пространстве многомерного шкалирования, что может быть связано с особенностями процентного соотношения европейских и азиатских гаплогрупп в генетической структуре данных народов.

Ключевые слова: генетическое разнообразие, Y-хромосома, митохондриальная ДНК, SNP, языки, Евразия.

Введение

Изучение структуры генофонда различных народов и решение вопросов микроэволюции популяций человека, их происхождения и родства является одной из важнейших задач современной антропогенетики – науки, применяющей методы молекулярной популяционной генетики к исследованиям современных и древних популяций человека. Исследование полиморфизма по группам крови и классическим генетическим маркерам привело ученых к выводу, что эти факторы могут предоставить информацию о взаимоотношениях между этническими группами на современном этапе и в период их формирования.

Задачи антропогенетики хорошо решаются биоинформационными методами, среди которых особое место занимают методы геногеографии, изучающей географическое распространение народов на основе генетических данных, и методы ареальной лингвистики, направленной на изучение географического распределения языковых явлений.

На сегодняшний день существует целый спектр работ [1–5], посвященных популяционно-генетическому исследованию народов мира, включающий в себя изучение этносов мира и отдельных географических регионов по данным о полиморфизме LINE-маркеров, сайтов рестрикции, Alu-инсерций, маркеров митохондриальной ДНК и нерекombинирующих участков Y-хромосомы. Однако, как правило, в разных публикациях рассматриваются различные наборы маркеров и этносов, что затрудняет возможность проведения сравнительного анализа генофондов.

Целью настоящего исследования является лингвистико-генетическое изучение народов Евразии на основе комплексного учета нескольких систем маркеров: генетических (гаплогруппы Y-хромосомы и митохондриальной ДНК, однунуклеотидные полиморфизмы) и лингвистических.

1. Материалы и методы

1.1. База данных частот Y-гаплогрупп. Одним из материалов для исследования послужила база данных частот гаплогрупп Y-хромосомы у народов мира О.П. Балановского [6], содержащая информацию о частотах 335 гаплогрупп Y-хромосомы у 252 народов.

Так как используемые нами источники данных различаются по набору народов, возникла необходимость выделения для них общих этносов. Итоговая выборка состоит из 14 народов Евразии: башкиры, белорусы, венгры, итальянцы, казахи, коми, поляки, румыны, русские, сардинцы, татары, узбеки, французы и чехи (табл. 1).

Табл. 1

Описание выборок

Языковая принадлежность	Размер выборки		Аббревиатура
	Y-хромосома	МтДНК	
Романская ветвь			
французы	591	257	FRA
сардинцы	987	–	SAR
итальянцы	3644	493	ITA
румыны	507	197	ROM
Славянская ветвь			
белорусы	690	92	BEL
поляки	1538	473	POL
чехи	747	176	CZE
русские	4700	359	RUS
Уральская семья			
венгры	1033	204	HUN
коми	291	127	KOM
Алтайская семья			
татары	187	225	TAT
башкиры	472	207	BASH
узбеки	420	82	UZB
казахи	269	72	KAZ

Сводные данные, характеризующие 14 народов Евразии по частоте 50 Y-гаплогрупп, доступны по адресу <http://cll.niimm.ksu.ru/cms/main/projects>.

1.2. База данных частот гаплогрупп митохондриальной ДНК. Для анализа генетического разнообразия народов была выбрана база данных «Частоты гаплогрупп мтДНК в Западной Евразии», являющаяся фрагментом базы данных MURKA – Global Mitochondrial Database and Integrated Software [7]. Адаптированная для нашего анализа версия описывает 13 народов Евразии (сардинцы не представлены) по частоте 11 западно-евразийских гаплогрупп мтДНК.

Древо и частоты гаплогрупп также представлены на электронном ресурсе <http://c11.niimm.ksu.ru/cms/main/projects>.

1.3. Матрица генетических расстояний по панели SNP. В качестве еще одного источника информации о разнообразии евразийских этносов были использованы данные о генетических расстояниях между ними, любезно предоставленные заведующим лабораторией геномного анализа РНЦ «Курчатовский институт» Е.Б. Прохорчуком¹. На основе частот около 200 тыс. SNP, полученных в результате полногеномного анализа 36 народов, населяющих страны Центральной и Восточной Европы, Азии и Россию, были рассчитаны генетические расстояния по следующей методике [8]. Определялся генотипический вектор индивидуума i , принадлежащего к этнической группе j , как суперпозиция трех компонентов:

$$X_{ij} = X_0 + A_i + B_{ij},$$

где X_0 – ожидаемая средняя величина, A_i – вклад в разнообразие этнического компонента и B_{ij} – индивидуальный эффект. Общие расстояния высчитывались по формуле:

$$F_{ST} = \sigma_A^2 / (\sigma_A^2 + \sigma_B^2).$$

1.4. Лингвистические базы данных. Для изучения языкового разнообразия народов Евразии мы воспользовались базой данных «Языки мира», созданной в Институте языкознания РАН. Ее подробное описание приводится в монографии [9]. База данных описывает 315 языков, распространенных в основном на территории Евразии, по 3821 признаку. Признаки относятся ко всем разделам грамматики, и они бинарные: указывается только наличие или отсутствие признака в языке, а не степень его проявления.

Помимо грамматической базы данных была использована информация о лексических расстояниях 6013 языков и диалектов из проекта ASJP (The Automated Similarity Judgment Program) [10]. Относительные нормализованные расстояния Левенштейна (Levenshtein Distance Normalized, LDN) вычисляются на основе 40-словного списка базовой лексики языка. Метод Левенштейна был модифицирован для подсчета сходства шансов случайной близости фонемного инвентаря для пары языков [11].

Лингвистической характеристикой этносов в нашем случае служит описание их языков: башкирского, белорусского, венгерского, итальянского, казахского, коми-зырянского, польского, румынского, сардинского, татарского, узбекского, французского и чешского. Описание русского языка в базе данных «Языки мира» нами не используется, так как оно чересчур подробно, что исключает возможность сравнительного анализа языков.

¹ Prokhortchouk E., Chekanov N., Mazur A., Boulygina E., Tsygankova S., Khrameeva E., Teslyuk A., Kharkov V., Khitrinskaya I., Marusin A., Spiridonova M., Puzyrev V., Kutuev I., Khusainova R., Akhmetova V., Litvinov S., Khidiyatova I., Gubina M., Romaschenko A., Konovalova N., Brennan P., Khusnutdinova E., Stepanov V., Skryabin K. Genome wide analysis of genetic diversity in 36 ethnic groups from Northern Eurasia // PLOS Genetics. – submitted.

1.5. Статистический анализ. Для статистической обработки данных был использован метод многомерного шкалирования как один из способов снижения размерности пространства переменных с адекватным воспроизведением наблюдаемых расстояний между объектами. В качестве входных данных использовались матрицы генетических и лингвистических расстояний, построенные на основе исходных баз данных при помощи статистического пакета R (R Foundation, www.r-project.org). Данный метод и его визуализация с помощью двумерных диаграмм рассеяния были реализованы в пакете прикладных программ STATISTICA 6.1 (StatSoft Inc., USA).

Помимо этого в пакете R были вычислены значения корреляции между матрицами генетических, лингвистических и географических расстояний в различных комбинациях (тест Мантеля).

Геногеографические карты распределения частот гаплогрупп были построены в пакетах Surfer 10 и MapViewer 7 (Golden Software Inc., USA).

2. Результаты и их обсуждение

2.1. Популяционные взаимоотношения. Ни в одной известной нам работе для расчета генетических расстояний между популяциями не были учтены одновременно данные по различным участкам генома. Представляется естественным для изучения сложных эволюционных процессов привлечь максимум доступных данных. В нашем исследовании впервые генетические расстояния между популяциями рассчитаны с использованием суммарного расстояния, полученного из трех частных расстояний: по гаплогруппам Y-хромосомы, по митохондриальной ДНК и по полногеномному набору однонуклеотидных полиморфизмов (SNP).

Для получения суммарного расстояния объединили матрицы расстояний по трем системам маркеров путем их сложения, предварительно нормализовав, то есть умножив каждую матрицу на свой собственный коэффициент для приведения их к единому виду. Генетические различия между популяциями, полученные таким способом, проиллюстрированы на рис. 1. Образующиеся кластеры народов неожиданно точно отражают их географическое положение и языковую принадлежность.

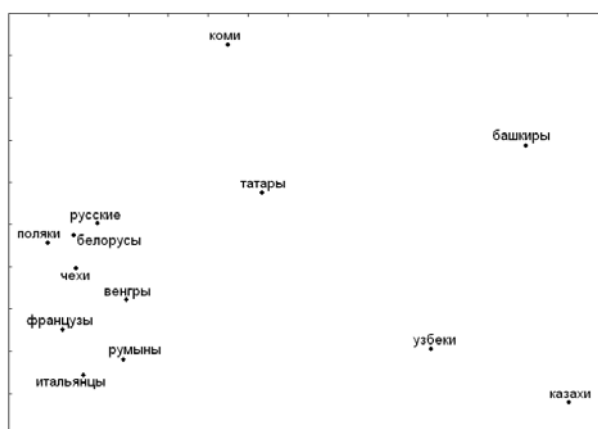


Рис. 1. Положение народов в пространстве многомерного шкалирования по данным трех систем маркеров

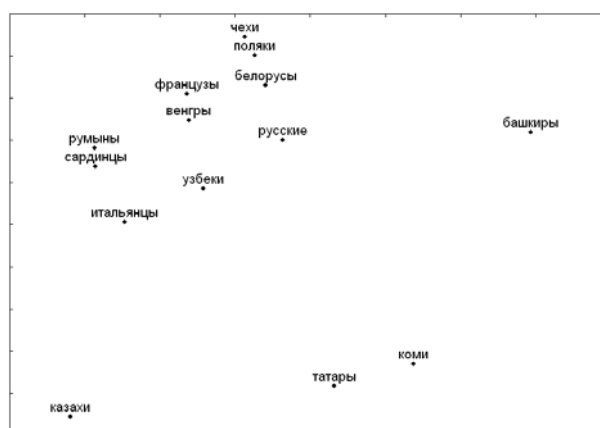


Рис. 2. Положение народов в пространстве многомерного шкалирования по данным о частотах Y-гаплогрупп

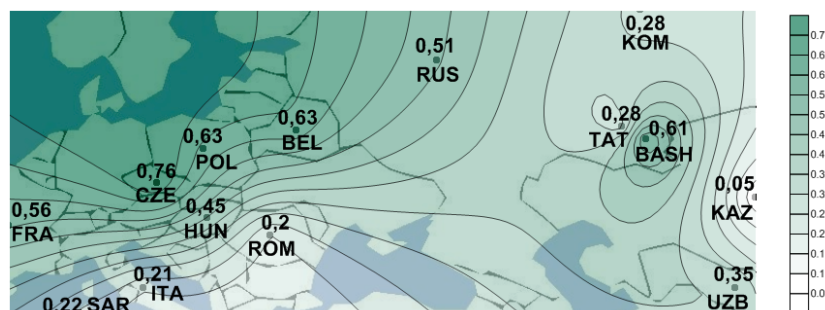


Рис. 3. Распределение частот гаплогруппы R1 Y-хромосомы

Кластер романских и славянских народов отдален от тюркоязычного кластера; исключение составляют татары, находящиеся вблизи от группы европейских популяций. На периферии пространства оказались казахи. Возможные причины такого положения заключаются в разном соотношении европейского и азиатского компонентов в генофонде данных народов. Рассмотрим по отдельности влияние частот гаплогрупп Y-хромосомы и митохондриальной ДНК и SNP на взаиморасположение народов.

2.1.1. Анализ Y-гаплогруппного разнообразия. При учете только Y-хромосомы взаимное расположение народов (рис. 2) в целом близко к приведенному выше для всех систем маркеров.

Основное отличие от рис. 1 состоит в том, что к европейским народам прилегают узбеки. По сравнению с остальными азиатскими популяциями узбеки имеют относительно большую частоту западноевразийской гаплогруппы R1 (0.35). По базе данных Y-гаплогрупп видно, что это ее восточноевропейская ветвь R1a. Рис. 3 отражает то, что башкиры обладают большей частотой данной гаплогруппы (0.61), сравнимой с частотами французов (0.56), поляков (0.63) и русских (0.51), но в генофонде первых прослеживается линия сибирской гаплогруппы N1 с одной из самых высоких частот среди исследуемых народов после коми – 0.3, что выносит их на периферию наравне с татарами (0.5) и казахами (0.08).

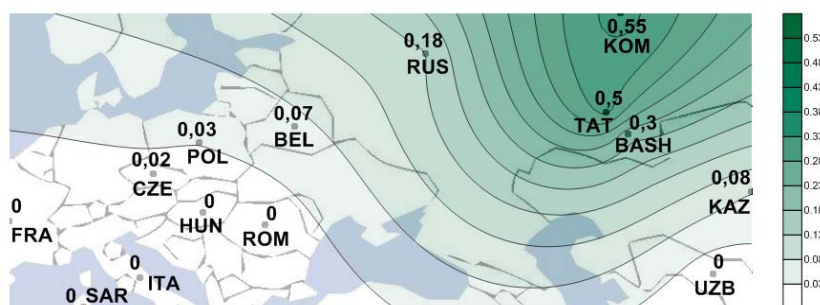


Рис. 4. Распределение частот гаплогруппы N1 Y-хромосомы

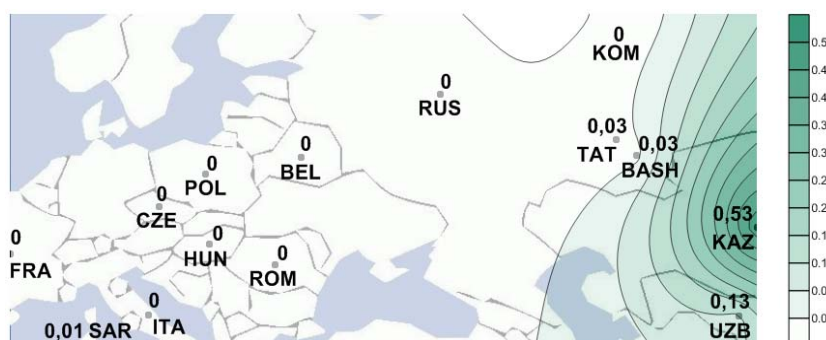


Рис. 5. Распределение частот гаплогруппы C Y-хромосомы

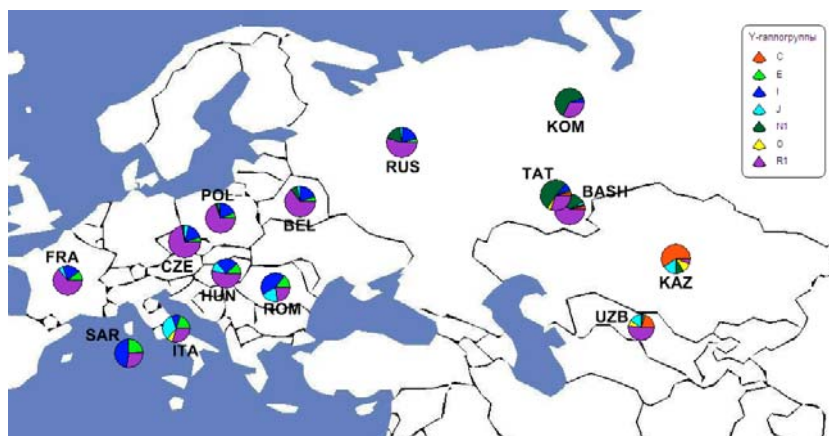


Рис. 6. Распространение Y-гаплогрупп на территории Евразии

Удаленное расположение казахского этноса относительно народов Евразии подтверждается ранее опубликованными исследованиями [12–15]. Фактором изолированности данного народа, на наш взгляд, служит гаплогруппа C (частота 0.53), наиболее распространенная у монголов, что является следствием тесного этногенеза казахской и монгольской популяций (рис. 5).

Распределение частот основных гаплогрупп Y-хромосомы показано на рис. 6. Хорошо заметно увеличение частоты сибирской (N1) и азиатской (C) линий при продвижении на восток.

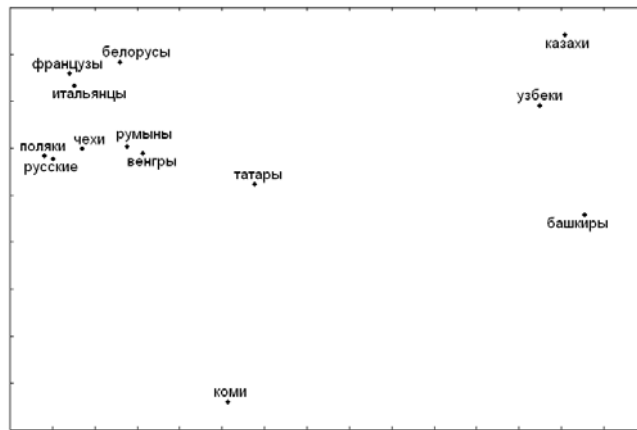


Рис. 7. Положение народов в пространстве многомерного шкалирования по данным о частотах гаплогрупп мтДНК

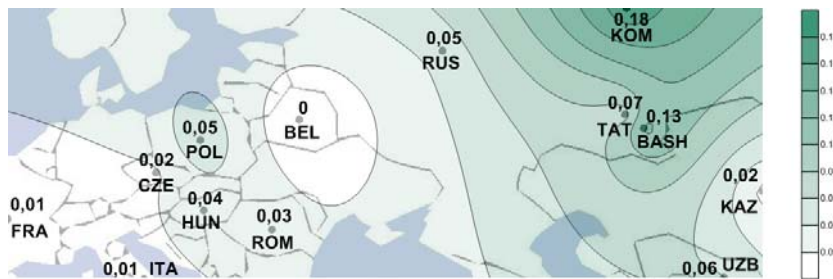


Рис. 8. Распределение частот гаплогруппы U4 мтДНК

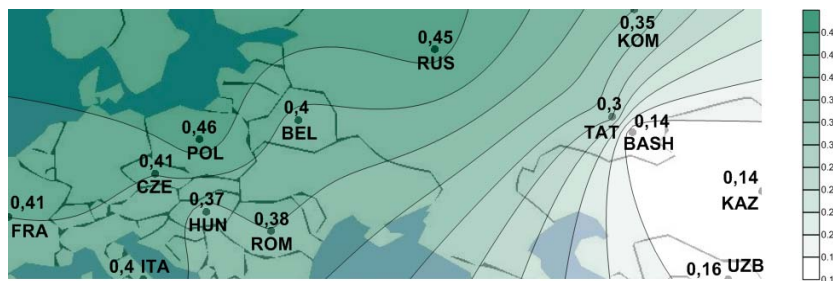


Рис. 9. Распределение частот гаплогруппы H мтДНК

2.1.2. Анализ митохондриального разнообразия. В пространстве частот гаплогрупп мтДНК (рис. 7) кластер азиатских популяции также лежит в отдалении относительно европейского кластера, что объясняется отсутствием либо небольшой частотой западно-евразийских гаплогрупп U5b и K.

Положение башкир в данном пространстве связано с наибольшей частотой в их генофонде гаплогруппы U4 (0.13) после коми (рис. 8), максимум которой принадлежит уралоязычным популяциям Восточной Европы и Западной Сибири. Ранее было показано, что на формирование народов Волго-Уральского региона большое значение оказали сибирский и центрально-азиатский компоненты [16].

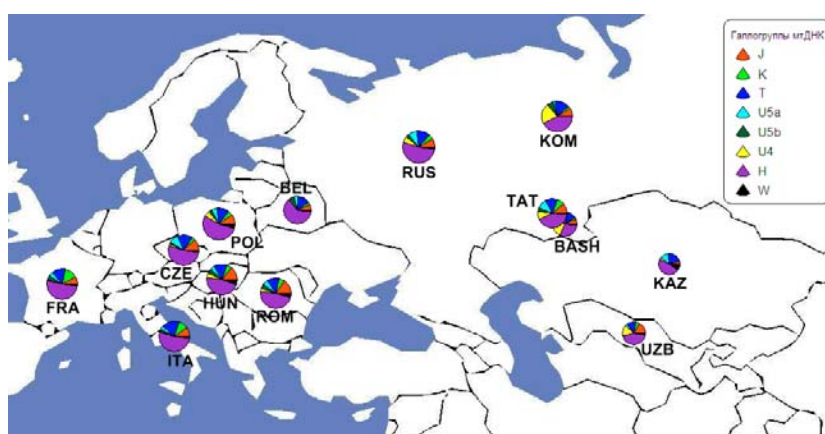


Рис. 10. Распространение гаплогрупп мтДНК на территории Евразии

Ближайшим к европейскому кластеру тюркоязычным этносом оказываются татары. Несмотря на длительную историю изучения татарского этногенеза, до сих пор не существует единого мнения об их происхождении. Однако известно, что среди остальных азиатских народов нашей выборки (башкиры, казахи, узбеки) татары имеют наименьший процент восточно-евразийских линий мтДНК C, D, G и F [16]. Помимо этого, как видно на рис. 9, частота самой распространенной европейской гаплогруппы H у татар в два раза выше, чем у остальных тюркоязычных этносов.

Рис. 10 иллюстрирует распределение 8 проанализированных нами основных западно-евразийских митохондриальных гаплогрупп. Заметен западно-восточный градиент увеличения частоты гаплогруппы U5a, умеренно встречающейся в Азии – от Восточной Европы до Казахстана. Вероятно, это ее дочерняя линия U5a1, которая в неолите проникла на территорию Южной Сибири и небольшая частота которой встречается даже у манси [17].

2.1.3. Анализ генетического разнообразия по панели SNP. Полногеномная вариабельность евразийских популяций проиллюстрирована на рис. 11. Этноты в целом группируются по географическому принципу, отражая региональную близость или отдаленность относительно друг друга.

Таким образом, наиболее полно генетическое разнообразие этносов воспроизводят диаграммы, построенные на основе совокупности данных по трем системам маркеров. Для примера приведем генетические расстояния между популяциями узбеков и татар и русской популяцией, так как три представленные диаграммы рассеяния больше всего отличаются положением данных народов относительно друг друга (табл. 2). Только в пространстве Y-гаплогруппного разнообразия татары не входят в европейскую группу популяций, и разница между расстояниями двух пар народов не столь существенна, чтобы оказывать влияние на общую картину кластеризации.

Полные матрицы генетических и лингвистических расстояний, используемые в настоящей работе, также доступны по адресу <http://cll.niimm.ksu.ru/cms/main/projects>.

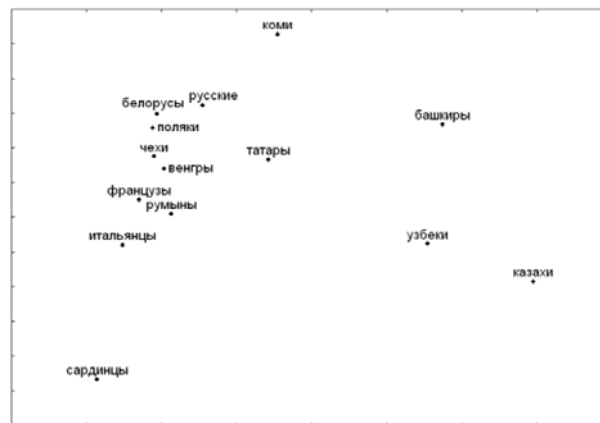


Рис. 11. Положение народов в пространстве многомерного шкалирования по данным о полногеномной изменчивости

Табл. 2

Генетическое расстояние между популяциями

Маркер	Расстояние «узбеки – русские»	Расстояние «татары – русские»
Y-хромосома	7.3	10.7
MтДНК	10.5	3.8
SNP	9	1.5
Σ	26.8	16

2.1.4. Анализ языкового разнообразия. Языковое разнообразие европейских народов в базе данных «Языки мира» характеризуется двумерным массивом, в ячейках которого зафиксированы оценки релевантности языковых фактов (строки) по отношению к определенному языку (столбцы). В структурном отношении БД представляет собой классификационную схему в виде иерархического дерева. Первому уровню такой иерархии соответствуют наименования классов языковых явлений. Внутри классов выделяются возможные аспекты рассмотрения данного класса. Элементы, находящиеся на более низких уровнях иерархии: подаспекты и характеристики – соответствуют более конкретным языковым явлениям, специфичным для одного или нескольких описываемых языков.

Для кластеризации этносов в пространстве их лингвистического разнообразия мы объединили грамматическую и лексическую матрицы расстояний тем же способом, что и при вычислении суммарных генетических различий по трем маркерам. Исследуемая выборка народов обнаруживает хорошую кластеризацию по языковым признакам (рис. 12).

Этносы объединяются в тюркскую, финно-угорскую, романскую и славянскую группы, что соответствует общепринятой классификации [18]. Любопытно, что уралоязычный кластер располагается вблизи тюркоязычного – это коррелирует с некоторыми лингвистическими гипотезами о родстве уральских и тюркских языков [19]. Для оценки взаимосвязи генетического, языкового и географического компонентов этнического разнообразия была посчитана корреляция между ними.

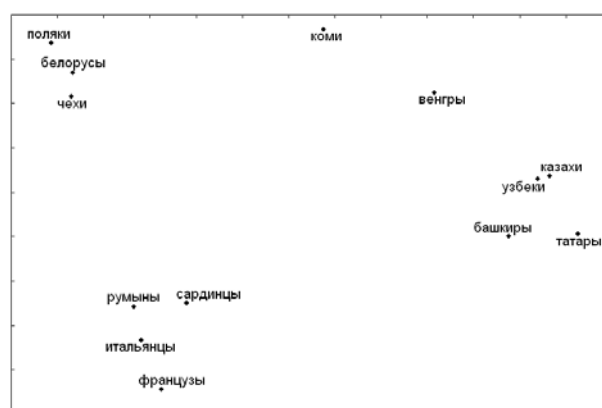


Рис. 12. Положение народов в пространстве многомерного шкалирования по лингвистическим данным

2.2. Анализ корреляции матриц расстояний. Результаты анализа корреляции матриц генетических, лингвистических и географических расстояний представлены в табл. 3. Положительная корреляция при уровне значимости p -value = 99% обнаружена между всеми группами расстояний, кроме пары Y-хромосома – мтДНК, где значимость снижена до 97.5%. Не выявлено также достоверной зависимости между лингвистическими и Y-гаплогруппными расстояниями (p -value < 95%). В целом отцовский маркер снижает степень корреляции между генами, языками и географией. Это может быть связано с отсутствием в анализе данных по нескольким важным Y-гаплогруппам (Q, дочерние гаплогруппы I).

Табл. 3

Коэффициенты корреляции между матрицами расстояний, $r(p)$

	Y-хромосома	МтДНК	SNP	3 генетических маркера	Языки	География
Y-хромосома	–					
МтДНК	0.44 (0.0145)	–				
SNP	0.41 (0.0253)	0.89 (0.0001)	–			
3 генетических маркера	0.65 (0.002)	0.95 (0.0001)	0.93 (0.0001)	–		
Языки	0.12 (0.1375)	0.38 (0.0035)	0.34 (0.0028)	0.34 (0.0042)	–	
География	0.33 (0.0237)	0.76 (0.0001)	0.75 (0.0001)	0.75 (0.0001)	0.48 (0.0011)	–

Значение корреляции между генетическим и лингвистическим компонентами намного ниже значения пары гены – география. Как было показано в ранних исследованиях [14, 16, 20], вклад географического компонента в генетическое разнообразие народов значительно больше, чем влияние их языковой характеристики.

Заключение

Результаты, полученные в ходе проведенного исследования, позволяют судить о том, что положение народов относительно друг друга в системе генетических координат варьирует в зависимости от используемого набора маркеров, а сами маркеры отличаются своей информативностью. При совместном анализе данных о близости народов по материнской и отцовской линиям, а также по аутосомным признакам генетическая картина расположения евразийских популяций коррелирует с их географическими координатами. Наибольший вклад в эту взаимосвязь вносят данные о разнообразии мтДНК и SNP.

Корреляция между генетическими маркерами и языковым разнообразием уступает корреляции между генами и географией, что указывает на то, что в генетической близости изученных популяций Евразии большую роль играет географическое положение, нежели общие языковые корни.

Обращает на себя внимание периферическое расположение казахской популяции (и казахского языка, соответственно) в пространстве распределения генетических и лингвистических признаков, что объясняется преобладанием в их генофонде восточно-евразийских линий. Татары же, хоть и являются представителями алтайской языковой семьи, как казахи, напротив, занимают промежуточное положение между европейскими и азиатскими популяциями, так как их генетическая структура имеет высокий процент западно-евразийских линий по сравнению с остальными тюркоязычными народами.

Работа выполнена при финансовой поддержке Минобрнауки РФ (государственный контракт № 02.740.11.0595) и РФФИ (проект № 10-06-00087-а).

Summary

E.A. Bulygina, V.D. Solovev. Genetic and Linguistic Diversity of 14 Eurasian Populations.

Based on the most complete current data-set on Y-DNA and mtDNA haplogroups and SNP frequency, 14 Eurasian populations were analyzed. The contribution of each part of genome to the genetic distances between the populations was estimated. The degree of the correlation between genetic, geographic and linguistic distances was determined. The phylogeography of some Y-chromosome and mtDNA lines was considered. Certain populations take unexpected places in the multidimensional scaling plot due to different percentages of European and Asian haplogroups in their genetic structure.

Key words: genetic diversity, Y chromosome, mitochondrial DNA, SNP, languages, Eurasia.

Литература

1. *Sheen F.M., Sherry S.T., Risch G.M., Robichaux M., Nasidze I., Stoneking M., Batzer M.A., Swergold G.D.* Reading between the LINEs: human genomic variation induced by LINE-1 retrotransposition // *Genome Res.* – 2000. – V. 10, No 10. – P. 1496–1508.
2. *Batzer M.A., Arcot S.S., Phinney J.W., Alegria-Hartman M., Kass D.H., Milligan S.M., Kimpton C., Gill P., Hochmeister M., Ioannou P.A., Herrera R.J., Boudreau D.A., Scheer W.D., Keats B.J., Deininger P.L., Stoneking M.* Genetic variation of recent Alu insertions in human populations // *J. Mol. Evol.* – 1996. – V. 42, No 1. – P. 22–29.

3. *Stoneking M., Fontius J.J., Clifford S.L., Soodyall H., Arcot S.S., Saha N., Jenkins T., Tahir M.A., Deininger P.L., Batzer M.A.* Alu insertion polymorphisms and human evolution: evidence for a larger population size in Africa // *Genome Res.* – 1997. – V. 7, No 11. – P. 1061–1071.
4. *Малярчук Б.А., Czarny J.* Африканские линии ДНК в митохондриальном генофонде европейцев // *Мол. биол.* – 2005. – Т. 39, Вып. 5. – С. 806–812.
5. *Kayser M., Brauer S., Cordaux R., Casto A., Lao O., Zhivotovsky L.A., Moyses-Faurie C., Rulledge R.B., Schiefenhoefel W., Gil D., Lin A.A., Underhill P.A., Oefner P.J., Trent R.J., Stoneking M.* Melanesian and Asian origins of polynesians: mtDNA and Y chromosome gradients across the Pacific // *Mol. Biol. Evol.* – 2006. – V. 23, No 11. – P. 2234–2244.
6. *Балановский О.П., Пшеничников А.С., Сычев Р.С., Евсеева И.В., Балановская Е.В.* Y-base: частоты гаплогрупп Y хромосомы у народов мира. – 2010. – URL: <http://www.genofond.ru/default2.aspx?s=0&p=711>, свободный.
7. *Запорожченко В.В., Балановский О.П., Пшеничников А.С., Балановская Е.В.* База данных «Частоты гаплогрупп мтДНК в Западной Евразии». Версия 1.0. – 2007. – URL: <http://www.genofond.ru/default2.aspx?s=0&p=333>, свободный.
8. *Excoffier L., Smouse P.E., Quattro J.M.* Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data // *Genetics.* – 1992. – V. 131, No 2. – P. 479–491.
9. *Поляков В.Н., Соловьев В.Д.* Компьютерные модели и методы в типологии и компаративистике. – Казань: Казан. гос. ун-т, 2006. – 210 с.
10. *Wichmann S., Muller A., Velupillai V., Wett A., Brown C.H., Molochieva Z., Bishoffberger J., Holman E.W., Sauppe S., Brown P., Bakker D., List J.-M., Egorov D., Belyaev O., Urban M., Hammarstrom H., Carrizo H., Mailhammer R., Geyer H., Beck D., Korovina E., Epps P., Valenzuela P., Grant A.* The ASJP Database (version 15). – 2012. – URL: <http://email.eva.mpg.de/~wichmann/listss15.zip>, свободный.
11. *Wichmann S., Holman E.W., Rama T., Walker R.S.* Correlates of reticulation in linguistic phylogenies // *Language Dynamics and Change.* – 2011. – V. 1, No 2. – P. 205–240.
12. *Nasidze I., Quinque D., Dupanloup I., Cordaux R., Kokshunova L., Stoneking M.* Genetics evidence for the Mongolian ancestry of Kalmyks // *Am. J. Phys. Anthropol.* – 2005. – V. 128, No 4. – P. 846–854.
13. *Лобов А.С., Кутуев И.А., Хидиятова И.М., Юсупов Р.М., Мурзабаева С.Ш., Хуснутдинова Э.К.* Изучение генетической структуры субпопуляций башкир по данным Alu-инсерционных полиморфных локусов // *Мед. генетика.* – 2008. – Т. 7, Вып. 8. – С. 30–37.
14. *Mirabal S., Regueiro M., Cadenas A.M., Cavalli-Sforza L.L., Underhill P.A., Verbenko D.A., Limborska S.A., Herrera R.J.* Y-chromosome distribution within the geo-linguistic landscape of northwestern Russia // *Eur. J. Hum. Genet.* – 2009. – V. 17, No 10. – P. 1260–1273.
15. *Wells R.S., Yuldasheva N., Ruzibakiev R., Underhill P.A., Evseeva I., Blue-Smith J., Jin L., Su B., Pitchappan R., Shanmugalakshmi S., Balakrishnan K., Read M., Pearson N.M., Zerjal T., Webster M.T., Zholoshvili I., Jamarjashvili E., Gambarov S., Nikbin B., Dostiev A., Aknazarov O., Zalloua P., Tsoy I., Kitaev M., Mirrakhimov M., Chariev A., Bodmer W.F.* The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* – 2001. – V. 98, No 18. – P. 10244–10249.
16. *Хуснутдинова Э.К., Кутуев И.А., Хусаинова Р.И., Юнусбаев Б.Б., Юсупов Р.М., Виллемс Р.* Этногеомика и филогенетические взаимоотношения народов Евразии // *Вестн. ВОГиС.* – 2006. – Т. 10, Вып. 1. – С. 24–40.

17. Дербенева О.А., Стариковская Е.Б., Володько Н.В., Уоллес Д.С., Сукерник Р.И. Изменчивость митохондриальной ДНК у кетов и нганасан в связи с первоначальным заселением Северной Евразии // Генетика. – 2002. – Т. 38, № 11. – С. 1–6.
18. Бурлак С.А., Старостин С.А. Сравнительно-историческое языкознание. – М.: Академия, 2005. – 432 с.
19. Иллич-Свитыч В.М. Опыт сравнения ностратических языков (семито-хамитский, картвельский, индоевропейский, уральский, дравидийский, алтайский): в 3 т. – М.: Наука, 1971–1984.
20. Харьков В.Н., Степанов В.А. Структура генофонда коренного населения Сибири: дифференциация популяций и филогеография гаплогрупп Y-хромосомы // Мед. генетика. – 2010. – Спец. вып. – С 187. (Материалы VI Рос. съезда о-ва мед. генетиков, Ростов н/Д, 14–18 мая 2010 г.)

Поступила в редакцию
04.07.12

Булыгина Евгения Александровна – младший научный сотрудник Российского научно-образовательного центра по лингвистике им. И.А. Бодуэна де Куртенэ, г. Казань.
E-mail: boulygina@gmail.com

Соловьев Валерий Дмитриевич – доктор физико-математических наук, заведующий кафедрой прикладной информатики Казанского (Приволжского) федерального университета.

E-mail: maki.solovyev@mail.ru