

УДК 575.174+811.512.1

ДНК-ФИЛОГЕНИЯ И ЛИНГВИСТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ТЮРКСКИХ НАРОДОВ

Е.А. Булыгина, В.Д. Соловьев

Аннотация

Проведен анализ существующих на данный момент баз данных по генетическому (гаплогруппы Y-хромосомы, митохондриальной ДНК) и лингвистическому («Языки мира», ASJP, WALS) разнообразию тюркских народов. Рассчитаны коэффициенты корреляции между матрицами генетических, лингвистических и географических расстояний. Показано, что в пространстве многомерного шкалирования расположение популяций по генетическим признакам согласуется с географическим (коэффициент корреляции 0.56), а по лингвистическим – зависит от используемой БД.

Ключевые слова: тюркские народы, генетическое разнообразие, Y-хромосома, митохондриальная ДНК, БД «Языки мира», ASJP, WALS.

Введение

История тюркских народов полна белых пятен. Лишь с V века н. э. письменные памятники позволяют восстановить картину развития тюркских народов. До этого времени выдвигаются гипотезы о существовании так называемой алтайской эпохи и Хуннской эпохи. Сама прародина тюркских языков относится к обширному ареалу Южной Сибири и Центральной Азии от Саян до Байкала. Неясным остается и вопрос о генеалогическом родстве тюркских народов с монгольскими и тунгусо-маньчжурскими [1]. В лингвистических исследованиях предложено более десятка классификаций тюркских языков [2–5], ни одна из которых не является общепринятой.

В настоящей работе представлены все генетические и лингвистические данные по тюркским народам/языкам, собранные в свободно доступных базах данных. Одновременное использование всех этих данных ранее никогда не проводилось по той простой причине, что многие из них стали доступны лишь недавно. Можно надеяться, что комплексный учет всех данных позволит уточнить картину развития тюркских народов.

В нашей предшествующей работе [6] аналогичный подход с использованием как генетических, так и лингвистических данных был применен к более широкой совокупности народов Евразии. Следующим этапом исследований является более детальный анализ ситуации для отдельных языковых или региональных групп – тюрки, кавказские народы и т. д.

1. Материалы и методы

1.1. Данные по генетическим маркерам. Для оценки популяционно-генетического разнообразия тюркских народов мы воспользовались информацией из различных источников.

Одним из них послужила база данных частот гаплогрупп Y-хромосомы у народов мира О.П. Балановского [7], использованная нами в [6]. В ней содержатся значения частот 335 Y-гаплогрупп для 252 народов, в том числе для 24 тюркских, из большого числа опубликованных и архивных источников. После технической подготовки данных была создана матрица, включающая описание 18 тюркских народов (табл. 1) по 24 гаплогруппам (C, CF, D, DE, E, F, I, J, J2, K, L, N2, N1, N1b, N1c, N1c1, NO, O, O3, P, R, R1, R1a, R1a1).

Для анализа структуры наследования по материнской линии была выбрана база данных «Частоты гаплогрупп мтДНК в Западной Евразии», являющаяся фрагментом базы данных MURKA (Global Mitochondrial Database and Integrated Software) [8]. Информация о частотах 9 западно-евразийских митохондриальных гаплогрупп (H, J, K, T, U2e, U4, V, W, X) у 8 тюркских народов включена в дальнейший анализ (табл. 1).

В табл. 1. приведена классификация, основанная на работе А.Н. Самойловича [4].

1.2. Лингвистические данные. Для изучения языкового разнообразия тюркских народов мы воспользовались базой данных «Языки мира» (см. [6]). Ее подробное описание приводится в [9]. База данных описывает 315 языков, распространенных в основном на территории Евразии, по 3821 бинарному признаку. Среди них 54 языка, относящихся к тюркской ветви алтайской языковой семьи, в том числе 16 мертвых, которые в анализе задействованы не были. Список 38 тюркских языков приведен в сводной табл. 1.

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 по модифицированному методу Левенштейна (Levenshtein Distance Normalized, LDN) вычисляются на основе списка базовой лексики языка, состоящей из 40 слов [11].

В проекте дается описание 54 тюркских языков, но некоторые представлены парами и тройками (азербайджанский, турецкий, туркменский, татарский), а хорасанский язык – 21 диалектом. Расстояния между данными языками и всеми остальными были усреднены для получения общей картины языкового многообразия. Таким образом, было проанализировано 28 языков (табл. 1 + мертвый чагатайский и крымско-турецкий).

Еще одним источником информации о распределении лингвистических явлений в языках тюркских народов послужила база данных WALS (The World Atlas of Language Structures) [12]. База данных была включена нами в анализ впервые. В ней содержится описание 2679 языков, в том числе 41 тюркского, по 144 структурным признакам – фонологическим, грамматическим и лексическим. Не все необходимые нам языки были охарактеризованы по полному набору

Табл. 1

Классификация тюркских народов и их наличие в использованных базах данных

Группа		Народ	Y	МтДНК	«ЯМ»	ASJP	WALS	
Булгарская		Чуваши	+	+	+	+	+	
Горно-алтайская (центрально-восточная)		Алтайцы	+		+			
		Киргизы	+		+	+	+	
		Телеуты	+					
		Шорцы	+		+	+		
Кыпчакская (северо- западная)	Поволжско- кыпчакские	Башкиры	+	+	+	+	+	
		Татары	+	+	+	+	+	
		Барабинские татары			+			
	Половецкие	Балкарцы, карачаевцы			+	+	+	
		Караимы			+	+		
		Крымские татары			+	+		
		Крымчаки			+			
		Кумыки			+	+		
		Мишари				+		
	Ногайские	Алабугатские татары			+			
		Астраханские ногайцы- карагаши			+			
		Казахи	+	+	+	+		
		Каракалпаки	+	+	+	+	+	
		Ногайцы		+	+	+		
	Юрговские татары			+				
Карлукская (юго-восточная)		Уйгуры	+		+	+	+	
		Узбеки	+	+	+	+	+	
Огузская (юго-западная)		Азербайджан- цы	+		+	+	+	
		Балканские тюрки			+			
		Гагаузы			+			
		Салары			+	+		
		Сонкорские тюрки			+			
		Турки	+	+	+	+	+	
		Туркмены	+		+	+		
		Урумы			+			
		Халаджи			+	+	+	
Хорасанские тюрки			+	+				
Саянская		Тувинцы	+		+	+	+	
		Тофалары			+	+		
Уйгурская (кыргызская)		Сарыг-уйгуры			+			
		Фуйнойские кыргызы			+			
		Хакасы	+		+	+		
		Чулымские тюрки			+			
Якутская		Долганы			+	+		
		Якуты	+		+	+	+	

свойств, и после предварительной обработки данных для расчета лингвистических расстояний в базе осталось 13 тюркских языков (табл. 1).

1.3. Статистический анализ. Для визуализации различных компонентов разнообразия тюркских народов был использован распространенный метод выявления структуры многомерных данных – многомерное шкалирование (Multi-dimensional Scaling, MDS). Выбор неметрического алгоритма MDS обусловлен возможностью получения не только графического отображения данных, но и меры его качества – стресса. Метод был реализован в программной среде R, пакеты MASS и stats (R Foundation, www.r-project.org).

Для каждой из 8 баз данных (в том числе для 3 грамматических подбаз), различающихся набором народов и языков, были рассчитаны матрицы евклидовых расстояний для дальнейшей визуализации методом MDS. Сравнительный анализ генетического и лингвистического компонентов разнообразия, а также анализ их взаимоотношений с географическим компонентом стал возможен после 1) процедуры отбора общих для всех баз данных народов и 2) нормализации каждой базы данных по отношению к другим. После этих процедур количество тюркских народов, данные по которым отобраны для анализа, составило 15 (азербайджанцы, башкиры, казахи, каракалпаки, киргизы, татары, тувинцы, турки, туркмены, узбеки, уйгуры, хакасы, чувашаи, шорцы, якуты).

Географические координаты для корреляционного анализа определялись с помощью инструментов Google Maps согласно местам проживания данных народов, то есть странам, автономным районам и национальным республикам в составе Российской Федерации.

Значения корреляции между матрицами генетических, лингвистических и географических расстояний в различных комбинациях (тест Мантеля) также получены с использованием R (пакет *vegan*).

2. Результаты и их обсуждение

2.1. Популяционно-генетическое разнообразие тюркских народов.

2.1.1. Y-гаплогруппное разнообразие. Проследим характер патрилинейных (отцовских) наследственных взаимоотношений 19 тюркских народов (рис. 1). Несмотря на отсутствие в исследовании важных для понимания отношений внутри тюркского мира гаплогрупп N, N1a, R1b, R1b1, а также C3 и ее подгрупп, на картине распределения тюркоязычных этносов в пространстве Y-гаплогрупп обнаруживается частичная кластеризация народов по языковой и/или географической принадлежности. Выделяется горно-алтайская группа, в которую входят популяции северных алтайцев, алтай-кижи, телеутов и киргизов (хакасско-алтайская группа языков). Генетически их объединяет относительно высокая по сравнению с остальными тюрками частота гаплогруппы R1a, пришедшей из Восточной Европы, а также наличие центральносибирской гаплогруппы Q [13].

Якуты традиционно располагаются на периферии пространства благодаря наивысшим среди представленных народов частотам гаплогруппы N1c и ее субкладов. Лингвистически такое отдаление выглядит закономерным, если учитывать введение некоторыми тюркологами якутского языка в обособленную группу

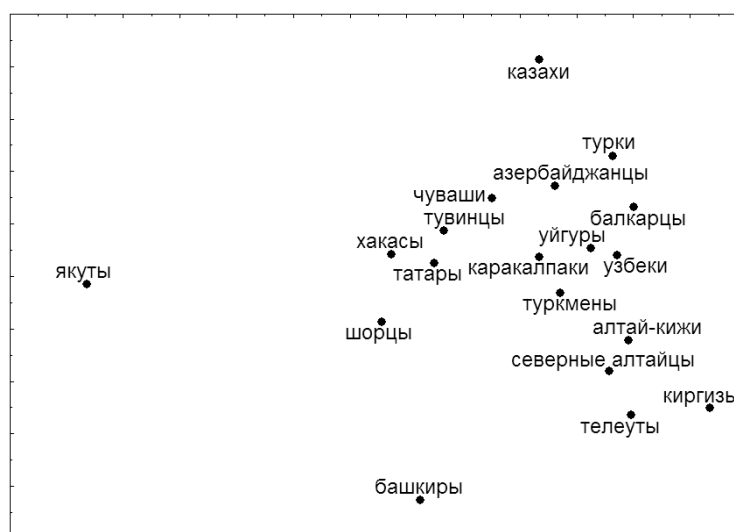


Рис. 1. Положение народов в пространстве многомерного шкалирования по данным о частотах Y-гаплогрупп (стресс 0.06)

вследствие палеоазиатского и монгольского влияния (следы гаплогруппы C3c) [14]. Такими же аутлайерами выглядят популяции башкир (линия N1c1, имеющая максимумы в Сибири и Европе у финно-угров и народов ВУР) и казахов (влияние «монголоидных» гаплогрупп C и O), несмотря на то что их языки, согласно разным классификациям, относятся к одной кыпчакской, или западной, группе.

Любопытно положение чувашей в центроевразийском кластере. Лингвисты единогласно определяют чувашский язык в самостоятельную болгарскую группу [5], связывая ее выход из пратюркского языка с его распадом [15]. Логично было бы предположить, что и в пространстве Y-гаплогруппного разнообразия популяция чувашей займет место на периферии, однако мы видим, что с ее положением коррелирует скорее географическая, чем лингвистическая, характеристика. Подробнее связь между генетическим, языковым и географическим компонентами в этногенезе тюрков будет рассмотрена ниже.

Огузская, кыпчакско-ногайская, а также лежащая на юго-востоке от них карлукская группы вместе образуют кластер народов Средней Азии.

2.1.2. Митохондриальное разнообразие. Генетическая гетерогенность митохондриальной ДНК тюркоговорящих популяций достаточно велика [16]. Тюркские народы, проживающие на территории Евразии, обладают западно-восточным градиентом увеличения частоты азиатских линий мтДНК – от 1% у гагаузов из Молдавии до 95% у якутов и 99% у долган (G, D, C, Z, F) [17]. Соответственно, самые высокие частоты западно-евразийских гаплогрупп мы найдем у тюрков Волго-Уральского региона. Рассмотрим картину разнообразия народов по данным этих митогрупп (рис. 2).

Расположение чувашского народа на данном плоте соответствует их языковой характеристике. Обладая наибольшими среди проанализированных 8 тюркских народов частотами гаплогрупп H, K, U2e и V, они показывают высокий

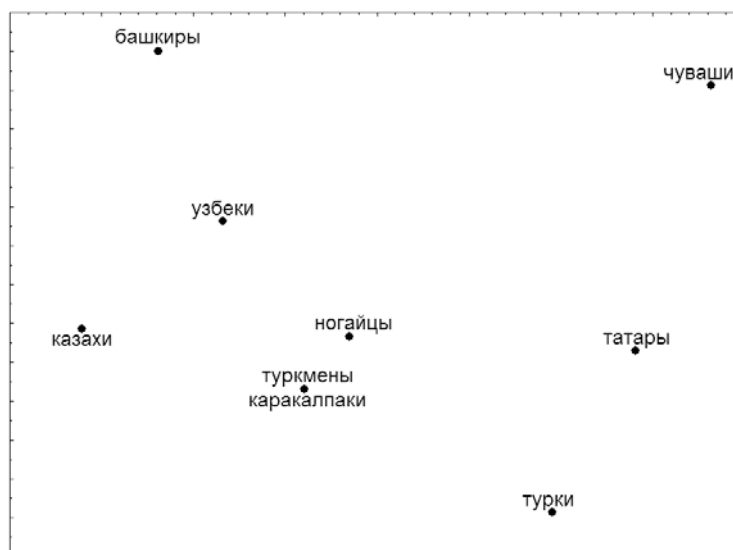


Рис. 2. Положение народов в пространстве многомерного шкалирования по данным о частотах гаплогрупп мтДНК (стресс 0.01)

процент европеоидных линий мтДНК в своем генофонде. Кластеризация остальных народов не ясна и требует включения в анализ данных по азиатским гаплогруппам.

Для оценки взаимосвязи генетического, языкового и географического компонентов этнического разнообразия была посчитана корреляция между ними (см. табл. 2).

2.1.3. Картина генетического разнообразия по двум системам маркеров.

После объединения двух матриц генетических дистанций мы получили картину распределения тюркских народов в пространстве MDS, отражающую общеегеномное разнообразие тюрков (рис. 3). Большинство народов формируют географические кластеры – среднеазиатский в правой части плота и западно-сибирский с поволжским в нижней. Популяция якутов оттеснена к периферии из-за крайне высокого процента восточно-евразийских гаплогрупп в своем генофонде и низкого уровня генетического разнообразия [18]. Башкиры также отдалены от остальных групп; возможно, это признак корреляции с теорией об их финно-угорском происхождении. В этом смысле в будущем при изучении тюркских народов стоит включать в анализ данные о разнообразии не только внутри тюркоязычной группы, но и информацию о генофонде их ближайших соседей.

2.2. Лингвистическое разнообразие тюркских народов.

2.2.1. ASJP. Из трех лингвистических баз данных – «Языки мира», ASJP, WALS – наиболее точное соответствие ранее установленному родству языков демонстрирует база данных ASJP. На рис. 4 ясно видно наиболее дистантное расположение чувашского языка, первым отделившимся от прототюркской общности. Четко выделяются якутская и саянская подгруппы. К сожалению, диаграммы этого вида не позволяют установить четкий порядок в большом конгломерате кыпчакских и огузских языков.

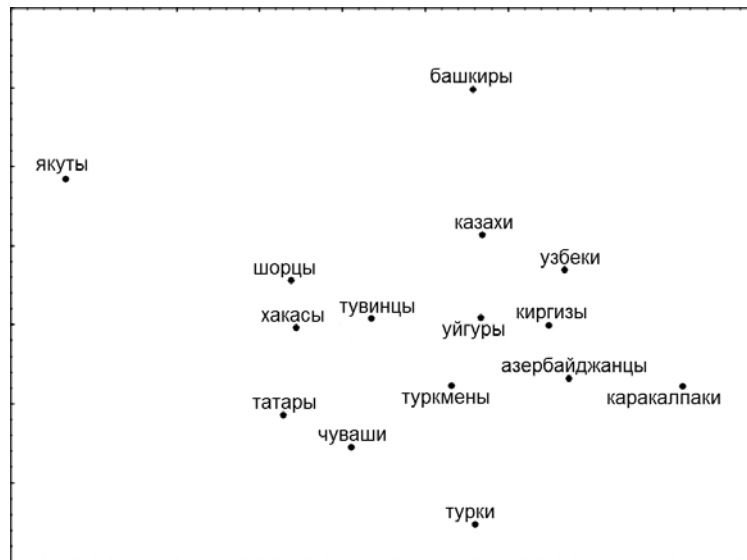


Рис. 3. Положение народов в пространстве многомерного шкалирования по данным двух систем маркеров

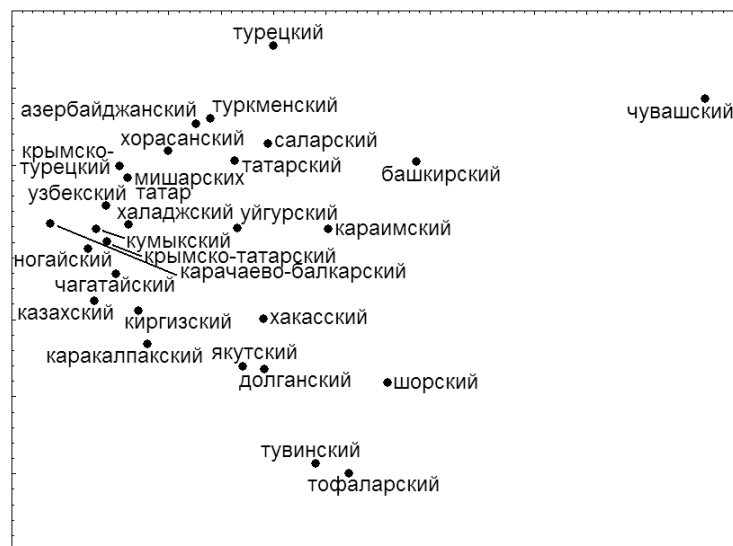


Рис. 4. Разнообразие тюркских языков в пространстве многомерного шкалирования по лексико-фонетической БД ASJP (стресс 0.14)

2.2.2. «Языки мира». Основанная на синтаксических данных БД «Языки мира» показывает совершенно иную картину близости, в частности чувашский язык располагается в центре, а не на периферии (рис. 5). Это естественно связывается с географическим положением чувашского народа по соседству с татарским, башкирским и другими народами и указывает на то, что синтаксические признаки легко заимствуются в результате культурных контактов.

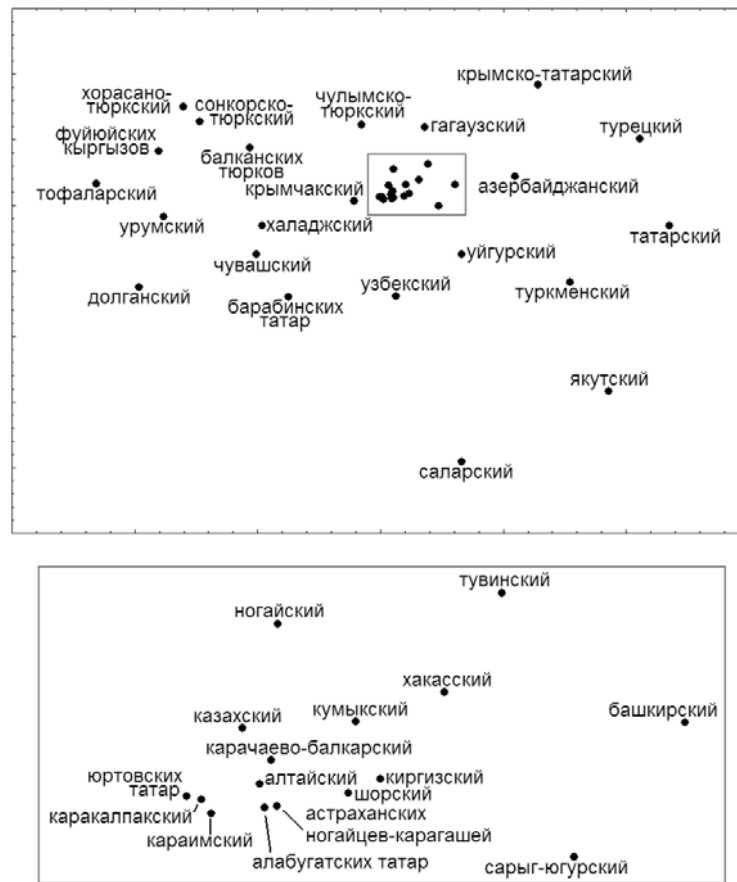


Рис. 5. Разнообразие тюркских языков в пространстве многомерного шкалирования по грамматической БД «Языки мира» (стресс 0.23)

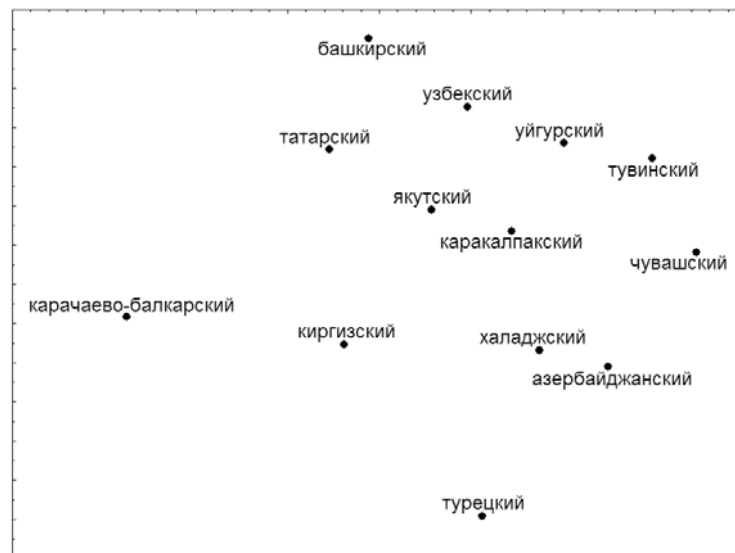


Рис. 6. Разнообразие тюркских языков в пространстве многомерного шкалирования по лексико-грамматической БД WALS (стресс 0.18)

2.2.3. WALS. База данных WALS содержит данные лишь по небольшому числу языков, что делает ее менее полезной в подобного рода исследованиях. Можно также отметить не вполне естественное расположение якутского языка, близкое к центру диаграммы (рис. 6), что не соответствует ни его географическому положению на периферии Евразии, ни раннему отделению сибирской подгруппы тюркских языков. Объяснением этого может служить недостаточность данных, наличие значительных пробелов в WALS, что отмечалось в литературе и ранее.

2.3. Корреляции компонентов этнического разнообразия тюрков. Значения корреляций между матрицами генетических, лингвистических и географических расстояний представлены в табл. 2.

Табл. 2

Коэффициенты корреляции между матрицами расстояний

Пара расстояний	Коэффициент корреляции r (p)
Генетика – география	0.56 (0.0002)
Генетика – языки	0.11 (0.24)
Языки – география	0.21 (0.11)

Как и в нашей ранней работе [6], значение корреляции между лингвистическими и географическими характеристиками для 15 тюркских популяций оказывается намного меньше значения пары генетика – география и статистически не достоверно. Предположение о том, что на генетической карте мира этносы образуют группы по территориальному признаку, высказывается в различных публикациях [17, 19, 20].

Заключение

В своем исследовании мы приблизились к пониманию генеалогического родства тюркских народов и языков. Собрав воедино имеющиеся базы данных по генетическому разнообразию и лингвистике, мы попытались проследить генетические взаимоотношения внутри группы тюрков и внести ясность в существующие классификации их языков.

Генетический компонент этнического разнообразия обнаруживает традиционную корреляцию с географическими координатами. Якутская популяция на плоту занимает отдаленное местоположение по причине крайне большого процента восточно-евразийских гаплогрупп, что не вызывает вопросов, в отличие от расположения чувашей. Судя по занимаемому месту последних в группе центральной Евразии, можно предположить, что их болгарские предки не встречали языковых барьеров на пути распространения своих генетических особенностей. Грамматическая БД «Языки мира» также говорит о свободном заимствовании синтаксических признаков народами, проживающими на этой территории. Лексико-фонетическая БД ASJP, напротив, подтверждает господствующую теорию о раннем отделении чувашского языка от остальных тюркских.

Как показало исследование, одни базы данных являются более полезными, другие – менее. Однозначным представляется включение в последующий анализ

максимально полного количественного описания генетического разнообразия тюрков (поиск более информативных баз данных), а также использование информации о генофонде их территориальных соседей из других языковых групп.

В дальнейшем нашей исследовательской группой планируется построить итоговое филогенетическое дерево эволюции тюркских народов и языков с целью обоснованного подкрепления той или иной классификационной гипотезы.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект № 13-06-97065).

Литература

1. *Georg S., Michalove P.A., Ramer A.M., Sidwell P.J.* Telling general linguists about Altaic // *J. Linguistics*. – 1999. – V. 35, No 1. – P. 65–98.
2. *Кононов А.Н.* Тюркология // *Лингвистический энцикл. словарь*. – М.: Сов. энцикл., 1990. – С. 525–527.
3. *Тенишев Э.Р., Гаджиева Н.З.* Языки мира: Тюркские языки. – М.: Индрик., 1997. – 544 с.
4. *Самойлович А.Н.* Некоторые дополнения к классификации тюркских языков // *Самойлович А.Н. Тюркское языкознание. Филология. Руника*. – М.: Вост. лит., 2005. – С. 77–87.
5. *Самойлович А.Н.* К вопросу о классификации тюркских языков // *Самойлович А.Н. Тюркское языкознание. Филология. Руника*. – М.: Вост. лит., 2005. – С. 88–91.
6. *Булыгина Е.А., Соловьев В.Д.* Генетическое и лингвистическое разнообразие 14 популяций Евразии // *Учен. зап. Казан. ун-та. Сер. Естеств. науки*. – 2012. – Т. 154, кн. 4. – С. 175–187.
7. *Балановский О.П., Пшеничнов 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.
8. *Запорожченко В.В., Балановский О.П., Пшеничнов 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.
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/lists15.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. *Maddieson I.* Consonant Inventories // *Dryer M.S., Haspelmath M.* The World Atlas of Language Structures Online. – 2013. – URL: <http://wals.info/chapter/1>, свободный.
13. *Лавряшина М.Б., Васинская О.А.* Коренные народы Алтае-Саян: соотношения генофондов по данным об аутосомных ДНК маркерах и Y хромосомы // *Человек: его биологическая и социальная история: Тр. Междунар. конф., посвящ. 80-летию акад. РАН В.П. Алексеева*. – М., 2010. – Т. 1. – С. 218–224.

14. Дьячок М.Т. Глоттохронология тюркских языков // Наука. Университет. 2001: Материалы Второй науч. конф. преподавателей и студентов.– Новосибирск, 2001. – С. 14–16.
15. Дыбо А.В. Хронология тюркских языков и лингвистические контакты ранних тюрков. – М.: Академия, 2004. – 766 с.
16. Бермишева М., Тамбетс К., Виллемс Р., Хуснутдинова Э. Разнообразие гаплогрупп митохондриальной ДНК у народов Волго-Уральского региона России // Мол. биология. – 2002. – Т. 36, Вып. 6. – С. 990–1001.
17. Хуснутдинова Э.К., Кутуев И.А., Хусаинова Р.И., Юнусбаев Б.Б., Юсупов Р.М., Виллемс Р. Этногеномика и филогенетические взаимоотношения народов Евразии // Вестн. ВОГиС. – 2006. – Т. 10, Вып. 1. – С. 24–40.
18. Федорова С.А. Якуты: генетические реконструкции в сравнении с историческими // Наука и техника в Якутии. – 2009. – Т. 17, Вып. 2. – С. 9–14.
19. 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. Gen. – 2009. – V. 17, No 10. – P. 1260–1273.
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
11.10.13

Булыгина Евгения Александровна – младший научный сотрудник, Российский научно-образовательный центр по лингвистике им. И.А. Бодуэна де Куртенэ г. Казань, Россия.

E-mail: bulygina@gmail.com

Соловьев Валерий Дмитриевич – доктор физико-математических наук, заведующий кафедрой прикладной информатики, Казанский (Приволжский) федеральный университет, г. Казань, Россия.

E-mail: maki.solovyev@mail.ru

* * *

DNA PHYLOGENY AND LINGUISTIC DIVERSITY OF 14 TURKIC PEOPLES

E.A. Bulygina, V.D. Solovyev

Abstract

The current genetic (Y-haplogroups, mitochondrial DNA) and linguistic (“Yazyki mira”, ASJP, WALS) databases for Turkic peoples were analysed. The correlation coefficients between genetic, geographic and linguistic distance matrices were estimated. In genetic MDS space, the location of populations corresponds to their geographic location (correlation 0.56), while in linguistic MDS space, it depends on the database being used.

Keywords: Turkic peoples, genetic diversity, Y chromosome, mitochondrial DNA, database “Yazyki mira”, ASJP, WALS.

References

1. Georg S., Michalove P.A., Ramer A.M., Sidwell P.J. Telling general linguists about Altaic. *J. Linguistics*, 1999, vol. 35, no. 1, pp. 65–98.
2. Kononov A.N. Turkology. *Lingvisticheskii entsiklopedicheskii slovar* [Linguistic Encyclopaedic Dictionary]. Moscow, Sovetskaya entsiklopediya, 1990, pp. 525–527. (In Russian)
3. Tenishev E.R., Gadzhieva N.Z. Languages of the World: Turkic Languages. Moscow, Indrik, 1997. 544 p. (In Russian)
4. Samoilovich A.N. Some additions to the classification of Turkic languages. *Samoilovich A.N. Tyurkskoe yazykoznanie. Filologiya. Runika* [Turkic Linguistics. Philology. Runica]. Moscow, Vostochnaya literatura, 2005, pp. 77–87. (In Russian)
5. Samoilovich A.N. The issue of classification of Turkic languages. *Samoilovich A.N. Tyurkskoe yazykoznanie. Filologiya. Runika* [Turkic Linguistics. Philology. Runica]. Moscow, Vostochnaya literatura, 2005, pp. 88–91. (In Russian)
6. Bulygina E.A., Solovyev V.D. Genetic and linguistic diversity of 14 Eurasian populations. *Uchenye Zapiski Kazanskogo Universiteta. Seriya Estestvennye Nauki*, 2012, vol. 154, no. 4, pp. 175–187. (In Russian)
7. Balanovskii O.P., Pshenichnov A.S., Sychev R.S., Evseeva I.V., Balanovskaya E.V. Y-base: Y chromosome haplogroup frequencies among the peoples of the world. 2010. Available at: <http://www.genofond.ru/default2.aspx?s=0&p=711>. (In Russian)
8. Zaporozhchenko V.V., Balanovskii O.P., Pshenichnov A.S., Balanovskaya E.V. The Database “Frequencies of mtDNA haplogroups in Western Eurasia”, version 1.0. 2007. Available at: <http://www.genofond.ru/default2.aspx?s=0&p=333>. (In Russian)
9. Polyakov V.N., Solovyev V.D. Computer Models and Methods in Typology and Comparative Studies. Kazan, Kazan. Gos. Univ., 2006. 210 p. (In Russian)
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. Available at: <http://email.eva.mpg.de/~wichmann/listss15.zip>.
11. Wichmann S., Holman E.W., Rama T., Walker R.S. Correlates of reticulation in linguistic phylogenies. *Language Dynamics and Change*, 2011, vol. 1, no. 2, pp. 205–240.
12. Maddieson I. Consonant Inventories. *Dryer M.S., Haspelmath M. The World Atlas of Language Structures Online*. 2013. Available at: <http://wals.info/chapter/1>.
13. Lavryashina M.B., Vasinskaya O.A. Indigenous peoples of the Altai-Sayan region: The genofond ratios according to data on autosomal DNA markers and Y chromosome. *Chelovek: ego biologicheskaya i sotsialnaya istoriya: Tr. Mezhdunar. konf., posvyashch. 80-letiyu akademika RAN V.P. Alekseeva* [Human: Their Biological and Social History: Proc. Int. Conf. Dedicated to the 80th Anniversary of Academician of the Russian Academy of Sciences, V.P. Alekseev]. Moscow, 2010, vol. 1, pp. 218–224. (In Russian)
14. Dyachok M.T. Glottochronology of the Turkic Languages. Nauka. Universitet. 2001: *Materialy Vioroi nauch. konf. prepodavatelei i studentov* [Science. University. 2001: Proc. 2nd Sci. Conf. for Lecturers and Students]. Novosibirsk, 2001, pp. 14–16. (In Russian)
15. Dybo A.V. Chronology of Turkic Languages and Linguistic Contacts of Early Turks. Moscow, Akademiya, 2004. 766 p. (In Russian)
16. Bermisheva M., Tambets K., Villems R., Khusnutdinova E. Diversity of the mitochondrial DNA haplotypes in ethnic populations of the Volga-Ural region of Russia. *Molekulyarnaya biologiya*, 2002, vol. 36, no. 6, pp. 990–1001. (In Russian)
17. Khusnutdinova E.K., Kutuev I.A., Khusainova R.I., Yunusbaev B.B., Yusupov R.M., Villems R. Ethnogenomics and phylogenetic relations of Eurasian populations. *Vestn. VOGiS*, 2006, vol. 10, no. 1, pp. 24–40. (In Russian)
18. Fedorova S.A. The Yakuts: Genetic reconstructions as compared to the historical ones. *Nauka i tekhnika v Yakutii*, 2009, vol. 17, no. 2, pp. 9–14. (In Russian)

19. 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. Gen.*, 2009, vol. 17, no. 10, pp. 1260–1273.
20. Kharkov V.N., Stepanov V.A. Genofond structure of native Siberian population: population differentiation and phylogeography of Y-chromosome haplogroups. *Meditinskaya genetika*, 2010, Special Issue, P. 187 (Materialy VI Ros. sezda o-va med. genetikov, Rostov-na-Donu [Proc. VI Congress of the Russian Society of Medical Genetics, Rostov-on-Don, May 14–18, 2010]). (In Russian)

Received
October 11, 2013

Bulygina Evgeniya Aleksandrovna – Junior Research Fellow, Baudouin de Courtenay Scientific and Educational Centre of Linguistics, Kazan, Russia.

E-mail: boulygina@gmail.com

Solovyev Valerii Dmitrievich – Doctor of Physics and Mathematics, Head of the Department of Applied Informatics, Institute of Computer Mathematics and Information Technologies, Kazan Federal University, Kazan, Russia.

E-mail: maki.solovyev@mail.ru