

## ЭТНОГЕНОМИКА И ДЕМОГРАФИЧЕСКАЯ ГЕНЕТИКА КОРЕННЫХ НАРОДОВ СЕВЕРА

УДК 575.174.599.9:943.87

С.А. Федорова, Н.А. Барашков, В.В. Ушницкий,  
С.К. Кононова, Р.И. Бравина, А.Н. Алексеев, М.И. Томский,  
Э.К. Хуснутдинова

## ЭТНОТЕРРИТОРИАЛЬНЫЕ ГРУППЫ ЯКУТОВ: ОСОБЕННОСТИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ

В работе представлены характеристики генофонда трех этнотерриториальных групп якутов (центральной, вилюйской и северной) по линиям митохондриальной ДНК и Y-хромосомы.

**Ключевые слова:** митохондриальная ДНК, Y-хромосома, этнотерриториальные группы, якуты.

This paper presents the characteristics of the gene pool of the three Yakuts ethno-territorial groups (central, vilui and northern) through the lines of mitochondrial DNA and Y-chromosome.

**Keywords:** mitochondrial DNA, Y-chromosome, ethno-territorial groups, Yakuts.

**Введение.** За последнее десятилетие опубликовано значительное число работ, посвященных вопросам генетической истории якутов [1, 8, 10, 12–15, 17–19]. Пристальное внимание генетиков к истории якутского этноса было вызвано прежде всего уникальными особенностями мужского генофонда популяции, впервые отмеченными в работе английской исследовательницы Татьяны Зерджал [16]. Большая часть мужчин-саха (более 80%) являются потомками одного мужчины-основателя с N1c-линией Y-хромосомы, что является необычным явлением для достаточно многочисленного этноса [8, 10, 12, 14, 16, 17]. Крайне низкая степень разнообразия мужских линий якутов компенсируется гетерогенностью женского генофонда, хотя эффект основателя наблюдается и в этом слу-

чае – пятая часть женщин-саха происходит от одной родоначальницы с типом митохондриальных линий D5a2a2 [1, 14, 17–19]. Дивергенция специфичного для якутов N1c-субкластера, по нашим оценкам, началась ~1600 лет назад с последующей экспансией ~900 лет назад [14]. Первая дата соответствует времени расхождения якутского языка с древними тюркскими языками [5], вторая совпадает с предполагаемым временем миграции последней, наиболее обширной волны тюркоязычных предков якутов в бассейн средней Лены [4, 6]. Генофонд народа саха представлен главным образом линиями азиатского происхождения (>90%). Европеоидный компонент составляет менее 10%: часть этих линий была привнесена русскоязычным населением, начиная с XVII в., другие проникли в Якутию с Ближнего Востока через степную зону Евразии, Алтай и Южную Сибирь с предками якутов и эвенков [12, 14]. По своим генетическим характеристикам (анализу мтДНК и аутосомных локусов) якуты наиболее близки к эвенкам Якутии [12, 14, 17], и далее, по степени генетической близости, к народам, проживающим на более южных территориях – бурятам, алтайцам, хакасам, тувинцам, монголам [14]. В настоящее время можно смело утверждать, что якуты как единый народ являются одним из самых изученных в генетическом плане этносов в мире, но особенности субэтнической структуры до сих пор не охарактеризованы в достаточной степени.

**Цель работы:** охарактеризовать генетические особенности отдельных этнотерриториальных групп якутов (центральной, вилюйской и северной).

**Материал и методы исследования.** Материал исследования был собран в экспедициях ФГБУ «ЯНЦ КМП»

СО РАМН в 2002–2004 гг. В популяционные выборки включались здоровые неродственные индивиды, этническая принадлежность которых учитывалась преимущественно до третьего поколения: центральные якуты Амгинского, Мегино-Кангаласского, Намского, Таттинского, Усть-Алданского, Хангаласского, Чурапчинского улусов, вилюйские якуты Верхневилуйского, Вилюйского, Нюрбинского, Сунтарского улусов, северные якуты Верхнеколымского, Верхоянского, Жиганского, Момского, Среднеколымского улусов. Гаплотипы мтДНК определяли путем секвенирования гипервариабельного сегмента I (ГВCI) (16024–16390) и анализа 95 диагностических участков кодирующей области мтДНК (n=423). Гаплотипы Y-хромосомы идентифицировали путем анализа 28 диаллельных и 6 микросателлитных локусов нерекombинирующей области (n= 215). Использовали номенклатуру гаплогрупп мтДНК согласно <http://www.phylotree.org/>, и классификацию гаплогрупп Y хромосомы согласно <http://www.isogg.org/tree/>. Расчет показателей генетического разнообразия (H) и генетической подразделенности (Fst) проводили в пакете программ ARLEQUIN, version 3.01. Для анализа генетических взаимоотношений между популяциями с применением метода главных компонент использовали программу POPSTR, любезно предоставленную Н. Harpending (Эстонский Биоцентр).

**Результаты и обсуждение.** В табл. 1 представлена частота гаплогрупп митохондриальной ДНК и Y-хромосомы в трех этнотерриториальных группах – центральной, вилюйской и северной. Статистически достоверные различия выявляются между северными и вилюйскими якутами – по гаплогруппе

**ФЕДОРОВА Сардана Аркадьевна** – д.б.н., зав. лаб. Института естественных наук Северо-Восточного федерального университета им. М.К. Аммосова, зав. лаб. ЯНЦ КМП СО РАМН, sardaana.fedorova@mail.ru; **БАРАШКОВ Николай Алексеевич** – к.б.н., н.с. ЯНЦ КМП СО РАМН, с.н.с. Института естественных наук СВФУ, barashkov2004@mail.ru; **УШНИЦКИЙ Василий Васильевич** – к.и.н., н.с. Института гуманитарных исследований и проблем малочисленных народов Севера СО РАН, voma@mail.ru; **КОНОНОВА Сардана Кононовна** – к.б.н., с.н.с. ЯНЦ КМП СО РАМН, konsard@rambler.ru; **БРАВИНА Розалия Иннокентьевна** – д.и.н., проф., зав. сектором археологии ИГИ и МНС СО РАН, bravinari@bk.ru; **АЛЕКСЕЕВ Анатолий Николаевич** – д.и.н., проф., директор ИГИ и МНС СО РАН; **ТОМСКИЙ Михаил Иннокентьевич** – д.м.н., проф., директор ЯНЦ КМП СО РАМН; **ХУСНУТДИНОВА Эльза Камилевна** – д.б.н., проф., зав. отделом геномики Института биохимии и генетики УНЦ РАН, зав., каф. ВГБОУ ВПО «Башкирский ГУ», elzakh@rambler.ru.

Таблица 1

Частота гаплогрупп митохондриальной ДНК и Y-хромосомы у якутов центральной (ЦЯ), вилюйской (ВЯ) и северной (СЯ) этнотерриториальных групп. ДИ – 95% доверительный интервал

| Митохондриальная ДНК |                       |                      |                      |                     |
|----------------------|-----------------------|----------------------|----------------------|---------------------|
| Гаплогруппа          | ЦЯ (n=164),<br>95% ДИ | ВЯ (n=111)<br>95% ДИ | СЯ (n=148)<br>95% ДИ | Суммарно<br>(n=423) |
| A                    | 2,4 (1,0-6,1)         | 3,6 (1,5-8,9)        | 0 (0-2,4)            | 1,9                 |
| B                    | 0,6 (0,1-3,3)         | 0 (0-3,2)            | 2,7 (1,1-6,7)        | 1,2                 |
| C4                   | 33,5 (26,8-41,1)      | 32,4 (24,4-41,6)     | 32,4 (25,4-40,4)     | 32,8                |
| C5                   | 11,6 (7,6-17,4)       | 3,6 (1,5-8,9)        | 8,1 (4,7-13,6)       | 8,3                 |
| C7                   | 0,6 (0,1-3,3)         | 0 (0-3,2)            | 0 (0-2,4)            | 0,2                 |
| D4                   | 15,9 (11,1-22,2)      | 11,7 (7,0-19,0)      | 17,6 (12,3-24,5)     | 15,4                |
| D5a2a2               | 17,1 (12,1-23,6)      | 18 (12,0-26,2)       | 6,1 (3,3-11,2)       | 13,5                |
| D5b1                 | 0 (0-2,2)             | 0 (0-3,2)            | 2,0 (0,7-5,8)        | 0,7                 |
| F                    | 3,7 (1,7-7,7)         | 5,4 (2,5-11,3)       | 4,7 (2,3-9,4)        | 4,5                 |
| G1b                  | 0 (0-2,2)             | 0,9 (0,2-4,9)        | 1,4 (0,4-4,8)        | 0,7                 |
| G2a                  | 4,9 (2,5-9,3)         | 2,7 (1,0-7,6)        | 5,4 (2,8-10,3)       | 4,5                 |
| M7                   | 0 (0-2,2)             | 0,9 (0,2-4,9)        | 1,4 (0,4-4,8)        | 0,7                 |
| M13                  | 1,8 (0,7-5,2)         | 1,8 (0,6-6,3)        | 6,8 (3,7-12,0)       | 3,5                 |
| Y                    | 1,2 (0,4-4,3)         | 2,7 (1,0-7,6)        | 0 (0-2,4)            | 1,2                 |
| Z                    | 0 (0-2,2)             | 0 (0-3,2)            | 2,7 (1,1-6,7)        | 0,9                 |
| R1b                  | 0 (0-2,2)             | 0 (0-3,2)            | 1,4 (0,4-4,8)        | 0,5                 |
| H                    | 3,7 (1,7-7,7)         | 6,3 (3,1-12,5)       | 1,4 (0,4-4,8)        | 3,6                 |
| HV1                  | 0 (0-2,2)             | 1,8 (0,6-6,3)        | 2,0 (0,7-5,8)        | 1,2                 |
| T                    | 0,6 (0,1-3,3)         | 3,6 (1,5-8,9)        | 0 (0-2,4)            | 1,2                 |
| J                    | 0,6 (0,1-3,3)         | 2,7 (1,0-7,6)        | 1,4 (0,4-4,8)        | 1,4                 |
| U                    | 0,6 (0,1-3,3)         | 0,9 (0,2-4,9)        | 0,7 (0,2-3,7)        | 0,7                 |
| W                    | 1,2 (0,4-4,3)         | 0,9 (0,2-4,9)        | 2,0 (0,7-5,8)        | 1,4                 |
| Y-хромосома          |                       |                      |                      |                     |
| Гаплогруппа          | ЦЯ (n=92)             | ВЯ (n=58)            | СЯ (n=66)            | Суммарно<br>(n=216) |
| N1b                  | 2,2 (0,7-7,6)         | 0 (0-6,1)            | 10,6 (5,3-20,3)      | 4,2                 |
| N1c                  | 85,9 (77,3-91,5)      | 93,1 (83,5-97,2)     | 71,2 (59,3-80,7)     | 83,3                |
| C3*                  | 0 (0-3,9)             | 0 (0-6,1)            | 3,0 (0,9-10,4)       | 0,9                 |
| C3c                  | 0 (0-3,9)             | 3,4 (1,1-11,7)       | 6,1 (2,5-14,6)       | 2,8                 |
| C3d                  | 1,1 (0,3-5,8)         | 0 (0-6,1)            | 4,5 (1,7-12,5)       | 1,8                 |
| I1                   | 2,2 (0,7-7,6)         | 1,7 (0,4-9,1)        | 0 (0-5,4)            | 1,4                 |
| R1a1*                | 4,3 (1,8-10,6)        | 1,7 (0,4-9,1)        | 4,5 (1,7-12,5)       | 3,7                 |
| R1a1a7               | 2,2 (0,7-7,6)         | 0 (0-6,1)            | 0 (0-5,4)            | 0,9                 |
| R1b1b2               | 2,2 (0,7-7,6)         | 0 (0-6,1)            | 0 (0-5,4)            | 0,9                 |

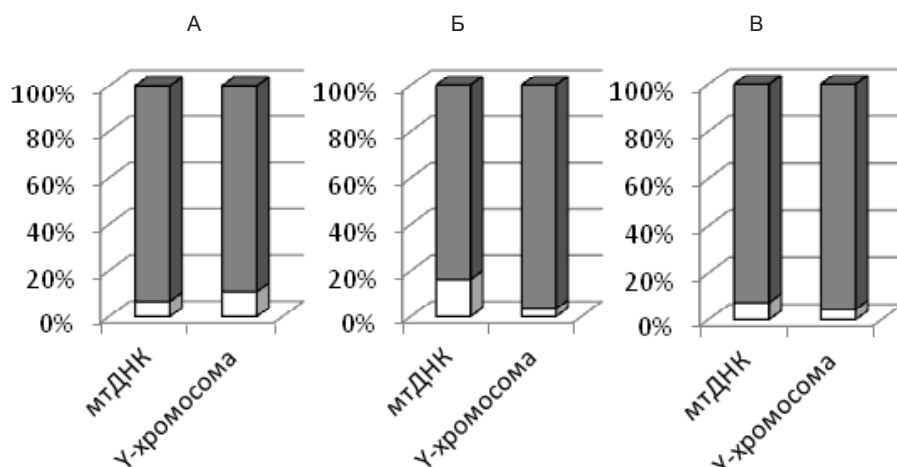


Рис. 1. Соотношение линий азиатского и европейского происхождения (выделено серым и белым цветом, соответственно) у центральных (А), вилюйских (Б) и северных якутов (В)

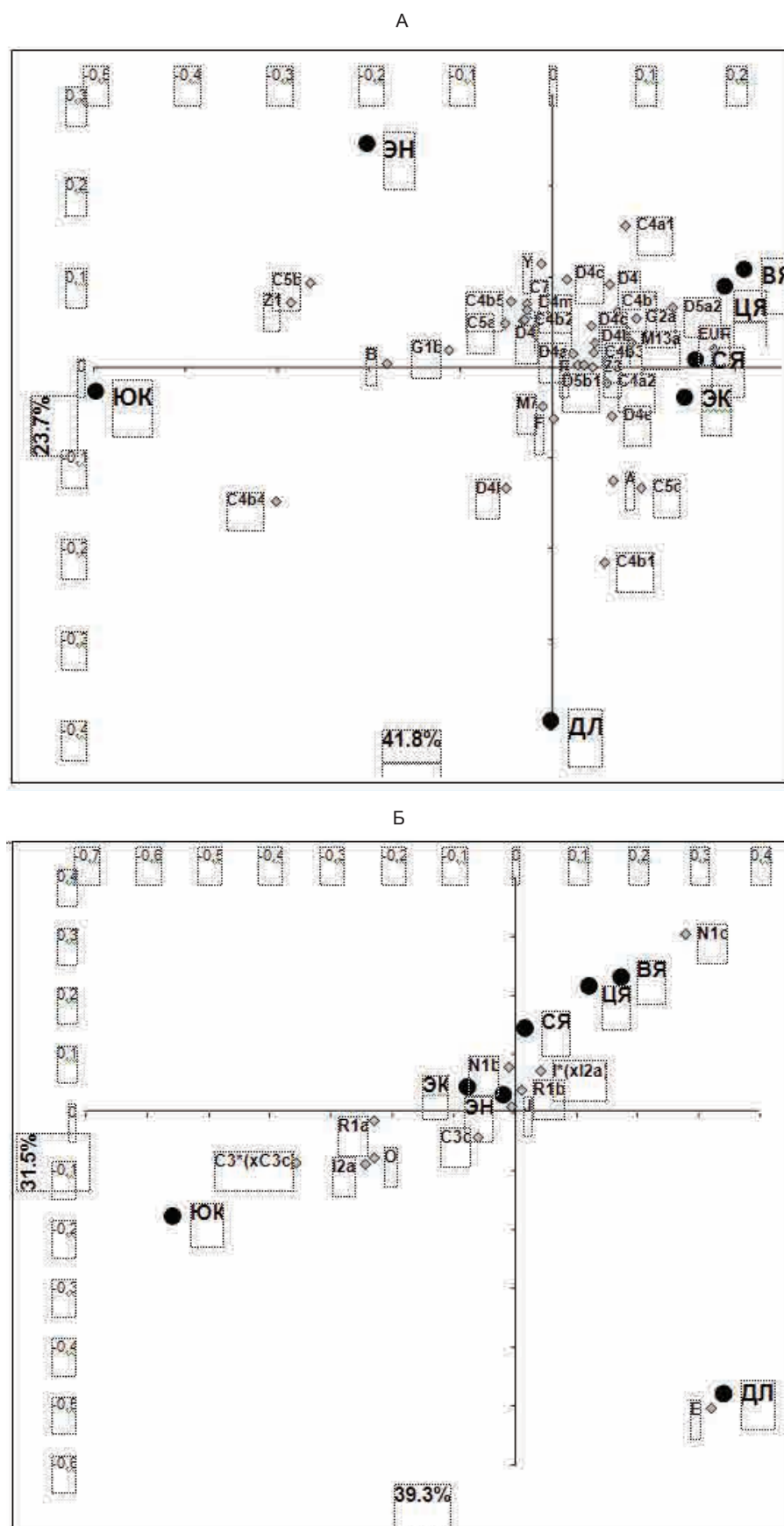
N1c Y-хромосомы, между северной и двумя другими группами по гаплогруппе D5a2a2 мтДНК. По частоте остальных гаплогрупп достоверных различий между популяциями не выявлено. Соотношение линий европейского и азиатского происхождения показано на рис.1. Европейский компонент в большей степени представлен у вилюйских (16% линий мтДНК) и центральных якутов (11% линий Y-хромосомы). Степень межпопуляционных различий в большей степени выражена по Y-хромосоме (4,1%), незначительна по мтДНК (0,5%). Существуют значимые отличия по показателям генетического разнообразия мужского генофонда между отдельными группами (табл.2). Анализ генетических взаимоотношений указывает на тесное генетическое родство центральных и вилюйских якутов и отдаленность северных (рис.2).

Центральные якуты, представляющие собой ядро якутского этноса, возводят своих предков к сыновьям легендарных прародителей Эллэя и Омоя. От Эллэя ведут свое происхождение такие якутские роды, как хангаласцы, мегинцы, батурусцы, борогонцы, намцы, к потомкам Омоя относят баягантайцев. Генетические характеристики якутского этноса, описанные нами во введении, в полной мере относятся к центральным якутам. 86% мужчин – выходцев из центральных улусов – имеют одного прародителя с N1c-хромосомой. Любопытно, что в отличие от других популяций Якутии (вилюйских и северных якутов, звенков, звенов и юкагиров), филогенетически более древние N1c-линии у якутов Лено-Амгинского междуречья не обнаружены [14], что подтверждается также ДНК-анализом костных останков из древних погребений Таттинского, Чурапчинского и Хангаласского улусов [15]. Этот факт свидетельствует об обособлен-

Таблица 2

Показатели генетической подразделенности  $F_{st}$  и генетического разнообразия ( $H$ ) трех этнотерриториальных групп якутов по гаплогруппам мтДНК и Y-хромосомы

| Этнотерри-<br>ториальная группа | Fst    | H         |
|---------------------------------|--------|-----------|
| мтДНК                           |        |           |
| Центральные (n=164)             | 0.0052 | 0.82±0.02 |
| Вилюйские (n=111)               |        | 0.84±0.02 |
| Северные (n=148)                |        | 0.85±0.02 |
| Y хромосома                     |        |           |
| Центральные (n=92)              | 0.0408 | 0.26±0.06 |
| Вилюйские (n=58)                |        | 0.13±0.06 |
| Северные (n=66)                 |        | 0.48±0.07 |



**Рис. 2.** PC-карта расположения популяций Якутии, построенная по частоте гаплогрупп митохондриальной ДНК (А) и Y-хромосомы (Б). ЦЯ – центральные якуты, ВЯ – вилюйские якуты, СЯ – северные якуты, ЭК – эвенки, ЭН – эвены, ЮК – юкагиры, ДЛ – долганы

ности якутов средней Лены в течение длительного периода времени. Гаплогруппа N1b, характерная для народов уральской языковой семьи, обнаружена с частотой 2,2%. Присутствие редкой гаплогруппы C3d (1,1%) указывает на тесные генетические связи якутов с народами Южной Сибири и Монголии: эта гаплогруппа обнаружена у бурят, телеутов, тувинцев, сойотов, монголов, хамниган [20], причем у бурят ее частота достигает 29% [2]. В изученной нами выборке не обнаружена гаплогруппа C3c Y-хромосомы, характерная для тунгусоязычных этносов. В независимых исследованиях, проведенных на других выборках, частота этой гаплогруппы у центральных якутов оценивается не более 2% [8,17]. Европейский компонент представлен кластерами I1, R1a1a7, R1b1b2, специфичными для европейцев, и R1a1\*-линиями, встречающимися также у народов Южной Сибири.

Вилюйские якуты отличаются низким уровнем разнообразия мужского генофонда. При этом 90% линий Y-хромосомы совпадает с линиями центральных якутов [12], что согласуется с мнением историков о том, что происхождение вилюйских саха тесно связано с якутами центральных волостей. По архивным данным, в 1639 г. в низовьях Вилюя якутское население насчитывало всего несколько сот человек, приток переселенцев из центральных улусов на Вилюй усилился только в конце XVII в. [3,7]. В то же время следует учитывать, что на территории современного Вилюйского улуса археологами найдены и изучены поселения скотоводов кулун-атахской культуры XIV-XVI вв. (данные не опубликованы). По-видимому, к приходу русских в 30-х гг. XVII в. якуты освоили не только приустьевую часть Вилюя, как считалось ранее, а значительно большие территории бассейна Вилюя в его нижнем течении. По версии Г.В.Ксенофонтова, Вилюй первоначально населял «по-якутски говорящий оленеводческий народ смешанного этнического происхождения», впоследствии вытесненный дальше на север первыми якутами-скотоводами, переселившимися из Верхнеленского края [4]. По преданиям вилюйских якутов, «коренное якутское население Вилюйского округа образовалось не от порусского беженства, а от беглецов эпохи владычества легендарного царя якутов Тыгына» [4]. На присутствие тунгусского компонента в мужском генофонде вилюйцев указывают C3c-линии Y-хромосомы (3,4%). Действительно, историки отмечают, что



среди вилюйских якутов можно было встретить представителей родов Со-логон, Югюлээт, Нюрбачаан, которые являются потомками тунгусских родов шелогон (сологон), фугляд (угулят) и нюрмагат (нюрбачан) XVII в. [3,11]. Европейский компонент вилюйцев по Y-хромосоме составляет всего 3,4% (гаплогруппы I и R1a\*), в то время как по мтДНК достигает 16% (гаплогруппы H, HV1, T, J, U, W).

Северные якуты характеризуются более высоким уровнем разнообразия линий мужского генофонда. У северных якутов обнаружена более высокая частота гаплогрупп, характерных для малочисленных этносов Севера-Востока Евразии (G1b мтДНК, C3\*, C3c Y-хромосомы). Полученные данные указывают на большую степень смешения северных якутов с эвенками, эвенками и юкагирами. Частота гаплогрупп N1c Y-хромосомы и D5a2a2 мтДНК, характерных в целом для якутов, в северной этнотерриториальной группе понижена. У северных якутов, также как и у вилюйских, присутствуют филогенетически более древние N1c-линии [12,14]. Присутствие гаплогрупп N1b, C3d, R1a1\* указывает на непосредственные генетические связи северных якутов с центральными. По мнению историков, большая часть северных саха происходила от переселенцев из Центральной Якутии, и в основном они состоят из тех же родов. На верхней и средней Яне якуты проживали задолго до прихода русских [3,4,7]. В 40-х гг. XVII в. в районе Верхоянского зимовья проживали якуты следующих родов: дьунаал (юсальцы), хоро, байды, кюрэ, энгэ, зльгет. В ясачной книге от 1640 г. значились бётюнцы, в ясачной книге от 1642 г. — якуты Намской волости. В последующие годы в Верхоянском зимовье пришельцев из различных волостей Якутского острога становилось все больше [7]. С XVIII в. на территорию будущего Абыйского и Момского улусов стали проникать представители верхоянских родов (байды, энгэ, хоро, тумат) и центральных волостей якутов. Взаимодействие якутов с эвенками и юкагирами способствовало своеобразию диалекта и обычаев этих северных районов. В Колымском улусе в 1810 г. было 11 якутских наслегов: в верхнеколымской части — Мятюжский, Байдунский; в среднеколымской — Байдунский, Борогонский, два Кангаласских, два Мятюжских, Эгинский; в нижнеколымской части — Мятюжский [9].

Таким образом, полученные результаты в целом соответствуют представ-

лениям историков о тесных взаимосвязях вилюйских якутов с центральными, и северных саха — с переселенцами из Центральной Якутии. Особенности отдельных этногеографических групп якутов в большей степени выражены по Y-хромосоме.

*Работа выполнена при поддержке интеграционного проекта СО РАН №92 «Этногенез автохтонных народов Сибири и Северной Азии: компаративный исторический, этносоциальный и геномный анализ».*

## Литература

1. Анализ митохондриальной ДНК в популяции якутов / С.А. Федорова, М.А. Бермисева, Р. Виллемс [и др.] // Молекулярная биология. — 2003. — Т. 37. — С. 544-553.
2. Analysis of mitochondrial DNA in the Yakut population / S.A. Fedorova, M.A. Bermisheva, R. Vilems [et al.] // Molecular Biology. — 2003. — V. 37. — P. 544-553.
3. Генофонд бурят: клинальная изменчивость и территориальная подразделенность по маркерам Y-хромосомы / В.Н. Харьков, К.В. Хамина, О.Ф. Медведева // Генетика. — 2014. — Т. 50. — № 2. — С. 203-213.
4. Gene pool of the Buryat: clinal variation and territorial division on the Y-chromosome markers / V.N. Harkov, K.V. Hamina, O.F. Medvedeva // Genetics. — 2014. — V. 50. — № 2. — P. 203-213.
5. Долгих Б.О. Родовой и племенной состав народов Сибири в XVII веке / О.Б. Долгих // М.: Изд-во АН СССР. — 1960. — 622 с.
6. Dolgikh B.O. Clan and tribal composition of Siberia peoples in the XVII century / O.B. Dolgikh // M.: USSR Academy of Sciences. — 1960. — 622 p.
7. Ксенофонов Г.В. Ураангхай-сахалар: очерки по древней истории якутов / Г.В. Ксенофонов // Якутск: Национальное изд-во РС(Я). — 1937 (1992). — 416 с.
8. Ksenofontov G.V. Uraanghay - sahalars: essays on the ancient history of the Yakuts / G.V. Ksenofontov // Yakutsk: National Publishing House of Sakha (Yakutia) Republic. — 1937 (1992). — 416 p.
9. Левин Г.Г. Исторические связи якутского языка с древними тюркскими языками VII-IX вв. (в сравнительно-сопоставительном аспекте с восточно-тюркскими и монгольскими языками) / Г.Г. Левин // Якутск: Изд-во СВФУ. — 2013. — 439 с.
10. Levin G.G. Historical ties of the Yakut language with ancient Turkic languages of the VII-IX centuries (in comparative - matching aspect with East Turkic and Mongolian languages) / G.G. Levin // Yakutsk: NEFU Publishing House. — 2013. — 439 p.
11. Окладников А.П. История Якутской АССР / А.П. Окладников // М.Л.: Изд-во Академии наук СССР. — 1955. — Т. 1. — 432 с.
12. Okladnikov A.P. History of the Yakut ASSR / A.P. Okladnikov // M.L.: Publishing House of Sciences Academy. — 1955. — Vol. 1. — 432 p.
13. Парникова А.С. О расселении якутов в XVII-XVIII вв. / Сибирь XVII-XVIII вв. // Новосибирск: Издательство СО АН СССР. — 1962.
14. Parnikova A.A. About resettlement of Yakuts in XVII-XVIII centuries / Siberia of XVII-XVIII centuries // Novosibirsk: Publishing House of SB AS USSR. — 1962 p.
15. Происхождение якутов: анализ гаплогрупп Y-хромосомы / В.Н. Харьков, В.А. Степанов, О.Ф. Медведева // Молекулярная биология. — 2008. — Т. 42. — № 2. — С. 226-237.
16. Origin of the Yakuts: analysis of Y-chromosome haplotypes / V.N. Harkov, V.A. Stepanov, O.F. Medvedeva // Molecular Biology. — 2008. — V. 42. — № 2. — p. 226-237.
17. Сафронов Ф.Г. Мирское управление в XVII — начала XX века / Ф.Г. Сафронов // Якутск, 1987. — 128 с.
18. Safronov F.G. Communal management in the XVII - beginning of XX century / F.G. Safronov // Yakutsk, 1987. — 128 p.
19. Степанов В.А. Этногеномика населения Северной Евразии / В.А. Степанов. — Томск: Издательство «Печатная мануфактура». — 2002. — 243 с.
20. Stepanov V.A. Ethnogenomics of North Eurasia population / V.A. Stepanov. — Tomsk: Publishing House «Print manufactory», 2002. — 243 p.
21. Туголов В.А. Тунгусы Средней и Западной Сибири / В.А. Туголов. — М.: Наука, 1985. — 284 с.
22. Tugolukov V.A. Tungus of the Central and Western Siberia / V.A. Tugolukov. — M.: Nauka, 1985. — 284 p.
23. Федорова С.А. Генетические портреты народов Республики Саха (Якутия): анализ линий митохондриальной ДНК и Y-хромосомы / С.А. Федорова. — Якутск: Изд-во ЯНЦ СО РАН, 2008. — 235 с.
24. Fedorova S.A. Genetic portraits of the Republic Sakha (Yakutia): analysis of mitochondrial DNA and Y-chromosome / S.A. Fedorova. — Yakutsk: Publishing House of YSC SB RAS, 2008. — 235 p.
25. Этническая геномика якутов (народа саха) / Л.А. Тарская, А.И. Гоголев, Г.И. Ельчинова [и др.]. — М.: Изд-во Наука, 2009. — 270 с.
26. Ethnic Genomics of the Yakuts (Sakha people) / L.A. Tarskaya, A.I. Gogolev, G.I. Elchinova [et al.]. — M.: Nauka, 2009. — 270 p.
27. Autosomal and uniparental portraits of the native populations of Sakha (Yakutia): implications for the peopling of Northeast Eurasia / S.A. Fedorova, M. Reidla, E. Metspalu [et al.] // BMC evolutionary biology. — 2013. — 13:127.
28. Crubezy E. Human evolution in Siberia: from frozen bodies to ancient DNA / E. Crubezy, S. Amory, C. Keyser [et al.] // BMC Evol. Biol. — 2010. — V. 10. — P. 2-16.
29. Genetic relationships of Asians and Northern Europeans, revealed by Y-chromosomal DNA analysis / T. Zerjal, B. Dashnyam, A. Pandya [et al.] // Am. J. Hum. Genet. — 1997. — V. 60. — P. 1174-1183.
30. Investigating the effects of prehistoric migrations in Siberia: genetic variation and the origins of Yakuts / B. Pakendorf, I.N. Novgorodov, V.L. Osakovskij [et al.] // Hum. Genet. — 2006. — V. 120. — P. 334-353.
31. Mitochondrial DNA evidence for admixed origins of Central Siberian populations / B. Pakendorf, V. Wiebe, L.A. Tarskaia [et al.] // Am. J. Phys. Anthropol. — 2003. — V. 120. — P. 211-224.
32. The origin of the Yakut people: evidence from mitochondria DNA diversity / M. Zlojutro, L.A. Tarskaia, M. Sorensen [et al.] // Int. J. Hum. Genet. — 2008. — V. 8. — P. 119-130.
33. Phylogeography of the Y-chromosome haplogroup C in northern Eurasia // B. Malyarchuk, M. Derenko, G. Denisova [et al.] // Annals of Human Genetics. — 2010. — V. 74(6). — P. 539-546.