

Человек на Земле

Human on the Earth / Mensch auf Erden

УДК 574.3



Назарова А.Ф.

Генетика и филогенез финно-угорских популяций

Назарова Ариадна Филипповна, доктор биологических наук, старший научный сотрудник Института проблем экологии и эволюции РАН

E-mail: afnazar@yandex.ru

Вычислены генетические расстояния 18 финно-угорских и других популяций по 28 аллелям 12 локусов белков, ферментов и групп крови. По этим данным построена дендрограмма родства исследуемых популяций. Ветвь большого кластера, в который входят саамы, включает финно-угорские популяции, предков русских, а также предков современных обитателей Северной Азии: эвенков, нганасан, якутов, алтайцев и монголов. Кластер финно-угров и северных монголоидов разделился на два субкластера, содержащие: один — финнов, эстонцев, венгров, русских, коми, чувашей, удмуртов, ненцев, татар; и другой субкластер — марийцев, манси, монголов, алтайцев, якутов, эвенков и нганасан. Ранее нами опубликована новая концепция, в которой мы, опираясь на данные по полиморфизму белков, а также на данные других авторов о полиморфизме митохондриальной ДНК, предположили, что популяции европеоидов, северных монголоидов, а также предков американских индейцев происходят из одной предковой азиатской популяции. Данные археологии и молекулярной генеалогии поддерживают нашу гипотезу о палеоазиатском происхождении финно-угорских популяций.

Ключевые слова: финно-угорские популяции; генетические расстояния; дендрограмма; палеоазиатское происхождение.

Финно-угорские народности расселены по огромной территории на материке Евразии — от Западной Сибири, где живут манси и ханты, Урала и Приуралья и далее Поволжья, заселенных коми-зырянами, коми-пермяками, удмуртами, марийцами, мордвой, чувашами, до Прибалтики, Скандинавии и Центральной Европы, где живут карелы, финны, эстонцы и венгры. Проблема происхождения финно-угров еще далека от своего решения. Есть предположения, что в предшествующие эпохи финно-угорские племена жили на других территориях, и, возможно, в Азии, восточнее Урала.

Полиморфизм финно-угорских популяций исследовался как зарубежными, так и отечественными исследователями [Финно-угорский сборник... 1982]. Наша группа с 1980-х гг. начала программу исследования полиморфных и мономорфных генетических маркеров у различных этнических и региональных популяций населения нашей страны. Исследованы был полиморфизм генетических локусов белков и ферментов крови у эвенков и якутов [Рычков и др. 1984; Назарова 1999.6], алтайцев [Назарова 1993], чукчей и эскимосов [Nazarova 1989]. Часть наших бывших сотрудников продолжала исследования по той же программе и исследовала полиморфные маркеры крови у ряда финно-угорских популяций Западной Сибири, Урала, Приуралья и Поволжья [Шнейдер и др. 1995]. По той же программе были проведены исследования популяций монголов МНР [Батсуурь 1986]. Мы продолжили исследования полиморфных маркеров у русских и других популяций, в том числе бывшего зарубежья [Назарова 1994, 1999.6].

По изученным генетическим локусам нами ведутся вычисления генетических расстояний разных популяций друг от друга. Генетические расстояния вычисляли по методу Кавалли-Сфорца [Cavalli-Sforza 1976; Cavalli-Sforza, Bodmer 1971; Lahermo et al. 1996]. Частоты фенотипов и частоты 28 аллелей 12 локусов эвенков, алтайцев и русских определены нами [Рычков и др. 1984; Назарова 1993, 1994], венгров, финнов, лопарей и американских индейцев взяты из [Mourant et al. 1976], марийцев — из [Кравчук и др. 1996], эстонцев — из [Назарова 1999.6], удмуртов, татар, чувашей, коми, манси — из [Шнейдер и др. 1995], монголов — из [Батсуурь 1986], ненцев, нганасан — из [Спицын 1985]. Мы вычислили генетические расстояния 18 финно-угорских и других популяций Евразии и Америки: венгров, финнов, эстонцев, марийцев, удмур-

НАЗАРОВА А.Ф. ГЕНЕТИКА И ФИЛОГЕНЕЗ ФИННО-УГОРСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ

тов, татар, чувашей, коми, манси, эвенков, якутов, алтайцев, монголов, ненцев, саамов, нганасан, русских и американских индейцев по аллелям локусов белков, ферментов и групп крови.

По данным матрицы генетических расстояний (табл. 1) мы построили филогенетическое древо (дендрограмму) указанных 18 популяций (рис. 1).

Таблица 1

Матрица генетических расстояний финно-угорских и других племен Европы, Азии и Америки

Популяция	Генетические расстояния (d) по 28 аллелям 12 локусов (HP, GC, TF, GLO ₁ , EsD, PGV ₁ , ABO, Rh, ACP, AK, ADA, 6-PGD)																						
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18					
1 Венгры																							
2 Финны	0,10765 ±0,03192																						
3 Эстонцы	0,06187 ±0,02449	0,05365 ±0,02285																					
4 Марийцы	0,26790 ±0,04817	0,21377 ±0,04369	0,08038 ±0,02778																				
5 Удмурты	0,24818 ±0,04662	0,19947 ±0,04238	0,17570 ±0,04003	0,22315 ±0,04455																			
6 Татары	0,20093 ±0,04251	0,15829 ±0,03818	0,09573 ±0,03019	0,29075 ±0,04985	0,23901 ±0,04587																		
7 Чуваш	0,23454 ±0,04550	0,19024 ±0,04149	0,12907 ±0,03475	0,21339 ±0,04366	0,20282 ±0,04269	0,22791 ±0,04494																	
8 Коми	0,18896 ±0,04136	0,16004 ±0,03837	0,11976 ±0,04188	0,19431 ±0,04188	0,18740 ±0,04121	0,21167 ±0,04350	0,14154 ±0,03627																
9 Манси	0,31623 ±0,05160	0,30591 ±0,05090	0,15987 ±0,03835	0,24948 ±0,04673	0,21647 ±0,04394	0,31039 ±0,05121	0,25486 ±0,04716	0,22110 ±0,04435															
10 Эвенки	0,23714 ±0,04572	0,23986 ±0,04594	0,13777 ±0,03682	0,27597 ±0,04877	0,24679 ±0,04651	0,25878 ±0,04747	0,22147 ±0,04438	0,23502 ±0,04554	0,22493 ±0,04468														
11 Якуты	0,20682 ±0,04306	0,23837 ±0,04582	0,12176 ±0,03381	0,28539 ±0,04946	0,20904 ±0,04327	0,27167 ±0,04845	0,25881 ±0,04747	0,24836 ±0,04664	0,21158 ±0,04350	0,21568 ±0,04387													
12 Алтайцы	0,31456 ±0,05149	0,30960 ±0,05115	0,21738 ±0,04402	0,24431 ±0,04631	0,18640 ±0,04111	0,25955 ±0,04753	0,27617 ±0,04879	0,25377 ±0,04707	0,21218 ±0,04355	0,22245 ±0,04446	0,16566 ±0,03898												
13 Монголы	0,38488 ±0,05575	0,30918 ±0,05113	0,24857 ±0,04666	0,27271 ±0,04853	0,19597 ±0,04204	0,30788 ±0,05104	0,29481 ±0,04747	0,32352 ±0,05308	0,22669 ±0,04483	0,21825 ±0,04409	0,15273 ±0,03757	0,12517 ±0,03425											
14 Ненцы	0,23801 ±0,04579	0,19233 ±0,04169	0,13536 ±0,03552	0,27657 ±0,04882	0,18132 ±0,04061	0,25832 ±0,04061	0,20282 ±0,04269	0,18552 ±0,04103	0,22709 ±0,04487	0,19063 ±0,04153	0,23633 ±0,04565	0,18183 ±0,04066	0,26179 ±0,04770										
15 Лопари	0,44006 ±0,05859	0,39818 ±0,05647	0,35584 ±0,05409	0,38875 ±0,05596	0,36861 ±0,05483	0,39332 ±0,05621	0,40068 ±0,05660	0,32513 ±0,05218	0,34915 ±0,05368	0,40745 ±0,05696	0,39380 ±0,05624	0,31477 ±0,05150	0,41203 ±0,05572	0,37814 ±0,05538									
16 Нганасаны	0,47671 ±0,06026	0,44705 ±0,05092	0,41450 ±0,05732	0,32108 ±0,05192	0,31918 ±0,05179	0,41950 ±0,05758	0,48124 ±0,06045	0,43987 ±0,05858	0,34328 ±0,05333	0,14149 ±0,03614	0,14149 ±0,03626	0,27611 ±0,04878	0,28349 ±0,04933	0,21871 ±0,04414	0,51185 ±0,06171								
17 Русские	0,18567 ±0,04104	0,14687 ±0,03689	0,09601 ±0,03023	0,21677 ±0,04396	0,22772 ±0,04492	0,21786 ±0,04406	0,19094 ±0,04156	0,16715 ±0,03914	0,32321 ±0,05206	0,32725 ±0,05206	0,31907 ±0,05178	0,35705 ±0,05416	0,38358 ±0,05568	0,19085 ±0,04155	0,38710 ±0,05587	0,48496 ±0,06061							
18 Американдцы	0,56698 ±0,06374	0,48813 ±0,06074	0,39165 ±0,05612	0,49659 ±0,06110	0,50793 ±0,06156	0,47274 ±0,06008	0,58713 ±0,06440	0,53914 ±0,06275	0,49411 ±0,06099	0,32707 ±0,05231	0,36214 ±0,05446	0,48991 ±0,06082	0,48991 ±0,06082	0,48131 ±0,06046	0,50184 ±0,06131	0,34998 ±0,05373	0,62544 ±0,06556						
Популяция	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18					

НАЗАРОВА А.Ф. ГЕНЕТИКА И ФИЛОГЕНЕЗ ФИННО-УГОРСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ

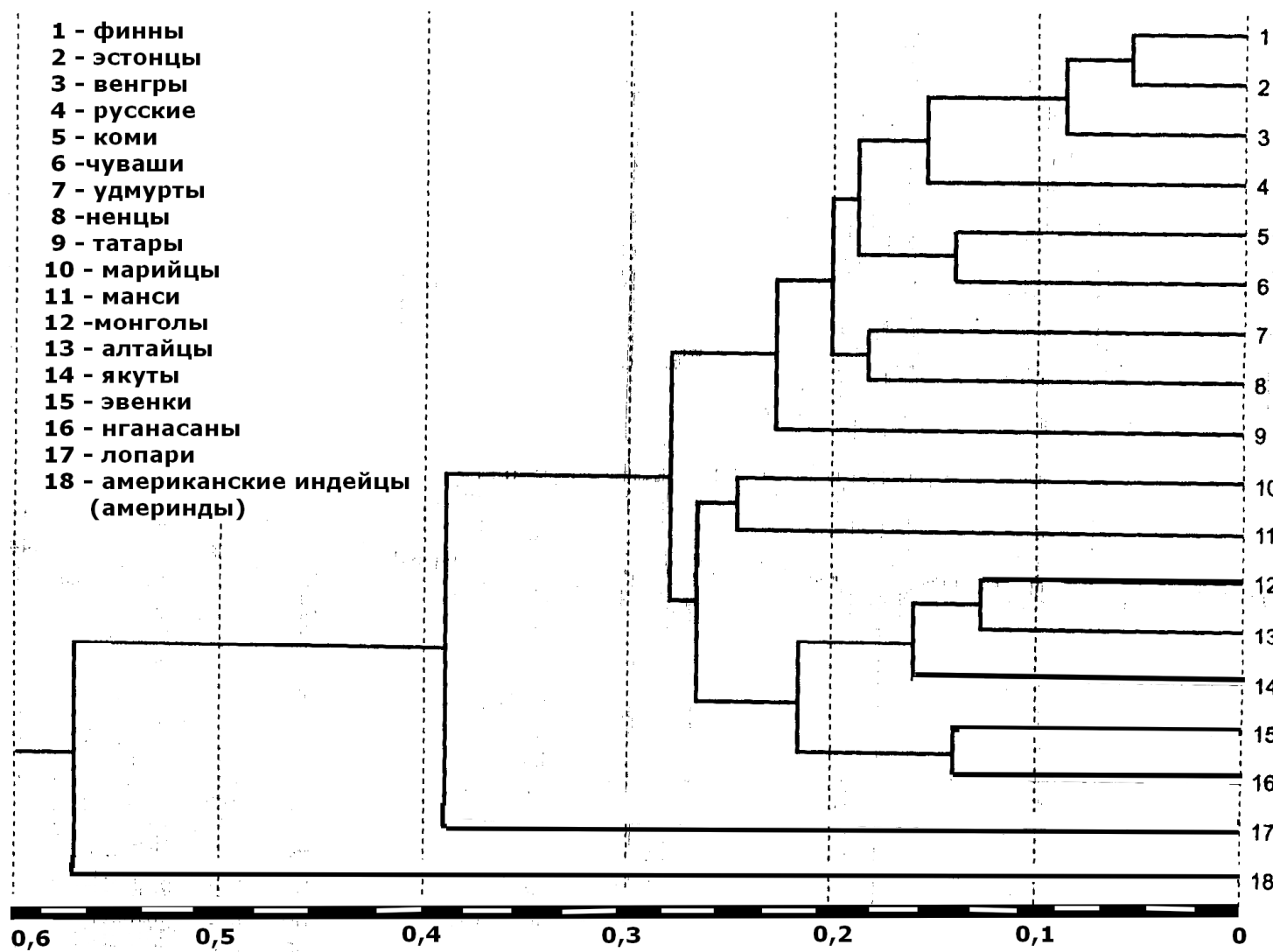


Рис. 1. Дендрограмма финно-угорских популяций

Эту дендрограмму можно интерпретировать следующим образом: первыми от единой древней азиатской популяции, обитавшей в регионе, захватывавшем Алтай и соседние районы Северной Азии, отделились предки американских индейцев. Следующими по времени отделения были предки саамов. Через север Сибири они первыми заселили север Европы. Другая ветвь большого кластера, в который входят саамы, включает все современные финно-угорские популяции, предков русских, а также предков современных обитателей Северной Азии: эвенков, нганасан, якутов, алтайцев и монголов.

Нами опубликована новая концепция [Назарова 1999.а, 2002, 2009], в которой мы, опираясь на данные по полиморфизму белков, а также на данные других авторов о полиморфизме митохондриальной ДНК, предположили, что популяции некоторых европеоидов, северных монголоидов, а также предков американских индейцев, происходят из одной предковой азиатской популяции. Первыми от древней азиатской популяции, обитавшей в регионе, включающем Алтай и соседние районы центра Азии, отделились америнды — предки американских индейцев. Произошло это, вероятнее всего, от 60 до 40 тысяч лет назад. Приблизительно к этому периоду относится, по вычислениям Неи, отделение монголоидов от общего ствола европеоидов и монголоидов [Nei 1978]. В последующий период, от 30 до 13 тыс. лет назад (время существования Берингийского моста — перешейка между Азией и Северной Америкой) америнды мигрировали из Азии на северо-восток Сибири и через Берингию перешли в Северную Америку.

Следующими по времени отделения от азиатской древней популяции были предки саамов (лопарей) (рис. 1) Через север Сибири они первыми заселили север Европы [Назарова 1999.б]. Другая ветвь большого кластера, первой ветвью которого является популяция саамов, дала все современные финно-угорские популяции, предков русских, а также предков современных обитателей Северной Азии: эвенков, нганасан, якутов, алтайцев и монголов.

Кластер финно-угров и северных монголоидов сначала разделился на два субкластера, содержащие: один — предков финнов, эстонцев, венгров, русских, коми, чувашей, удмуртов, ненцев, татар; и другой субкластер — предков марийцев, манси, монголов, алтайцев, якутов, эвенков и нганасан (рис. 1). Далее эти субкластеры делились на еще более подразделенные части: субкластер, содержащий все финно-угорские популяции, кроме марийцев и манси, и субкластер последних, с популяциями алтайцев, эвенков, нганасан, якутов и монголов в другой ветви. В дальнейшем, по-видимому, шла миграция финно-угорских популяций через Северный, Средний и Южный Урал к местам их современного обитания.

Халиков показал, что протофинская культура находилась сначала в Восточной Сибири, а через несколько тысяч лет появилась в Западной Сибири. По мнению Халикова, Урало-Алтайская языковая и этническая общность зародилась в палеолите, и сначала эта общность находилась на месте археологических культур на Енисее и Оби, в Южной части течения этих рек [Халиков 1991]. По мнению этого автора, в конце палеолита (10—15 тыс. лет назад) сформировавшиеся в Сибири племена пересекли Урал, и расселились на берегах Камы и Волги. Эта работа Халикова, основанная на сравнении археологического материала культур палеолита Сибири, а также Прикамья и Поволжья, поддерживает наши данные по филогенезу финно-угорских популяций, основанные на вычислении генетических расстояний и построении дендрограммы 18 финно-угорских и других популяций Европы, Азии и Америки по 28 аллелям 12 локусов белков, ферментов и групп крови (рис. 1). Исследования гаплогрупп Y-хромосомы показали, что финская гаплогруппа N возникла в Сибири.

НАЗАРОВА А.Ф. ГЕНЕТИКА И ФИЛОГЕНЕЗ ФИННО-УГОРСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ

В дальнейшем сначала отделилась популяция предков венгров, а затем, по-видимому, уже в позднем неолите, разделились популяции финнов и эстонцев. Миграция всех этих древних популяций шла медленно сначала по Азии, через Северный и Средний Урал в Европу. Вообще генные миграции человеческих популяций происходят крайне медленно — не более километра в год в среднем [Barton, Jones 1990], так что для преодоления этих огромных расстояний популяциям понадобились многие тысячи лет. В результате этой многотысячелетней миграции финны и эстонцы поселились в регионе Балтики, предки русских, пройдя через север Азии, — в Северо-Восточной Европе, а после одомашнивания лошади совершили еще один круг миграций через Азию и повторно заселили Европу уже из Передней Азии [Назарова 1999.6]. Многочисленные же племена угро-финнов расселились от Западной Сибири и Урала до Прикамья и Поволжья (манси, ханты, коми, марийцы, удмурты, мордовцы, чуваша).

Предки венгров, вероятно, мигрировали не через север Азии, а по центральноазиатским и далее по южнорусским степям. Так, уже в историческое время хунну — возможные предки венгров — мигрировали этим путем из Центрально-Азиатского региона до Центральной Европы, что зафиксировано в «Песни о Нибелунгах», где вождь хунну (гуннов) Аттила выведен под именем Этцеля.

Языки финно-угорской группы принадлежат к уральской языковой семье, к которой принадлежат и языки саамов, а также самодийские языки.

Мы установили, что эстонская местная порода крупного рогатого скота обладает иммунологическим маркером групп крови V, который присущ в основном породам коров Юго-Восточной Азии, и предположили, что это обусловлено совместной миграцией предковых финно-угорских популяций со стадами одомашненных предков крупного рогатого скота из Азиатского региона до берегов Балтики [Назарова 1999.6].

Анализ дендрограммы (рис. 1) показывает, что предки русских отделились от финских племен раньше, чем венгры отделились от финнов и эстонцев. Примерно в этот же период разделились на отдельные ветви субкластеры удмуртов и ненцев, а также чувашей и коми. Еще раньше разделился на две отдельные ветви субкластер марийцев и манси. Дифференциация всех этих популяций и миграция их до современных мест обитания происходила, по-видимому, от начала верхнего палеолита до конца неолита, а возможно, частично продолжалась и в историческое время. Известно, что обитавшие в I тысячелетии н.э. уже на территории современных России и Украины, в Причерноморье, в районах Киева и Новгорода племена русов (предков русских) смешивались со славянскими племенами словенов, бодричей, славянами Полабья, побережья Балтийского моря, руянами и другими народами славянской языковой группы. Эти славянские племена в тот период постепенно вытеснялись германскими племенами из Центральной Европы.

На основании исследований гаплогруппы Y-хромосомы было высказано предположение о том, что финская гаплогруппа N возникла в Южной Сибири, предположительно, 20—15 тысяч лет назад [Клесов, Тюняев 2010]. Наиболее распространенная подгруппа гаплогруппы N (N 1) образовалась, по-видимому, около 10 тысяч лет назад. Эта подгруппа распространена по всей Евразии. Особенно распространена она среди популяций северной Сибири, и встречается почти у 90% якутов, почти у 50% эскимосов и ненцев. У финно-угорских популяций Европы, таких, как коми, мордва и удмурты, а также среди финнов, саамов и эстонцев подгруппа N1 встречается с частотой до 60%. Среди русского населения многих областей, от Архангельска до Тамбова, гаплогруппа N1 встречается у 14%. По мнению упомянутых авторов, носители гаплогруппы N1 прошли от Алтая и Саян к Уралу и далее на север Русской равнины [Клесов, Тюняев 2010].

Таким образом, вычисленные нами по 28 аллелям 12 локусов белков, ферментов и групп крови генетические расстояния 18 популяций финно-угорских и других народностей Европы, Азии и Америки, и построенная по матрице генетических расстояний дендрограмма дает основание считать, что финно-угры находятся в определенном родстве не только с европеоидами, но и с рядом монголоидных популяций. Сопоставление этих данных с полиморфизмом Y-хромосомы позволило нам предположить, что финно-угорские популяции дифференцировались от других в Северной Азии.

ЛИТЕРАТУРА

1. Батсуурь Ж. Наследственный полиморфизм и геногеография народонаселения Монголии. Дисс. ... д. биол. наук. М., 1986. 284 с.
2. Гурвич И.С., Симченко Ю.Б. Этногенез юкагиров // Этногенез народов Севера. М.: Наука, 1980. С. 141 — 152.
3. Клесов А., Тюняев А. Происхождение человека по данным археологии, антропологии и ДНК-генеалогии. М.: Белые альвы, 2010. 1021 с.
4. Кравчук О.И., Спицын В.А., Гинтер Е.К. Генетическая структура марийской популяции и ее генетическое положение в системе других финно-угорских групп населения // Генетика. 1996. Т. 32. С. 1277 — 1286.
5. Назарова А.Ф. Генетические данные к проблеме дифференциации северных монголоидов, европеоидов и америндов на территории Евразии // Вестник антропологии. 1999.а. № 6. С. 205 — 215.
6. Назарова А.Ф. К проблеме дифференциации северных монголоидов, европеоидов и америндов на территории Евразии // Цитология и генетика, 2002. Т. 36. № 6. С. 46 — 53.
7. Назарова А.Ф. Популяции, переходные между монголоидами и европеоидами, и возможный путь формирования европеоидов // Генетический портрет народов мира. Липецк: Липецкое изд-во, 1999.б. С. 4 — 16.
8. Назарова А.Ф. Популяционная генетика и происхождение народов Евразии. М.: Белые альвы, 2009. 304 с.

НАЗАРОВА А.Ф. ГЕНЕТИКА И ФИЛОГЕНЕЗ ФИННО-УГОРСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ

9. Назарова А.Ф. Популяционная генетика русских: генеалогический анализ, частоты генов и генетические расстояния // Доклады РАН. 1994. Т. 339. С. 563–568.
10. Назарова А.Ф., Кузнецова М.Г. Генетическая структура популяций алтайцев // Доклады РАН. 1993. Т. 333. С. 405–409.
11. Рычков Ю.Г., Спицын В.А., Шнейдер Ю.В., Назарова А.Ф., Боева С.Б., Новорадовский А.Г., Тихомирова Е.В. Генетика популяций таежных охотников-оленоводов Средней Сибири. Биохимические маркеры генов HP, TF, GC, Alb, GLO 1, PGM 1, AcP и EsD // Генетика. 1984. Т. 20. С. 1701–1708.
12. Спицын В.А. Биохимический полиморфизм человека. М.: МГУ, 1985. 214 с.
13. Сукерник Р.И., Шур Т.Г., Стариковская Е.Б., Уоллес Д.К. Изменчивость митохондриальных ДНК у коренных жителей Сибири в связи с реконструкцией эволюционной истории американских индейцев // Генетика. 1996. Т. 32. С. 432–439.
14. Финно-угорский сборник: антропология, археология, этнография. М.: Наука, 1982. 225 с.
15. Халиков А.Х. Основы этногенеза народов Среднего Поволжья и Приуралья. Ч. 1. Происхождение финноязычных народов. Казань, Изд-во Казан. ун-та, 1991. 108 с.
16. Шнейдер Ю.В., Тихомирова Е.В., Шильникова И.Н., Рычков Ю.Г. Генетический полиморфизм и геногеография коренного населения Уральского региона. 1. Генетическая структура народов Уральского региона // Генетика, 1995. Т. 31. С. 560–572.
17. Barton N.H., Jones J.S. "The Language of the Genes." *Nature* 346 (1990): 415–416.
18. Cavalli-Sforza L.L. "Genes, Peoples and Languages." *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 1997, vol. 94, pp. 7719–7724.
19. Cavalli-Sforza L.L., Bodmer W.F. *The Genetics of Human Populations*. San Francisco: Freeman and Co., 1971.
20. Lahermo P., Sajantila A., Sistonen P., Lukka M., Aula P., Peltonen L., Savontaus M.-L. "The Genetic Relationship Between the Finns and Finnish Saami (Lapps): Analysis of Nuclear DNA and mtDNA." *Amer. J. Hum. Genet.* 58 (1996): 1309–1322.
21. Mourant A., Kopec A., Domaniewska-Sobczak K. *The Distribution of Human Blood Groups and Other Polymorphisms*. London: Oxford Univ. Press. 1976.
22. Nazarova A.F. "The Genetic Structure of Populations of Chuckotka Peninsula Eskimos and Chuckchi Based on the Study of 13 Loci of Serum and Erythrocyte Proteins and Enzymes." *Amer. J. Phys. Anthropol.* 79 (1989): 81–88.
23. Nei M. "The Theory of Genetic Distance and Evolution of Human Races." *Japan J. Human Genet.* 23 (1978): 341–369.

Цитирование по ГОСТ Р 7.0.11–2011:

Назарова, А. Ф. Генетика и филогенез финно-угорских популяций [Электронный ресурс] / А.Ф. Назарова // Электронное научное издание Альманах Пространство и Время. — 2013. — Т. 4. — Вып. 1: Система планета Земля. — Стационарный сетевой адрес: 2227-9490e-aprov_r_e-ast4-1.2013.61

GENETICS AND PHYLOGENESIS OF FINNO-UGRIC POPULATIONS

Ariadna F. Nazarova, D.Sc. (Biology), Senior Researcher at the RAS Institute of Ecology and Evolution Problems
E-mail: afnazar@yandex.ru

Ethnogenesis and evolutionary history of Eurasian peoples is essential interdisciplinary scientific problem. The object of my genogeographic study is Finno-Ugric group, its polymorphism and genealogy. I have calculated the genetic distances of 18 Finnish-Ugric and some other populations on 28 alleles of proteins, enzymes and blood groups. Based on these data, I have constructed dendrogram of relationship of investigated populations. Dendrogram analysis allows the following conclusions. The common branch (clade) of big cluster has originally included Sami, Finnish-Ugric populations, Russians, and modern inhabitants of North Asia (Evenks, Nganasans, Yakuts, Altaians and Mongols). Subsequently the branching into two subclusters occurred in the Finno-Ugric and northern Mongoloid cluster. The first subcluster included Finns, Estonians, Hungarians, Russians, Komi, Chuvashes, Udmurtians, Nentsi, Tatars; another one included Mari, Mansi, Mongols, Altaians, Yakuts, Evenks and Nganasans. Earlier I was published my conception on populations of Caucasoids, North Mongoloids and ancestors of American Indians. Based on the data on protein polymorphism, and also considering the data on mtDNA polymorphism obtained by other authors, I suggested these populations originated from single ancestral Asiatic one. Archaeological data and molecular genealogy supported my hypothesis about palaeoasiatic origin of Finnish-Ugric populations.

Keywords: Finnish-Ugric populations; Genetic distances; Dendrogram; Palaeoasiatic origin.

References:

1. Barton N.H., Jones J.S. "The Language of the Genes." *Nature* 346 (1990): 415–416.
2. Batsuur' Zh. *Ancestral Polymorphism and Genogeography of Mongolia Population*. Doctoral diss. Moscow, 1986. 284 p. (In Russian).
3. Cavalli-Sforza L.L. "Genes, Peoples and Languages." *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 1997, vol. 94, pp. 7719–7724.
4. Cavalli-Sforza L.L., Bodmer W.F. *The Genetics of Human Populations*. San Francisco: Freeman and Co., 1971.
5. *Finno-Ugric Collection: Anthropology, Archeology, Ethnography*. Moscow: Nauka Publisher, 1982. 225 p. (In Russian).
6. Gurvich I.S., Simchenko Yu.B. "Ethnogenesis of Yukagirs." *Ethnogenesis of People of the North*. Moscow: Nauka Publisher, 1980, pp. 141–152. (In Russian).
7. Khalikov A.Kh. *Fundamentals of the Ethnogenesis of the Middle Volga and Urals. Part 1. Origin of the Finno-speaking Peoples*. Kazan: Kazansky Universitet Publisher, 1991. 108 p. (In Russian).
8. Klesov A., Tyunyaev A. *Human Origins According to Archeology, Anthropology and DNA Genealogy*. Moscow: Belye al'vy. 2010. 1021 p. (In Russian).
9. Kravchuk O.I., Spitsyn V.A., Ginter E.K. "Genetic Structure of the Mari Population and Its Genetic Position in the Other Finno-Ugric Population Groups." *Genetics* 32 (1996): 1277–1286. (In Russian).
10. Lahermo P., Sajantila A., Sistonen P., Lukka M., Aula P., Peltonen L., Savontaus M.-L. "The Genetic Relationship Between the Finns and Finnish Saami (Lapps): Analysis of Nuclear DNA and mtDNA." *Amer. J. Hum. Genet.* 58 (1996): 1309–1322.
11. Mourant A., Kopec A., Domaniewska-Sobczak K. *The Distribution of Human Blood Groups and Other Polymorphisms*. London: Oxford Univ. Press. 1976.
12. Nazarova A.F. "Genetic Data to the Differentiation Problem of Northern Mongoloids, Caucasians and Amerinds in Eurasia Territory." *Bulletin of Anthropology* 6 (1999.a): 205–215. (In Russian).
13. Nazarova A.F. "Populations Transitional Between Mongoloids and Europeoids, and Possible Way of Europeoids Forming." *Genetic Portrait of Peoples of the World*. Lipetsk: Lipetskoe izdatelstvo Publisher, 1999.b, pp. 4–16. (In Russian).
14. Nazarova A.F. "Russian Population Genetics: a Genealogical Analysis, Gene Frequencies and Genetic Distances." *Doklady Biological Sciences* 339 (1994): 563–568. (In Russian).
15. Nazarova A.F. "The Genetic Structure of Populations of Chuckotka Peninsula Eskimos and Chuckchi Based on the Study of 13 Loci of Serum and Erythrocyte Proteins and Enzymes." *Amer. J. Phys. Anthropol.* 79 (1989): 81–88.
16. Nazarova A.F. "To the Differentiation Problem of Northern Mongoloids, Caucasians and Amerinds in Eurasia Territory." *Cytology and Genetics* 36.6 (2002): 46–53. (In Russian).
17. Nazarova A.F. *Population Genetics and the Origin of Eurasian Peoples*. Moscow: Belye al'vy, 2009. 304 p. (In Russian).
18. Nazarova A.F., Kuznetsova M.G. "Genetic Structure of Altai Populations." *Doklady Biological Sciences* 333 (1993): 405–409. (In Russian).
19. Nei M. "The Theory of Genetic Distance and Evolution of Human Races." *Japan J. Human Genet.* 23 (1978): 341–369.
20. Rychkov Yu.G., Spitsyn V.A., Shneyder Yu.V., Nazarova A.F., Boeva S.B., Novoradovskiy A.G., Tikhomirova E.V. "Genetics of Populations of Taiga Hunters and Reindeer Breeders of Central Siberia. Biochemical Markers of HP, TF, GC, Alb, GLO 1, PGM 1, AcP и EsD Genes." *Genetics* 20 (1984): 1701–1708. (In Russian).
21. Shneyder Yu.V., Tikhomirova E.V., Shil'nikova I.N., Rychkov Yu.G. "Indigenous Population of Ural Region Genetic Polymorphism and Genogeography. 1. Genetic Structure of the Peoples of the Ural Region." *Genetics* 31 (1995): 560–572. (In Russian).
22. Spitsyn V.A. *Biochemical Polymorphism of Human*. Moscow: MGU Publisher, 1985. 214 p. (In Russian).
23. Sukernik R.I., Shur T.G., Starikovskaya E.B. Wallace D.C. "Variability of Mitochondrial DNA of Indigenous Peoples of Siberia in Connection with the Reconstruction of the American Indian Evolutionary History." *Genetics* 32 (1996): 432–439. (In Russian).

Cite MLA 7:

Nazarova, A. F. "Genetics and Phylogenesis of Finno-Ugric Populations." *Elektronnoe nauchnoe izdanie Al'manakh Prostranstvo i Vremya, Spetsialny vypusk Sistema planeta Zemlya [Electronic Scientific Edition Almanac Space and Time. Special Issue 'The Earth Planet System']* 4.1 (2013). Web. <2227-9490e-aprov_r_e-ast4-1.2013.61>. (In Russian).