

ОЦЕНКА РАЗНООБРАЗИЯ Y-ДНК СРЕДИ АЗЕРБАЙДЖАНЦЕВ

Введение. На основе независимых литературных данных и результатов лаборатории Family Tree DNA проанализировано разнообразие Y-ДНК азербайджанцев из отдельных регионов Азербайджана, Ирана и Южного Дагестана.

Материалы и методы. Общее число обследованных составило 176 человек и впервые объединяет разные региональные группы этноса. Материалы объединены и систематизированы с использованием статистических методов, дана общая характеристика тенденций в распространении Y-гаплогрупп. Субклады обозначались согласно классификациям Yfull.

Результаты. Применив метод оценки согласованности ранжирования М.Д. Кендалла (вычисленный коэффициент конкордации Кендалла $W=0,83$, при уровне значимости $\alpha=0,01$) выявили согласованность данных независимых источников по нескольким факторам (гаплогруппам). С учётом этих результатов предложена предварительная оценка разнообразия субкладов Y-гаплогрупп объединённой выборки азербайджанцев и намечены предварительные контуры их кластеризации.

Обсуждение. Установлено, что среди рассмотренного материала свыше половины субъектов были носителями гаплогрупп переднеазиатского происхождения – E-M35, G-P15, J-P209 и T-CTS6507. Их наличие удачно вписывается в теорию заселения Закавказья в мезо- и неолитическую эпоху племенами из зоны «Плодородного полумесяца». Восточноевропейские субклады гаплогруппы R (R-Z2109, R-PF7562, R-Y4364) и гаплогруппы центральноазиатского происхождения (C-M217, N-P43, O-F238, Q-M242, R-Z93, R-M478) вкуче охватывают свыше трети исследованных и свидетельствуют, скорее всего, о миграциях с восточных и северо-восточных географических плацдармов. Выявлены также гаплогруппы южноазиатского и западноевропейского происхождения, но с довольно низкой частотой встречаемости.

Ключевые слова: гаплогруппы; Y-ДНК; субклад; азербайджанцы; метод Кендалла

Введение

Разнообразие Y-ДНК населения Закавказья в целом и Азербайджана в частности в последние годы активно изучается [Схалыхо с соавт., 2013; Malaspina et al., 2001; Weale et al., 2001; Wells et al., 2001; Zerjal et al., 2002; Nasidze et al., 2003; Cruciani et al., 2004; Andonian et al., 2011; Grugni et al., 2012; Rootsi et al. 2012; Underhill et al., 2015; Azerbaijan DNA Project URL: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults> (дата обращения – 01.11.2018)]. Накоплен определённый фактический материал, требующий интерпретации с точки зрения биологической статистики.

Однако отдельные исследователи по-разному трактуют полученные результаты. Так, в работе [Схалыхо с соавт., 2013] по итогам тестирования 125 человек указаны только доминирующие гаплогруппы (J1*-M267 и J2-M172), а остальное разнообразие (примерно четверть всего материала) не конкретизируется. В качестве основной репрезентативной группы выступали азербайджанцы из г. Дербента (республика Дагестан, Россия).

Более сложной является ситуация в работе [Andonian et al., 2011], где выборка состояла из 100 жителей г. Тебриза (провинция Восточный Азербайджан, Иран), где доминирующими Y-гаплогруппами оказались J и R (примерно 40%

каждая). На долю гаплогруппы N пришлось 10% от общего числа протестированных, а остальные (G, T и E) в сумме не составили и 10%. Вместе с тем, по другим данным [Nasidze et al., 2003, Rootsi et al., 2012, Grugni et al., 2012] среди азербайджанцев гаплогруппа G оказывалась весьма распространённой (18%, 13% и 8% соответственно). Также результаты показали немалую долю гаплогруппы T (8% от выборки численностью 63 человека) [Grugni et al., 2012].

Кроме того, другие авторы [Weale et al., 2001, Wells et al., 2001] отмечали в выборках азербайджанцев высокое генетическое разнообразие в целом, что также не стыкуется с вышеуказанными данными.

Помимо литературных источников рассматривались открытые данные Y-ДНК азербайджанцев на сайте Family Tree DNA [Azerbaijan DNA Project URL: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults> (дата обращения – 01.11.2018)], включающие информацию о субкладах Y-ДНК 94 азербайджанцев (по состоянию на октябрь 2017 г.) из различных районов Азербайджана и прилегающих регионов Ирана и Дагестана.

Цель настоящей работы заключалась в предварительной оценке соотношения субкладов основных Y-гаплогрупп азербайджанцев по мозаичным данным ряда независимых авторов. В ходе работы были рассмотрены указанные данные по разнообразию патрилинейных гаплогрупп, которые затем группировались, а цифровые значения анализировались с помощью статистических методов.

Материалы и методы

В качестве материала анализировались данные Y-ДНК азербайджанцев из различных источников [Схаляхо с соавт., 2013; Malaspina et al., 2001; Weale et al., 2001; Wells et al., 2001; Zerjal et al., 2002; Nasidze et al., 2003; Cruciani et al., 2004; Andonian et al., 2011; Grugni et al., 2012; Rootsi et al., 2012; Underhill et al., 2015; Azerbaijan DNA Project URL: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults> (дата обращения – 01.11.2018)].

Изучение литературных данных выявило некоторые сложности. Например, в ранних работах из-за незавершённой типизации фигурируют такие реликтовые Y-гаплогруппы как F, P и K. В других работах некоторые гаплогруппы были исключены из исследования, а их носители отнесены к группе «другие». Ряд исследований был посвящён изучению доли присутствия какой-то одной гап-

логруппы у разных народов мира [Cruciani et al., 2004; Underhill et al., 2015]. В этой связи пришлось сузить используемые источники, среди которых адекватными по типизации гаплогрупп и их презентативности (согласно целям запланированной работы) оказались только три публикации [Zerjal et al., 2002; Grugni et al., 2012; Azerbaijan DNA Project URL: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults> (дата обращения – 01.11.2018)].

В качестве ориентира по характерным субкладам рассматривались открытые данные [Azerbaijan DNA Project URL: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults> (дата обращения – 01.11.2018)], которые мы сочли целесообразным представить здесь в печатном виде тоже. Субклады Y-гаплогрупп обозначались согласно классификациям Yfull [YTREE V5.05 URL: <https://yfull.com/tree/> (дата обращения – 01.11.2018).] (табл. 1).

Относительные проценты нисходящих субкладов в табл. 1 высчитывались в пределах больших гаплогрупп. Данные масштабировали так, чтобы все относительные проценты в целом составляли 100%. После такого рода группировки были вычислены относительные процентные доли¹.

Общее число обследованных на основе всех использованных данных составило 176 человек (табл. 2).

Таблица впервые объединяет разные группы азербайджанцев. Весь материал обрабатывался методами вариационной статистики [Гланц, 1998], с использованием пакета прикладных программ SPSS.

Сравнение анализируемых данных проводили с помощью коэффициента конкордации по методу М.Д. Кендалла [Лагутин, 2007; Kendall, 1990]. Метод позволяет выявить согласованность данных независимых источников по нескольким факторам (гаплогруппам). Коэффициент конкордации Кендалла W , называемый также коэффициентом согласованности, при наличии связанных рангов вычисляется по формуле:

$$W = \frac{12S}{m^2(n^3 - n) - mB}$$

где m – число источников; n – число факторов (гаплогрупп); S – сумма квадратов разностей

¹ Такое приближение в некоторой степени условно, и вероятность оценки распространения (в %) какой-либо гаплогруппы эффективнее искать методом логистической регрессии. Однако в рассматриваемом случае задача заключалась в предварительной оценке соотношения Y-гаплогрупп по данным разных авторов.

Таблица 1. Статистика по Y-ДНК азербайджанцев по литературным данным [Azerbaijan DNA Project. <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>] (n=94 чел.)

Table 1. Statistics on Y-DNA of Azerbaijanis according to [Azerbaijan DNA Project. <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>] (n=94)

Гаплогруппа	Доля в % от общего числа	Субклад	Доля в % от общего числа	Доля в % от субклада
C-M217	2,2	C-F1918	1,1	50
		C-F2613	1,1	50
E-M35	7,5	E-M34	3,2	43
		E-M78	4,3	57
G-P15	10,7	G-Z6552	4,3	40
		G-L1259	6,4	60
H-M52	3,2	H-M52	3,2	100
I-P78	1,1	I-P78	1,1	100
J-P209	30,8	J-L136	9,6	31
		J-Z1828	7,4	24
		J-PF4610	13,8	45
L-L595	3,2	L-L595	3,2	100
N-P43	2,1	N-P43	2,1	100
O-F238	1,1	O-F238	1,1	100
Q-M242	0,0	Q-M242	0,0	100
R-Y482	35,2	R-F1092	1,1	3
		R-L2	1,1	3
		R-Z2103	12,8	37
		R-M478	1,1	3
		R-PF7562	2,1	6
		R-Y4364	5,3	15
		R-Z93	11,7	33
T-CTS6507	3,3	T-CTS6280	1,1	33,3
		T-Y4981	1,1	33,3
		T-CTS6901	1,1	33,3

Таблица 2. Перечень использованных работ и статистика по данным Y-ДНК азербайджанцев (n=176)
Table 2. List of used articles and statistics on the Y-DNA data of Azerbaijanis (n=176)

Гаплогруппы, n												Источник
C	E	G	H	I	J	L	N	O	Q	R	T	
0	7	5	0	0	17	2	1	0	3	23	5	Grugni et al., n=63
0	1	1	0	0	11	1	1	0	0	4	0	Zerjal et al., n=19
2	7	10	3	1	29	3	2	1	0	33	3	Azerbaijan DNA Project, n=94
2	15	16	3	1	57	6	4	1	3	60	8	ИТОГО
1,1	8,5	9,1	1,7	0,6	32,4	3,4	2,3	0,6	1,7	34,1	4,5	ИТОГО, %

Таблица 3. Общая статистика по субкладам Y-ДНК азербайджанцев (n=176)
Table 3. General statistics on Y-DNA subclades of Azerbaijanis (n=176)

Гаплогруппа	Доля в % от общего числа	Субклады	Доля в % от общего числа
C-M217	1,1	C-F1918	0,55
		C-F2613	0,55
E-M35	8,5	E-M34	3,66
		E-M78	4,85
G-P15	9,1	G-Z6552	3,64
		G-L1259	5,46
H-M52	1,7	H-M52	1,7
I-P78	0,6	I-P78	0,6
J-P209	32,4	J-L136	10,04
		J-Z1828	7,78
		J-PF4610	14,58
L-L595	3,4	L-L595	3,4
N-P43	2,3	N-P43	2,3
O-F238	0,6	O-F238	0,6
Q-M242	1,7	Q-M242	1,7
R-Y482	34,1	R-F1092	1,02
		R-L2	1,02
		R-Z2103	12,62
		R-M478	1,02
		R-PF7562	2,05
		R-Y4364	5,12
T-CTS6507	4,5	R-Z93	11,25
		T-CTS6280	1,50
		T-Y4981	1,50
		T-CTS6901	1,50

рангов (отклонений от среднего); B – суммарная величина поправочных коэффициентов, которые высчитываются для связанных рангов каждого источника. Сам поправочный коэффициент представляет сумму значений выражения $(B_r^2 - B)$, где r – количество повторяющихся элементов у конкретного источника в матрице рангов, выражение вычисляется для всех случаев повтора.

Если $W < 0,2$, то это говорит о слабой согласованности данных, неадекватной оценке распределения гаплогрупп в популяции, без возможности высказаться о какой-либо тенденции в целом.

$W > 0,6$ говорит о сильной согласованности данных, что означает как минимум схожесть обнаруженных тенденций картины распределения гаплогрупп.

Результаты

В результате анализа работ [Zerjal et al., 2002; Grugni et al., 2012; Azerbaijan DNA Project URL: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults> (дата обращения – 01.11.2018)] была составлена общая оценочная таблица по разнообразию субкладов Y-ДНК (табл. 3)

Вычисленный коэффициент конкордации Кендалла $W=0,83$, что указывает на высокую степень согласованности итогов работы различных авторов, и позволяет обосновать адекватность этих данных. Оценка значимости коэффициента конкордации с помощью критерия согласования Пирсона показала высокую достоверность результатов данного теста при уровне значимости $\alpha=0,01$.

Таким образом, сравнение различных, независимых друг от друга результатов обнаруживает значительную схожесть по общим итогам этих исследований. Полагаясь на эти результаты, мы считаем допустимым говорить о возможности их объединения. На данном этапе разработки проекта по изучению генетического разнообразия азербайджанцев указанное процентное распределение представляется наиболее адекватным.

Обсуждение

Как следует из таблицы 3, для патрилинейной части генофонда азербайджанцев гаплогруппы J-P209, R-Y482 и G-P15 являются своего рода базисными.

При сравнении данных из таблиц результаты по доминирующим гаплогруппам не столь разнятся. Однако по мало встречающимся гаплогруппам отличия достаточно заметны. Особенно это коснулось гаплогрупп Q-M242, I-P78, H-M52, C-M217, O-F238, N-P43 и T-CTS6507: отличия, как в сторону уменьшения, так и увеличения в 2 раза и более.

В данном случае дать однозначную интерпретацию таким различиям затруднительно. Наблюдаемое явление можно объяснить как небольшими размерами выборок, так и различным их иерархическим уровнем (город, деревня и т. п.) и другими факторами.

Свыше половины (54,5%) составляют гаплогруппы переднеазиатского происхождения – E-M35, G-P15, J-P209 и T-CTS6507, появление которых можно связать с племенами из зоны «Плодородного полумесяца», заселившими Закавказье в мезо- и неолитическую эпоху [Nasidze et al., 2004].

Восточноевропейские субклады гаплогруппы R (R-Z2103, R-PF7562, R-Y4364) охватывают около 20% исследованных и свидетельствуют о связях Закавказья с древним населением Восточноевропейской равнины [Nasidze et al., 2003].

Около 18% приходится на гаплогруппы центральноазиатского происхождения – C-M217, N-P43, O-F238, Q-M242, R-Z93 и R-M478, которые можно сопоставить с внушительной миграцией племён из этих регионов в средние века [Khusnutdinova et al., 2012].

Меньше всего (6%) составляют гаплогруппы L-L595, H-M52 и R-F1092, указывающие на связь с южноазиатским регионом [Watkins et al., 2008]. Западноевропейское влияние (R-L2, I-P78) суммарно не превышает 1-2%.

Разумеется, указанные результаты по разнообразию субкладов являются предварительными и их нельзя рассматривать в качестве окончательного портрета Y-ДНК современных азербайджанцев. Для более глубоких выводов необходимы дальнейшие исследования, как в Азербайджанской Республике, так и в сопредельных регионах со значительным азербайджанским населением – Иранском Азербайджане, Южном Дагестане и Грузии, причём общее количество обследованных должно быть как минимум четырёхзначным.

Выводы

С применением методов биологической статистики на основе изучения информации из различных независимых источников показано распределение гаплогрупп Y-ДНК азербайджанцев.

Результаты анализа с использованием метода рангов Кендалла допускают возможность объединения имеющихся по гаплогруппам Y-ДНК результатов в единую выборку из 176 человек, которая на сегодняшний день в некоторой степени иллюстрирует разнообразие патрилинейных гаплогрупп азербайджанцев.

По полученным оценкам, примерно 55% генофонда составляют гаплогруппы E-M35, G-P15, J-P209 и T-CTS6507, связываемые с заселением Закавказья в мезо- и неолитическую эпоху, около 20% охватывают восточно-европейские субклады гаплогруппы R и 18% это гаплогруппы центральноазиатского происхождения (C-M217, N-P43, O-F238, Q-M242, R-Z93 и R-M478). Остальная часть приходится на гаплогруппы южноазиатского (L-L595, H-M52 и R-F1092) и западноевропейского происхождения.

В отличие от предыдущих авторов, считавших патрилинейный генофонд азербайджанцев практически полностью ближневосточным, полученные данные позволяют утверждать ощутимое (свыше 30%) присутствие потомков из Восточной Европы, Центральной и Южной Азии.

Библиография

- Гланц С. Медико-биологическая статистика. Москва: Практика, 1998. 459 с.
Лагутин М.Б. Наглядная математическая статистика. Москва, 2007. 472 с.
Схаляхо Р.А., Почешихова Э.А., Теучеж И.Э., Дибирова Х.Д., Агджоян А.Т., Утевская О.М., Юсупов Ю.М., Дамба Л.Д., Иса-

кова Ж.Т., Момыналиев К.Т., Тагирли Ш.Г., Кузнецова М.А., Коньков А.С., Фролова С.А., Балановская Е.В., Балановский О.П. Тюрки Кавказа: сравнительный анализ генофондов по данным о Y-хромосоме // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2013. №2. С. 34–48.

Сведения об авторах

Халилова Ирада Сархан, к.б.н., ORCID ID 0000-0002-4238-3113; ikhalilova@khazar.org;
Ибрагимов Анар Шамистан, к.м.н., anar.ibrahimov@khazar.org;
Алиев Акпер Алиназар, AzerbaijanDNAProject@gmail.com.

Aliev A.A.¹⁾, Ibrahimov A.Sh.²⁾, Khalilova I.S.²⁾

¹⁾ *Azerbaijan DNA Project, FTDNA Lab, 1445 N Loop W Fwy, Ste 820, Houston, TX 77008, USA;*

²⁾ *Khazar University, Center for Cell Pathology Research, Department of Biological Sciences, Meskheti str, 41, Baku, AZ1096, Azerbaijan*

EVALUATION OF Y-DNA DIVERSITY OF AZERBAIJANIS

The diversity of the Y-DNA of Azerbaijanis from certain regions of Azerbaijan, Iran, and Southern Dagestan was analyzed based on various independent literature data and the results of the Azerbaijan DNA Project at Family Tree DNA laboratory.

Materials and methods. *DNA of 176 individuals was analyzed integrating different regional subgroups of Azerbaijanis ethnoses for the first time. Subclades of Y-DNA haplogroups are named according to Yfull classification. General trends of haplogroups' distribution are presented in this paper.*

Results and discussion. *Kendall concordance ratio is $W=0.83$ ($\alpha=0.01$) indicating a high degree of consistency in the results of various independent studies. Based on these results we propose a preliminary assessment of the diversity of Y-DNA subclades of a united sample of Azerbaijanis and possible clusters.*

More than half of all studied individuals carry haplogroups of Middle Eastern origin (E-M35, G-P15, J-P209, and T-CTS6507) that can be associated with tribes from the «Fertile Crescent» area of Meso- and Neolithic epoch. Eastern European subclades of the haplogroup R (R-Z2103, R-PF7562, R-Y4364) with the subclades of Central Asian origin (C-M217, N-P43, O-F238, Q-M242, R-Z93, R-M478) cover about 38% people and indicate, most likely, migrations from the eastern and north-eastern geographical bridgeheads. Haplogroups of South Asian and Western European origin were also identified, but with a rather low frequency of occurrence.

Keywords: haplogroups; Y-DNA; Azerbaijanis; Kendall correlation; subclade

References

Glantz S. *Mediko-biologicheskaja statistika* [Biomedical statistics]. Moscow, Praktika Publ., 1998, 459 p. (In Russ.).
Lagutin M.B. *Nagljadnaja matematicheskaja statistika* [Visual Mathematical Statistics]. Moscow, 2007, 472 p. (In Russ.).
Skhaljaho R.A., Pocheshhova Je.A., Teuchezh I.Je., Dibirova K.D., Agdzhojan A.T., Utevsкая O.M., Yusupov Y.M., Damba L.D., Isakova J.T., Momynaliev T.K., Tagirly S.G., Kuznetsova M.A., Konkov A.S., Frolova S.A., Balanovskaya E.V., Balanovsky O.P. Тюрки Кавказа: сравнител'nyj analiz genofondov po dannym o Y-hromosome [Turkic speakers of the caucasus: a comparative analysis of their gene pools from the Y7chromosomal perspective]. *Vestnik Moskovskogo universiteta. Serija XXIII. Antropologija* [Moscow University Anthropology Bulletin], 2013, 2, pp. 34-48. (In Russ.).
Andonian L., Rezaie S., Margaryan A. et al. Iranian Azeri's Y-Chromosomal Diversity in the Context of Turkish-Speaking Populations of the Middle East. *Iranian J. Publ. Health*, 2011, 40 (1), pp. 119-123.

Azerbaijan DNA Project URL: <https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults> (Accessed: 01.11.2018).

Cruciani F., La Fratta R., Santolamazza P., Sellitto D., Pascone R., Moral P., Watson E., Guida V., Colomb E.B., Zaharova B., Lavinha J., Vona G., Aman R., Calaf F., Akar N., Richards M., Torroni A., Novelletto A., Scozzari R. Phylogeographic Analysis of Haplogroup E3b (E-M215) Y Chromosomes Reveals Multiple Migratory Events Within and Out Of Africa. *Am. J. Hum. Genet.*, 2004, 74, pp. 1014-1022.
Grugni V., Battaglia V., Kashani B.H., Parolo S., Al-Zahery N., Achilli A., Olivieri A., Gandini F., Houshmand M., Sanati M.H., Torroni A., Semino O. Ancient Migratory Events in the Middle East: New Clues from the Y-Chromosome Variation of Modern Iranians. *PLoS ONE*, 2012, 7 (7), pp. 1-14.
Kendall M., Gibbons J.D. *Rank Correlation Methods (5th Edition)*. London, 1990, 260 p.
Khusnutdinova E.K., Litvinov S.S., Kutuev I.A., Iunusbaev B.B., Khusainova R.I., Akhmetova V.L., Ahatova F.S., Metspalu E., Rootsi S., Vilems R. Gene pool of ethnic groups of the Caucasus:

- Results of integrated study of the Y chromosome and mitochondrial DNA and genome-wide data. *Russian Journal of Genetics*, 2012, 48, pp. 640-650.
- Malaspina P., Tsopanomichalou M., Duman T., Stefan M., Silvestri A., Rinaldi B., Garcia O., Giparaki M., Plata E., Kozlov A.I., Barbujani G., Vernesi C., Papola F., Ciavarella G., Kovatchev D., Kerimova M.G., Anagnou N., Gavrilu L., Veneziano L., Akar N., Loutradis A., Michalodimitrakis E.N., Terrenato L., Novelletto A. A multistep process for the dispersal of a Y chromosomal lineage in the Mediterranean area. *Ann. Hum. Genet.*, 2001, 65, pp. 339-349.
- Nasidze I., Sarkisian T., Kerimov A., Stoneking M. Testing hypotheses of language replacement in the Caucasus: evidence from the Y-chromosome. *Human Genetics*, 2003, 112, pp. 255-261.
- Nasidze I., Ling E.Y., Quinque D., Dupanloup I. Mitochondrial DNA and Y-Chromosome Variation in the Caucasus. *Ann. Hum. Genet.*, 2004, 68, pp. 205-221.
- Roots S., Myres N.M., Lin A., Järve M., King R.J., Kutuev I., Cabrera V.M., Khusnutdinova E.K., Varendi K., Sahakyan H., Behar D.M., Khusainova R., Balanovsky O., Balanovska E., Rudan P., Yepiskoposyan L., Bahmanimehr A., Farjadian S., Kushniarevich A., Herrera R.J., Grugni V., Battaglia V., Nici C., Crobu F., Karachanak S., Kashani B.H., Houshmand M., Sanati M.H., Toncheva D., Lisa A., Semino O., Chiaroni J., Di Cristofaro J., VILLEMS R., Kivisild T., Underhill P.A. Distinguishing the co-ancestries of haplogroup G Y-chromosomes in the populations of Europe and the Caucasus. *European Journal of Human Genetics*, 2012, 20 (12), pp. 1275-1282.
- Underhill P.A., Poznik G.D., Roots S., Järve M., Lin A.A., Wang J.B., Passarelli B., Kanbar J., Myres N.M., King R.J., Di Cristofaro J., Sahakyan H., Behar D.M., Kushniarevich A., Sarac J., Saric T., Rudan P., Pathak A.K., Chaubey G., Grugni V., Semino O., Yepiskoposyan L., Bahmanimehr A., Farjadian S., Balanovsky O., Khusnutdinova E.K., Herrera R.J., Chiaroni J., Bustamante C.D., Quake S.R., Kivisild T., VILLEMS R. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. *European Journal of Human Genetics*, 2015, 23 (1), pp. 124-131.
- Watkins W.S., Thara R., Mowry B.J., Zhang Y., Witherspoon D.J., Tolpinrud W., Bamshad M.J., Tirupati S., Padmavati R., Smith H., Nancarrow D., Filippich C., Jorde L.B. Genetic variation in South Indian castes: evidence from Y-chromosome, mitochondrial, and autosomal polymorphisms. *BMC Genetics*, 2008, 9, p. 86.
- Weale M.E., Yepiskoposyan L., Jager R.F., Hovhannisyan N., Khudoyan A., Burbage-Hall O., Bradman N., Thomas M.G. Armenian Y chromosome haplotypes reveal strong regional structure within a single ethno-national group. *Human Genetics*, 2001, 109, pp. 659-667.
- 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., Zhohoshvili 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. *PNAS USA*, 2001, 98 (18), pp. 10244-10249.
- YTREE V5.05 URL: <https://yfull.com/tree/> (Accessed: 01.11.2018).
- Zerjal T., Wells R.S., Yuldasheva N., Ruzibakiev R., Tyler-Smith C. A Genetic Landscape Reshaped by Recent Events: Y-Chromosomal Insights into Central Asia. *Am. J. Hum. Genet.*, 2002, 71, pp. 466-482.

Authors' information

Khalilova Irada S., PhD, ORCID ID 0000-0002-4238-3113;

ikhalilova@khazar.org;

Ibrahimov A.Sh., PhD, anar.ibrahimov@khazar.org;

Aliiev A.A., AzerbaijanDNAProject@gmail.com.