

مردمان ترک‌زبان آغازین و سده‌های میانه^۱

=====

تحلیلی تطبیقی بر پایه منابع تاریخی چین و مطالعات دی‌ان‌ای-وای

پیشگفتار برگردان

مقاله پژوهشی «تحلیل تطبیقی منابع تاریخی چین و مطالعات دی‌ان‌ای-وای در باره مردمان ترک‌زبان نخستین/آغازین و سده‌های میانه» نوشته جو-یوپ لی و شونتو کوانگ، از جمله پژوهش‌هایی است که با پیوند دادن دو حوزه مهم تاریخ و ژنتیک، به یکی از پرسش‌های اساسی در مطالعه خاستگاه و شکل‌گیری مردمان ترک‌زبان پرداخته است: آیا گسترش زبان‌ها و هویت‌های ترکی در پهنه وسیع اوراسیا، حاصل مهاجرت یک جمعیت واحد و همگون بوده است، یا نتیجه فرایندی پیچیده از جابه‌جایی، آمیزش جمعیت‌ها و گسترش زبان در میان گروه‌های گوناگون؟

نویسندگان برای بررسی این پرسش، اطلاعات منابع تاریخی رسمی چین در باره خاستگاه، هویت و ویژگی‌های ظاهری مردمان ترک‌زبان نخستین و سده‌های میانه را با یافته‌های مطالعات ژنتیکی، به‌ویژه داده‌های مربوط به کروموزوم-وای، مقایسه کرده است.

اهمیت این رویکرد در آن است که مسئله «خاستگاه ترک‌ها» را تنها از دریچه روایت‌های تاریخی یا افسانه‌های قومی بررسی نمی‌کند. منابع چینی، که از کهن‌ترین گزارش‌های مکتوب در باره گروه‌های ساکن آسیای داخلی به شمار می‌روند، اطلاعات گوناگونی در باره گروه‌هایی چون **تورک‌ها**، **تیله**، **قرغیزها** و **دیگر جوامع آسیای داخلی** در اختیار ما می‌گذارند. در سوی دیگر، مطالعات ژنتیکی جدید امکان بررسی تداوم، گسست و آمیزش جمعیت‌ها را از زاویه‌ای متفاوت فراهم کرده‌اند. قرار دادن این دو دسته شواهد/اسناد در کنار یکدیگر، تصویر پیچیده‌تری از گذشته به دست می‌دهد و ما را از تکیه ساده‌انگارانه بر یک روایت واحد درباره «اصل و نسب ترک‌ها» برحذر می‌دارد.

یکی از نکات قابل تأمل مقاله، تمایزی است که میان **ترک‌بودن**، **ترک‌زبان‌شدن** و **شکل‌گیری هویت‌های ترک‌زبان** به‌طور ضمنی و در مواردی صریح برقرار می‌شود. نویسندگان با بررسی شواهد تاریخی و ژنتیکی نشان می‌دهند که مردمان ترک‌زبان نخستین و سده‌های میانه از نظر جمعیتی و ویژگی‌های

ظاهری یک مجموعه همگون نبوده‌اند و فرایند ترک‌زبان‌شدن بخش‌هایی از آسیای مرکزی و غربی نیز نمی‌تواند صرفاً با فرض مهاجرت یک «قوم ترک واحد» توضیح داده شود. از این منظر، گسترش یک زبان لزوماً معادل جابه‌جایی کامل یک جمعیت نیست و تغییر زبان و هویت می‌تواند در نتیجه تعامل، ادغام و ترک‌زبان‌شدن گروه‌های گوناگون نیز رخ دهد.

یافته محوری مقاله این است که هم منابع تاریخی چین و هم مطالعات ژنتیکی جدید، بر ناهمگونی جمعیتی مردمان ترک نخستین و سده‌های میانه دلالت دارند. بر پایه جمع‌بندی نویسندگان، ترک‌زبان‌شدن بخش‌هایی از آسیای مرکزی و غربی در طول دو هزاره گذشته، نه حاصل مهاجرت یک «قوم ترک» واحد و همگون، بلکه نتیجه موج‌های متعدد گسترش زبان در میان گروه‌های گوناگون، از جمله گروه‌های ترک‌زبان و سایر گروه‌هایی بوده است که در جریان این فرایند ترک‌زبان شده‌اند. این نتیجه، مرز میان زبان، تبار و جمعیت را در مطالعه تاریخ مردمان ترک‌زبان برجسته می‌کند و نشان می‌دهد که گسترش یک زبان را نمی‌توان به‌سادگی با گسترش یک جمعیت واحد و دارای تبار مشترک یکی دانست.

خواندن این مقاله برای پژوهش در باره تاریخ و هویت مردمان ترک‌زبان از این جهت اهمیت ویژه دارد که ما را به تفکیک مفاهیمی فرامی‌خواند که در ادبیات عمومی امروز گاه به‌سادگی به جای یکدیگر به کار می‌روند: زبان، تبار، جمعیت، هویت و قومیت. البته یافته‌های ژنتیکی نیز به‌تنهایی پاسخ نهایی به مسئله هویت تاریخی نیستند و باید در کنار منابع تاریخی، زبان‌شناختی، باستان‌شناختی و انسان‌شناختی خوانده شوند. ارزش اصلی این پژوهش دقیقاً در همین نگاه میان‌رشته‌ای است؛ نگاهی که به جای جست‌وجوی یک «نیای واحد» برای همه مردمان ترک‌زبان، فرایند تاریخی پیچیده و چندلایه شکل‌گیری آنان را موضوع بررسی قرار داده است.

چکیده

در ده سال گذشته، متخصصان ژنتیک به بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های ترک‌زبان امروزی و هم‌دی‌ان‌ای (DNA) باستانی مردمان شیونگ‌نو و دیگر گروه‌ها پرداخته‌اند. با این حال، یافته‌های این پژوهش‌ها آن‌گونه که باید مورد توجه متخصصان تاریخ آسیای درونی قرار نگرفته است. ما برای پُرکردن این خلأ، تحلیلی تطبیقی میان اطلاعات متنی و داده‌های حاصل از مطالعات ژنتیکی در باره مردمان ترک‌زبان دوران آغازین و میانه انجام دادیم. نخست، اطلاعات موجود در تاریخ‌های معیاری (ژینگ‌شی) چین را در باره خاستگاه، هویت و ویژگی‌های ظاهری مردمان ترک‌زبان آن دوران بررسی

کردیم. سپس به این موضوع پرداختیم که چگونه یافته‌های مطالعات ژنتیکی، اطلاعات متنی را تکمیل می‌کنند. هم منابع تاریخی چین و هم مطالعات نوین دی‌ان‌ای نشان می‌دهند که مردمان ترک‌زبان دوران آغازین و میانه، متشکل از جمعیت‌هایی ناهمگون بوده‌اند. فرایند ترکی‌سازی (ترک‌زبان‌شدن) اوراسیای مرکزی و غربی، نه حاصل مهاجرت یک گروه یکدست و همگون، بلکه نتیجه‌ی گسترش و اشاعه زبان بوده است.

واژگان کلیدی

مردمان ترک‌زبان، تاریخ‌های معیاری چینی، هاپلوگروپ دی‌ان‌ای-وای (Y-DNA)، ترکی‌سازی (ترک‌زبان‌شدن)، ویژگی ظاهری (چهره)

مقدمه

در ۱۰ تا ۱۵ سال گذشته، متخصصان ژنتیک با مطالعه کروموزوم‌های-وای (که از طریق پدر به ارث می‌رسند) و دی‌ان‌ای میتوکندری (که از طریق مادر به ارث می‌رسند)، ردپای خاستگاه‌های ژنتیکی جمعیت‌های گوناگون را دنبال کرده‌اند (۱). در این راستا، پژوهشگران ژنتیک همچنین به بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های امروزی آسیای درونی و نیز دی‌ان‌ای باستانی استخراج‌شده از بقایای شیونگنو و ساخاها (یاکوت‌ها) و دیگر گروه‌ها پرداخته‌اند که در ادامه به آن‌ها اشاره خواهد شد (۲). با این حال، یافته‌های این مطالعات ژنتیکی آن‌گونه که باید مورد توجه متخصصان تاریخ آسیای درونی (Inner Asia) قرار نگرفته است (۳). هدف این مقاله پرکردن این خلأ از طریق تحلیل تطبیقی اطلاعات متنی و نتایج مطالعات ژنتیکی در باره مردمان ترک‌زبان دوران آغازین و میانه است. نخست، اطلاعات موجود در تاریخ‌های معیاری چین (ژینگ‌شی) در باره خاستگاه، هویت و ویژگی‌های ظاهری مردمان ترک‌زبان دوران آغازین و میانه را بررسی خواهیم کرد (۴). سپس به تفصیل نشان خواهیم داد که چگونه یافته‌های ژنتیکی بر روی مردمان ترک‌زبان باستانی و امروزی، اطلاعات متنی را تأیید یا تکمیل می‌کنند. نتیجه‌گیری این مقاله بدین شرح است: هم تاریخ‌های چینی دوران سده‌های میانه و هم مطالعات دی‌ان‌ای نشان می‌دهند که مردمان ترک‌زبان دوران آغازین و میانه، متشکل از جمعیت‌هایی ناهمگون و از نظر جسمانی متفاوت بوده‌اند. فرایند ترکی‌سازی در اوراسیای مرکزی و غربی طی دو هزاره گذشته، نه حاصل مهاجرت یک واحد قومی ترک‌زبان واحد و یکدست، بلکه نتیجه امواج متعدد گسترش زبان بوده است که هم شامل مردمان ترک‌زبان و هم مردمان دیگری که زبان ترکی را پذیرفته بودند.

خاستگاه، هویت و ویژگی‌های ظاهری مردمان ترک‌زبانِ دوران آغازین و میانه بر اساس تاریخ‌های چینی (۵)

شیونگنو (The Xiongnu)

شیونگنو نخستین امپراتوری‌سازان کوچ‌نشین در تاریخ آسیای درونی بودند. مورخان نتوانسته‌اند با قطعیت تأیید کنند که آیا شیونگنو مردمانی ترک‌زبان بوده‌اند یا خیر (۶). بر اساس برخی اطلاعات پراکنده در باره زبان شیونگنو که در تاریخ‌های چینی یافت می‌شود، شیونگنو ترک‌زبان بوده، نه مغول‌زبان. اثر تاریخی «وی‌شو» که در میانه سده ششم میلادی نگاشته شده، بیان می‌کند که زبان گائوچه – مردمی ترک‌زبان که در اواخر سده پنجم میلادی حکومتی کوچ‌نشین در منطقه سین‌کیانگ امروزی تأسیس کردند – و زبان شیونگنو با برخی تفاوت‌ها، تقریباً یکسان بوده است (۷). افزون بر این، کتاب «بی‌شی» که متعلق به اواسط سده هفتم است، روایت می‌کند که زبان یووین شیونگنو – شاخه‌ای از قبیله شیونگنو که در دوران «شانزده پادشاهی» (۳۰۴–۴۳۹ م) در شمال چین فعال بودند – تفاوت فاحشی با زبان شیانی‌بی داشته است، مردمی که مغولی یا شبه‌مغولی بودند. با این حال، وابستگی زبانی شیونگنو همچنان موضوعی بحث‌برانگیز و نیازمند گمانه‌زنی است، هرچند برخی از بازماندگان این مردم ممکن است بعدها در شکل‌گیری و توسعه کنفدراسیون‌های گوناگون کوچ‌نشین ترک‌زبان نقش داشته باشند. در باب خاستگاه شیونگنو، کتاب «شی‌جی»، اثر سیما قیان (درگذشت: ۸۶ پ م) نقل می‌کند که آنان از نسل چون‌وی بوده‌اند؛ شخصیتی افسانه‌ای از دودمان باستانی شیا که بدین ترتیب، خاستگاهی مرتبط با دودمان شیا را به شیونگنو نسبت می‌دهد. چنین توضیحی از نگاه علمی برای تعیین خاستگاه شیونگنو فاقد ارزش است؛ با این وجود، این روایت نشان می‌دهد که ویژگی‌های ظاهری شیونگنو تفاوت چندانی با ویژگی‌های ظاهری جمعیت چینی هان – که سیما قیان خود بدان تعلق داشت و آنان نیز خود را نوادگان دودمان شیا می‌دانستند – نداشته است. اما جی – یک «شاخه‌ای جداگانه از شیونگنو‌ها» و بنیان‌گذار دودمان ژاو متأخر (۳۱۹–۳۵۱ م) – ظاهراً دارای ویژگی‌های ظاهری اوراسیای غربی بوده‌اند؛ یعنی خصوصیات چو «چشم‌های گود»، «بینی برجسته» و «موهای پرپشت صورت». در کتاب «جین‌شو» آمده است که هنگام سرنگونی دودمان ژاو متأخر، ران مین رهبر شورشیان چینی هان، حدود ۲۰۰ هزار نفر جی یا کسانی را که دارای «بینی‌های برجسته» و «ریش‌های پرپشت» بودند، قتل‌عام کرد. افزون بر این، «جین‌شو» گفتگویی را میان یکی از بزرگان جی و یک مقام چینی هان ثبت کرده است:

سون ژین که متصدی امور ولیعهد بود، از کویی یوئه، وزیر پرسید: «من از بیماری چشم رنج می‌برم. درمان آن چیست؟» یوئه که همواره با ژین رفتاری بی‌تکلف و شوخ‌طبعانه داشت، به شوخی گفت: «اگر وسط [چشم] ادرار کنی، درمان می‌شود». ژین پرسید: «چطور می‌توان در چشم ادرار کرد؟» یوئه پاسخ داد: «چشمان تو گود اند؛ می‌توانی وسط آن ادرار کنی». ژین کینه به دل گرفت و ماجرا را به [ولیعهد] [شی] شوآن گزارش داد. شوآن در میان شاهزادگان، بیشترین شباهت ظاهری به «بربرها» (هو-مانند) داشت و چشمانش گود بود. او با شنیدن این سخن بسیار خشمگین شد و یوئه و پسرش را به قتل رساند (۸).

دینگ‌لینگ یا تی‌له (The Dingling or Tiele)

برخلاف مورد شیونگنو، مورخان با قطعیت می‌دانند که دینگ‌لینگ – مردمی کوچ‌نشین که در دوران شیونگنو در منطقه کنونی شمال مغولستان ساکن بودند – مردم ترک‌زبان بوده‌اند. منابع تاریخی چینی متفق‌القول‌اند که آن‌ها نیاکان تی‌له بوده‌اند؛ گروهی از قبایل ترک‌زبان که پس از فروپاشی امپراتوری شیونگنو، به یکی از قدرت‌های مسلط کوچ‌نشین در استپ‌های مغولستان بدل شدند. به گفته «شیجی»، ماودون (حکومت: ۲۰۹-۱۷۴ پ م)، بنیانگذار امپراتوری شیونگنو در اواخر سده سوم پیش از میلاد، دینگ‌لینگ را همراه با دونگهو، یوئژی (یا روژی) و قیرغیز زیر سلطه خود درآورد. در تاریخ‌های چینی از دینگ‌لینگ به عنوان متحدان هان یاد شده است که همراه با ووسون و ووهوان به شیونگنو ضعیف شده در سده اول پیش از میلاد یورش بردند.

دینگ‌لینگ بیشتر از شیونگنو عمر کرد و دوباره به عنوان گائوچه یا تیله در تاریخ‌های سده‌های میانه چین ظاهر شد. در مورد خاستگاه گائوچه یا تیله، «ویشو» و «بیشی» آنها را بقایای چیدی باستانی توصیف می‌کنند، در حالی که «سویشو» (حدود ۶۳۰ پ م) و «جوی تانگشو» آنها را صرفاً به عنوان «اولاده شیونگنو» یا «یک طایفه جدا از شیونگنو» توصیف می‌کنند. دو تاریخ اخیر نیز تیله را به عنوان گروه بزرگ و گسترده از قبایل توصیف می‌کنند که نه تنها در استپ‌های مغولستان بلکه در استپ‌های قزاق نیز ساکن بودند. برخی از آن‌ها شامل اویغور، سیر-تاردوش، بایگو، هون، تووا، قوریقان و آلان و دیگران بودند. به نظر می‌رسد برخی از این قبایل تیله که در تاریخ‌های چینی نام برده شده‌اند، گروه‌هایی غیرترک‌زبان بوده‌اند. برای نمونه، اثر «شین تانگشو» که در میانه سده یازدهم نوشته شده، می‌گوید که زبان بایگوها تا حدی با زبان تیله متفاوت بوده است. افزون بر این، آلان‌ها مردمی باستانی ایرانی بودند که نویسندگان دوران کلاسیک از سده‌های نخستین میلادی آن‌ها را

می‌شناختند. در مورد تیلِه، «سوئی‌شو» نیز خاطرنشان می‌کند که «آداب و رسوم آنان عمدتاً شبیه توجوئه (کوکتورک‌ها) بود»، اما این دو گروه در رسوم ازدواج و تدفین با یکدیگر تفاوت داشتند (۹). نکته مهم اینکه تاریخ‌های چینی هیچ اشاره خاصی به ویژگی‌های ظاهری تیلِه‌ها نکرده‌اند.

کوکتورک‌ها (The Kök Türks)

مردمان کوچ‌نشینی که زبان ترکی و نام «تورک» را فراتر از استپ‌های مغولستان گسترش دادند، کوکتورک‌ها («توجوئه» در منابع چینی) به رهبری طایفه آشینا بودند. نکته حائز اهمیت این است که تاریخ‌های چینی آن‌ها را از نسل دینگ‌لینگ یا متعلق به کنفدراسیون تیلِه نمی‌دانند (۱۰). برای مثال، کتاب «ژوشو» که در دهه ۶۳۰ م نوشته شده، آن‌ها را «شاخه‌ای جداگانه از شیونگنو» توصیف می‌کند یا خاستگاه‌شان را به دولت سوئو نسبت می‌دهد که در شمال قلمرو شیونگنو‌ها قرار داشت. در «سوئی‌شو» آمده است که کوکتورک‌ها از نسل «بربرهای آمیخته با پینگ‌لینگ» هستند (۱۱). جالب آنکه «ژوشو» نیز روایت می‌کند که طایفه آشینا با قرغیز خویشاوند بود که در «شین تانگ‌شو» با ویژگی‌های ظاهری «موهای قرمز» و «چشمان آبی» توصیف شده‌اند. با این حال، کوکتورک‌ها از نظر ویژگی‌های ظاهری با قرغیزها تفاوت داشتند. بر اساس «جیوتانگ‌شو»، به یکی از فرماندهان آشینا به نام آشینا سیمو به دلیل چهره‌ای سغدی‌اش، مقام نظامی والایی از سوی فرمانروایان آشینا داده نشد (۱۲).

سیمو از خویشاوندان شیلی بود. چون چهره‌اش به «بربر»ها شباهت داشت و نه به توجوئه؛ شی‌بی [خاقان] و چولوئو [خاقان] در تعلق او به آشینا تردید داشتند. بدین ترتیب، اگرچه او در دوران حکومت چولوئو و شیلی همواره عنوان جیابی تیلی را بر عهده داشت، اما هرگز نتوانست به مقام «شاد» در فرماندهی ارتش دست یابد... (۱۳).

شایان ذکر است که یان شی‌گو، مورخ سده هفتم در دوره تانگ که شرحی بر کتاب «هان‌شو»، مربوط به حدود سال ۸۰ م، نگاشته است، مردم ووسون را چنین توصیف می‌کند:

ووسون در میان تمامی رونغ در سرزمین‌های غربی، عجیب‌ترین چهره را دارند. مردم هو امروزی که چشمان آبی و ریش‌هایی سرخ دارند و چهره‌شان شبیه میمون‌های ماکاک است، در اصل از نسل آن‌ها بوده‌اند (۱۴).

با این حال، هیچ‌گونه توصیف مشابهی از کوکتورک‌ها یا تیله در تاریخ‌نگاری‌های رسمی چین یافت نمی‌شود (۱۵).

کوکتورک‌ها در اواخر سده ششم (۵۸۳ م) به دو شاخه تورک‌های شرقی و تورک‌های غربی تقسیم شدند. تورک‌های غربی که مرکزشان در استپ‌های قزاقستان قرار داشت، به یک کنفدراسیون قبیله‌ای خودمختار بدل شدند و شامل قبایلی بودند که در میان همتایان شرقی‌شان دیده نمی‌شدند، مانند قارلوق، چویوئه (۱۶)، تورگیش (۱۷)، و شاید خزرها (۱۸). این قبایل که عمری طولانی‌تر از طایفه آشینا و ثورک‌های شرقی داشتند و نقشی مهم در تاریخ سده‌های میانه آسیای مرکزی ایفا کردند، احتمالاً عناصری بومی و غیرترکتبار از استپ‌های قزاقستان را نیز در خود ادغام کرده بودند. در کتاب «جیو تانگ‌شو» آمده است که زبان تورک‌های غربی «اندکی با زبان همتایان شرقی‌شان تفاوت داشت».

جالب آنکه در متون تاریخی چین، از برخی قبایل کوچ‌نشین کمتر شناخته‌شده در نواحی فراتر از شمال مغولستان، با عنوان توجوئه یعنی کوکتورک یاد شده است. این قبایل شامل گروه‌هایی چون موما توجوئه [تورک‌های اسب-چوبی]، شیانیو توجوئه و نیوتی توجوئه [تورک‌های سم-گای] می‌شدند که در شرق قلمرو قرغیزها سکونت داشتند (۱۹). با این حال، اطلاعات چندانی در باره آن‌ها و دلیل اطلاق عنوان توجوئه به ایشان در دست نیست (۲۰). بر اساس «شین تانگ‌شو»، دوبو که از نیاکان قبیله‌ای امروزی تووینیان محسوب می‌شوند، یکی از سه قبیله موما توجوئه بوده که «آداب سوگواری آن‌ها برای مردگان، مشابه رسوم کوکتورک‌ها» بوده است (۲۱).

اویغورها (The Uighurs)

یکی از قبایل عمده تیله که زیر سلطه و فرمانروایی کوکتورک‌ها قرار داشت، اویغور (هوی‌هه در متون چینی) بود که در اتحاد با قارلوق (قبیله‌ای از تورک‌های غربی) و باسمیل‌ها (قبیله‌ای دیگری از تیله)، در ۷۴۵، خاقانات دوم تورک را سرنگون کردند. در باب خاستگاه و هویت اویغورها، متون تاریخی چین آن‌ها را از نسل شیونگنو و وابستگان پیشین تیله معرفی می‌کنند. نکته حائز اهمیت آن است که آنها اویغورها را با کوکتورک‌ها مرتبط نمی‌دانند و یکی نمی‌انگارند. برای نمونه، در حالی که از قبیله شاتوئو در «شین تانگ‌شو» به عنوان «قبیله‌ای جداگانه از توجوئه غربی» یاد شده، هیچ اشاره به خاستگاه اویغورها نشده است. در واقع، خود اویغورها نیز کوکتورک‌ها را بیگانه می‌دانستند

(۲۲)، درست همان‌طور که کوکتورک‌ها نیز اویغورها و تیلها (که در کتیبه‌های اورخون به عنوان توغوز اوغوز از آن‌ها یاد شده است) را تورک نمی‌دانستند (۲۳).

قرغیزها (The Qirghiz)

قرغیزها که در ۸۴۰ خاقانات اویغور را نابود کردند، در منطقه علیای رود ینی‌سئی مستقر بودند، نه در استپ‌های مغولستان. بر اساس کتاب «یویانگ زازو» که در سده نهم توسط دوان چینگ‌شی نوشته شده است، قرغیزها خود را فرزندان حاصل از پیوند یک خدا و یک گاو می‌دانند (۲۴):

قبیله جیان‌کون [قرغیز]، [برخلاف تورک‌ها]، از نسل گرگ نیستند. نیاکان آن‌ها در غاری واقع در شمال کوه قومان زاده شدند. خودشان می‌گویند که در روزگار باستان، خدایی در آن غار با یک گاو جفت‌گیری کرد. موی این مردم زرد، چشمان‌شان سبز و ریش‌شان سرخ است.

در تاریخ‌نگاری‌های چینی، میان قرغیزها و اویغورها (و سایر قبایل تیلها) تمایز قائل شده‌اند. کتاب «شین تانگ‌شو» که اطلاعات مفصلی در باره قرغیزها و قبایل تیلها ارائه می‌دهد، قرغیزها را در زمره تیلها طبقه‌بندی نمی‌کند. افزون بر این، اگرچه «شین تانگ‌شو» بیان می‌کند که «زبان و خط آنان دقیقاً مانند اویغورها بود»، اما به ویژگی‌های ظاهری خاص و متمایز قرغیزها نیز اشاره دارد. در «شین تانگ‌شو» آمده است: «مردمان همه بلندقامت و درشت‌هیکل بودند و موهای قرمز، چهره‌های سفید و چشمان سبز داشتند» (۲۵). براساس «شین تانگ‌شو»، قبیله همسایه آن‌ها به نام بوما (یا بیلا) به قرغیزها شباهت داشت، هرچند زبان‌شان متفاوت بود. این امر ممکن است بدین معنا باشد که قرغیزها در اصل قومی غیرترک‌زبان بودند (۲۶) که در دوران کوکتورک، دست‌کم تا حدی از طریق ازدواج‌های بین‌قبیله‌ای، ترک‌زبان شده‌اند. «شین تانگ‌شو» نقل می‌کند که «کوکتورک‌ها زنانی را به همسری سران [قرغیز] می‌فرستادند». در مورد آر – حاکم قرغیزی که خاقانات اویغور را نابود کرد – همسرش قارلوق بود، در حالی که مادرش تورگیش بود. به علاوه، «شین تانگ‌شو» بیان می‌دارد که قرغیزها «با دینگ‌لینگ درآمیختند». به هر حال، قرغیزها (که موهای قرمز داشتند) «موهای تیره را شوم می‌دانستند» و «کسانی را که چشمان سیاه داشتند، از نسل [لی] لینگ – ژنرال چینی که به شیونگ‌نوها پناهنده شده بود – می‌پنداشتند» (۲۷).

اونگوت‌ها و نایمان‌ها (The Önggüt and the Naiman)

از زمان فروپاشی خاقانات اویغور در میانه سده نهم تا ظهور مغول‌ها در اوایل سده سیزدهم، مردمان کوچ‌نشین استپ‌های مغولستان عمدتاً متفرق بودند و زیر کنترل نسبتاً سست حکومت‌های خیتان لیائو (۹۰۷-۱۱۲۵) و جورچین جین (۱۱۱۵-۱۲۳۴) قرار داشتند. در این دوره، حضور عناصر مغولی در استپ‌های مغولستان افزایش یافت. قبایل ترک‌زبانی که در آستانه سده سیزدهم در استپ‌های مغولستان حضور داشتند، شامل اونگوت‌ها و نایمان‌ها بودند. اونگوت‌ها احتمالاً از نسل چویوئه بودند؛ قبیله‌ای از توجوئه غربی که پیش‌تر به آن اشاره شد. در کتاب «یوان‌شی» آمده است که رئیس اونگوت‌ها، آلاووسی تیجی‌هولی که در سال ۱۲۰۳ تسلیم چنگیزخان شد، «از نسل شاتو-یانمین» بود. به نوبه خود، کتاب «شین‌تانگ‌شو» روایت می‌کند که شاتوها «از نسل چویوئه، یعنی شاخه‌ای جداگانه از توجوئه غربی بودند» (۲۸). خاستگاه نایمان‌ها به خوبی مستند نشده است؛ با این حال، می‌توان گمانه‌زنی کرد که نایمان‌ها شاخه‌ای از اویغورها بوده‌اند. براساس نوشته‌های رشیدالدین همدانی (۱۲۴۷-۱۳۱۸)، نام فرمانروای نایمان‌ها پیش از شکست آنان از چنگیزخان، اینانچ بیلگه بوگو خان بود. در واقع، بوگو خان بنیان‌گذار افسانه‌ای اویغورها بود که از دو درخت اقارب زاده شده بود (۲۹). نام‌گذاری اینانچ بیلگه بوگو خان به نام بوگو خان (نیای اویغورها) شاید بدین دلیل بود که نایمان‌ها نیز او را جد خود می‌دانستند. افزون بر این، نایمان‌ها از خط اویغوری استفاده می‌کردند؛ خطی که بعدها توسط مغولان نیز به کار گرفته شد (۳۰). شاید همین خویشاوندی یکی از دلایل پیوندهای ویژه میان قبایل نایمان و اویغور در خانات اوزبک خیوه (۱۵۱۱-۱۸۰۴) بوده است. در کتاب «فردوس‌الاقبال» که تاریخ دودمان اوزبک قونغرات (۱۸۰۴-۱۹۲۰) است، از این دو گروه به عنوان قبایل «دوست» یاد شده است (۳۱). در باب ویژگی‌های ظاهری اونگوت و نایمان، رشیدالدین نقل می‌کند که گروه نخست «به مغول مانند» و دختران گروه دوم «به حسن و جمال مشهور باشند».

قپچاق‌ها (The Qipchaq)

قپچاق‌ها گروهی ترک‌زبان بودند که از میانه سده یازدهم تا اوایل سده سیزدهم، کنفدراسیون کوچ‌نشین مسلط در دشت قپچاق (شامل دشت‌های قزاقستان و نواحی بحیره سیاه) را تشکیل می‌دادند. پس از آنکه مغولان آنان را مغلوب کردند، شماری از آنها در دوران دودمان یوان (۱۲۷۱-۱۳۶۸) به عنوان نیروی کمکی در خدمت خاندان چنگیزخان قرار گرفتند. منابع تاریخی چینی اطلاعات قابل‌توجهی در باره قبایل ترک‌زبان دشت قپچاق ارائه نمی‌دهند، اما کتاب «یوان‌شی» (متعلق به دهه ۱۳۷۰) در شرح حال

«توتوهه»، از سرداران دودمان یوان، اطلاعات جالبی در باره خاستگاه طایفه اولبرلی قبیچاق (۳۲) به دست می‌دهد:

اجداد توتوهه در اصل متعلق به قبیله‌ای ساکن کوه آنداهان در کنار رود ژلیان و در شمال منطقه ووپینگ بودند. نخست، فردی به نام قوچو به سمت شمال غربی و کوهی به نام یولیبولی مهاجرت کرد؛ نام این کوه بر طایفه آن‌ها نهاده شد و قلمروشان نیز قینچا (قبچاق) نام گرفت. قلمرو آنان در فاصله ۳۰ هزار لی از چین قرار داشت. شب‌های تابستان در آنجا بسیار کوتاه بود؛ خورشید فوراً پس از غروب، طلوع می‌کرد. قوچو صاحب فرزندی به نام سومونا شد و سومونا نیز ایناسی را به دنیا آورد. آنان نسل اندرنسل پادشاهان قینچا بودند (۳۳).

در باب ویژگی‌های ظاهری قبیله قبیچاق، کتاب «زی‌ژی تونگ‌جیان هو بیان» [تدوین متاخر آیین جامع برای یاری در حکومت] – دنباله اثری سیما گوانگ، یعنی «زی‌ژی تونگ‌جیان» که در سده هفدهم توسط شو قیان‌شوئه نگاشته شده – بیان می‌دارد که آنان «چشمانی آبی و موهایی سرخ» داشتند (۳۴).

تصویرسازی مسلمانان از مردمان ترک‌زبان

از سده یازدهم به بعد، آسیای مرکزی اسلامی و دشت قبیچاق جایگزین دشت‌های مغولستان و مناطق شرقی آسیای درونی به عنوان کانون اصلی فعالیت‌های کوچ‌نشینان ترک‌زبان شدند. برخلاف مورخان چینی که واژه توجوئه («تورک» در زبان ترکی) را مختص کوکتورک‌ها می‌دانستند، نویسندگان مسلمان اصطلاح «ترک» را به معنایی گسترده استفاده کردند که نه تنها شامل مردمان ترک‌زبان بود، بلکه سایر مردمان غیر ترک‌زبان را نیز دربرمی‌گرفت. با این حال، نویسندگان مسلمان نیز چون مورخان چینی، عموماً «ترک‌ها» را با ویژگی‌های ظاهری اهالی شرق آسیا توصیف می‌کردند. برای نمونه، شرف‌الزمان طاهر مروزی آن‌ها را چنین توصیف می‌کند: «کوتاه‌قد، با چشم‌ها، سوراخ‌های بینی و دهان‌های کوچک» (۳۵). به همین ترتیب، طبری (درگذشت: ۹۲۳) «ترک‌ها» را با ویژگی «صورتی پُر و چشمانی ریز» توصیف می‌کند. کی‌کاوس، فرمانروای زیاری سده یازدهم، نیز در «قابوس‌نامه» خود، «ترک‌ها» را دارای «سری بزرگ، روی پهن، چشمانی تنگ، بینی پخش، و لب و دندان نه نیکو» توصیف می‌کند. المسعودی (۸۹۶-۹۵۶) تاریخ‌نگار و جغرافی‌دان عرب، می‌نویسد که ترک‌های اغوز (۳۶) ساکن ینگیکنت – شهری نزدیکی دهانه رود سیردریا – «به واسطه دلیری، چشمان مورب و کوتاهی قدشان از دیگر ترک‌ها متمایز می‌شوند» (۳۷). نویسندگان مسلمان دوره‌های بعد، میان ترک‌های اغوز و دیگر ترک‌ها از نظر ویژگی‌های ظاهری تفاوت قائل شدند. رشیدالدین

می‌نویسد که «به سبب شرایط اقلیمی، چهره‌های آنان به تدریج به سیمای تاجیک‌ها تغییر یافت. چون آنان تاجیک نبودند، مردم تاجیک آن‌ها را «ترکمن»، یعنی «ترک‌مانند» نامیدند». حافظ تانیش میرمحمد بخاری (درگذشت: حدود ۱۵۴۹) نیز روایت می‌کند که پس از ورود اغوزها به ماورالنهر و ایران، «چهره ترکی آنان به سان پیشین باقی نماند». ابوالغازی بهادرخان نیز به همین ترتیب می‌نویسد که پس از پنج یا شش نسل، «چانه آنان رو به باریکی، چشمان‌شان رو به درشتی، چهره‌های‌شان رو به کوچکی و بینی‌های‌شان رو به بزرگی نهاد». در واقع، ماهیت آمیخته عثمانی‌ها – که به گروه ترک‌زبانان اغوز تعلق داشتند – مورد توجه مصطفی عالی (۱۵۴۱-۱۶۰۰)، مورخ عثمانی، قرار گرفته است. او در اثر خود، «کنه الاخبار»، خاطرنشان می‌کند که نخبگان عثمانی در سده شانزدهم عمدتاً خاستگاه غیرترکی داشتند: «بیشتر ساکنان [سرزمین] روم از خاستگاه قومی درهم‌آمیخته‌ای هستند؛ در میان بزرگان آنها، کمتر کسی یافت می‌شود که نسبش به یک نوکیش مسلمان نرسد...».

خلاصه، تاریخ‌نگاری‌های رسمی چین – که اطلاعات قابل‌توجهی در باره خاستگاه، هویت و ویژگی‌های ظاهری مردمان ترک‌زبان دوران آغازین و میانه ارائه می‌دهند – این مردمان (مانند تیله، قرغیز، کوکتورک‌ها و دیگران) را دارای خاستگاهی واحد توصیف نمی‌کنند. همچنین، آن‌ها مردمان ترک‌زبان دوران آغازین و میانه را دارای هویتی مشترک (ترکی) نمی‌دانند. علاوه بر این، متون تاریخی چینی، مردمان ترک‌زبان را عموماً دارای ویژگی‌های ظاهری خاص آسیای درونی توصیف می‌کنند، هرچند استثنائاتی نیز در این زمینه وجود دارد (جدول ۱ دیده شود).

جدول ۱. توصیف مردمان ترک‌زبان در منابع چینی و اسلامی

خاستگاه آن‌ها	ویژگی ظاهری (چهره) آن‌ها	اولاده (ممکن) آن‌ها
شیونگنو	اولاده چون ویی از دودمان شیا	مردمان مختلف ترک‌زبان و مغول‌ها
جی شیونگنو	شاخه جدا از شیونگنو	
دینگ‌لینگ/تیله	بقایای چیدی باستانی؛ اولاده شیونگنو؛ طایفه جدا از شیونگنو	مردمان مختلف ترک‌زبان به‌شمول ساخاها، تونی‌ها، یوگورهای غربی، بوریات‌ها و غیره
کوک تورک‌ها	قبیله جدا از شیونگنو؛ قلمرو سونو در شمال شیونگنو؛ بربرهای مخلوط دینگ‌لینگ	مردمان مختلف ترک‌زبان به‌شمول تونی‌ها
اویغورها	تیله (غیرکوک تورک‌ها)؛ اولاده شیونگنو	یوگورهای غربی، اویغورهای سنکیانگ و غیره
قرغیز ینیسبی	(غیرتیله)؛ (غیرکوک تورک‌ها)	بلند و بزرگ و سرخ‌موی، صورت سفید و چشمان سبز
اونگوت	قبیله جدا از توجویه (تورک‌های) غربی	قرغیز تیان‌شان، خاکاس، التایی‌های جنوبی و غیره
قپچاق	قبیله از کوه‌های انداهان، شمال ووپینگ (قپچاق اولبیرلی)	قزاق‌ها، اوزبک‌ها، تاتارهای کریمه و ولگا و غیره
«ترک‌ها» در منابع اسلامی	اولاده یافث، پسر نوح	مردمان مختلف اوراسیای درونی
		کوتاه، با چشم‌ها، بینی و دهان کوچک؛ چهره پر با چشمان کوچک

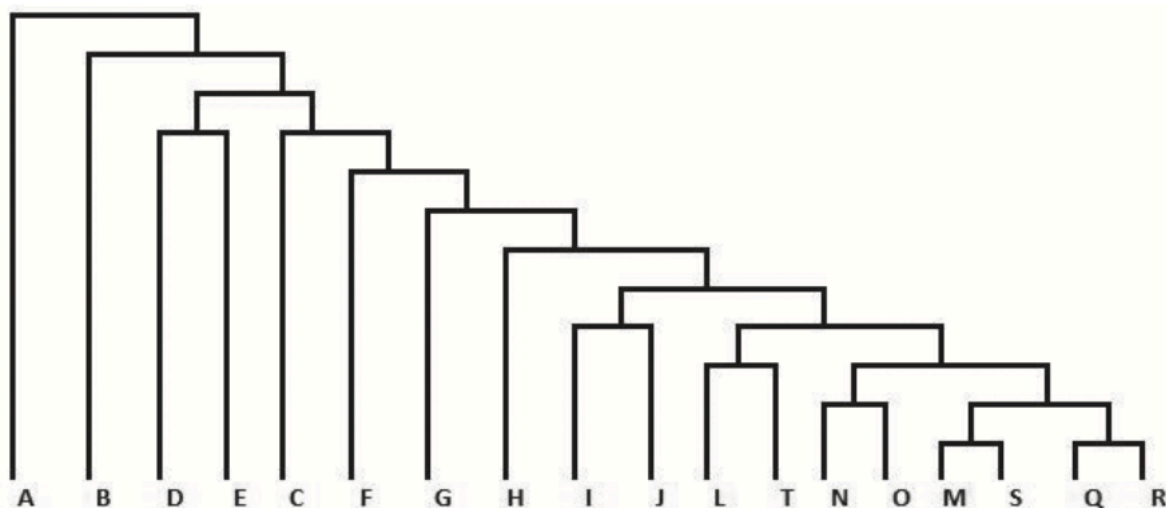
در بخش بعدی، بررسی خواهیم کرد که چگونه مطالعات ژنتیکی، سوابق تاریخی چینی‌ها در مورد خاستگاه، هویت و ویژگی‌های ظاهری مردمان ترک‌زبان دوران اولیه و میانه را تأیید یا تکمیل می‌کنند.

مطالعات ژنتیکی در باره مردمان ترک‌زبان

تنوع ژنتیکی جمعیت‌های ترک‌زبان امروزی

کروموزوم-وای یکی از دو کروموزوم تعیین‌کننده جنسیت است که موجب مرد شدن فرد می‌شود. این کروموزوم از پدر به پسرانش منتقل می‌شود و آن‌ها نیز در طول زمان، آن را عمدتاً به صورت دست‌نخورده، به پسران خود منتقل می‌کنند (۳۸) تا زمانی که دچار جهش شود. هنگامی که جهشی رخ دهد – که تغییری ساختاری و دائمی در توالی دی‌ان‌ای است – مرد آن جهش را به تمام نوادگان مذکر خود منتقل می‌کند. با گذشت زمان، چنین جهش‌هایی انباشته می‌شوند و به ما امکان می‌دهند تا خویشاوندی میان گروه‌های مختلف انسانی را ردیابی کنیم.

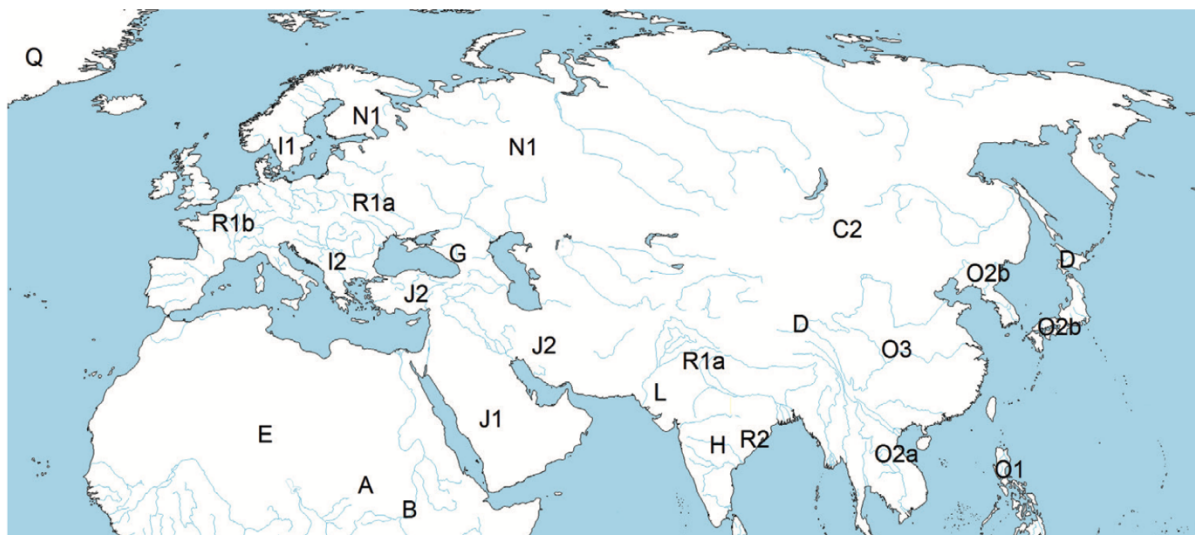
گروه مردانه یا نسب پدری که دارای جهش خاصی هستند، هاپلوگروه دی‌ان‌ای-وای نامیده می‌شوند (شکل ۱ دیده شود). به عبارت دیگر، یک هاپلوگروه جمعیتی که از نیایی مشترک نشأت گرفته‌اند؛ نیایی که جهش خاصی داشته و آن را منتقل کرده است. متخصصان ژنتیک جمعیت، دی‌ان‌ای-وای انسان را به بیش از ۲۰ گروه اصلی و چندین زیرگروه (۳۹) طبقه‌بندی کرده‌اند که تمام مردان در یکی از آن‌ها جای می‌گیرند.



شکل ۱. درخت ساده‌سازی‌شده هاپلوگروه دی‌ان‌ای-وای

در کل، جمعیت‌های مختلف، ترکیبات و فریکوئنسی‌های متفاوت هاپلوگروه دی‌ان‌ای کروموزوم-وای را نشان می‌دهند (۴۰). برای مثال، رایج‌ترین هاپلوگروه‌های کروموزوم-وی در میان مردمان عرب‌زبان،

هابلوگروه‌های J و E هستند. رایج‌ترین هابلوگروه‌های کروموزوم-وای در میان آفریقایی‌ها، اروپایی‌های غربی و آسیایی‌های شرقی به ترتیب هابلوگروه E، هابلوگروه R1b و هابلوگروه O است. در میان بومیان آمریکا و مردمان اینوئیت، هابلوگروه Q غالب است. هابلوگروه C2 (که پیش‌تر با نام C3 شناخته می‌شد) شاخص‌ترین هابلوگروه برای جمعیت‌های مغول‌زبان، ترک‌زبان و تونگوززبان – یعنی گویشوران زبان‌های «آلتایی» – محسوب می‌شود (نقشه ۱ دیده شود).

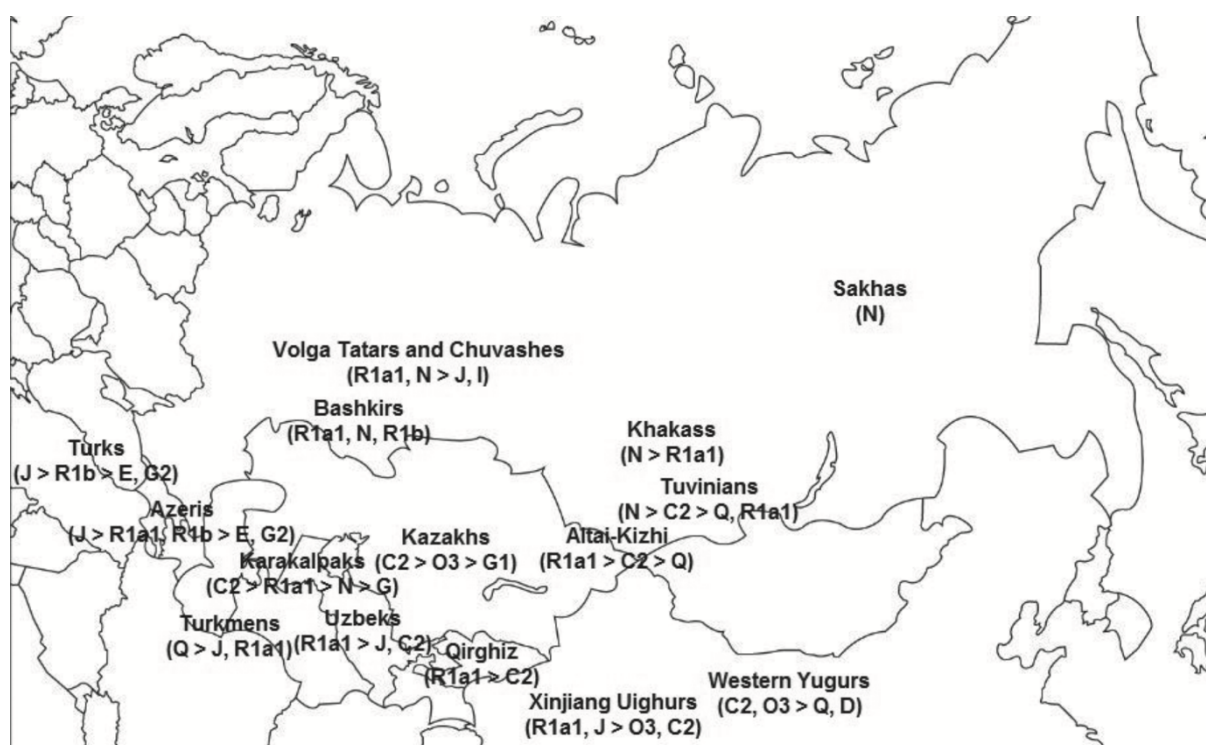


نقشه ۱. هابلوگروه‌های غالب دی‌ان‌ای-وای در مناطق مختلف جهان

جالب آنکه هابلوگروه‌های غالب دی‌ان‌ای-وای در میان جمعیت‌های گوناگون ترک‌زبانِ امروزی یکسان نیستند و ترکیب‌های هابلوگروهی آن‌ها نیز تفاوت دارد (۴۱). اگرچه ممکن است این جمعیت‌ها در داشتن برخی هابلوگروه‌ها مشترک باشند، اما فریکونسی‌های این هابلوگروه‌ها عموماً متفاوت اند. این بدان معناست که جمعیت‌های مختلف ترک‌زبان – از جمله ساخاها (ساکن شمال شرقی سبیری)، تووینی‌ها (ساکن منطقه کوهستانی سایان)، آلتایی‌ها (گروه‌های گوناگون ساکن منطقه کوه‌های آلتای روسیه)، تاتارهای ولگا (ساکن منطقه ولگا-اورال)، اویغورهای سین‌کیانگ و اوزبک‌ها (ساکن مناطق واحه-ای آسیای مرکزی)، قزاق‌ها (ساکن منطقه استپ آسیای مرکزی)، ترکمن‌ها (ساکن منطقه بیابان قره‌قوم)، آذری‌ها (ساکن منطقه قفقاز) و ترک‌ها (ساکن آناتولی و بالکان) – از نسل یا دودمان‌های پدری همگون تشکیل نشده‌اند (نقشه ۲ و جدول ۲ دیده شوند) (۴۲).

ساخاها که پیش‌تر با نام یاکوت‌ها شناخته می‌شدند، شرقی‌ترین و هم‌شمالی‌ترین مردمان ترک‌زبان جهان هستند. آن‌ها در اصل مردمی اسب‌سوار از منطقه غرب دریاچه بایکال بودند (۴۳). تصور بر این است

که ساخاها از نسل قوریقان هستند که یک قبیله تیله محسوب می‌شد. براساس مطالعات ژنتیکی اخیر، شاخص‌ترین هاپلوگروه‌های کروموزوم-وای در میان ساخاها و فریکونسی‌های آن‌ها بدین شرح است: N1c1 (۸۹ تا ۹۴٪) و C2 (۲.۱ تا ۳.۶٪). هاپلوگروه N1c1 در میان مردمان اورالی و مردمان ترک‌زبان گسترده است. هاپلوگروه N در آسیای شرقی پدید آمد و حدود ۸۰۰۰ تا ۱۰ هزار سال پیش از سیبری به اروپای شرقی/شمالی گسترش یافت. این هاپلوگروه در اروپای شمال‌شرقی با فریکونسی بالایی دیده می‌شود: ۷۰.۹٪ در میان فنلاندی‌های شرقی و ۴۱.۳٪ در میان فنلاندی‌های غربی، و هم ۴۳٪ در شمال روسیه و ۱۷٪ در مرکز روسیه. C2 هاپلوگروه عمده مغول‌ها، قزاق‌ها و ایوینک‌ها است که همه به خانواده زبانی پیشنهادی آلتایی تعلق دارند.



نقشه ۲. مردمان ترک‌زبان و هاپلوگروه‌های غالب دی‌ان‌ای-وای آنها

امروز تووینی‌ها در شمال‌غرب مغولستان و منطقه کوهستان‌های سایان ساکن هستند. شاید بتوان آن‌ها را نوادگان تیله و/یا موما توجوئه (تورک‌ها) دانست که دوبو (تووا) یکی از سه قبیله آن‌ها بوده است. هاپلوگروه‌های عمده کروموزوم-وای در میان تووینی‌ها و فریکونسی‌های آن‌ها به شرح زیر است: زیرشاخه‌های N1c1 و N1b (۴۲.۲ تا ۴۵.۱٪)، C2 (۱۶.۱ تا ۲۶.۵٪)، Q (۴.۹ تا ۱۳.۹٪) و R1a1 (۷.۸ تا ۱۲.۳٪). اگرچه فریکونسی‌های هر هاپلوگروه ممکن است بسته به مطالعاتی با نمونه‌های متفاوت متغیر باشد، اما دو پژوهش اخیر یادشده نشان می‌دهند که هاپلوگروه‌های N و C2

رایج‌ترین نسب پدری در میان تووینی‌ها هستند. هاپلوگروه‌های N و C2 نیز نسب پدری عمده در میان بوریات‌ها محسوب می‌شوند که مردمی با ریشه مغولی و همسایه تووینی‌ها هستند (۴۴). هاپلوگروه Q که در سراسر اوراسیا یافت می‌شود، با فریکونسی قابل‌توجهی در میان ترکمن‌ها، دو مردم سیبریایی (کیت‌های ینی‌سئی و سیلکوپ‌های اورالی، به ترتیب ۹۳٫۷٪ و ۶۶٫۴٪) و بومیان آمریکا (با بیش از ۹۰٪) دیده می‌شود (۴۵). هاپلوگروپ R1a1 و به‌طور مشخص زیرشاخه آن یعنی R1a1a1b2 (که با جهش Z93 تعریف می‌شود)، نشانگر ژنتیکی دامداران هندواروپایی است؛ کسانی که در عصر مفرغ/برنج از اوکراین امروزی به مناطق امروزی ایران، هند، استپ‌های قزاقستان، حوضه تاریم، کوه‌های آلتای، منطقه رودخانه ینی‌سئی و غرب مغولستان مهاجرت کردند (۴۶).

جدول ۲. هاپلوگروه‌های دی‌ان‌ای-وای مردمان ترک‌زبان معاصر

هاپلوگروه‌های دی‌ان‌ای-وای آن‌ها (فیصدی)	احتمالی‌ترین گروه‌های اجدادی اخیر آن‌ها
ساخاها	N (89-94%); C2 (2.1-3.6%)
توینی‌ها	N (42.2-45.1%), C2 (16.1-26.5%); Q (4.9-13.9%); R1a1 (7.8-12.3%)
خاکاس	N (50%); R1a1 (35.5%); Q (4%); C (1.1%)
آلتایی‌های جنوبی (قیزی-آلتای)	R1a1 (50%); C2 (20%); Q (16.7%); N (4.2%)
قیرغیز تیان‌شان (قیرغیز)	R1a1 (over 60%); C2 (12-20%); O (0-15%); N (0-4.5%)
اویغورهای غربی	C2 (21.2-30%); D (19.2%); O3 (34.6%); Q (15%); R1a1 (1.9-7%)
قزاق‌ها ارگین قیپچاق (قرمقشاک) نایمان	C2 (59.7-78%); O (11-26%); G1 (57.7%); R1b 63.6%); C2 (63%); O3 (61.2%)
قرمقلق‌ها	C2 (31.5%); G (26%); R1a1 (9.26%); N (7.4%) among the On the Tort Uruw grouping; R1a1 (29.6%); N 22.2%); C2 (20.4%); Q (11.1%) among the Qonghorat groupiing
اویغورهای سنکیانگ	R1a1 (21-28.6%); J (18.4-27%); O3 (12.2-17%); C2 (6.1-18%); N (0-4.1%)
اوزبک‌ها	R1a1 (17.6-32%); J (5.9-21.4%); C2 (7-18, 41.2%); O3 (0-12%); N (0-5.9%)
تاتارهای ولگا	R1a1 (20.8-34.1%); N (23.1-28.3%); I (4-13.2%); J (15.1%); C (1.6-5.7%)
چوواش‌ها	R1a1 (29.5-31.6%); N (27-28%); J (15.9%); I (11.4%); C (0-1.3%)
باشکیرها	N (3-65%); R1a1 (9-48%); R1b (0-84%); C (0-17%); J (0-8%); I (0-2%)
ترکمن‌ها	Q (33.8%-42.6%); J (14.3-17.6%); R1a1 (14.5-16.2%); L (4-5.8%); G (4-5.7%); E (4.3-5.4%); N and O (2.9-9.45%); C (0-1.35%) among the Turkmens in Afghanistan and northern Iran Q (73%); H (7%); R1b (5%); R1a1 (4%); G2 (4%); N (2-4%); N (2-4%); C2 (1-2%) among the Turkmens in karakalpakstan (I); R1a1 (72.5%); N (3.9%) among the Turkmens in karakalpakstan (II) L (57%) J (13%); Q (13%); E (10%); N (3%) among the Afshan Turkmen villagers in Turkey
آذری‌ها	J (31%); G (18%); E (6%) among the Azeris in Azerbaijan J (27.2%); R1a1 (19.0%); R1b (17.5%); E (11.1%); G (8%); T (7.9%); Q (4.8%); N (1.6%) among the Azeris in northeastern Iran
ترک‌ها	J (33.5%); R1b (15.86%); E (11.3%); G (10.9%); R1a1 (6.9%); I (5.3%); L (4.2%); N (3.8%); Q (1.9%); C (1.3%); O (0.2%)

طبیعتاً، هاپلوگروپ R1a1 و به‌ویژه زیرشاخه آن (R1a1a1b2) (R1a-Z93)، با فریکونسی بالایی در میان اقوام ترک‌زبانی که امروز در مناطق رودخانه ینی‌سئی و کوه‌های آلتای در روسیه ساکن هستند، یافت می‌شود. در مقایسه با تووینی‌ها، خاکاس (که نام‌شان توسط شوروی‌ها از واژه چینی

شیاجیاسی برگرفته شد - نامی چینی برای قرغیزها - چون آنها را از نسل قرغیزها می‌دانستند) درصد به مراتب بالاتری از R1a1 (۳۵,۲٪) و درصد بسیار پایین‌تری از هاپلوگروپ‌های C (۱,۱٪) و Q (۴٪) دارند. با این حال، N نیز رایج‌ترین هاپلوگروپ (۵۰٪) در میان خاکاس‌ها محسوب می‌شود. در مورد مردمان آلتای، گروه آلتای-کیژی (آلتایی‌های جنوبی) (۴۷٪) با درصد بالایی از هاپلوگروپ R1a1 (۵۰٪) و درصدهای پایین تا متوسط از هاپلوگروپ‌های C2 (۲۰٪)، Q (۱۶,۷٪) و N (۴,۲٪) شناخته می‌شوند. تفاوت‌های عمده میان خاکاس و آلتایی‌های جنوبی عبارت‌اند از فریکونسی کمتر هاپلوگروپ N (البته در مطالعه‌ای دیگر، هاپلوگروپ N با فریکونسی بالا (۳۲٪) در میان مجموع آلتاییان مشاهده شده است) و فریکونسی‌های بالاتر هاپلوگروپ‌های C2 و Q در گروه دوم.

نسب قرغیزهای منطقه کوهستان تیان‌شان (قرغیزستان) و ارتباط آنها با قرغیزهای ینی‌سئی، موضوعی مورد بحث در میان مورخان است (۴۸) با این حال، در میان مردمان ترک‌زبان امروزی، گروه نخست (قرغیزهای تیان‌شان) بالاترین درصد R1a1 (بیش از ۶۰٪) را دارا هستند. از آنجا که ویژگی‌های ظاهری اوراسیایی غربی قرغیزهای ینی‌سئی - که در متون تاریخی «شین تانگ‌شو» ثبت شده است - به احتمال زیاد بازتابی از نشانگر ژنتیکی R1a1a1b2 (R1a-Z93) آنها بوده که ریشه‌ای اوراسیایی-هندواروپایی دارد، می‌توان چنین استنباط کرد که قرغیزهای تیان‌شان نشانگر R1a1 خود را از قرغیزهای ینی‌سئی دریافت کرده‌اند (۴۹). به عبارت دیگر، گروه نخست از گروه دوم منشأ گرفته‌اند. سایر هاپلوگروه‌های کروموزوم-وای که در میان قرغیزها یافت می‌شوند، عبارت‌اند از C2 (۱۲ تا ۲۰٪)، O (۰ تا ۱۵٪) و N (۰ تا ۴,۵٪) (۵۰). فقدان هاپلوگروپ Q در میان قرغیزها، عاملی است که آنها را عمدتاً از مردمان آلتای متمایز می‌سازد.

یوگورهای (Yugurs) غربی ساکن استان گانسوی چین، از بازماندگان اویغورهای باستان هستند. هاپلوگروه‌های عمده کروموزوم-وای در میان آنها عبارت‌اند از C2 (۲۱,۲ تا ۳۰٪)، D (۱۹,۲٪)، O3 (۳۴,۶٪) و Q (۱۵٪) (۵۱). هاپلوگروه D نشانگر ژنتیکی تبتی‌ها و هاپلوگروه O3 نشانگر مردمان شرق آسیاست. هاپلوگروه O3 نیز با فریکونسی متوسط در میان گروه‌های گوناگون مغول‌زبان و ترک‌زبان یافت می‌شود (۵۲). فریکونسی پایین هاپلوگروه R1a1 (۱,۹ تا ۷٪) در میان یوگورهای غربی، آنها را از قرغیزها و آلتایی‌ها متمایز می‌سازد.

هابلوگروه C2 (که پیش‌تر با نام C3 شناخته می‌شد) بیشترین فریکونسی خود را در میان قزاق‌ها دارد (۶۶ تا ۷۳٫۷٪ در میان قزاق‌های قزاقستان (۵۳)، ۷۵٫۴۷٪ در میان قزاق‌های سین‌کیانگ، ۷۸٪ در میان قزاق‌های قره‌قالپاقستان و ۵۹٫۷٪ در میان قزاق‌های جمهوری آلتای در روسیه)؛ گروهی که نیاکان‌شان شامل قبچاق‌ها و سایر گروه‌های ترک‌زبان، مغول‌ها و دیگران است. با این حال، برخی از قبایل قزاق که به سه دسته اردوی بزرگ (اولو جوز)، اردوی میانه (اورتا جوز) و اردوی کوچک (کیشی جوز) تقسیم می‌شوند، هابلوگروه‌های کروموزوم-وای مختص خود را دارند. در میان نایمان که به اردوی میانه تعلق دارد، هابلوگروه‌های C2 و O3 رایج‌ترین انواع هستند (۵۴). در میان آرگین، که قبیله‌ای دیگر از اردوی میانه است، هابلوگروه G1-M285 که تصور می‌شود منشأ آن غرب ایران (۵۵) بوده باشد، با فریکونسی بالا (۵۷٫۷ درصد) یافت می‌شود. قبیله قبچاق (قره‌قشاق)، که آن هم از قبایل اردوی میانه است، با R1b زیرشاخه R1b1a1a1 (R1b-M73) با فریکونسی (۶۳٫۶٪) شناخته می‌شود (۵۶). این هابلوگروهی کمیاب است که تنها در میان این قبیله قزاق و برخی گروه‌های ترک‌زبان منطقه کوهستان آلتای (به شمول ۳۵٫۳٪ در میان کوماندین) با فریکونسی متوسط تا بالا دیده می‌شود. در کل، ویژگی بارز قزاق‌ها فریکونسی بالای هابلوگروه C2 و فریکونسی پایین هابلوگروه R1a1 است؛ خصوصیتی که آن‌ها را از قرغیزها و آلتایی‌های جنوبی متمایز می‌سازد. قره‌قالپاق‌ها – مردمی ترک‌زبان از شاخه قبچاق که در غرب اوزبکستان ساکن هستند – الگویی از هابلوگروه‌ها را نشان می‌دهند که مشابه قزاق‌هاست، با این تفاوت که فریکونسی هابلوگروه C2 در آن‌ها نسبتاً کمتر و فریکونسی هابلوگروه‌های N و R1a1 بیشتر است: در گروه اون‌تورت‌أرو، توزیع بدین‌گونه است: C2 (۳۱٫۵٪)، G (۲۶٪)، R1a1 (۹٫۲۶٪)، N1b و N1c1 (۷٫۴٪)؛ و در گروه قونغرات: R1a1 (۲۹٫۶٪)، N1b و N1c1 (۲۲٫۲٪)، C2 (۲۰٫۴٪) و Q (۱۱٫۱٪).

در مقایسه با کسانی که خاستگاه‌های کوچ‌نشین آسیای درونی دارند، مردم ترک‌زبان که از هر دو گروه جمعیت‌های کوچ‌نشین و یکجانشین مناطق واحه‌ای آسیای مرکزی – یعنی ماورالنهر و حوضه تاریم (که تقریباً با قلمرو امروزی اوزبکستان و سین‌کیانگ جنوبی مطابقت دارند) – بوجود آمده‌اند، از تنوع بیشتری در هابلوگروه‌های شاخص برخوردارند. اویغورهای سین‌کیانگ که نسل‌شان به هر دو گروه هندواروپایی‌های باستان و اویغورهای ترک‌زبان باستان بازمی‌گردد، دارای هابلوگروه‌های R1a1 (۲۱ تا ۲۸٫۶٪)، J (۱۸٫۴ تا ۲۷٪)، O3 (۱۲٫۲ تا ۱۷٪)، C2 (۶٫۱ تا ۱۸٪) و N (۰ تا ۴٫۱٪) هستند (۵۷). اوزبک‌های امروزی نیز که نسل‌شان به جمعیت‌های هندواروپایی (ایرانی) باستان و مردمان کوچ‌نشین گوناگون آسیای داخلی – از جمله اوزبک‌های شیبانی (۵۸) – می‌رسد، مجموعه‌ای از هابلوگروه‌ها را نشان می‌دهند که مشابه اویغورهای سین‌کیانگ است: R1a1 (۱۷٫۶ تا ۳۲٪)، J

(۵,۹ تا ۲۱,۴٪)، C2 (۷ تا ۱۸٪، ۴۱.۲٪ (۵۹))، O3 (۰ تا ۱۲٪) و N (۰ تا ۵,۹٪) (۶۰). هاپلوگروه L یک نسب از خط پدری با منشای خاورمیانه است که احتمالاً همراه با کشاورزان دوران نوسنگی از خاورمیانه به آسیای مرکزی راه یافته است (۶۱). در مورد هاپلوگروه R1a1 در میان اوزبک‌ها و اویغورهای سین‌کیانگ امروزی، اینکه این هاپلوگروه تا چه حد ناشی از دامداران هندواروپایی عصر مفرغ و تا چه حد ناشی از گروه‌های کوچ‌نشین ترک‌زبان و ترک‌زبان‌شده‌ی آسیای درونی است، نیز موضوعی است که می‌توان در باره آن گمانه‌زنی کرد. به احتمال زیاد، هاپلوگروه‌های O3، C2 و N توسط مردمان گوناگون ترک‌زبان و مغول‌زبان به ماورالنهر آورده شده‌اند (۶۲).

بر اساس برخی پژوهش‌ها، تاتارهای ولگا با گویش ترکی قپچاقی و چوواش‌های ترک‌زبان اوغوری که در منطقه ولگا-اورال ساکن هستند، با فریکونسی بالای هاپلوگروه‌های R1a1 (به‌ترتیب ۲۰,۸ تا ۳۴,۱٪ و ۲۹,۵ تا ۳۱,۶٪) و N (شامل زیرشاخه‌های N1c1 و N1b) (به‌ترتیب ۲۳,۱ تا ۲۸,۳٪ و ۲۷ تا ۲۸٪) شناخته می‌شوند. هاپلوگروه‌های L (به‌ترتیب ۱۵,۱ و ۱۵,۹٪)، I (به‌ترتیب ۴ تا ۱۳,۲٪ و ۱۱,۴٪) و C (به‌ترتیب ۱,۶ تا ۵,۷٪ و ۰ تا ۱,۳٪) نیز در میان تاتارهای ولگا و چوواش‌ها یافت می‌شوند. باشقیرها که گروه دیگری از مردم ترک‌زبان شاخه قپچاق در منطقه ولگا-اورال هستند، نیز با حضور چشمگیر هاپلوگروه‌های N1c1 (۳ تا ۶۵٪) و R1a1 (۹ تا ۴۸٪) مشخص می‌شوند. زیرشاخه‌های R1b شامل R1b-M73 (R1b-1a1a1 (۰ تا ۵۵٪) و R1b-1a1a2 (M269 (۰ تا ۸۴٪ (۶۳))، C (۰ تا ۱۷٪)، J (۰ تا ۸٪) و I (۰ تا ۲٪) نیز ترکیب ژنتیکی باشقیرها را تشکیل می‌دهند (۶۴). با این حال، ارزیابی سهم ژنتیکی مردم ترک‌زبان و غیرترک‌زبان در این گروه‌ها بر اساس داده‌های موجود دشوار است. در پژوهش‌های یادشده، هاپلوگروه R1a1 به زیرشاخه‌های R1a1a1b1a (R1a-Z282) که در میان اسلاوهای شرقی غالب است و زیرشاخه R1a1a1b2 (R1a-Z93) که توسط دامداران هندواروپایی (ایرانی) عصر مفرغ در سراسر اوراسیا گسترش یافت و امروزه در میان گروه‌های گوناگون ترک‌زبان دیده می‌شود، تفکیک نشده است (۶۵). همچنین باید خاطرنشان کرد که هاپلوگروه N، که در میان مردمان ترک‌زبان منطقه ولگا-اورال و آسیای مرکزی یافت می‌شود، دارای «پیشینه ژنتیکی مشترک سیبریایی، متشکل از قبایل فینو-اوگری و ترک‌زبان» است.

برخلاف مردمان ترک‌زبان قزاقستان، تاتارستان و باشقیرستان که به زبان ترکی قپچاقی سخن می‌گویند، ترکمن‌ها، آذری‌ها و ترک‌های آناتولی به زبان‌های ترکی اوغوزی تکلم می‌کنند. ترکمن‌ها از نسل اوغوزها هستند؛ گروهی از کوچ‌نشینان ترک‌زبان که در سده‌های نهم و دهم در استپ‌های میان دریای

آرال و دریای خزر ساکن بودند (۶۶). بنیان‌گذاران امپراتوری‌های سلجوقی و عثمانی نیز از همین گروه ترک‌زبان بودند. براساس آزمایش‌های دی‌ان‌ای انجام‌شده روی ترکمن‌های ساکن در ولایت جوزجان افغانستان و شمال ایران، این مردم به هاپلوگروه‌های Q (۳۳,۸ تا ۴۲,۶٪)، J (۱۴,۳ تا ۱۷,۶٪)، R1a1 (۱۴,۵ تا ۱۶,۲٪)، L (۴ تا ۵,۸٪)، G ((۶۷) (۴ تا ۵,۷٪)، N و O (۲,۹ تا ۹,۴٪)، E (۴,۳ تا ۵,۴٪) و C (۰ تا ۱,۳۵٪) تعلق دارند. اگرچه می‌توان منشای آسیای درونی را به هاپلوگروه‌های Q، N، C و O نسبت داد، اما تعیین میزان تعلق هاپلوگروه-R1a1 (R1a-Z93 به آسیای درونی دشوار است؛ زیرا این هاپلوگروه در میان مردمان ایرانی‌زبان، چون ایرانیان (پارسیان) (۴,۵ تا ۲۰,۳٪) و پشتون‌ها (۵۱,۲ تا ۵۶,۳٪) نیز یافت می‌شود (۶۸). به هر حال، هاپلوگروه Q در گنجینه ژنتیکی ترکمن‌های ساکن اوزبکستان (قره‌قالپاقستان) نیز غالب است. به‌طور مشخص، ترکمن‌ها – که عمدتاً متعلق به قبیله یومود هستند – دارای هاپلوگروه‌های Q (۷۳٪)، H (۷٪) (۶۹)، R1b1a1a1 (R1b-M73) (۵٪)، R1a1 (۴٪)، G2 (۴٪)، N (۲ تا ۴٪)، J (۲ تا ۴٪) و C2 (۱ تا ۲٪) می‌باشند. بنابراین، می‌توان فرض کرد که هاپلوگروه Q رایج‌ترین نسب در میان ترکمن‌هاست (۷۰).

در نهایت، بر اساس یک بررسی گسترده در باره تنوع کروموزوم-وای در میان ترک‌های آناتولی، مردمان جمهوری ترکیه – که دولت جانشین امپراتوری عثمانی محسوب می‌شود – بیشترین تنوع هاپلوگرومی را نشان می‌دهند. هاپلوگروه‌های اصلی آن‌ها همان‌هایی هستند که در خاور نزدیک و اروپا رایج‌اند: J (۳۳.۵٪)، R1b (۱۵.۸۶٪)، شامل R1b-M73 که ۰.۷۶٪ از R1b در میان ترک‌ها را تشکیل می‌دهد، E (۱۱.۳٪)، G (۱۰.۹٪)، R1a1 (۶.۹٪)، I (۵.۳٪) و L (۴.۲٪). هاپلوگروه I و به‌ویژه زیرشاخه آن یعنی I2 (که پیش‌تر I1b نامیده می‌شد)، در منطقه بالکان بیشترین شیوع را دارد و بالاترین میزان فراوانی آن در میان کروات‌ها و بوسنیایی‌ها دیده می‌شود (۷۱). نکته حائز اهمیت این است که هاپلوگروه‌های N (۳.۸٪)، Q (۱.۹٪)، C (۱.۳٪) و O (۰.۲٪) که احتمالاً از آسیای مرکزی و درونی یا از طریق آن مناطق وارد شده‌اند، کمتر از ۱۰٪ کل جمعیت را تشکیل می‌دهند (۷۲). ترکیب هاپلوگروه‌های کروموزوم-وای در میان آذری‌ها – که یکی دیگر از مردم ترک‌زبان شاخه اوغوز هستند – تا حدی مشابه ترک‌های آناتولی است: J (۳۱٪)، G (عمدتاً G2) (۱۸٪) و E (۶٪). همین وضعیت در مورد آذری‌های شمال‌شرقی ایران نیز صدق می‌کند: J (۲۷.۲٪)، R1a1 (۱۹.۰٪)، R1b (۱۷.۵٪)، E (۱۱.۱٪)، G2 (۸٪)، T (۷.۹٪) (۷۳)، Q (۴.۸٪) و N (۱.۶٪).

در مجموع، اگرچه جمعیت‌های ترک‌زبان امروزی در برخی هاپلوگروه‌ها اشتراک دارند، اما مجموعه‌های متفاوتی از هاپلوگروه‌های کروموزوم-وای را با هاپلوگروه‌های شاخص متمایز نشان می‌دهند. رایج‌ترین هاپلوگروه‌ها در میان مردمان مختلف ترک‌زبان عبارت‌اند از: ۱. N1c1 در میان مردم ساخا ساکن شمال شرقی سیبری؛ ۲. N (شامل هر دو زیرگروه N1b و N1c1)، C2، Q و R1a1 در میان مردم توینیان ساکن منطقه کوهستانی سایان؛ ۳. R1a1 و C2 به ترتیب در میان مردم آلتایی جنوبی و قرغیز ساکن مناطق کوهستانی آلتای و تیان‌شان؛ ۴. N و R1a1 در میان مردم خاکاس ساکن مناطق رودخانه ینیسی؛ ۵. R1a1 (عمدتاً R1a-Z282)، N، R1b (عمدتاً R1b-M269)، J و I در میان مردمان ترک‌زبان منطقه ولگا-اورال؛ ۶. R1a1، J، O3 و C2 در میان اویغورهای سین‌کیانگ و اوزبک‌های ساکن مناطق واحه‌ای آسیای مرکزی؛ ۷. C2، O3 و G1 در میان قزاق‌های ساکن استپ‌های آسیای درونی؛ ۸. Q، J و R1a1 در میان گروه‌های مختلف ترکمن؛ ۹. J، R1b (R1b-M269)، E و G2 به ترتیب در میان ترک‌ها و آذری‌های ساکن آناتولی و منطقه قفقاز. چنین تنوعی حاکی از آن است که مردم ترک‌زبان ساکن در مناطق مختلف، دارای خاستگاه‌های پدری ناهمگون هستند و شامل عناصر بومی‌ای می‌شوند که از نظر زبانی ترک‌زبان شده‌اند. این امر همچنین نشان می‌دهد که فرایند ترک‌زبان شدن بسیاری از مناطق اوراسیا، لزوماً مستلزم مهاجرت‌های گسترده مردمان ترک‌زبان نبوده است.

تحلیل دی‌ان‌ای باستانی

نکته حائز اهمیت این است که مطالعات انجام‌شده بر روی دی‌ان‌ای باستانی استخراج‌شده از بقایای اسکلتی انسان‌ها، آشکار می‌سازد که مردمان ترک‌زبان سده‌های اولیه و میانه نیز دارای مجموعه‌های متنوعی از هاپلوگروه‌ها بوده‌اند. تحلیل دی‌ان‌ای بقایای ۶۲ نمونه که از گورستان نخبگان شیونگنو در دره ایگین گول کاوش شده‌اند، نشان می‌دهد که شیونگنوها دارای هاپلوگروه‌های N1c1، Q و C بوده‌اند (۷۴). بر اساس مطالعه دی‌ان‌ای سه نمونه انسانی از گورستان دیگری متعلق به شیونگنوها در دورلیگ نارس واقع در شمال شرقی مغولستان، یک نمونه به هاپلوگروه C و نمونه دیگر به هاپلوگروه R1a1 تعلق داشته است (۷۵). جالب آنکه متخصصان ژنتیک چینی که دی‌ان‌ای بقایای انسانی دوره‌های پیش از شیونگنو و دوران شیونگنو را بررسی کرده‌اند، به این نتیجه رسیده‌اند که هاپلوگروه Q دودمان اصلی شیونگنو بوده است: چهار نمونه مردانه از دوره ژو شرقی (۷۷۰ تا ۲۲۱ پ م) که در پینگ‌یانگ چین دفن شده بودند، دارای هاپلوگروه Q هستند. با این حال، نویسندگان به صراحت بیان نمی‌کنند که این نمونه‌ها متعلق به شیونگنو بوده‌اند. یک پژوهش چینی دیگر نیز تنها

هابلوگروه Q را در میان بقایای انسانی یافت شده در بارکول (در منطقه سین کیانگ چین) شناسایی کرد. نویسندگان این پژوهش چینی پیشنهاد می کنند که شیونگنوها به زبانی از خانواده ینیسی سخن می گفتند، زیرا هابلوگروه Q عمدتاً در میان مردمان ینیسی و بومیان آمریکا یافت می شود (۷۶). اگر نمونه های مورد مطالعه توسط متخصصان ژنتیک چینی واقعاً بقایای شیونگنو باشند، به نظر می رسد که هابلوگروه های C و Q رایج ترین دودمان های پدری (نسب مردانه) در میان شیونگنوها بوده اند.

اگرچه می توان با اطمینان فرض کرد که هابلوگروه R1a1 نسب عمده شیونگنو نبوده است، اما احتمالاً این هابلوگروه اکثریت کوچ نشینان ساکن کوه های آلتای در عصر مفرغ را تشکیل می داده است. مطالعه ای بر روی ۱۴ نمونه انسانی کاوش شده در غربی ترین بخش کوه های آلتای مغولستان نشان می دهد که کوچ نشینان عصر مفرغ در کوه های آلتای متعلق به هابلوگروه های R1a1b2 (R1a- Z93) (۴۴،۴۵٪)، Q زیرشاخه Q1a2a1-L54 (۴۴،۴۵٪) و C (۱۱،۱۲٪) بوده اند (۷۷).

در اینجا باید خاطرنشان کرد که ساختار ژنتیکی شیونگنوها و همسایگان کوچ نشین آن ها در آلتای – که احتمالاً در کنفدراسیون شیونگنو ادغام شده بودند – با ویژگی های فنوتیپی شیونگنوها که در تاریخ نگاری های چینی توصیف شده است، همخوانی دارد. به احتمال زیاد، مردم شیونگنو که ظاهری شبیه مردمان آسیای درونی داشتند، عمدتاً متعلق به هابلوگروه های کروموزوم-وای نوع C2، Q و N بودند؛ در حالی که مردم جی با ظاهر اوراسیایی غربی، احتمالاً به هابلوگروه R1a1 تعلق داشتند. از سوی دیگر، اگر قوم جی – که «شاخه ای جداگانه از شیونگنو» محسوب می شدند و دودمان ژائو متأخر (۳۱۹-۳۵۱ م) را بنیان نهادند – واقعاً مردمی با زبان ینی سنی بوده باشند، ممکن است حامل هابلوگروه Q بوده و شباهتی به مردمان امروزی کیت ها در سیبری داشته اند.

در دوران مفرغ و اوایل عصر آهن، منطقه رودخانه ینی سنی زیستگاه مردمان هندواروپایی بود. مطالعات دی ان ای روی ۲۶ نمونه انسانی باستانی از منطقه کراسنویارسک – که قدمت آن ها به بازه زمانی میانه ی هزاره دوم پیش از میلاد تا قرن چهارم میلادی می رسد – نشان می دهد که دامداران منطقه ینی سنی عمدتاً متعلق به هابلوگروه R1a1 بوده اند. بنابراین، فریکونسی بالای هابلوگروه R1a1 در میان مردمان امروزی قرغیز و آلتایی ممکن است گواهی بر این باشد که آن ها از نسل قرغیزهای ینی سنی هستند. علاوه بر این، این موضوع می تواند دلیلی بر این باشد که چرا تاریخ نگاری های چینی سده های میانه، مردمان قرغیز را دارای ویژگی های ظاهری اوراسیایی غربی توصیف کرده اند (۷۸).

مردمان ساخا در سده‌های میانه، چون نوادگان امروزی‌شان، با هاپلوگروه N1c1 شناخته می‌شدند. تحلیل دی‌ان‌ای کروموزوم-وای استخراج‌شده از ۵۸ جسد مومیایی‌شده و یخ‌زده – متعلق به سده‌های پانزدهم تا نوزدهم – نشان می‌دهد که هاپلوگروه N1c1 شامل ۶۱٪ از نمونه‌های مردان ساخا بوده است (۳۸٪ نمونه‌ها غیرقابل‌شناسایی بودند). این امر حاکی از آن است که عشایر ترک‌زبانی که در منطقه غرب دریاچه بایکال (۷۹) در حدود سده پانزدهم و پیش از آن ساکن بودند نیز دارای هاپلوگروه N بوده‌اند؛ وضعیتی که شاید مشابه مردمان امروزی توینیان بوده است. اگر ساخا واقعاً از نسل قوریقان – که خود قبیله‌ای از اتحادیه تیله بود – باشند، ممکن است دلیل تمایز قائل شدن تاریخ‌نگاری‌های رسمی چین میان قرغیزهای ینی‌سئی و مردمان دینگ‌لینگ/تیله این بوده باشد که آن‌ها دو مردم متمایز بوده‌اند که شاید به‌ترتیب با هاپلوگروپ R1a1 و هاپلوگروپ N شناخته می‌شدند (۸۰).

کروموزوم‌های-وای کوکتورک‌ها مورد مطالعه قرار نگرفته‌اند. پس از فروپاشی خاقانات دوم تورک در سال ۷۴۵ میلادی، کوکتورک‌ها پراکنده شدند و شناسایی نوادگان امروزی آن‌ها دشوار است. اگر آن‌ها واقعاً از تبار ساکا (سوئو) بوده یا با قرغیزها خویشاوند بوده‌اند – چنان‌که در کتاب «ژو-شو» آمده است – خاندان آشینا ممکن است به دودمان ژنتیکی R1a1 تعلق داشته باشد. در مقابل، اگر کوکتورک‌ها با موما توجوئه خویشاوند بودند، ممکن است از نظر ژنتیکی به نیاکان تووینی‌های امروزی نزدیک بوده و دارای فریکونسی‌های بالای هاپلوگروپ‌های N، C2 و Q بوده باشند. در واقع، متخصصان ژنتیک چینی دی‌ان‌ای استخراج‌شده از بقایای یک نجیب‌زاده دوره یوان را که احتمالاً شاهزاده‌ای اونگوت بوده، آزمایش کردند. هاپلوگروپ کروموزوم Y این فرد Q بود. از آنجا که اونگوت احتمالاً – همان‌طور که پیش‌تر بحث شد – از طریق قبیله شاتوئو از نسل تورک‌های غربی بوده‌اند، می‌توان گمانه‌زنی کرد که هاپلوگروپ Q یکی از هاپلوگروپ‌های کروموزوم-وای رایج در میان تورک‌های غربی بوده است.

همانند کوکتورک‌ها، کروموزوم‌های-وای تیله یا اویغورهای باستان نیز آزمایش نشده‌اند. با این حال، شاید بتوان نشانگرهای ژنتیکی آن‌ها را از طریق آزمایش دی‌ان‌ای بر روی بقایای ساخاهای دوران سده‌های میانه و هم مردمان امروزی یوگورهای غربی، نایمان‌ها و بوریات‌ها استنباط کرد. طوری که پیش‌تر بحث شد، یوگورهای غربی و نایمان‌ها از نوادگان اویغورهای باستان هستند و ویژگی آن‌ها، فریکونسی‌های متوسط تا بالای هاپلوگروه‌های C2، O3 و Q و هم فقدان یا فریکونسی اندک هاپلوگروه R1a1 است. برخی مورخان بر این باورند که بوریات (دست‌کم تا حدی) از نسل قوریقان هستند؛

قبیله‌ای از مردمان تیله که چون ساخاها شناخته می‌شوند و ویژگی بارز ژنتیکی آن‌ها فریکونسی‌های بالای هاپلوگروه‌های C2 (۴۰٪) و N (۴۸٪) است. اگر یوگورهای غربی، نایمان‌ها، ساخاها و بوریات‌ها، به همراه تووینی‌ها، نوادگان امروزی مردمان تیله در سده‌های میانه باشند، می‌توان فرض کرد که مردمان تیله (یا دست‌کم آن گروه از تیله‌ها که در مغولستان ساکن بودند) حامل هاپلوگروه‌های C2، N، O3 و Q (در کنار سایر هاپلوگروه‌ها) بوده‌اند.

دی‌ان‌ای میتوکندریایی استخراج‌شده از بقایای اجساد قبچاق‌ها (کومان‌ها) توسط متخصصان ژنتیک مجارستانی مورد آزمایش قرار گرفته است. نکته جالب‌توجه در این پژوهش آن است که قبچاق‌ها دارای دودمان‌های دی‌ان‌ای میتوکندریایی اوراسیای غربی بوده‌اند؛ این در حالی است که تحلیل مجموعه‌های آن‌ها نشان می‌دهد که نمونه‌های قبچاق دارای ویژگی‌های ظاهری آسیای درونی بوده‌اند. در این پژوهش، کروموزوم‌های-وای نمونه‌های قبچاق مورد آزمایش قرار نگرفتند. با این حال، می‌توان هاپلوگروه کروموزوم-وای قبچاق‌های دوران میانه را از طریق بررسی نوادگان امروزی آن‌ها در میان قزاق‌ها استنباط کرد. طوری که پیش‌تر اشاره شد، قبیله قبچاق (قراقبشاق) که به اردوی میانی قزاق‌ها تعلق دارد، با فریکونسی بالای هاپلوگروه R1b1a1a1 (R1b-M73) شناخته می‌شود. شاید همین ویژگی دلیل آن باشد که در اثر تاریخی «زیژی تونگجیان هووبیان»، قبچاق‌های سده‌های میانه (با نام چینی قینچا) دارای «چشمان آبی و موهای قرمز» توصیف شده‌اند. از سوی دیگر، می‌توان فرض کرد که نوادگان امروزی قبچاق‌ها، قزاق‌های غربی متعلق به اردوی کوچک هستند که با فریکونسی بالای زیرشاخه C2b1b1 (که پیش‌تر با نام C3c1 شناخته می‌شد) از هاپلوگروه C2 متمایز می‌شوند. این هاپلوگروه ممکن است توضیحی برای این واقعیت باشد که چرا مجموعه‌های قبچاق به‌دست‌آمده از گورپشته‌های (کورگان‌های) شرق اوکراین، دارای ویژگی‌های چهره‌ای آسیای درونی هستند.

هاپلوگروه‌های اصلی کروموزوم-وای در میان ترکمن‌های سده‌های میانه را نیز می‌توان بر اساس هاپلوگروه‌های نوادگان امروزی آن‌ها – که شامل Q، R1a1، J و N و دیگر موارد است – استنباط کرد. حضور هاپلوگروه‌های R1a1 و J در میان ترکمن‌ها ممکن است دلیلی بر این توصیف نویسندگان مسلمان باشد که ترکمن‌های سده‌های میانه، ویژگی‌های چهره‌ای اصیل ترکی خود را از دست داده و ظاهری شبیه به تاجیک‌ها – یعنی ظاهری شبیه به ایرانیان یکجانشین – پیدا کرده بودند. هم‌زمان، هاپلوگروه‌های Q و N ممکن است توضیح‌دهنده این نکته باشند که چرا مسعودی نوشته است ترکان اغوز ساکن در ینگیکنت، دارای «چشمان مورب» و «قامت کوتاه» بوده‌اند.

خلاصه، همانند مردمان ترک‌زبان امروزی، گروه‌هایی همچون شیونگنو (دارای هاپلوگروه‌های C2، N، Q و R1a1)، ساخاها (با مشخصه هاپلوگروه N)، قرغیزهای ینی‌سئی (با مشخصه هاپلوگروه R1a1)، تیله (دارای هاپلوگروه‌های C2، N، O3 و Q و غیره)، ترکمن‌ها (دارای هاپلوگروه‌های Q، J، R1a1 و N) و قباچاق‌ها (که احتمالاً دارای هاپلوگروه‌های R1b-M73 (R1b1a1a1 و C2 و غیره بودند)، هر یک دارای هاپلوگروه‌های شاخص متفاوتی بوده و ترکیبات هاپلوگروهی ناهمسانی را نشان می‌دادند. بنابراین، محتمل است که مردمان ترک‌زبان دوران باستان و میانه، خود یک موجود همگون و یکدست را تشکیل نمی‌دادند و برخی از آن‌ها که اصالتاً غیرترک بودند و در مقطعی از تاریخ، ترک‌زبان (ترک‌سازی) شده‌اند. برای این اساس، می‌توان چنین استنباط کرد که بسیاری از جمعیت‌های ترک‌زبان امروزی – که ترکیبات هاپلوگروهی متنوع‌تری دارند – لزوماً نوادگان مستقیم مردمان ترک‌زبان دوران اولیه نیستند (جدول ۳ دیده شود).

جدول ۳. هاپلوگروه‌های دی‌ان‌ای-وای مردمان ترک‌زبان آغازین و میانه

هایپلوگروه‌های نوادگان امروزی احتمالی آنها	دی‌ان‌ای باستانی	
	C2, N, Q and R1a1 among others	شیونگنو
	N	ساخا
C2, N, O3, among others (if their modern descendants are Western Yugurs, Naimans, Tuvinians, Sakhas, and Buryats, among others)		دینگلینگ/تیله/اویغورها
R1a1 (if they were related to Yenisei Qirghiz) Q, among others (if their descendants were Ongut) N and C2, among others (if their descendants are/were Tuvinians/Muma Tujue (Türks))		کوک تورک‌ها
R1a1 (Tien Shan Qirghiz)	R1a1 (the Yenisei Indo-European pastoralists)	قیرغیز ینی‌سویی
	Q among others	اونگوت
C3 and O3, among others		نایمن
R1b, among others (if their modern descendants are the Kazakh kypshak tribe) C2, among others (if their modern descendants are kazakhs)		قباچاق‌ها
Q, J, R1a1, and N, among others		ترکمن‌ها

در پایان، باید به خاطر داشت که مورخان چینی سده‌های میانه، قبایل آسیای درونی را به دو گروه ترک‌زبان و مغول‌زبان طبقه‌بندی نمی‌کردند. به همین ترتیب، نویسندگان مسلمان نیز عموماً مغول‌ها و سایر قبایل غیرترک‌زبان آسیای درونی را شاخه‌ای از ترکان می‌دانستند. مطالعات ژنتیکی این واقعیت را تأیید می‌کند که ترسیم یک مرز دقیق میان مردمان مغول‌زبان و ترک‌زبان تاریخی، غیرواقع‌بینانه است؛ زیرا این دو گروه در هاپلوگروه‌هایی چون C2، N، Q، O3 و حتی R1a1 اشتراک داشته‌اند. متخصصان ژنتیکی که دی‌ان‌ای نمونه‌های شیونگنو (مربوط به گورستان ایگین‌گول) و هم دی‌ان‌ای مغول‌های امروزی را تحلیل کرده‌اند، بر این باورند که «تأثیر جانشینی کنفدراسیون‌های ترک و مغول در قلمرو مغولستان کنونی، بیش از آنکه فرآیندی مهاجرتی و/یا ژنتیکی باشد، فرآیندی فرهنگی یا

زبانی بوده است». به همین ترتیب، مطالعه‌ای تطبیقی بر روی دی‌ان‌ای اتوزومال (غیرجنسی) مغول‌ها و تساتان – که مردمی ترک‌زبان ساکن شمال مغولستان هستند – نیز نشان می‌دهد که این دو گروه، به همراه ساخا، یک خوشه ژنتیکی واحد را تشکیل می‌دهند و از نظر ژنتیکی با سایر جمعیت‌های جهان متمایز هستند. سرانجام، مطالعه‌ای گسترده در باره میراث ژنتیکی کوچ‌نشینان ترک‌زبان در سراسر اوراسیا – که بر پایه تحلیل دی‌ان‌ای اتوزومال انجام شده – آشکار می‌سازد که جمعیت‌های منشأ برای آن دسته از کوچ‌نشینان ترک‌زبانی که «ژن‌های آسیایی» را به مردمان غیرترک‌زبان منتقل کردند، عبارت بودند از (نیاکان امروزی) توویبی‌ها، مغول‌ها و بوریات‌ها؛ و این در حالی است که دو گروه اخیر، مغول‌زبان اند (۸۱). در مجموع، باید توجه داشت که مردمان ترک‌زبان اولیه شرق، به احتمال زیاد از نظر ژنتیکی به همسایگان مغول‌زبان خود نزدیک‌تر بودند تا به اقوام ترک‌زبان گوناگون و متأخرتر در مناطق مرکزی و غربی اوراسیا.

نتیجه‌گیری

در این مقاله، ما به تحلیل تطبیقی اطلاعات متنی موجود در تاریخ‌نگاری‌های چینی و داده‌های حاصل از مطالعات ژنتیکی پیرامون خاستگاه، هویت و ویژگی‌های ظاهری مردمان ترک‌زبان دوران اولیه و میانه پرداختیم. طوری که پیش‌تر بحث شد، تاریخ‌نگاری‌های رسمی چینی، مردمان ترک‌زبانی چون تیله/اویغور، کوکتورک (توجوئه) و قرغیز را به عنوان اجزای یک هویت واحد و یکپارچه زیر عنوان «ترک‌ها» در نظر نمی‌گیرند؛ بلکه آن‌ها را دارای هویت‌هایی متمایز توصیف می‌کنند. همچنین، این متون تاریخی، مردمان ترک‌زبان را عمدتاً دارای ویژگی‌های ظاهری شرق آسیا یا آسیای درونی، و گاهی نیز دارای ویژگی‌های ظاهری غرب اوراسیا توصیف می‌کنند. مطالعات دی‌ان‌ای نیز چنین توصیفی از مردمان ترک‌زبان را تأیید می‌کنند (۸۲). اگرچه هنوز تعداد کافی از نمونه‌های دی‌ان‌ای باستانی مورد مطالعه قرار نگرفته است، اما همچنان می‌توان از داده‌های ژنتیکی موجود استنباط کرد که مردمان ترک‌زبان دوران اولیه و میانه، دارای مجموعه‌های متفاوتی از هاپلوگروه‌های کروموزوم-وای و هاپلوگروه‌های شاخص گوناگون بودند که برخی از آن‌ها منشای اوراسیای غربی داشتند. این بدان معناست که مردمان ترک‌زبان مختلف، فاقد خاستگاه پدری مشترک یا ویژگی‌های ظاهری یکسان بوده‌اند. شایان ذکر است که خود شیونگ‌نوها – صرف‌نظر از اینکه گروهی ترک‌زبان بوده‌اند یا خیر – مردمی آمیخته (هابرید) محسوب می‌شدند که شامل حاملان هاپلوگروه‌های C2، N و Q (مرتبط با شرق و درون اوراسیا) و هم هاپلوگروه R1a1 (مرتبط با غرب اوراسیا) بودند.

تحلیل داده‌های ژنتیکی مربوط به مردمان ترک‌زبان همچنین به ما امکان می‌دهد تا در باره‌ی «خاستگاه اصلی» ترک‌زبان گمانه‌زنی کنیم. ما بر این باوریم که این خاستگاه، منطقه‌ای جغرافیایی بوده است که در آن امکان آمیزش میان حاملان هاپلوگروه‌های C2، N، Q و R1a1 وجود داشته است؛ زیرا این هاپلوگروه‌ها در میان مردمان ترک‌زبان گوناگون گذشته و حال در شرق آسیای درونی و هم در میان شیونگ‌نوها یافت می‌شوند. گفته شده است که مردمان ترک‌زبان اولیه احتمالاً در دوران شکل‌گیری خود با گروه‌های هندواروپایی، اورالی، ینیسیایی و مغولی در تماس بوده‌اند. ما به عنوان کسانی که متخصص زبان‌شناسی نیستیم، صلاحیت بحث در باره منشای زبان‌های ترکی را نداریم. با این حال، با تکیه بر یافته‌های مطالعات دی‌ان‌ای، بر این باوریم که برخی شباهت‌های موجود میان زبان‌های ترکی و زبان‌های مغولی، تونگوزی و اورالی، دست‌کم تا حدی با هاپلوگروه‌های C2 و N (و دیگر موارد) مرتبط است. به‌طور مشخص، گمان ما بر این است که زبان‌های ترکی در نتیجه‌ی آمیزش گروه‌های اورالی (که با فریکونسی بالای زیرشاخه‌های هاپلوگروه N شناخته می‌شوند) و گروه‌های نیا-مغولی (که با فریکونسی بالای هاپلوگروه C2 شناخته می‌شوند) پدید آمده‌اند که خود با دیگر گروه‌های زبانی نیز درآمیخته بودند، از جمله گویشوران زبان‌های ینیسیایی (با فراوانی بالای هاپلوگروه Q، مانند کیت‌ها) و گویشوران زبان‌های هندواروپایی (با فریکونسی بالای هاپلوگروه R1a1) (۸۳). بنابراین، بهترین گزینه برای «سرزمین/خاستگاه اصلی» ترک‌زبانان، مناطق شمالی و غربی مغولستان و تووا است – جایی که امکان آمیزش تمامی این هاپلوگروه‌ها وجود داشته است – نه مناطق شرقی و جنوبی مغولستان یا نواحی رودخانه ینیسی و کوه‌های آلتای در روسیه (۸۴).

در نهایت، پیشنهاد می‌کنیم که فرایند ترک‌سازی اوراسیای مرکزی و غربی، حاصل فرایندهای متعددی گسترش زبان بوده است (۸۵) که نه تنها گروه‌هایی با زبان مادری ترکی، بلکه گروه‌هایی (هندواروپایی) را نیز که بعدها ترک‌زبان شده بودند، در بر می‌گرفت. به عبارت دیگر، نخستین گروه‌های ترک‌زبان ابتدا برخی از گروه‌های غیرترک‌زبان ساکن در مغولستان و فراتر از آن را ترک‌زبان کردند. سپس، هر دو گروه ترک‌زبان اصلی و «ترک‌زبان‌شدگان»، قبایل غیرترک‌زبان (عمدتاً حامل هاپلوگروه R1a1) ساکن در استپ‌های قزاقستان و نواحی فراتر از آن را ترک‌زبان ساختند. از طریق فرایندهای گوناگون، از جمله فتوحات مغول، اعضای این مجموعه گسترده‌ی ترک‌زبان، زبان‌های ترکی را در سراسر اوراسیا گسترش دادند. آن‌ها مردمان گوناگون غیرترک‌زبان نواحی مرکزی و غربی اوراسیا را – از جمله ساکنان واحه‌های آسیای مرکزی (که حامل هاپلوگروه‌های R1a1 و J و دیگر گروه‌ها بودند) – ترک‌زبان کردند. نکته حائز اهمیت آنکه ترکمن‌ها – که خود ترکیبی از عناصر اصلی ترک‌زبان و عناصر ترک‌زبان‌شده (حامل هاپلوگروه‌های Q، J، R1a1 و N و دیگر گروه‌ها) بودند

– به آناتولی رسیدند و جمعیت‌های بومی آنجا را (که حامل هاپلوگروه‌های J، R1b، G، E، R1a1 و T و دیگر گروه‌ها بودند) ترک‌زبان کردند؛ جمعیت‌هایی که اکنون به عنوان «ترک‌ها» شناخته می‌شوند.

سرچشمه‌ها

1. For introductory studies, see Underhill & Kivisild (2007); Oppenheimer (2012).
2. The term 'Inner Asia' is used in this article to refer to the Mongolian and Kazakh steppes, while 'Central Asia' is used for the interior region stretching from the Caspian Sea in the west to Xinjiang, China, in the east and from Kazakhstan in the north to Afghanistan in the south.
3. At the same time, it is also true that geneticists' interpretations of DNA data on Inner Asian populations are often impaired by their limited knowledge of Inner Asian history and the languages needed to study it and, on rare occasions, are influenced by biases. Therefore, although we have used genetic survey data from numerous genetic studies in this work, we do not necessarily agree with the interpretations suggested in these studies.
4. The Standard Histories (zhengshi 正史), also known as the Twenty-Four Histories, are a collection of official Chinese annals covering the period from antiquity to the Ming Dynasty in the seventeenth century.
5. We are not concerned with modern theories of ethnicity or identity in this study. Our main concern is demonstrating how the historical Turkic peoples were identified by their contemporary historians.
6. For a detailed study of the Xiongnu affiliations, see Golden (1992: 57–9); Kim (2016: 7).
7. '其語略與匈奴同而時有小異' (Weishu 103.2307).
8. '太子詹事孫珍問侍中崔約曰:「吾患目疾,何方療之?」約素狎珍,戲之曰:「溺中則愈。」珍曰:「目何可溺?」約曰:「卿目眊眊,正耐溺中。」珍恨之,以白宣。宣諸子中最胡狀,目深,聞之大怒,誅約父子。珍有寵于宣,頗預朝政,自誅約之後,公卿已下憚之側目' (Jinshu 106.2776). The Jie may have spoken a Yeniseian language. See Vovin (2000: 92–103).
9. The Tujue (Kök Türks) cremated their dead, while the Tiele buried them (Suishu 84.1880).
10. For a detailed study of the Kök Türk founding legends, see Sinor (1982).
11. Pingliang was located in present-day Gansu Province, China.
12. Hu (胡) denoted the Sogdians in Tang China.
13. '思摩者, 頡利族人也。始畢、處羅以其貌似胡人, 不類突厥, 疑非阿史那族類, 故歷處羅, 頡利世, 常為夾畢特勒, 終不得典兵為設' (Jiu Tangshu 194a.5163). Perhaps this is reminiscent of the Kazakh view of non-Inner Asian physiognomy. Ármín Vámbéry, the Hungarian Turkologist, who travelled in Central Asia in the mid nineteenth century, writes that '[the Kazakhs] compassionate all whose faces have not the pure Mongol conformation. According to their aesthetic views, that race stands at the very zenith for beauty ...' (Vámbéry 1865: 421).
14. '烏孫於西域諸戎其形最異。今之胡人, 青眼赤髭鬚, 狀類獼猴者, 本其種也' Hanshu, 96b.3901. The same passage is written in the Tongdian 通典 [Comprehensive statutes], a universal administrative history. See Du You 杜佑. Tong dian 通典 [Comprehensive statutes], chapter 192.

<https://zh.wikisource.org/zh-hant/%E9%80%9A%E5%85%B8/%E5%8D%B7192> (accessed 14 July 2017).

15. Perhaps the physiognomy of the Kōk Türks is well manifested in the stone head of Kül Tegin, an Ashina general of the Second Türk Khaghanate. According to the Russian anthropologist Oshanin, the Kōk Türks spread the 'Mongoloid' phenotype to Central Asia (Oshanin 1964: 20).

16. The Jiu Tangshu lists the Qarluq and Chuyue among the tribes of the Western Türks (Jiu Tangshu 194b.5179; Xin Tangshu 217b.6143).

17. For instance, in the Jiu Tangshu (194b.5190), Wuzhile[i] (烏質勒), a Türgesh chief, is described as being from 'a separate stock of the Western Türks (西突厥之別種)'.

18. The Khazars are referred to as 'Tujue Hesa (突厥曷薩)' in the Xin Tangshu (221b.6247). Thus, the Khazars may well have been an offshoot of the Western Türks.

19. For the Muma Tujue, see Xin Tangshu (217b.6148). For the Xianyu Tujue and Niuti Tujue, see Xin Wudaishi (73.907).

20. It is not clear whether or not these Tujue tribes were indeed Kōk Türks. Denis Sinor suggests that they were the Kōk Türks 'living outside the Türk state' or '[not belonging] to the ruling stratum of the Türk state' (Sinor 1985: 152–7).

21. '送葬哭泣, 與突厥同' (Xin Tangshu, 217b.6144).

22. For instance, in their official inscriptions, the Uighurs (Uyyur) use the term Tūrük only for the Kōk Türks, whom they consider to be their enemies and oppressors. See Tekin (1983: 46 (text), 49 (trans.)); see lines 9–10 (north side) of the Šine-Usu inscription (Moriyasu et al. 2009: 11 (text), 24 (trans.)).

23. For instance, see lines 11–14 (east side) of the Kül Tegin inscription translated in Silay (1996: 4).

24. '堅昆部落非狼種, 其先所生之窟在曲漫山北。自謂上代有神與牝牛交於此窟。其人髮黃, 目綠, 赤髭。' Duan Chengshi 段成式. You yang za zu 酉陽雜俎 [Miscellany of Youyang], chapter 4. <https://archive.org/stream/06047413.cn#page/n120/mode/2up> (accessed 16 July 2017).

25. Gardīzī, a mid eleventh-century Persian historian and geographer, also writes in his work that the Qirghiz were characterised by their 'reddishness of hair and whiteness of skin' because they were originally Slavs (Saqlāb). See 'Abd al-Ḥayy ibn Zāḥḥāk Gardīzī (1984: 557): for an English translation of this text, see Martinez (1982: 126).

26. On the origin of the Qirghiz, see Golden (1992: 177–8). While Golden acknowledges that the Qirghiz may have been a 'Turkicised' people, Michael R. Drompp (1999: 399–400) refutes this idea and argues that whether the Qirghiz were 'originally' a Turkic people or a 'Turkicised' people would never be determined. However, genetic studies show that the Qirghiz were most likely a non-Turkic people by origin.

27. '以黑髮為不祥。黑瞳者, 必曰陵苗裔也。' (Xin Tangshu 217b.6147).

28. According to the Xin Tangshu (218.6153), the Chuyue acquired the name 'Shatuo Türk' after residing near a great desert called Shatuo.

29. See 'Alā' al-Dīn 'Aṭā Malik Juvaynī (1958: vol. 1, 55–57): A similar legend of Būgū Khan was also recorded by Yu Ji in the Gaochang wang shi xun bei 高昌王世勳碑 [The monumental inscription of the king of Gaochang]: see Su Tianjue (1965: vol. 2, 259). For a detailed discussion of the Qocho Uighur foundation myths involving a parent-tree, see Okada (1987: 197–201).

30. After defeating the Naiman, Chinggis Khan hired Tatatonga 塔塔統阿, who was an Uighur scholar (傳) serving the Naiman khan, to teach his sons in the Uighur scrip (Yuanshi 124.3048).

31. According to Yuri Bregel, the Naiman and Uighur tribes in Khiva were regarded as sharing 'common ancestors' and were 'related with marriage': see Shīr Muḥammad Mīrāb Mūnīs & Muḥammad Rīzā Mīrāb Āgahī (1999: 548 n107). Abū al-Ghāzī Bahādur Khan (r. 1644–63), the Chinggisid ruler of the Uzbek Khanate of Khiva, also notes their friendly relations in his work: see Aboul-Ghāzi Béhādour Khān (1970: 185 (text), 195 (trans.)).
32. Both Omeljan Pritsak (1982: 336–9) and Peter Golden (1988: 22) support a Mongolic origin of the Ölberli clan
33. '土土哈, 其先本武平北折連川按答罕山部族, 自曲出徙居西北玉裡伯裡山, 因以 為氏, 號其國曰欽察. 其地去中國三萬餘里, 夏夜極短, 日暫沒即出. 曲出生 唆末納, 唆末納生亦納思, 世為欽察國王' (Yuanshi 128.3131).
34. Xu Qianxue 徐乾學, *Zizhi tongjian houbian* 資治通鑑後編, chapter 141: http://skqs.guoxuedashi.com/wen_562r/11559.html (accessed 16 July 2017). However, E. Bretschneider (1876: 174, n301) argues that the Qipchaqs are confused with the Russians here. According to the Russian anthropologist L.V. Oshanin (1964: 24, 32), the 'Mongoloid' phenotype, characteristic of modern Kazakhs and Qirghiz, prevails among the skulls of the Qipchaq and Pecheneg nomads found in the kurgans in eastern Ukraine.
35. An Arabic geographical manuscript states that the Uighurs (Toquz Oghuz), the people of China, and the Turks resembled each other in facial appearance: see Frye (1949: 92–3).
36. The Oghuz were a nomadic group that inhabited the Aral Sea and Caspian Sea steppes during the ninth and tenth centuries AD.
37. The stone heads of the Seljuk princes kept at the New York Metropolitan Museum of Art show that the Oghuz possessed Inner Asian physiognomy. For images of the Seljuk stone heads, see Canby et al. (2016: 44–46, 50).
38. Every person has 22 matching pairs of chromosomes, but the 23rd pair, the X and Y gender chromosomes, are unmatched and they determine one's maleness (XY) or femaleness (XX). A large portion of the Y chromosome does not exchange material with the X chromosome.
39. A Y-DNA haplogroup is defined by the presence of one or more Y-DNA mutations called Single Nucleotide Polymorphism, or SNP. For instance, haplogroup C is defined by a mutation named M216 and others. The Y Chromosome Consortium (YCC), a scholarship group formed to standardize haplogroup nomenclature, named Y-DNA haplogroups using the capital letters A through T and their subclades using numbers and lower case letters. When a new SNP is discovered and tested, a new haplogroup subclade is determined. For the most up-to-date version of the Y-DNA haplogroup nomenclature and Y-SNP tree, see <http://www.isogg.org/tree>. For introductory studies of the Y-chromosome DNA haplogroups, see Y Chromosome Consortium (2002); Hammer & Zegura (2002); Karafet et al. (2008); Chiaroni et al. (2009).
40. For the origins of modern human populations based on the study of Y-chromosomes, see Underhill et al. (2001); Jobling & Tyler-Smith (2003).
41. This study is concerned with the Y-chromosome DNA, i.e., the paternal ancestry, not the mitochondrial DNA, i.e., the maternal ancestry, of the Turkic peoples. One should note that Turkic peoples can be differentiated more readily by their Y-chromosome DNA than by their mitochondrial DNA. For instance, the Turkic Tuvinians and Sojots and the Mongolic Buryats are not very distinguishable from each other when it comes to their maternal ancestry since they all share similar mitochondrial DNA haplogroups. See Derenko et al. (2003: table 3).
42. Contemporary states in Inner Eurasia cannot readily use genetics to make nationalist claims since DNA analysis challenges nationalist paradigms that tend to emphasise the autochthonous development or homogeneity of a nation. For instance, mainstream Kazakh scholarship emphasises the lineal descent of the Kazakhs from the Indo-European pastoralists who resided in the Kazakh Steppe in the Bronze Age (characterised by haplogroup R1a1), while downplaying the later Mongol

contribution to the ethnic makeup of the Kazakhs. However, DNA analysis shows that the most prevalent Y-DNA haplogroups among the Kazakhs are haplogroups C2 and O, among others, that they share with the Mongols and eastern Inner Asian Turkic peoples. Importantly, it is unlikely that the Turkic-speaking Central and Inner Asian states will make 'pan-Turkic' claims using genetics since DNA analysis points to their heterogeneity, not their homogeneity. At the same time, the main author of this article suspects that the collection and presentation of genetic data can be influenced by historical or political claims although this suspicion cannot be proven. Interestingly, according to the DNA data of the Manchus provided in some Chinese studies, the presence of Y-DNA haplogroup O2b, which appears at high frequency among the Japanese and Koreans but is virtually absent among the Han Chinese, is rather minimal among the Manchus. However, O2b reaches 27~34% among the Manchus in the Japanese and Korean DNA surveys. For the Manchu Y-DNA haplogroups, see Katoh et al. (2005: table 1); Jin et al. (2010: table 4).

43. The funerary rituals of the pre-modern Sakhas were similar to those of the Turkic peoples of the western Baikal region and of the ancient Xiongnu (Crubézy et al. 2010: 8, 9–10).

44. However, the two groups possess different subclades of N and C2, which means that they have distinct paternal origins.

45. According to genetic studies, the Native Americans descend from a migrant group from the Altai Mountains region. See e.g. Dulik et al. (2012: 229–46; Malyarchuk et al. 2011: 583–8).

46. On this point, see Semino et al. (2000: 1156: M17 or Eu19 in this article corresponds to R1a1); Zerjal et al. (2002: 477–8, table 3: haplogroup 3 corresponds to haplogroup R1a1); Keyser et al. (2009: 406–9); Li et al. (2010: 9–10).

47. The Altaians have been divided into northern and southern groups based on linguistic, cultural and anthropological traits. According to genetic research, the northern Altaians are closer to Yeniseian, Ugric and Samoyedic speakers, while the southern Altaians are closer to their neighbouring Turkic groups. The southern Altaians and the Tien Shan Qirghiz (Kyrgyz) share recent common ancestry with each other. The northern Altaians in general exhibit relatively higher frequencies of haplogroups N and Q and lower frequencies of C2 and R1a1 in comparison to the southern Altaians. See Dulik et al. (2012: 234).

48. On this issue, see Golden (1992: 404–6). For a study that acknowledges their connection, see Bernshtam (1962: 119–28).

49. According to a major study of haplogroup R1a1, the Kyrgyz mostly carry the R1a1 subclade R1a-Z2125, a subgroup of R1a-Z93 that is rare among the Khakass. See Underhill et al. (2014: table S4). This means that if the Khakass are the true descendants of the Yenisei Qirghiz, the Kyrgyz may not be the direct descendants of the latter.

50. See Wells et al. (2001: 10245, table 1: M17, M130, M46, M175 and 122, and M48 correspond to haplogroup R1a1, C2, N1c1, O, and C2b1b1, respectively); Zerjal et al. (2002 474, table 3: haplogroups 3, 10, 13, 16, and 36 correspond to haplogroups R1a1, C2, O3, N1c1, and C2b1a2, respectively); Balaesque et al. (2015: supplementary figure 1); Di Cristofaro et al. (2013: figure S7).

51. See Zhou et al. (2008: 202, figure 2); Xu & Wen (2017: 69).

52. For the Mongols, see e.g. Katoh et al. (2005: 66, table 1). For the Kazakhs, see e.g. Dulik et al. (2011: 2–3, tables 1 & 2).

53. Wells et al. (2001: 10245, table 1: M130 and M48 correspond to haplogroup C2); Zerjal et al. (2002: 474, table 3: haplogroups 10 and 36 correspond to haplogroup C2).

54. For haplogroup C2, see Zhabagin et al. (2017: table S1). For haplogroup O, see Sabitov (2013: 35). A survey shows that haplogroup O3 accounts for over 50% of the tested samples. See haplotypes 1–41, which make up 61.2% of all tested haplotypes in Tarlykov et al. (2013: 21, table 2). An online haplogroup predictor has been used to determine the haplogroup of the given Naiman haplotypes.

55. Haplogroup G, mostly its subclade G2, is found at low frequencies in Europe, North Africa, the Middle East and South Asia, and at high frequency in the Caucasus region. G1 is mainly found in Iran and Kazakhstan. For a detailed study of haplogroup G1-M285, see Balanovsky et al. (2015).
56. Sabitov (2013: 35). A different subclade of R1b, haplogroup R1b1a1a2 (R1b-M269), is the genetic marker of Western Europeans, reaching 85.4% among the Irish people. For its distribution among different European populations, see Balaesque et al. (2010: table 1).
57. Zhou et al. (2008: 202, figure 2). See Wells et al. (2001: 10245, table 1: M17, M130, M46, M172, M175 and 122, and M48 correspond to haplogroups R1a1, C2, N1c1, J, O, and C2b1b1, respectively); and see Zerjal et al. (2002: 474, table 3: haplogroups 3, 9, 10, 13, 16, and 36 correspond to haplogroups R1a1, J, C2, O3, N1c1, and C2b1b1, respectively).
58. The Shibanid Uzbeks were a Turkic nomadic people who conquered the Turkic and sedentary Iranic populations of Transoxiana at the turn of the sixteenth century. Importantly, the Shibanid Uzbeks and the Kazakhs were one and the same people inhabiting the Kazakh Steppe prior to their division in the sixteenth century. On this point, see Lee (2016: 121–39).
59. This high frequency of C2 is found among an Uzbek group residing in Afghanistan. We are inclined to think that this group is descended from the nomadic Uzbeks from the Qipchaq Steppe (Haber et al. 2012: table S4).
60. See Wells et al. (2001: 10245, table 1: M17, M130, M46, M172, M175 and 122, and M48 correspond to haplogroups R1a1, C2, N1c1, J, O, and C2b1b1, respectively); Zerjal et al. (2002: 474, table 3: haplogroups 3, 9, 10, 13, 16, and 36 correspond to haplogroups R1a1, J, C2, O3, N1c1, and C2b1b1, respectively); Haber et al. (2012: table S4). According to another recent survey, the Uzbeks of Afghanistan exhibit R1a1 (29%), J (18%), Q (8.6%), C (4%), N (4%), R1b1a1a1 (3%), R2 (3%) and O (2.3%): see Di Cristofaro et al. (2013: figure S7).
61. Zerjal et al. (2002: 476–7: haplogroup 9 in corresponds to haplogroup J). On the spread of haplogroup J to Europe from the Neolithic period, see Semino et al. (2004).
62. The higher frequency of haplogroup O3 among the Xinjiang Uighurs may reflect the contribution of Han Chinese.
63. As mentioned above, R1b-M269 is the genetic marker of Western Europeans, whereas R1b-M73 is a lineage found at moderate to high frequency only among some Turkic groups in Inner Eurasia.
64. The frequency of each haplogroup varies depending on geographic regions. R1b1a1a1 (R1b-M73) is found at high frequency (55% and 19%) in Abzelilovsky District and Burzyansky District, respectively, but elsewhere it is virtually absent (Lobov 2009: 15, table 5; Trofimova et al. 2015: table 1). The Y-chromosomes of the Crimean Tatars have not been studied in detail. However, according to a survey, the Crimean Tatars residing in Uzbekistan exhibit haplogroups I (5%), J (14%), R1a1 (32%), C (9%) and O (10%) (Wells et al. 2001: 10245, table 1: M17, M130, M46, M172, M175 and 122, and M48 correspond to haplogroup R1a1, C2, N1c1, J, O and C2b1b1, respectively). According to Brian Glyn Williams (2001), most Crimean Tatars of today descend from indigenous sedentary elements. While the nomadic Tatars were closer to the Kazakhs in terms of physiognomy and spoke a Qipchaq Turkic dialect, the sedentary elements in the Crimea, who descend from ancient Goths, Greeks, Italians, Armenians and Alans, among others, exhibit West Eurasian physiognomy and speak a mixed Turkic or an Oghuz Turkic dialect like the Turks of Anatolia. According to another study, some Tatars of Mokhshi, the present-day Narovchat village in Penza Region, belong to haplogroups J, L and Q (Sabitov & Akchurin 2014: 5–13). Haplogroup L is mainly concentrated in South Asia.
65. As a matter of fact, according to the study of R1a1 by Underhill et al, the Tatars of Bashkortostan and the Chuvashes do not carry R1a1a1b2 (R1a-Z93) at all. Concerning the Tatars of Tatarstan, 64% of their R1a1 belong to R1a1a1b1a (R1a-Z282). See Underhill et al. (2014: table S4). This implies that the source population of the Tatar and Chuvash R1a1 is East Slavs.
66. It has been suggested that the Turkmens were formed from the Turkic groups who intermixed with the Iranic peoples of Central Asia. See Barthold (1962: 80–81); Agadzhanov & Karryev (1978: 171).

67. Haplogroup L is a South Asian lineage, found at significant frequencies in South Asia, but at low frequencies in the Middle East, Europe and Central Asia. For its frequency in India and elsewhere, see Sengupta et al. (2006: tables 5, 6 & 7).
68. One should note that among the Turkmen tribes, the Tekke, for instance, are of (captive) Iranian origin. See Golden (1992: 400).
69. Haplogroup H is a South Asian lineage, found at significant frequencies in South Asia.
70. Interestingly, another survey reveals that the Turkmens living in Karakalpakstan are characterised by high presence of haplogroup R1a1 (72.5%) and minimal or non-existence of haplogroups N (3.9%) and Q (0%) (Balaresque et al. 2015: supplementary figure 1). A survey of the Afshar Turkmen villagers in Turkey offers a different picture of the Turkmen haplogroups. They are as follows: L (57%), J (13%), Q (13%), E (10%) and N (3%) (Gökçümen 2008: 125–9). In another Turkish village, the frequency of haplogroup N is 23% (Gökçümen 2008: 134).
71. The most common Turkish I subclade is I2 (formerly I1b) (Cinnioğlu et al. 2004: 134). For the frequencies of I2 in the Balkans, see Rootsi et al. (2004: 130, table 1).
72. According to the study of R1a1 by Underhill et al, about 57% and 43% of the Turkish R1a1 belong to R1a1a1b2 (R1a-Z93) and R1a1a1b1a (R1a-Z282), respectively. See Underhill et al. (2014: table S4). One should note that many of the Turkish men belonging to R1a1a1b2 (R1a-Z93), as well as haplogroup J, may be of Central Asian origin. Then the Central and Inner Asian contribution to the modern Turkish gene pool may be greater than suggested in Cinnioğlu et al.'s study. According to an admixture analysis of modern-day Anatolian Turks, Central Asian male contribution to the Turkish gene pool is 13% (see Berkman & Togan 2009: 2344–5). A study of autosomal chromosomes shows that Central Asian contribution ranges from 9% to 15% (see Hodoğlugil & Mahley 2012: 138–9).
73. Haplogroup T is a rare but geographically widespread lineage observed in the Middle East, Europe, India and East Africa.
74. For haplogroup N1c1, see Keyser-Tracqui et al. (2004: 326). Analysis of the mitochondrial DNA, which is maternally inherited, shows that the Xiongnu remains from this Egyin Gol necropolis consist mainly of Asian lineages (89%). West Eurasian lineages make up the rest (11%) (Keyser-Tracqui et al. (2003: 258). However, according to a more recent study of ancient human remains from central Mongolia, the Xiongnu population in central Mongolia possessed a higher frequency of western mitochondrial DNA haplotypes (37.5%) than the Xiongnu from the Egyin Gol necropolis (Rogers 2016: 78).
75. Kwang-Ho Lee, one of the main Korean authors of this work, commented in an interview that the carrier of haplogroup R1a1 was a slave buried with his Xiongnu master. The same author also revealed in another work published in Korean that haplogroups C (30%) and O (33.3%) are the two major lineages to which the Xiongnu skeletons he studied belong (Lee 2006: 129).
76. The Kets, who speak a Yeniseian language, exhibit the highest frequency of haplogroup Q (93.7%) in Eurasia (Tambets et al. 2004: 667, table 3).
77. Analysis of mitochondrial DNA shows that the ancient Altaian samples carried both West and East Eurasian matrilineal lineages (Hollard et al. 2014: 203).
78. In turn, the Inner Asian physiognomy of the modern-day Qirghiz (Tien Shan Kyrgyz) may be explained by their moderate frequency of Y-chromosome haplogroups C2 (about 20%) and N and their high frequencies of East Eurasian mitochondrial DNA haplogroups (over 70%). The same may hold true for the modern Khakass, who are also considered to be the descendants of the Yenisei Qirghiz. As discussed above, they exhibit high frequencies of Y-chromosome haplogroup N (about 50%) and East Asian mitochondrial DNA haplogroups (75.8%). For the Qirghiz, see Comas et al. (2004: 498, table 1); for the Khakass, see Zakharov et al. (2004: 24, tables 1 & 2).

79. It has even been suggested that the Sakhas left their original area of settlement in the Baikal region due to Mongol pressure: see Pakendorf et al. (2006: 350).

80. As high as 50% of the medieval Magyars belonged to haplogroup N1c1, according to a Hungarian study of the DNA extracted from tenth-century Magyar skeletons. Although the Magyars were Ugric not Turkic, the fact that they were carriers of N1c1 shows that N1c1 was one of the major Y-chromosome haplogroups of the horse-riding peoples of the Eurasian steppes. For the Magyar N1c1, see Csányi et al. (2008: 526).

81. Russian physical anthropologists have already noted that the Xiongnu and Kōk Türks, among others, spread the 'Mongoloid' phenotype to Central Asia and beyond: see Oshanin (1964: 16–25).

82. We are not arguing that certain Y-DNA haplogroups necessarily correlate to certain physiognomies. Y chromosome is simply one of the two gender-determining chromosomes. For instance, we are aware that even though both indigenous Australians and modern-day Mongols are characterised by a high frequency of haplogroup C, the two groups do not share common phenotypes. The physical traits of a certain people can change due to the influence of the environment in the long term and its intermixture with other ethnic groups. However, a correlation can be observed between certain Y-DNA haplogroups and certain phenotypes during the formative period of the Turkic peoples in eastern Inner Eurasia. In general, prior to their intermixture with indigenous peoples of eastern Inner Asia, the carriers of West Eurasian Y-DNA haplogroups (such as R1a1 and R1b) possessed West Eurasian physiognomy, whereas the carriers of East/Inner Eurasian Y-DNA haplogroups possessed East/Inner Eurasian physiognomy. It should be noted that, while a medieval Turkic-speaking group possessing both West Eurasian Y-DNA haplogroups and East Eurasian mitochondrial haplogroups as the result of intermixture could have exhibited 'Inner Asian' physiognomy, like modern-day Qirghiz and Altaians, it is highly unlikely that the peoples (not individuals) described as being 'blue-eyed and red-haired' in the Chinese histories were carriers of East/Inner Eurasian Y-DNA haplogroups.

83. It is unlikely that the early Turkic speakers were characterised by a high frequency of haplogroup R1a1a1b2 (R1a-Z93), since the earliest carriers of this haplogroup in South Siberia and Central Asia were Indo-European speakers. It was the carriers of haplogroup R1a1a1b2 who also spread the Indo-European language to South Asia and Iran. Therefore, one may assume that an R1a1a1b2 dominant group were not the earliest Turkic speakers.

84. For a discussion of the Turkic Urheimat, see Golden (2006: 138–40).

85. This also implies that conquest and empire-building activities by various Turkic peoples did not play a significant role in the diffusion of genes. The prevalence of indigenous Y-DNA haplogroups among the Turkic populations in central and western Inner Eurasia, as shown in this work, clearly indicates this phenomenon. As a matter of fact, even the Mongol empire, which is the most successful Inner Asian nomadic empire in history, did not diffuse haplogroup C2, the most common Mongol lineage, widely throughout its realm. The famous Y-Chromosome haplotype dubbed 'star cluster', which is associated with Chinggis Khan's lineage, is also found at a noticeable frequency only among some peoples of nomadic origin. For this haplotype, see Zerjal et al. (2003: 717–21). In all likelihood, the same may hold true for the Kōk Türk empire.

References

Beishi = Li Yanshou (2003).

Hanshu = Ban Gu (1962).

Jinshu = Fang Xuanling (1974).

Jiu Tangshu = Liu Xu (2002).

Shiji = Sima Qian (2003).

Suishu = Wei Zheng (2008).

Weishu = Wei Shou (2003).

Xin Tangshu = Ouyang Xiu & Song Qi (2003).

Xin Wudaishi = Ouyang Xiu (1974).

Yuanshi = Song Lian (2005).

Zhoushu = Linghu Defen (2003).

Zizhi tongjian houbian = Xu Qianxue (N.D.)

‘Abd al-Ḥayy ibn Ṣaḥḥāk Gardīzī. [1363] 1984. *Tārīkh-i Gardīzī, tālīf-i Abū Sa‘īd ‘Abd al-Ḥayy ibn al-Ṣaḥḥāk ibn Maḥmūd Gardīzī; bi-taṣḥīḥ va taḥshīyah va ta‘līq-i ‘Abd al-Ḥayy Ḥabībī* (ed. ‘Abd al-Ḥayy Ḥabībī). Tehran: Dunyā-i Kitāb.

‘Alā’ al-Dīn ‘Aṭā Malik Juvaynī. 1958. *The History of the World-Conqueror* (ed. & trans. J.A. Boyle). Cambridge (MA): Harvard University Press.

Aboul-Ghāzi Béhâdour Khân. [1871–1874] 1970. *Histoire des Mongols et des Tatares* (ed. & trans. Petr I. Desmaisons). Amsterdam: Philo.

Abu-l-Gāzī. 1958. *Rodoslovnaya turkmen: Sochineniye Abu-l-Gāzi khana khivinskogo* [The genealogy of the Turkmens: The work of Abu-l-Gāzi, the khan of Khiva] (ed. & trans. A.N. Kononov). Moscow/Leningrad: Izd-vo Akademii nauk SSSR.

Agadzhanov, S.G. & A. Karryev. 1978. Some basic problems of the ethnogenesis of the Turkmen, in W. Weissleder (ed.), *The Nomadic Alternative: Modes and models of interaction in the African-Asian deserts and steppes*: 167–77. The Hague: Mouton.

al-Mas‘ūdī. 1962–. *Les prairies d’or* (trans. C. Barbier de Meynard et Pavet de Courteille). Paris: Société asiatique.

Balanovsky, O., M. Zhabagin, A. Agdzhoyan, et al. 2015. Deep phylogenetic analysis of haplogroup G1 provides estimates of SNP and STR mutation rates on the human Y chromosome and reveals migrations of Iranic speakers. *PLoS One* 10(4): e0122968.

Balanovsky, O., S. Rootsi, A. Pshenichnov, et al. 2008. Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context. *American Journal of Human Genetics* 82(1): 236–50.

Balaresque, P., G.R. Bowden, S.M. Adams, et al. 2010. A predominantly Neolithic origin for European paternal lineages. *PLoS Biol* 8(1): e1000285.

Balaresque, P., N. Poulet, S. Cussat-Blanc, et al. 2015. Y-chromosome descent clusters and male differential reproductive success: young lineage expansions dominate Asian pastoral nomadic populations. *European Journal of Human Genetics* 23: 1413–22.

Ban Gu 班固. 1962. *Hanshu 漢書* [History of the Han Dynasty]. Beijing: Zhonghua shuju.

Barthold, V.V. 1962. *Four Studies on the History of Central Asia*. Vol. 3, *Mīr ‘Alī-Shīr. A History of the Turkman People* (trans. V. Minorsky & T. Minorsky). Leiden: E.J. Brill.

Berkman, C.C. & İ. Togan. 2009. The Asian contribution to the Turkish population with respect to the Balkans: Y-chromosome perspective. *Discrete Applied Mathematics* 157(10): 2341–8.

Bernshtam, A. 1962. On the origin of the Kirgiz people, in H.N. Michael (ed.), *Studies in Siberian Ethnogenesis*: 119–43. Toronto: University of Toronto Press.

- Bogácsi-Szabó, E., T. Kalmár, B. Csányi, et al. 2005. Mitochondrial DNA of ancient Cumanians: culturally Asian steppe nomadic immigrants with substantially more western Eurasian mitochondrial DNA lineages. *Human Biology* 77(5): 639–62.
- Bretschneider, E. 1876. *Notices of the Mediæval Geography and History of Central and Western Asia: Drawn from Chinese and Mongol writings and compared with the observations of western authors in the Middle Ages*. London: Trübner & Co.
- Brissenden, J.E., J.R. Kidd, B. Evsanaa, et al. 2015. Mongolians in the genetic landscape of Central Asia: exploring the genetic relations among Mongolians and other world populations. *Human Biology* 87(2): 73–91.
- Canby, S.R., D. Beyazit, M. Rugiadi & A.C.S. Peacock. 2016. *Court and Cosmos: The Great Age of the Seljuqs*. New York (NY): Metropolitan Museum of Art.
- Chiaroni, J., P.A. Underhill & L.L. Cavalli-Sforza. 2009. Y chromosome diversity, human expansion, drift, and cultural evolution. *PNAS* 106(48): 20174–9.
- Cinnioğlu, C., R. King, T. Kivisild, et al. 2004. Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Human Genetics* 114(2): 127–48.
- Comas, D., S. Plaza, R.S. Wells, et al. 2004. Admixture, migrations, and dispersals in Central Asia: evidence from maternal DNA lineages. *European Journal of Human Genetics* 12(6): 495–504.
- Crubézy, E., S. Amory, C. Keyser, et al. 2010. Human evolution in Siberia: from frozen bodies to ancient DNA. *BMC Evolutionary Biology* 10. doi: 10.1186/1471–2148–10–25.
- Csányi, B., E. Bogácsi-Szabó, G. Tömöry, et al. 2008. Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin. *Annals of Human Genetics* 72(4): 519–34.
- Cui, Y., L. Song, D. Wei, et al. 2015. Identification of kinship and occupant status in Mongolian noble burials of the Yuan dynasty through a multidisciplinary approach. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London, series B, Biological Sciences* 370(1660). doi: 10.1098/rstb.2013.0378.
- Derenko, M., B. Malyarchuk, G.A. Denisova, et al. 2006. Contrasting patterns of Y-chromosome variation in south Siberian populations from Baikal and Altai-Sayan regions. *Human Genetics* 118(5): 591–604.
- Derenko, M.V., B.A. Malyarchuk, M. Wozniak, et al. 2007. Distribution of the male lineages of Genghis Khan's descendants in northern Eurasian populations. *Russian Journal of Genetics* 43(3): 334–7.
- Derenko, M.V., T. Grzybowski, B.A. Malyarchuk, et al. 2003. Diversity of mitochondrial DNA lineages in south Siberia. *Annals of Human Genetics* 67: 391–411.
- Di Cristofaro, J., E. Pennarun, S. Mazières, et al. 2013. Afghan Hindu Kush: where Eurasian sub-continent gene flows converge. *PLoS One* 8(10): e76748.
- Drompp, M.R. 1999. Breaking the Orkhon tradition: Kirghiz adherence to the Yenisei Region after A.D. 840. *Journal of the American Oriental Society* 119(3): 390–403.
- Duan Chengshi 段成式. *You yang za zu 酉陽雜俎* [Miscellany of Youyang], chapter 4. <https://archive.org/stream/06047413.cn#page/n120/mode/2up> (accessed 14 July 2017).
- Dulik, M.C., L.P. Osipova & T.G. Schurr. 2011. Y-chromosome variation in Altaian Kazakhs reveals a common paternal gene pool for Kazakhs and the influence of Mongolian expansions. *PLoS One* 6(3): e17548.

Dulik, M.C., S.I. Zhadanov, L.P. Osipova, et al. 2012. Mitochondrial DNA and Y chromosome variation provides evidence for a recent common ancestry between Native Americans and Indigenous Altaians. *American Journal of Human Genetics* 90(3): 229–46.

Fang Xuanling 房玄齡. 1974. *Jinshu 晉書* [Book of the Jin Dynasty]. Beijing: Zhonghua shuju.

Fleischer, C.H. 1986. *Bureaucrat and Intellectual in the Ottoman Empire: The historian Mustafa Âli (1541–1600)*. Princeton (NJ): Princeton University Press.

Frye, R.N. 1949. A new Arabic geographical manuscript. *Journal of Near Eastern Studies* 8(2): 90–98.

Gökçümen, Ö. 2008. *Ethnohistorical and Genetic Survey of Four Central Anatolian Settlements*. PhD dissertation, University of Pennsylvania.

Golden, P.B. 1988. Cumanica II: The Ölberli (Ölperli): the fortunes and misfortunes of an Inner Asian nomadic clan. *Archivum Eurasiae Medii Aevi* 4: 5–29.

Golden, P.B. 1992. *An Introduction to the History of the Turkic Peoples: Ethnogenesis and state formation in Medieval and Early Modern Eurasia and the Middle East*. Wiesbaden: Otto Harrassowitz.

Golden, P.B. 2006. Some thoughts on the origins of the Turks and the shaping of the Turkic peoples, in V.H. Mair (ed.), *Contact and Exchange in the Ancient World*: 136–57. Honolulu (HI): University of Hawaii Press.

Grugni, V., V. Battaglia, B. Hooshiar Kashani, et al. 2012. Ancient migratory events in the Middle East: new clues from the Y-chromosome variation of modern Iranians. *PLoS One* 7(7): e41252.

Gubina, M.A., L.D. Damba, V.N. Babenko, et al. 2013. Haplotype diversity in mtDNA and Y-chromosome in populations of Altai–Sayan Region. *Russian Journal of Genetics* 49(3): 329–43.

Haber, M., D.E. Platt, M. Ashrafian Bonab, et al. 2012. Afghanistan's ethnic groups share a Y-chromosomal heritage structured by historical events. *PLoS One* 7(3): e34288.

Ḥāfiẓ Tanish Bukhārī. 1983. *Sharaf-nama-ii shakhi: Kniga shakhskey slavy* [The book of the Shah's glory] (ed. and trans. M.A. Salakhedinova). Moscow: Nauka.

Hammer, M.F. & S.L. Zegura. 2002. The human Y chromosome haplogroup tree: nomenclature and phylogeography of its major divisions. *Annual Review of Anthropology* 31(1): 303–21.

Han, E.B. 1975. *Şecere-i Terākime* [The genealogy of the Turkmens] Istanbul: Tercüman.

Hodoğlugil, U. & R.W. Mahley. 2012. Turkish population structure and genetic ancestry reveal relatedness among Eurasian populations. *Annals of Human Genetics* 76(2): 128–41.

Hollard, C., C. Keyser, P.H. Giscard, et al. 2014. Strong genetic admixture in the Altai at the Middle Bronze Age revealed by uniparental and ancestry informative markers. *Forensic Science International Genetics* 12: 199–207.

Jin, H.-J. K.-C. Kim & W. Kim. 2010. Genetic diversity of two haploid markers in the Udegey population from southeastern Siberia. *American Journal of Physical Anthropology* 142(2): 303–13.

Jobling, M.A. & C. Tyler-Smith. 2003. The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. *Nature Reviews Genetics* 4(8): 598–612.

Kai Kā'ūs ibn Iskandar. 1951a. *A Mirror for Princes: The 'Qābūs Nāma'* (trans. R. Levy). London: Cresset.

Kai Kā'ūs ibn Iskandar. 1951b. The Naṣīḥāt-nāma, Known as 'Qābūs-nāma', of Kai Kā'ūs b. Iskandar b. Qābūs b. Washmgīr [Qābūs-nāma] (ed. R. Levy). London: Luzac.

Kang, L., T. Jin, F. Wu, et al. 2013. Y chromosomes of ancient Hunnu people and its implication on the phylogeny of East Asian linguistic families. *Evolutionary and Population Genetics 2041F*. Available at: <http://www.ashg.org/2013meeting/abstracts/fulltext/f130120577.htm>.

Karafet, T.M., F.L. Mendez, M.B. Meilerman, et al. 2008. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome Research* 18: 830–38.

Katoh, T., B. Munkhbat, K. Tounai, et al. 2005. Genetic features of Mongolian ethnic groups revealed by Y-chromosomal analysis. *Gene* 346: 663–70.

Keyser, C., C. Bouakaze, E. Crubézy, et al. 2009. Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people. *Human Genetics* 126(3): 395–410.

Keyser-Tracqui, C., P. Blandin, F.X. Ricaut, et al. 2004. Does the Tat polymorphism originate in northern Mongolia? *International Congress Series* 1261: 325–7.

Keyser-Tracqui, C., E. Crubézy & B. Ludes. 2003. Nuclear and mitochondrial DNA analysis of a 2,000-year-old necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. *American Journal of Human Genetics* 73(2): 247–60.

Keyser-Tracqui, C., E. Crubézy, H. Pamzav, et al. 2006. Population origins in Mongolia: genetic structure analysis of ancient and modern DNA. *American Journal of Physical Anthropology* 131(2): 272–81.

Kharkov, V.N., K.V. Khamina, O.F. Medvedeva, et al. 2013. Gene pool structure of Tuvinians inferred from Y-chromosome marker data. *Genetika* 49(12): 1236–44.

Kharkov, V.N., K.V. Khamina, O.F. Medvedeva, et al. 2014. Gene pool of Buryats: clinal variability and territorial subdivision based on data of Y-chromosome markers. *Russian Journal of Genetics* 50(2): 180–90.

Kharkov, V.N., V.A. Stepanov, O.F. Medvedev, et al. 2008. The origin of Yakuts: analysis of the Y-chromosome haplotypes. *Molecular Biology* 42(2): 226–37. [In Russian].

Khusnutdinova, E.K., et al. 2008. Genetic landscape of Central Asia and Volga-Ural region, in N. Dobretsov, N. Kolchanov, A. Rozanov & G. Zavarzin (eds.), *Biosphere Origin and Evolution*: 373–81. New York (NY): Springer.

Kim, H-J. 2016. *The Huns*. Abingdon: Routledge.

Kim, K., C.H. Brenner, V.H. Mair, et al. 2010. A western Eurasian male is found in 2000-year-old elite Xiongnu cemetery in northeast Mongolia. *American Journal of Physical Anthropology* 142(3): 429–40.

Lappalainen, T., V. Laitinen, E. Salmela, et al. 2008. Migration waves to the Baltic Sea region. *Annals of Human Genetics* 72(3): 337–48.

Lee, J.Y. 2016. *Qazaqlıq, or Ambitious Brigandage, and the Formation of the Qazaqs: State and identity in post-Mongol central Eurasia*. Leiden: Brill.

Lee, K.-H. 2006. Hanminjog giwon mich idong-gyeonglo gyumyeong: Hangug-ingwa mong-gol-in-eseo godae haeg, mitokondeulia dienuē byeon-ie daehan bunjagyetong-hagjeog bunseog [Unravelling the origin and migration of the Koreans: molecular phylogenetic analysis of ancient nuclear and mitochondrial DNA variations among the Koreans and Mongolians]. Seoul: Guglib munhwajae yeonguso. [In Korean].

Li Yanshou 李延壽. 2003. *Beishi* 北史 [History of the northern dynasties]. Beijing: Zhonghua shuju.

- Li, C., H. Li, Y. Cui, et al. 2010. Evidence that a west–east admixed population lived in the Tarim Basin as early as the Early Bronze Age. *BMC Biology* 8:15. doi: 10.1186/1741-7007-8-15.
- Linghu Defen 令狐德芬. 2003. *Zhoushu* 周書 [Book of the Zhou]. Beijing: Zhonghua shuju.
- Liu Xu 劉昫. 2002. *Jiu Tangshu* 舊唐書 [Old book of the Tang Dynasty]. Beijing: Zhonghua shuju.
- Lobov, A.S. 2009. *Struktura genofonda subpopulyatsii Bashkir: Avtoreferat dissertatsii na soiskaniye uchenoy stepeni kandidata biologicheskikh nauk* [The structure of the gene pool of the Bashkir subpopulations: Abstract dissertation for the degree of candidate of biological sciences]. Ufa: Russian Academy of Sciences.
- Malyarchuk, B., M. Derenko, G. Denisova, et al. 2011. Ancient links between Siberians and Native Americans revealed by subtyping the Y-chromosome haplogroup Q1a. *Journal of Human Genetics* 56(8): 583–8.
- Martinez, A.P. 1982. Gardīzī's two chapters on the Turks. *Archivum Eurasiae Medii Aevi* 2: 109–218.
- Moriyasu, T., K. Suzuki, S. Saito, T. Tamura & Bai Yudong. 2009. Shineusu hibun yaku-chu [Šine-Usu inscription from the Uighur period in Mongolia: revised text, translation and commentaries]. *Nairiku Ajia gengo no kenkyu* [Studies on the Inner Asian Languages] 24: 1–92.
- Muṣṭafā ʿĀlī. 1860–68. *Künhü'l-aḥbār*. Istanbul: Takvimhane-i Amire.
- Nasidze, I., T. Sarkisian, A. Kerimov & M. Stoneking. 2003. Testing hypotheses of language replacement in the Caucasus: evidence from the Y-chromosome. *Human Genetics* 112(3): 255–61.
- Okada, H. 1987. Origins of the Dörben Oyirad. *Ural-Altaische Jahrbücher* (n.s.) 7: 181–211.
- Omeljan Pritsak, O. 1982. The Polovcians and Rus'. *Archivum Eurasiae Medii Aevi* 2: 321–80.
- Oppenheimer, S. 2012. Out-of-Africa, the peopling of continents and islands: tracing uniparental gene trees across the map. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London, series B, Biological Sciences* 367(1590): 770–84.
- Oshanin, L.V. 1964. *Anthropological Composition of the Population of Central Asia, and the Ethnogenesis of its Peoples* (trans. V.M. Maurin, ed. H. Field). Cambridge (MA): Peabody Museum of Archaeology.
- Ouyang Xiu 歐陽修. 1974. *Xin Wudaishi* 新五代史 [New history of the Five Dynasties]. Beijing: Zhonghua shuju.
- Ouyang Xiu 歐陽修 & Song Qi 宋祁. 2003. *Xin Tangshu* 新唐書 [New book of the Tang Dynasty]. Beijing: Zhonghua shuju.
- Pakendorf, B., I.N. Novgorodov, V.L. Osakovskij & M. Stoneking. 2007. Mating patterns amongst Siberian reindeer herders: inferences from mtDNA and Y-chromosomal analyses. *American Journal of Physical Anthropology* 133(3): 1013–27.
- Pakendorf, B., I.N. Novgorodov, V.L. Osakovskij, et al. 2006. Investigating the effects of prehistoric migrations in Siberia: genetic variation and the origins of Yakuts. *Human Genetics* 120(3): 334–53.
- Petkovski, E. 2006. *Polymorphismes ponctuels de séquence et identification génétique: Étude par spectrométrie de masse MALDI-TOF* [Sequence polymorphisms and genetic identification: Study by MALDI-TOF mass spectrometry]. PhD dissertation, Université Louis Pasteur.
- Rashīd al-Dīn Faḡlallāh Hamadānī. [1367] 1988. *Jāmi' al-tavārīkh* (ed. B. Karīmī). Tehran: Intishārāt-i Iqbāl.

Rashiduddin Fazlullah. 1998–99. *Jami'u't-tawarikh* (Compendium of Chronicles): A history of the Mongols (trans. W.M. Thackston). Cambridge (MA): Harvard University, Department of Near Eastern Languages and Civilizations.

Rogers, L.L. 2016. Understanding Ancient Human Population Genetics of the Eastern Eurasian Steppe Through Mitochondrial DNA Analysis: Central Mongolian Samples from the Neolithic, Bronze Age, Iron Age and Mongol Empire Periods. PhD dissertation, Indiana University.

Rootsi, S., C. Magri, T. Kivisild, et al. 2004. Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I reveals distinct domains of prehistoric gene flow in Europe. *American Journal of Human Genetics* 75(1): 128–37.

Sabitov, Z. 2013. Etnogenez kazakhov s tochki zreniya populyatsionnoy genetiki [The ethnogenesis of the Kazakhs from the perspective of population genetics]. *Russian Journal of Genetic Genealogy* 5(1): 29–47. [In Russian].

Sabitov, Z.M. & M.M. Akchurin. 2014. The Tatar progeny of the Golden Horde Mokhshi Ulus population. *Russian Journal of Genetic Genealogy* 6(1): 5–13.

Semino, O., C. Magri, G. Benuzzi, et al. 2004. Origin, diffusion, and differentiation of Y-chromosome haplogroups E and J: inferences on the Neolithization of Europe and later migratory events in the Mediterranean area. *American Journal of Human Genetics* 74(5): 1023–34.

Semino, O., G. Passarino, P.J. Oefner, et al. 2000. The genetic legacy of Paleolithic *Homo sapiens* in extant Europeans: a Y chromosome perspective. *Science* 290: 1155–9.

Sengupta, S., L.A. Zhivotovsky, R. King, et al. 2006. Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian pastoralists. *American Journal of Human Genetics* 78(2): 202–21.

Sharaf al-Zamān Ṭāhir Marvazī. 1942. Sharaf al-Zamān Ṭāhir Marvazī on China, the Turks and India: Arabic text (circa A.D. 1120) with an English translation and commentary by V. Minorsky. London: Royal Asiatic Society.

Shi, H., X. Qi, H. Zhong, et al. 2013. Genetic evidence of an East Asian origin and Paleolithic northward migration of Y-chromosome haplogroup N. *PLoS One* 8(6): e66102.

Shi, H., H. Zhong, Y. Peng, et al. 2008. Y chromosome evidence of earliest modern human settlement in East Asia and multiple origins of Tibetan and Japanese populations. *BMC Biology* 6:45. doi: 10.1186/1741-7007-6-45.

Shīr Muḥammad Mīrāb Mūnīs & Muḥammad Rīzā Mīrāb Āghāī. 1988. *Firdaws al-Iqbāl: History of Khorezm* (ed. Y. Bregel). Leiden: E.J. Brill.

Shīr Muḥammad Mīrāb Mūnīs & Muḥammad Rīzā Mīrāb Āghāī. 1999. *Firdaws al-iqbāl: History of Khorezm* (trans. Y. Bregel). (Islamic History and Civilization 28.) Leiden: Brill.

Silay, K. (ed.). 1966. *An Anthology of Turkish Literature*. Bloomington (IN): Indiana University Press.

Sima Qian 司馬遷. 2003. *Shiji* 史記 [Records of the Scribe]. Beijing: Zhonghua shuju.

Sinor, D. 1982. The legendary origin of the Türks, in E.V. Zygaz & P. Voorheis (eds.), *Folklorica: Festschrift for Felix J. Oinas*: 223–57. (Indiana University Uralic and Altaic Series 141.) Bloomington (IN) Indiana University Press.

Sinor, D. 1985. Some components of the civilization of the Türks (6th to 8th century A.D.), in G. Jarring & S. Rosén (eds.), *Altaistic Studies. Papers Presented at the 25th Meeting of the Permanent International Altaistic Conference at Uppsala June 7–11, 1982*: 145–9. Stockholm: Almqvist & Wiksell.

- Skhalyakho, R.A., M. Zhabagin, Y.M. Yusupov & E. Balanovska. 2016. Genofond turkmen karakalpakstana v kontekste populyatsiy tsentralnoy azii (polimorfizm y-khromosomy) [Gene pool of Turkmen from Karakalpakstan in their Central Asian context (Y-chromosome polymorphism)]. *Antropologiya* 3: 86–96.
- Song Lian 宋濂. 2005. Yuanshi 元史 [History of the Yuan Dynasty]. Beijing: Zhonghua shuju.
- Ṭabarī. 1987. The History of al-Ṭabarī, vol. 2: Prophets and Patriarchs (trans. W.M. Brinner). Albany (NY): SUNY Press.
- Tambets, K., S. Rootsi, T. Kivisild, et al. 2004. The western and eastern roots of the Saami—the story of genetic ‘outliers’ told by mitochondrial DNA and Y chromosomes. *American Journal of Human Genetics* 74(4): 661–82.
- Tarlykov, P.V., E.B. Zholdybayeva, A.R. Akilzhanova, et al. 2013. Mitochondrial and Y-chromosomal profile of the Kazakh population from east Kazakhstan. *Croatian Medical Journal* 54(1): 17–24.
- Tekin, T. 1983. The Tariat (Terkhin) inscription. *Acta Orientalia Academiae Scientiarum Hungaricae* 37(1): 43–68.
- Tokarev, S.A. 1962. On the origin of the Buryat nation, in H.N. Michael (ed.), *Studies in Siberian Ethnogenesis*: 102–18. Toronto: University of Toronto Press.
- Trofimova, N.V., S.S. Litvinov, R.I. Khusainova, et al. 2015. Genetic characterization of populations of the Volga-Ural region according to the variability of the Y-chromosome. *Russian Journal of Genetics* 51(1): 108–115.
- Underhill, P.A., G. David Poznik, Siiri Rootsi, et al. 2014. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. *European Journal of Human Genetics* 23(1): 124–31.
- Underhill, P.A. & T. Kivisild. 2007. Use of Y chromosome and mitochondrial DNA population structure in tracing human migrations. *Annual Review of Anthropology* 41: 539–64.
- Underhill, P.A., G. Passarino, A.A. Lin, et al. 2001. The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations. *Annals of Human Genetics* 65(1): 43–62.
- Vámbéry, A. 1865. *Travels in Central Asia: Being the Account of a Journey from Teheran across the Turkoman Desert on the Eastern Shore of the Caspian to Khiva, Bokhara, and Samarcand Performed in the Year 1863*. New York (NY): Harper & Brothers.
- Vovin, A. 2000. Did the Xiong-nu speak a Yeniseian language? *Central Asiatic Journal* 44(1): 87–104.
- Wei Shou. 2003. 魏收, Weishu 魏書 [Book of the Wei Dynasty]. Beijing: Zhonghua shuju.
- Wei Zheng 魏徵. 2008. Suishu 隋書 [Book of the Sui Dynasty]. Beijing: Zhonghua shuju.
- Wells, R.S., N. Yuldasheva, R. Ruzibakiev, et al. 2001. The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. *PNAS* 98(18): 10244–9.
- Williams, B.G. 2001. The ethnogenesis of the Crimean Tatars: an historical reinterpretation. *Journal of the Royal Asiatic Society* 11(3): 329–48.
- Xu, Dan & Shaoqing Wen. 2017. The Silk Road: Language and population admixture and replacement, in Dan Xu & Hui Li (eds.), *Languages and Genes in Northwestern China and Adjacent Regions*: 55–78. Singapore: Springer.
- Xu Qianxue 徐乾學. (N.D.) Zizhi tongjian houbian 資治通鑑後編, chapter 141. http://skqs.guoxuedashi.com/wen_562r/11559.html (accessed 14 July 2017).

- Xue, Y., T. Zerjal, W. Bao, et al. 2005. Male demography in East Asia: a north–south contrast in human population expansion times. *Genetics* 172(4): 2431–9.
- Y Chromosome Consortium. 2002. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups. *Genome Research* 12(2): 339–48.
- Yu Ji. 1965. Gaochang wang shi xun bei 高昌王世勳碑 [The monumental inscription of the king of Gaochang], in Su Tianjue 蘇天爵 (ed.), *Guo chao wen lei 國朝文類* vol. 2: 259–70. Taipei: Taiwan shang wu yin shu guan.
- Yunusbayev, B., M. Metspalu, E. Metspalu, et al. 2015. The genetic legacy of the expansion of Turkic-speaking nomads across Eurasia. *PLoS Genetics* 11(4): e1005068.
- Zakharov, I.A., M.V. Derenko, B.A. Mallarchuk, et al. 2004. Mitochondrial DNA variation in the aboriginal populations of the Altai-Baikal region: implications for the genetic history of north Asia and America. *Annals of the New York Academy of Sciences* 1011: 21–35.
- Zerjal, T., R.S. Wells, N. Yuldasheva, R. Ruzibakiev & C. Tyler-Smith. 2002. A genetic landscape reshaped by recent events: Y-chromosomal insights into Central Asia. *American Journal of Human Genetics* 71: 466–82.
- Zerjal, T., Y. Xue, G. Bertorelle, et al. 2003. The genetic legacy of the Mongols. *American Journal of Human Genetics* 72(3): 717–21.
- Zhabagin, Maxat, Elena Balanovska, Zhaxylyk Sabitov, et al. 2017. The connection of the genetic, cultural and geographic landscapes of Transoxiana. *Scientific Reports* 7(3085): 1–11.
- Zhao, Y.B., H.J. Li, D.W. Cai, et al. 2010. Ancient DNA from nomads in 2500-year-old archeological sites of Pengyang, China. *Journal of Human Genetics* 55(4): 215–18.
- Zhong, H., H. Shi, X.B. Qi, et al. 2010. Global distribution of Y-chromosome haplogroup C reveals the prehistoric migration routes of African exodus and early settlement in East Asia. *Journal of Human Genetics* 55(7): 428–35.
- Zhou, R., D. Yang, H. Zhang, et al. 2008. Origin and evolution of two Yugur sub-clans in northwest China: a case study in paternal genetic landscape. *Annals of Human Biology* 35(2): 198–211.

1. A Comparative Analysis of chinese Historical Sources and Y-DNA Studies with Regards to the Early and Medieval Turkic Peoples. Joo-Yup Lee and Shuntu Kuang. 2017.

https://brill.com/view/journals/inas/19/2/article-p197_197.xml

https://www.researchgate.net/publication/320552611_A_Comparative_Analysis_of_Chinese_Historical_Sources_and_y-dna_Studies_with_Regard_to_the_Early_and_Medieval_Turkic_Peoples