

ОБЗОР ДАННЫХ ИСКОПАЕМОЙ ДНК: ГАПЛОКАРТЫ G И I

И.Л. Рожанский

Академия ДНК-генеалогии

Россия, 127591, г. Москва, ул. Дубнинская, дом 26, корпус 1

e-mail: info@dna-academy.ru

Scopus Author ID: 6602811767

Researcher ID: M-8875-2018

<http://orcid.org/0000-0002-7571-7626>

SPIN-код: 9823-3659

АВТОРСКОЕ РЕЗЮМЕ

Был собран и систематизирован материал по ископаемым образцам из Y-гаплогрупп G и I, опубликованный в научных работах с 2012 по май 2022 года. Данные по более чем 1000 образцам размещены на интерактивных картах на платформе Google Maps (<https://www.google.com/maps/d/edit?mid=13zk0SwvZkHX0PDNd0Mjb6LuY0JruOVWU&usp=sharing> и <https://www.google.com/maps/d/edit?mid=10F0IJexAbSiTwS2m6e6--SDnwSn689LX&usp=sharing>). Согласно полученным результатам, ископаемые образцы ДНК из гаплогруппы I могут рассматриваться как важный источник по истории Европы от палеолита до периода бронзы, когда ее представители доминировали среди коренного населения. Его взаимодействие с переселившимися из Малой Азии носителями гаплогруппы G предопределило ход неолитической революции в Европе. В частности, кризис сообществ раннего неолита в начале IV тысячелетия до н.э., известный как гибель Старой Европы, сопровождался усилением и численным ростом ветвей из гаплогруппы I.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: ископаемая ДНК, Y-гаплогруппа G, Y-гаплогруппа I, интерактивная карта, история Европы, Старая Европа.

A REVIEW OF ANCIENT DNA DATA: HAPLOMAP OF G AND I

Igor Rozhanskii

Academy of DNA Genealogy

Russia, 127591, Moscow, st Dubninskaya, house 26, building 1

e-mail: info@dna-academy.ru

ABSTRACT

Data on ancient DNA samples from Y-chromosomal haplogroups G and I have been collected and arranged. They are taken from scientific sources published from 2012 to May 2022. More than 1000 samples have been placed onto interactive maps on the Google Maps platform (<https://www.google.com/maps/d/edit?mid=13zk0SwvZkHX0PDNd0Mjb6LuY0JruOVWU&usp=sharing> and <https://www.google.com/maps/d/edit?mid=10F0IJexAbSiTwS2m6e6--SDnwSn689LX&usp=sharing>). The current results on ancient DNA samples from I haplogroup can be considered as an important source on the European history since Paleolithic time until Bronze Age when its bearers dominated among the population of Europe. Its interaction with bearers of the haplogroup G, who migrated from Asia Minor, had a major impact in the process of Neolithic Revolution in Europe. In particular, a crisis of the Early Neolithic societies in the beginning of the 4th millennium BC (commonly known as the End of the Old Europe) has been accompanied by the 'resurgence' and numerical growth of people from the haplogroup I.

KEYWORDS: ancient DNA, Y-chromosomal haplogroup G, Y-chromosomal haplogroup I, interactive map, history of Europe, Old Europe.

ВВЕДЕНИЕ

Настоящая статья является продолжением серии обзоров по ископаемой Y-ДНК, начатой в 2017 году и продолженной спустя 4 года (Рожанский 2017; 2021). Предыдущий обзор был посвящен гаплогруппе R1b, по которой имеется самый большой массив данных – более 1000 образцов, охарактеризованных с помощью современных методов палеогенетики. При анализе данных удалось получить сведения по истории Европы и Центральной Азии, которые были ранее недоступны

для исследователей, либо являлись предметом дискуссий и спекуляций. В частности, появились прямые подтверждения, что смена археологических культур Европы эпохи ранней бронзы (4500-4200 лет назад) сопровождалась резкими изменениями в демографии и быстрым ростом популяций, в которых доминировали носители гаплогруппы R1b.

Анализ демографической истории Европы был бы неполон без данных о линиях, которые уступили свое ведущее положение ветвям из гаплогруппы R1b.

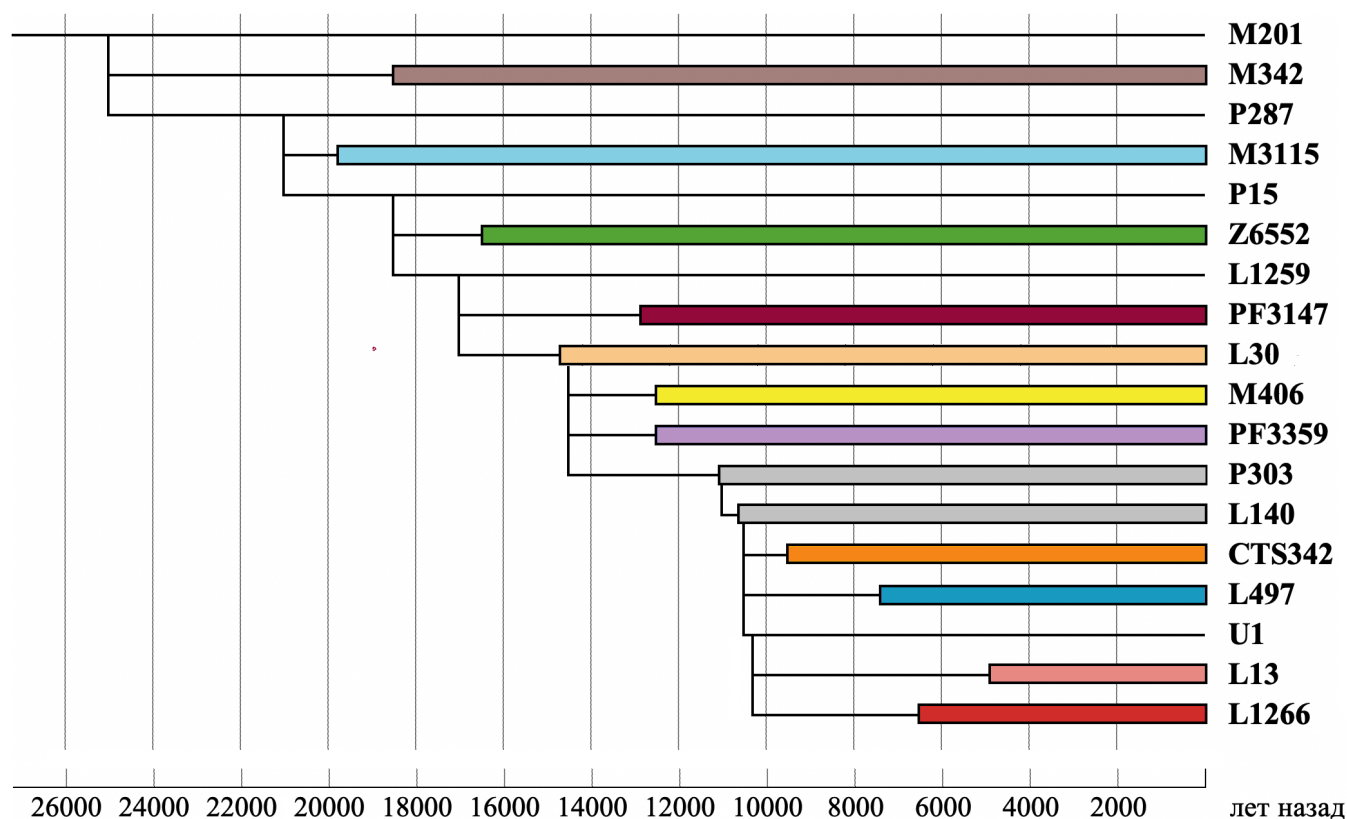


Рис. 1. Упрощенное древо гаплогруппы G, с указанием основных субкладов, датировок ветвления и времен жизни предков современных представителей ветвей (длина цветных прямоугольников)

По данным палеогенетики, население Старой Европы (в определении М. Гимбутас) составляли в основном носители гаплогрупп G-M201 и I-M170. Данные по находкам образцов из этих гаплогрупп в археологических памятниках должны представлять большую ценность для реконструкции древней истории Европы. С их помощью появляется возможность проверить гипотезы о древних европейских миграциях независимыми методами. В частности, это касается процесса неолитизации Европы, о движущих силах которого нет связного представления. В предыдущем обзоре анализировались данные только по гаплогруппе R1b. Следуя тому же принципу, анализ данных по гаплогруппам G и I можно провести отдельно, но в данном случае более наглядная картина получается, если сделать это параллельно, двигаясь от эпохи к эпохе. О достоинствах и возможных недостатках такого подхода пусть судят читатели.

ПОСТАНОВКА ЗАДАЧИ И РЕЗУЛЬТАТЫ

Также как в предыдущем обзоре, собранные автором сведения из оригинальных работ размещены на интерактивных картах, где каждый образец помещен в место его находки, а информация по нему открывается в виде всплывающего окна при нажатии на символ. Постоянно обновляющиеся гаплогруппы на платформе GoogleMaps можно найти по следующим ссылкам:

G-M201 <https://www.google.com/maps/d/edit?mid=13zk0SwvZkHX0PDNDomMjb6LuY0JruOVWU&usp=sharing>

I-M170 <https://www.google.com/maps/d/edit?mid=1OF0IJexAbSiTWS2m6e6--SDnwSn689LX&usp=sharing>

Каждый образец подписан его обозначением в оригинальной публикации, а также снабжен (если доступно) кодом в музейных каталогах, статьях археологов и т.п. Нотация Y-гаплогрупп, во избежание двусмысленности, приведена в соответствии с нотацией YFull v10.03.00 (<https://www.yfull.com/tree/>). Это дает возможности при необходимости быстро найти положение образца на YTree, пользуясь опцией поиска на портале YFull. Нотация митохондриальных гаплогрупп оставлена такой же, как в оригинальных работах. Если доступно, во всплывающем окне также дается т.н. покрытие (coverage) – среднее число прочтений полного генома образца. Его величина дает представление о степени сохранности ДНК и надежности определения снипов. При тестировании современных образцов ДНК стандартом считается покрытие от 10 до 30, что позволяет, как правило, получить исчерпывающую информацию о позиции на древе гаплогрупп Y-ДНК. Если оно меньше, то появляется неопределенность, нарастающая по мере убывания величины. По этой причине данные, полученные на покрытии менее 1, как правило, неоднозначны, а выводы, полученные из анализа, могут различаться у разных исследователей. Для большинства образцов с низким покрытием удастся углубиться только на уровень самых поверхностных субкладов, что следует учитывать при работе с картой. В обозначениях датировок аббревиатура «cal» означает, что дата

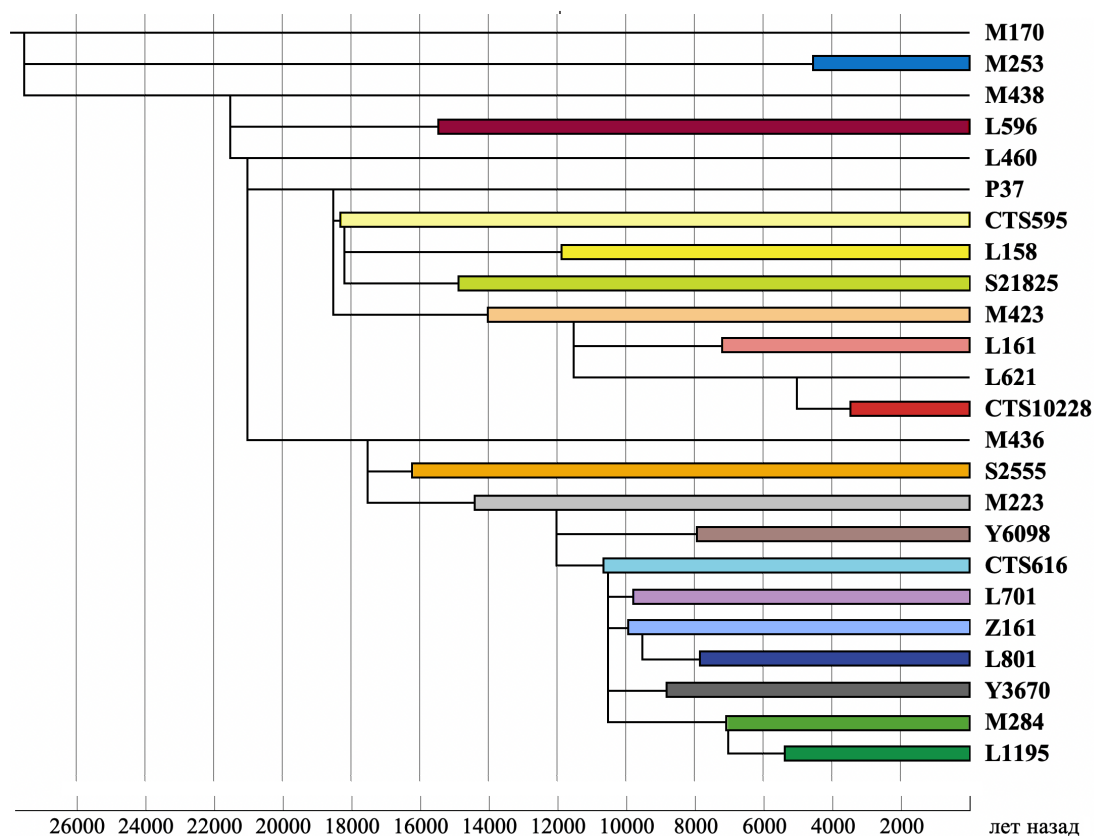


Рис. 2. Упрощенное древо гаплогруппы I, с указанием основных субкладов, датировок ветвления и времен жизни предков современных представителей ветвей (длина цветных прямоугольников)

была получена при радиоуглеродном анализе материала из того же образца и откалибрована по общепринятой методике. Доверительный интервал дается для 95 % вероятности. Если пометка «cal» отсутствует, то датировка было получена по косвенным данным: археологическому контексту, близкому родству с образцами, датировки которых известны, и т.д. При заполнении графы «археологический контекст» приоритет отдавался данным из оригинальных работ. Если они отсутствовали или были неоднозначными, привлекались материалы из работ археологов по соответствующей тематике. Названия мест находок и их координаты взяты из оригинальных статей. Если данных по координатам не было или они были заведомо неточными, их поиск автор проводил самостоятельно, используя все доступные материалы. Каждый образец снабжен ссылкой на публикацию, где он описан. Их список можно найти в конце статьи. В оригинальных работах можно, при необходимости, найти другие характеристики образцов, что были опущены в таблицах во избежание излишней перегруженности.

При пользовании картой следует иметь в виду, что образцы, взятые из одного и того же места, накладываются один на другой, а потому виден только последний из списка. Чтобы получить информацию по каждому, следует воспользоваться легендой к карте, где они выписаны по отдельности. Автор сознательно не стал их искусственно разносить, чтобы не исказить фактическое географическое положение того или иного археологического сайта. Для удобства работы с кар-

той, образцы разных эпох обозначены разными символами: каменный век и энеолит – кружками, бронзовый век – ромбами, железный век – квадратами. Цвет символа соответствует принадлежности к субкладу той или иной гаплогруппы, согласно приведенным ниже схемам ветвления (рис. 1 и 2). Если ни один из обозначенных на схеме субкладов не удается определить, символ не закрашен.

Также как в предыдущем обзоре по гаплогруппе R1b, в список источников вошли работы, в которых анализ ДНК проводили по технологии NGS (Next Generation Sequencing), а сырые данные по секвенированию образцов были размещены в открытом генетическом банке данных (<https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home>). Эти публикации датируются 2012 годом и позднее. Данные из более ранних работ на карту не нанесены как недостаточно информативные. Для дальнейшего уточнения привлекались материалы с порталов YFull (<https://www.yfull.com/tree/>) и Indo-European (<https://indo-european.eu/ancient-dna/>), на которых размещены результаты независимого анализа генетических данных для части опубликованных образцов.

По состоянию на конец мая 2022 года на интерактивной карте гаплогруппы G размещено 346 образцов, гаплогруппы I - 739 образцов. Они распределены по 6 слоям по хронологическому принципу. По тому же принципу построен обзор данных, который ориентирован на ключевые моменты по каждой из рассматриваемых эпох.

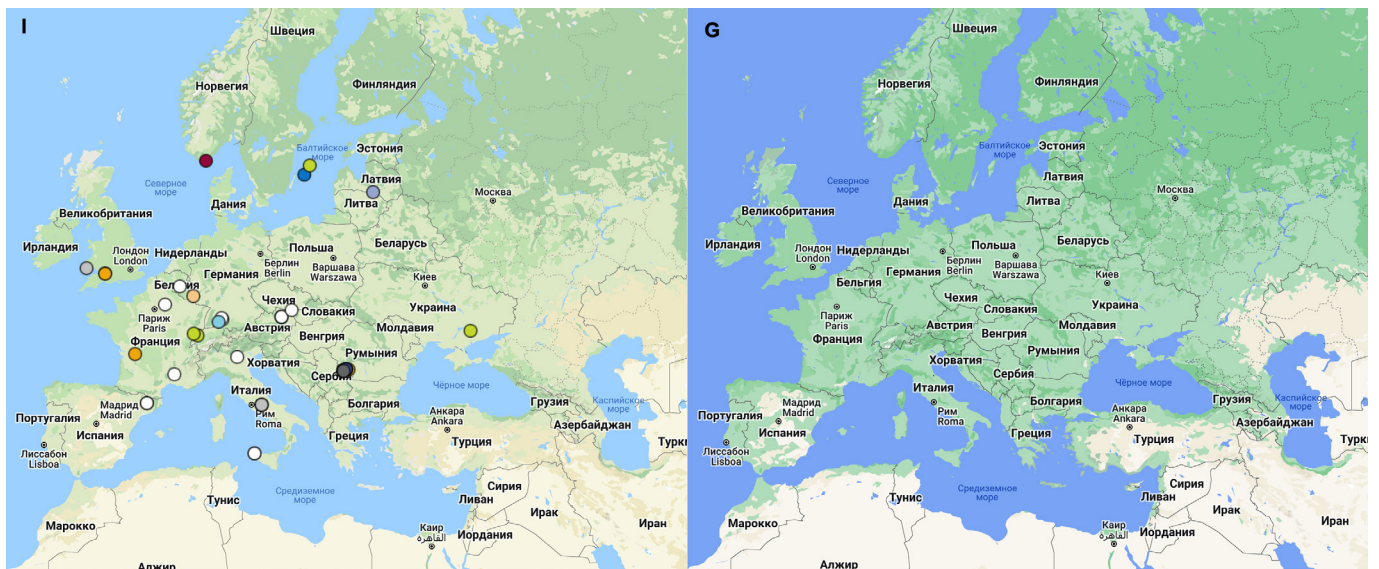


Рис. 3. Снимки экрана для слоев с образцами палеолита и мезолита от 18.06.2022

СЛОЙ № 1. ПАЛЕОЛИТ И МЕЗОЛИТ

В слой включено 44 образца с датировками от 31000 до 8000 лет назад, все из гаплогруппы I. Образцы из гаплогруппы G времен палеолита и мезолита пока отсутствуют в базах данных, что вызвано, прежде всего, недостаточной изученностью Передней Азии. Найдено всего несколько образцов ископаемой ДНК из Грузии, Турции, Ирана и Израиля, что датируются ранее, чем 10000 лет назад. Они из гаплогрупп С, Е и J. В более изученной Европе столь ранние образцы из гаплогруппы G также пока не обнаружены. Очевидно, находки из гаплогруппы G времен палеолита – дело будущего.

Что касается гаплогруппы I, то имеющиеся на сегодняшний день данные говорят об ее глубоких европейских корнях. Ее носителей обнаружили в образцах из Австрии и Чехии со стоянок граветтской культуры верхнего палеолита. Они датируются 31000-29000 годами назад, что ранее, чем время разделения гаплогрупп I1-M253 и I2-M438 (30000-25000 лет назад, по расчетам YFull). В согласии с датировкой, ни у одного из этих образцов не обнаружены сипы, характеризующие гаплогруппы I1 и I2. Они из «нерасчлененной» гаплогруппы I, в которой до сих пор не обнаружено ни одного современного носителя. Та же родительская ветвь гаплогруппы I определена у более поздних образцов из палеолитической культуры Мадлен (16000-14000 лет назад) с территории Германии и Бельгии, но степень сохранности ДНК не позволяет это надежно подтвердить.

Образцы приемлемого качества эпохи мезолита распределены по разным субкладам, что существует по сей день. Из-за недостаточной статистики сложно делать выводы о деталях в их географическом распространении. Например, в захоронениях у Железных Ворот на Дунае определили 6 субкладов из тех, что отмечены на рис. 2, но неизвестно, были те люди из одного племени или из разных. Можно также отметить, что пока в этом слое несколько чаще встречаются образцы из субкладов I2a-S21825 и I2a-S2555, что ныне являются одними из самых редких в гаплогруппе I. К последнему, в частности, принадлежит человек из Чеддера, живший

10565-9916 лет назад. От него получен самый ранний образец Y-ДНК с Британских островов (Brace et al. 2019).

СЛОЙ № 2. НЕОЛИТ

В слой входит 132 образца из гаплогруппы G и 111 образцов из гаплогруппы I с датировками от 9300 до 6000 лет назад. Определение слоя как «неолитического» несколько условно, потому что в разных регионах в этот интервал времен попадают также археологические культуры, которые принято относить к мезолиту (в частности, на севере Европы) и энеолиту (Передняя Азия). В данном случае, представляется более важным следовать датировкам, а не определениям археологов, которые могут меняться.

В данном слое число образцов из гаплогруппы G превышает их число из гаплогруппы I. Произошло это благодаря исследованиям палеогенетиков, посвященных культурам раннего неолита Европы: Старчево-Криж, Винча и линейно-ленточной керамики (Lipson et al. 2017; Mathieson et al. 2018). Выяснилось, что гаплогруппа G была основной среди людей, принадлежавших к этим культурам, с которыми связывают появление в Европе технологий неолита и производящего уклада хозяйства. Для образцов приемлемого качества установлены субклады G2a-PF3147, G2a-PF3359 и G2a-P303, общий предок которых жил около 17 тысяч лет назад, задолго до прихода людей из гаплогруппы G в Европу. Исследования по образцам на юго-востоке Турции позволили выяснить, где жили носители тех трех субкладов до переселения в Европу. Это хорошо известно археологам городище Чатал-Хююк и окружающие его более мелкие поселения (Kilincer et al. 2016; Yaka et al. 2021). Эти находки следует считать прямым доказательством считавшегося долгое время спорным тезиса о Чатал-Хююке как прародине европейского неолита. За многие века жизни на ограниченном пространстве люди их этих трех ветвей полностью перемешались, а их потомки пересекли Босфор уже будучи перемешанными. То же самое наблюдается в неолитических захоронениях из Централь-

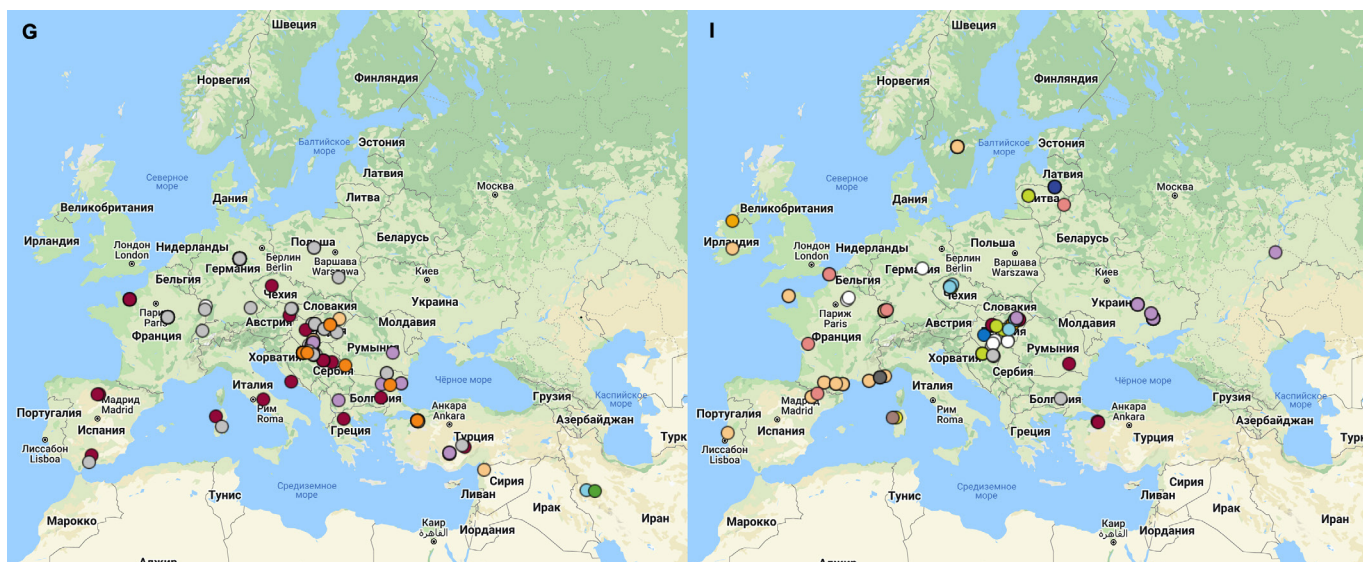


Рис. 4. Снимки экрана для слоев с образцами неолита от 18.06.2022

ной Европы – образцы из разных субкладов встречаются порой в пределах одной семейной группы.

На основании расчетов по полному геному людей из культур раннего неолита Европы и Малой Азии их объединили в один кластер, получивший название «анатолийские фермеры» (AF). Из расчета также сделали вывод об отсутствии сколько-нибудь значимого смешивания пришедших из Малой Азии земледельцев с коренным населением Балкан. Однако, это не так, если сопоставлять статистику по Y-ДНК. На 62 образца из культур раннего неолита Юго-Восточной Европы из гаплогруппы G приходится 30 образцов гаплогруппы I из тех же самых захоронений. У них определены те же субклады, что у жителей Балкан предшествующей эпохи мезолита. Следовательно, смешение было, и достаточно заметное, особенно по мужской линии. Почему его не зафиксировали расчеты по полным геномам, вопрос следует адресовать составителям алгоритмов.

За пределами Малой Азии и Восточной Европы образцы из той же триады субкладов гаплогруппы G найдены в Западном Средиземноморье, Германии и Франции, также в захоронениях местных неолитических культур. Здесь их доля сопоставима с долей гаплогруппы I, а это означает, что неолитическая революция в Европе происходила не только за счет миграции из Малой Азии, но и путем освоения новых навыков местным населением. По мере удаления от Балкан второй путь становился все более весомым.

Помимо «неолитической триады» G2a-PF3147, G2a-PF3359, G2a-P303, в слое присутствуют образцы из Ирана, что принадлежат к линиям, не обнаруженным в Европе той эпохи. Это ныне очень редкая ветвь G2b-M3115 и субклад G2a-Z6552, что в настоящее время характерен для народов Кавказа. По имеющимся на сегодняшний день единичным образцам невозможно оценить, где и в каком количестве жили носители этих ветвей в ту эпоху.

Гаплогруппа G отсутствует среди образцов из Ирландии, Швеции и Латвии, на территории которых тогда жили племена охотников-собираателей. Для них ха-

рактерна гаплогруппа I, что представлена разными, далеко разошедшимися субкладами. Можно отметить, что среди них пока отсутствует гаплогруппа I1-M253, что в настоящее время является одной из самых больших по численности в Северной Европе. Днепродонецкую культуру охотников, рыболовов и собирателей, что представлена в слое образцами с Украины, принято относить к неолиту. Среди людей, похороненных у днепровских порогов, отмечен только один субклад гаплогруппы I, а именно I2a-M223>L701, рост которого начался примерно за 2-2,5 тысячелетия до времени жизни тех людей (Mathieson et al. 2018). По имеющимся данным это была основная линия племен, живших на Среднем Днепре, но образцы из субклада L701 встречаются также в других местах, от Дуная до Хвалынского в Саратовской области (Anthony et al. 2022). Что стало движущей силой преимущественного роста и столь широкой географии сравнительно молодой в то время линии, еще предстоит выяснить.

СЛОЙ № 3. ЭНЕОЛИТ

Слой насчитывает 98 образцов из гаплогруппы G и 280 – из гаплогруппы I, с датировками от 6000 до 4500 лет назад. Как и с предыдущим слоем, определение «энеолит» здесь несколько условно, потому что в литературе принято относить культуры Северной Европы той эпохи к среднему и позднему неолиту. В данной ситуации приоритет отдавался не терминологии, а хронологии, что дает более объективную картину.

Распределение образцов из гаплогруппы G в Европе совпадает с тем, что было в предыдущую эпоху, но их доля относительно линий аборигенов из гаплогруппы I неуклонно снижается. Например, на территории Испании и Португалии соотношение образцов эпохи энеолита из гаплогрупп G и I составляет 17 к 65. В Центральной Европе, в ареале более ранней культуры линейно-ленточной керамики, гаплогруппа I также преобладает, но еще остаются анклав, где линии гаплогруппы G из «неолитической триады» по-прежнему имеют перевес. Это захоронения трипольской культуры из пеще-

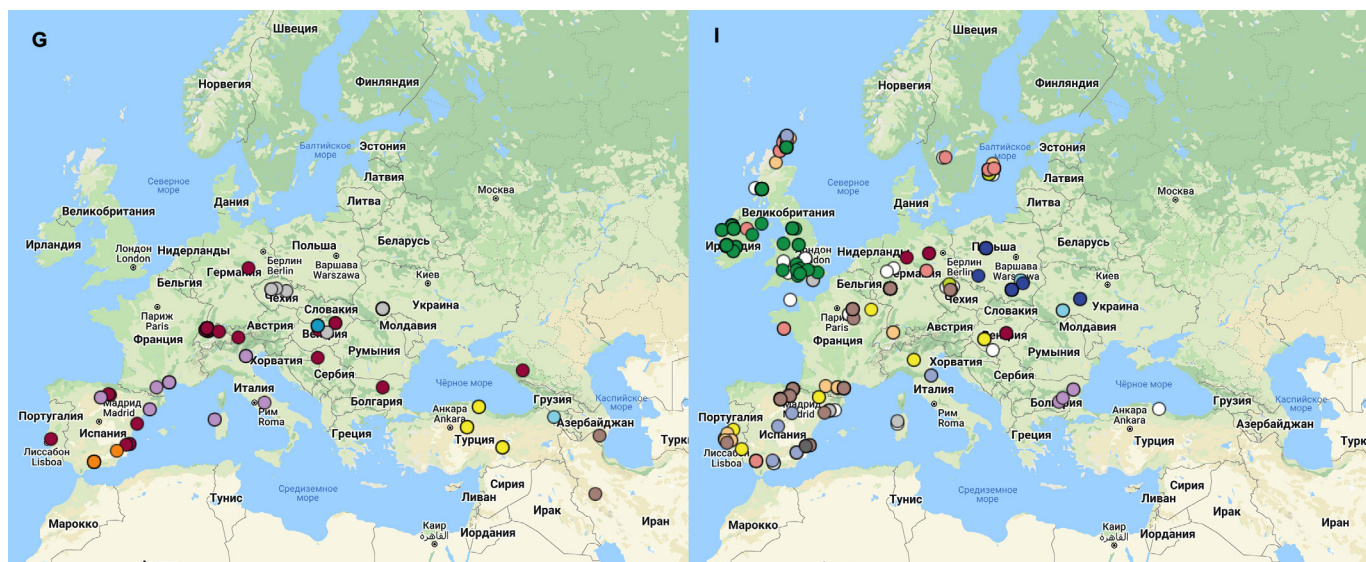


Рис. 5. Снимки экрана для слоев с образцами энеолита от 18.06.2022

ры Вертеба на Украине (Gelabert et al. 2022) и культуры Хорген в Швейцарии (Furtwängler et al. 2020). Субклад G2a-PF3147 определили у самого изученного, наверное, представителя той эпохи – «ледяного человека» Этци с итальянско-австрийской границы в Альпах (Keller et al. 2012). Результат теста был опубликован в 2012 году и стал сенсацией, потому что историки и археологи меньше всего ожидали, что древний европеец окажется из линии, что в современной Европе встречается крайне редко. Последующие находки подтвердили, что это не было случайностью.

Есть основания считать, что замена линий анатолийского происхождения на европейские далеко не всегда проходила мирно. Археологи отмечают многочисленные следы разрушений и пожаров в селениях на Балканах между 6000 и 5700 годами назад, а также заметный регресс в технологии (Anthony 2007: 225-230). В работах М. Гимбутас этот период получил образное название «Гибель Старой Европы». В расчетах по полному геному тот же период характеризуется как «возрождение наследия охотников-собирателей» ('resurgence' of hunter-gatherer ancestry) (Haak et al. 2015; Mathieson et al. 2018). Очевидно, все эти методы описывают одну и ту же цепь событий, детали которых пока неясны. Согласно гипотезе М. Гимбутас и ее последователей, они были вызваны вторжением степных племен, носителей индоевропейских языков. Однако это не подтверждают данные по ископаемой Y-ДНК на существующем уровне статистики – замещение происходило за счет местных, а не пришлых линий.

В то время, как в Европе продолжалась история тех же ветвей гаплогруппы G, что появились там ранее, в Передней Азии обнаруживают другие, не найденные до того субклады G1-M342 и G2a-M406 (Lazaridis et al. 2016; Skourtanioti et al. 2020). В настоящее время их носители живут в тех же местах (Турция, Иран, Азербайджан и другие страны Передней и Средней Азии), в Европе встречаются очень редко, преимущественно среди евреев-ашкенази. Очевидно, во времена раннего неолита их носители жили в стороне от мест, из которых шла

миграция в Европу. Где именно, пока неизвестно в силу слабой изученности региона, в сравнении с Европой.

В археологических культурах Северной и Восточной Европы той эпохи образцы гаплогруппы G пока не найдены, а доминирует гаплогруппа I. Значительный перевес в статистике над гаплогруппой G в данном слое вызван, в первую очередь, детальными исследованиями по Британским Островам, что дали в сумме 92 образца из 280. В свою очередь, 47 из 92 британских и ирландских образцов (почти половина) приходится на ветвь I2a-M223>M284>L1195, рост которой начался 6300-4800 лет назад, уже после появления носителей неолитических культур на Островах. В силу обстоятельств эта молодая на тот момент линия оказалась демографически наиболее успешной. В настоящее время среди ее носителей встречаются почти исключительно уроженцы Британских Островов и их потомки в Новом Свете, но их доля многократно уступает той, что была во времена строительства Стоунхенджа.

Среди других линий гаплогруппы I, что характеризуют те или иные археологические культуры, можно отметить субклад I2a-M223>Z161>L801. Он оказался основной линией среди людей из культуры шаровидных амфор. Образцы поступили из 5 разных захоронений с территории Польши и Украины, что делает маловероятным случайный статистический выброс. Культуру шаровидных амфор ранее считали одной из предшественниц культуры шнуровой керамики (боевых топоров), но данные палеогенетики ставят под сомнение такую трактовку.

СЛОЙ № 4. БРОНЗОВЫЙ ВЕК

Слой по своей численности заметно уступает предыдущим. В него включено 39 образцов из гаплогруппы G и 108 – из гаплогруппы I, с датировками от 4500 до 2800 лет назад. О причинах столь явной убыли можно прочесть в предыдущем обзоре по гаплогруппе R1b (Рожанский 2021). Это следствие общего демографического кризиса в Европе в конце III тысячелетия до н.э., после



Рис. 6. Снимки экрана для слоев с образцами бронзового века от 18.06.2022

которого на западе Европы стал доминировать субклад R1b-L51, а на востоке – R1a-Z283.

Немногочисленные образцы гаплогруппы G из Центральной Европы принадлежат в основном к субкладу G2a-PG3147, что в эпоху неолита был основной линией региона. Тот же субклад отмечен в эпоху бронзы за пределами Европы – в Сирии (город Эбла) и Узбекистане (городище Саппали-тепе из бактрийско-маргианского археологического комплекса). Число образцов из Передней Азии и Леванта, как и в Европе, сильно уступает тому, что было в более ранние эпохи. Здесь преобладает гаплогруппа J, но о реальном соотношении гаплогрупп в регионе судить сложно из-за весьма скудной статистики.

Гаплогруппа I пережила кризис менее болезненно. Принадлежащие ей образцы находят в качестве минорных линий в захоронениях культур шнуровой керамики, колоколовидных кубков и особенно унетичкой, что пришла им на смену в Центральной Европе. Половину от погибших в битве времен поздней бронзы у реки Толлензе на севере Германии составляют люди из субклада I2a-M223>Y3670 (Burger et al. 2020). Вероятно, это была одна из основных линий племени, потерпевшего поражение в сражении с неизвестным пока противником. Доминировавший в днепро-донецкой неолитической культуре субклад I2a-M223>L701 продолжил свой путь на Восток. Принадлежащие к нему образцы нашли в захоронении ямной культуры в Калмыкии, а также на севере Пакистана в могильнике времен поздней бронзы (Allentoft et al. 2015; Narasimhan et al. 2019).

Впервые после единичных и не слишком надежных находок времен мезолита и неолита появляются образцы из гаплогруппы I1 (Allentoft et al. 2015). Их находят на юге Швеции, где эта гаплогруппа сейчас занимает первое место по распространенности. Эпохой бронзы датируется образец I18719 из Хорватии, у которого определили самую многочисленную современную ветвь гаплогруппы I2 - I2a-M423>CTS10228 (Patterson et al. 2021). Однако, по его датировке есть вопросы, поскольку ее оценили по контексту, а не измеряли радиоугле-

родным методом. Не исключено, что в будущем ее скорректируют в более позднюю сторону.

Наконец, отдельного упоминания заслуживает о. Сардиния. В обзоре гаплогруппы R1b отмечалось, что в эпоху бронзы это был своего рода «заповедник Старой Европы», где сохранился субклад R1b-V88, исчезнувший на континенте. Все то же самое касается гаплогрупп G и I, что принадлежат к ветвям, типичным для неолитической Европы.

СЛОЙ № 5. ЖЕЛЕЗНЫЙ ВЕК

В этот слой занесен 51 образец из гаплогруппы G и 40 – из гаплогруппы I, с датировками от 2850 до 1400 лет назад. Снижение их количества вызвано, прежде всего, сравнительно небольшим числом работ палеогенетиков, посвященных Европе железного века.

Обращает на себя внимание необычно большое (20 образцов) число находок из субклада G2a-L497, что в настоящее время занимает первое по численности место среди всех ветвей гаплогруппы G в Западной Европе. Большая их часть обнаружена в захоронениях латенской культуры из Франции, Чехии и Венгрии (Patterson et al. 2021). Распространение этой культуры связывают с экспансией кельтских племен. Видимо, носители субклада L497 входили в состав континентальных кельтов в качестве минорной линии, что в итоге способствовало его демографическому успеху в эпоху железа.

После большой паузы появляются данные ископаемой ДНК по Северному Кавказу, и они приносят результат в виде образцов из субклада G2a-Z6552 в захоронении кобанской культуры в Кабардино-Балкарии (Boulygina et al. 2020). В настоящее время этот субклад является одной из основных линий у осетин, карачаевцев, балкарцев и сванов, живущих в том же регионе.

В гаплогруппе I на первое место выходят образцы из различных ветвей гаплогруппы I1. Помимо Скандинавии, их находят в Англии, Франции, Польше, Германии и Италии, как правило, в захоронениях германских племен. Древний субклад I2a-L701 по-прежнему встречается среди степных народов, хотя и в единичных эк-

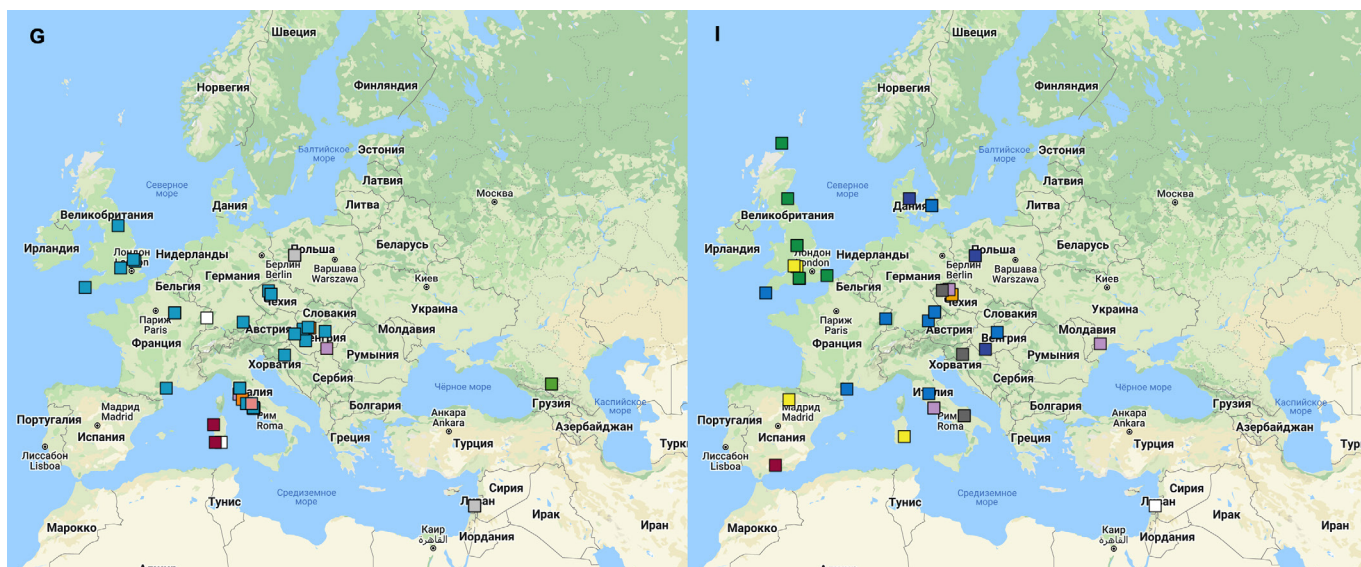


Рис. 7. Снимки экрана для слоев с образцами железного века от 18.06.2022

землярах. В данном слое это образец scu301 из скифского некрополя Глиное в Приднестровье (Krzewinska et al. 2018b) и DA30 из сарматского кургана в Казахстане (Damgaard et al. 2018).

СЛОЙ № 6. СРЕДНИЕ ВЕКА И НОВОЕ ВРЕМЯ

Слой насчитывает 26 образцов из гаплогруппы G и 156 из гаплогруппы I, с датировками от раннего Средневековья (VI век н.э.) до XIX века. Несмотря на сравнительно небольшой охват по географии, статистика по основным ветвям в целом отображает современное состояние.

Гаплогруппа G представлена довольно скромно. Как в предыдущем слое, в Западной Европе наблюдается некоторый перевес субклада G2a-L497. В степной зоне Восточной Европы (Венгрия и Россия) появляются образцы из «кавказского» субклада G2a-Z6552, к которым добавляется ранее не обнаруженная ветвь G2a-L1266, что также характерна для современных жителей Кавказа. Их отсутствие в более ранних находках объясняется, очевидно, тем, что Кавказ остается белым пятном для палеогенетики. Детали истории этих двух ветвей – дело будущего.

В гаплогруппе I 114 из 156 образцов приходится на гаплогруппу I1-M253, во многом за счет масштабного исследования захоронений эпохи викингов (Margaryan et al. 2020). На втором месте идет славянская супер-ветвь I2a-M423>CTS10228, что пока ускользает от палеогенетиков в более ранние времена, за исключением единичного образца из Хорватии с сомнительной датировкой. Происхождение и обстоятельства бурного роста этой ветви, насчитывающей 30-35 миллионов современных носителей, по-прежнему остаются неясными. В образцах раннего Средневековья из Венгрии вновь появляется субклад I2a-M223>Z161>L801, что был основной линией у людей из культуры шаровидных амфор позднего неолита. Его определили у семейной группы из германского племени лангобардов, продвигавшегося с севера Германии в Италию. В настоящее время ветвь L801 явля-

ется демографически наиболее успешной линией субклада I2a-M223, ранее широко распространенного в Европе. Ее носители прошли через бутылочное горлышко около 4000 лет назад, и в настоящее время на северо-западе Германии, в Нидерландах и Шотландии составляют 5-6 % от населения. Пришли их предки из Восточной Европы, или эта германская линия возникла независимо от той, что обнаружили в Польше и на Украине, пока неизвестно.

ОБСУЖДЕНИЕ

Как и в предыдущем обзоре, акцент в обсуждении следует сделать на белых пятнах в материалах палеогенетики и перспективах дальнейших исследований. В силу разных причин (научные приоритеты, наличие пригодного для анализа материала, финансирование, политические обстоятельства, и т.д.) многие ключевые для понимания регионы и эпохи остаются не охваченными. По принципиально важным для истории гаплогруппы G Закавказью, Месопотамии и Иранскому нагорью число образцов ископаемой ДНК невелико, и они неравномерно разбросаны по эпохам. Это не дает возможности даже в самых общих чертах прояснить вопрос, что имеет политическое значение для народов Кавказа – восходят ли самые распространенные среди них линии к древнейшим жителям региона, или их предки появились там в более поздние времена. Если второе, где находилась прародина? Другим белым пятном является Греция, древнейшая история которой должна представлять интерес для широкого круга специалистов, занятых проблемой возникновения европейской цивилизации. Имеющиеся единичные образцы бронзового века не дают сколько-нибудь внятного ответа на вопрос об этногенезе греков. Хотелось бы ожидать, что в будущем этот регион привлечет внимание палеогенетиков в большей степени, чем это происходит сейчас.

Текущая ситуация по Европе, демографическая история которой тесно связана с гаплогруппой I, вну-

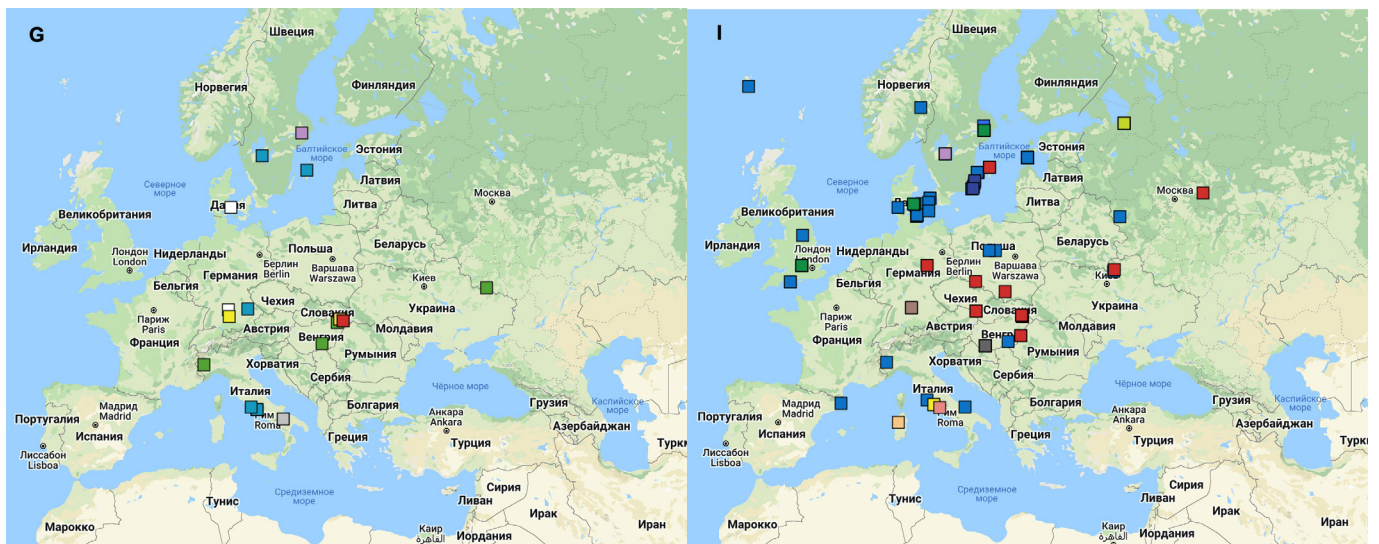


Рис. 8. Снимок экрана для слоев с образцами из Средневековья и Нового Времени от 18.06.2022

шает больше оптимизма. По таким регионам, как Пиренейский полуостров, Британские Острова, Чехия и Венгрия, имеются статистически значимые выборки ископаемой ДНК, что охватывают длительные промежутки времени. К ним быстро подтягиваются другие страны. Однако, Русская равнина по-прежнему представлена немногочисленными разрозненными образцами, а это не позволяет в настоящее время очертить восточную границу ареала гаплогруппы I в древности и установить характерные для данного региона ветви. Решение этой задачи имеет важное значение для истории Европы, в том числе по проблеме индоевропейской прародины. Исследования в этом направлении ведутся, но недостаточно активно.

Несмотря на активность исследователей из скандинавских стран, Эстонии и Германии, в ископаемой ДНК с севера Европы все еще имеются обширные лакуны. До сих пор не установлен регион, в котором в эпоху ранней бронзы начался рост гаплогруппы I1, ныне одной из принципиальных линий Северной Европы. Если в будущем он будет найден, и будет установлен археологический контекст первых носителей нынешних линий гаплогруппы I1, это даст новый материал по истории формирования германских народов и эволюции германских языков.

Из положительных моментов, что стали очевидны за последние 1-2 года, следует отметить ситуацию, которую можно описать как «гаплогруппы не горят», по аналогии с известной фразой М.А. Булгакова. При всех взлетах, падениях и бутылочных горлышках, что претерпевали гаплогруппы G и I за свою историю, среди наших современников до сих пор можно найти ветви, которые, казалось бы, давно угасли. Их носителей очень мало, но они регулярно появляются по мере роста популярности тестирования ДНК. Есть даже примеры, когда специалисты вначале идентифицировали новые линии среди ископаемых образцов, и их считали вымершими, но затем появлялись наши современники с таким же отнесением. Например, так произошло с редкой ветвью,

в которой находится человек из Чеддера, живший более 10 тысяч лет назад. Без современных участников из подобных реликтовых ветвей был бы невозможен полноценный анализ древней ДНК.

ВЫВОДЫ

В гаплогартах G и I собран и систематизирован материал из десятков научных публикаций, в которых есть данные по более, чем 1000 образцам от палеолита до Нового Времени. По результатам их анализа можно сформулировать некоторые предварительные выводы по истории гаплогрупп G и I. В согласии с оценки, сделанными по современным данным, история гаплогруппы I уходит в Европу эпохи палеолита. После отступления ледника ее носители в течение не менее 4 тысячелетий доминировали в Европе. Истоки гаплогруппы G находятся, очевидно, в Передней Азии, однако детали ее ранней истории остаются неизвестными из-за отсутствия данных. Данные палеогенетики доказывают, что неолитическая революция в Европе началась с массового переселения земледельцев из Малой Азии, носителей неолитических культур Чатал-Хююка. По мере продвижения вглубь Европы ее коренное население из гаплогруппы I частично вытеснялось, частично поглощалось переселенцами, что в итоге дало новую этнокультурную общность, известную как Старая Европа. В начале IV тысячелетия до н.э. процесс смешения с численно возросшими линиями коренного населения Европы стал более интенсивным, что привело к серии конфликтов, известных как гибель Старой Европы. Численность носителей гаплогруппы G в ее ходе систематически снижается. В то же время продвижение новых технологий и обычаев на север Европы продолжается за счет линий гаплогруппы I, что переживают стадию быстрого роста. Демографический кризис, поразивший Европу на рубеже энеолита и бронзы, привел к сокращению доли обеих гаплогрупп. После его преодоления гаплогруппа I постепенно восстановила свою численность за счет новых линий, ранее находившихся в тени.

Из них особо следует выделить гаплогруппу I1-M253 и субклад I2a-CTS10228 что ныне доминируют на севере и юго-востоке Европы, соответственно. Рост гаплогруппы G продолжился на ее предполагаемой родине в Передней Азии, но детали пока недоступны из-за недостатка данных.

группы G продолжился на ее предполагаемой родине в Передней Азии, но детали пока недоступны из-за недостатка данных.

ЛИТЕРАТУРА

- Рожанский 2017 - Рожанский И.Л. Исторические гаплокарты: обзор данных по ископаемой ДНК // Исторический формат. 2017. № 1-2. С. 92-114.
- Рожанский 2021 - Рожанский И.Л. Обзор данных по ископаемой ДНК: гаплокорта R1b // Исторический формат. 2021. № 2. С. 21-35.
- Allentoft et al. 2015 - Allentoft M., et al. Population genomics of Bronze Age Eurasia // Nature. 2015. Vol. 522. S. 167-172.
- Amorim et al. 2018 - Amorim C.E.G., et al. Understanding 6th-century barbarian social organization and migration through paleogenomics // Nature Communications. 2018. Vol. 9. article № 3547.
- Aneli et al. 2022 - Aneli S., et al. The Genetic Origin of Daunians and the Pan-Mediterranean Southern Italian Iron Age Context // Molecular Biology and Evolution. 2022. Vol. 39. № 2. article № msac014.
- Anthony 2007 - Anthony D. The Horse, the Wheel and Language: How Bronze-age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World. Princeton, 2007. 553 s.
- Anthony et al. 2022 - Anthony D.W., et al. The Eneolithic cemetery at Khvalynsk on the Volga River // Praehistorische Zeitschrift. 2022. Published online March 23, 2022.
- Antonio et al. 2019 - Antonio M.L., et al. Ancient Rome: A genetic crossroads of Europe and the Mediterranean // Science. 2019. Vol. 366. № 6466. S. 708-714.
- Bortolini et al. 2021 - Bortolini E., et al. Early Alpine occupation backdates westward human migration in Late Glacial Europe // Current Biology. 2021. Vol. 31. № 11. S. 2484-2493.
- Boulygina et al. 2020 - Boulygina E., et al. Mitochondrial and Y-chromosome diversity of the prehistoric Koban culture of the North Caucasus // Journal of Archaeological Science: Reports. 2020. Vol. 31. Article № 102357.
- Brace et al. 2019 - Brace S., et al. Ancient genomes indicate population replacement in Early Neolithic Britain // Nature Ecology & Evolution. 2019. Vol. 3. S. 765-771.
- Broushaki et al. 2016 - Broushaki F., et al. Early Neolithic genomes from the eastern Fertile Crescent // Science. 2016. Vol. 363. № 6298. S. 499-503.
- Brunel et al. 2020 - Brunel S., et al. Ancient genomes from present-day France unveil 7,000 years of its demographic history // Proceedings of the National Academy of Sciences. 2020. Vol. 117. № 23. S. 12791-12798.
- Burger et al. 2020 - Burger J., et al. Low Prevalence of Lactase Persistence in Bronze Age Europe Indicates Ongoing Strong Selection over the Last 3,000 Year // Current Biology. 2020. Vol. 30. № 21. S. 4307-4315.
- Cassidy 2017 - Cassidy L. A Genomic Compendium of an Island: Documenting Continuity and Change across Irish Human Prehistory. PhD Thesis: Trinity College Dublin. School of Genetics & Microbiology. GENETICS, 2018.
- Cassidy et al. 2020 - Cassidy L.M., et al. A dynastic elite in monumental Neolithic society // Nature. 2020. Vol. 582. S. 384-388.
- Clemente et al. 2021 - Clemente F., et al. The genomic history of the Aegean palatial civilizations // Cell. 2021. Vol. 184. № 10. S. 2565-2586.
- Coutinho et al. 2020 - Coutinho A., et al. The Neolithic Pitted Ware culture foragers were culturally but not genetically influenced by the Battle Axe culture herders // American Journal of Biological Anthropology. 2020. Vol. 172. S. 638-649.
- Csáky et al. 2020 - Csáky V., et al. Early medieval genetic data from Ural region evaluated in the light of archaeological evidence of ancient Hungarians // Scientific Reports. 2020. Vol. 10. article № 19137.
- Damgaard et al. 2018a - Damgaard P.d.B., et al. 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes // Nature. 2018. Vol. 557. S. 369-374.
- Damgaard et al. 2018b - Damgaard P.d.B., et al. The first horse herders and the impact of early Bronze Age steppe expansions into Asia // Science. 2018. Vol. 360. № 6396. Article № eaar7711.
- Ebenesersdóttir et al. 2018 - Ebenesersdóttir S.S., et al. Ancient genomes from Iceland reveal the making of a human population // Science. 2018. Vol. 360. № 6392. S. 1028-1032.
- Feldman et al. 2019 - Feldman M., et al. Late Pleistocene human genome suggests a local origin for the first farmers of central Anatolia // Nature Communications. 2019. Vol. 10. Article № 1218.
- Fernandes et al. 2018 - Fernandes D.M., et al. A genomic Neolithic time transect of hunter-farmer admixture in central Poland // Scientific Reports. 2018. Vol. 8. Article № 14879.
- Fernandes et al. 2020 - Fernandes D.M., et al. The spread of steppe and Iranian-related ancestry in the islands of the western Mediterranean // Nature Ecology & Evolution. 2020. Vol. 4. S. 334-345.
- Fischer et al. 2019 - Fischer C.-E., et al. Multi-scale archaeogenetic study of two French Iron Age communities: From internal social- to broad-scale population dynamics // Journal of Archaeological Science: Reports. 2019. Vol. 27. Article № 101942.
- Fóthi et al. 2020 - Fóthi E., et al. Genetic analysis of male Hungarian Conquerors: European and Asian paternal lineages of the conquering Hungarian tribes // Archaeological and Anthropological Sciences. 2020. Vol. 12. Article № 31.
- Fraser et al. 2018 - Fraser M., et al. New insights on cultural dualism and population structure in the Middle Neolithic Funnel Beaker culture on the island of Gotland // Journal of Archaeological Science: Reports. 2019. Vol. 17. S. 325-334.
- Fregel et al. 2018 - Fregel R., et al. Ancient genomes from North Africa evidence prehistoric migrations to the Maghreb from both the Levant and Europe // Proceedings of the National Academy of Sciences. 2018. Vol. 115. № 26. S. 6774-6779.
- Freilich et al. 2021 - Freilich S., et al. Reconstructing genetic histories and social organisation in Neolithic and Bronze Age Croatia // Scientific Reports. 2021. Vol. 11. Article № 16729.
- Fu et al. 2016 - Fu Q., et al. The genetic history of Ice Age Europe // Nature. 2016. Vol. 534. S. 200-205.

- Furtwängler et al. 2020 - Furtwängler A., et al. Ancient genomes reveal social and genetic structure of Late Neolithic Switzerland // *Nature Communications*. 2020. Vol. 11. Article № 1915.
- Gelabert et al. 2022 - Gelabert, et al. Genomes from Verteba cave suggest diversity within the Trypillians in Ukraine // *Scientific Reports*. 2022. Vol. 12. Article №: 7242.
- Gonzales-Fortes et al. 2017 - González-Fortes G., et al. Paleogenomic evidence for multi-generational mixing between Neolithic farmers and Mesolithic hunter-gatherers in the Lower Danube Basin // *Current Biology*. 2017. Vol. 27. № 12. S. 1801-1810.
- Günther et al. 2015 - Günther T., et al. Ancient genomes link early farmers from Atapuerca in Spain to modern-day Basques // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2015. Vol. 112. № 38. S. 11917-11922.
- Günther et al. 2018 - Günther T., et al. Population genomics of Mesolithic Scandinavia: Investigating early postglacial migration routes and high-latitude adaptation // *PLOS Biology*. Vol. 16. Article № e2003703.
- Haak et al. 2015 - Haak W., et al. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe // *Nature*. 2015. Vol. 522. S. 207-211.
- Haber et al. 2018 - Haber M., et al. A transient pulse of genetic admixture from the crusaders in the near east identified from ancient genome sequences // *American Journal of Human Genetics*. 2019. Vol. 104. № 5. S. 977-984.
- Harney et al. 2019 - Harney É., et al. Ancient DNA from the skeletons of Roopkund Lake reveals Mediterranean migrants in India // *Nature Communications*. 2019. Vol. 10. Article № 3670.
- Harney et al. 2021 - Harney É., et al. A minimally destructive protocol for DNA extraction from ancient teeth // *Genome Research*. 2021. Vol. 31. S. 472-483.
- Hofmanová et al. 2016 - Hofmanova Z., et al. Early farmers from across Europe directly descended from Neolithic Aegeans // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2016. Vol. 113. № 25. S. 6886-6891.
- Immel et al. 2021 - Immel A., et al. Genome-wide study of a Neolithic Wartberg grave community reveals distinct HLA variation and hunter-gatherer ancestry // *Communications Biology*. 2021. Vol. 4. Article № 113.
- Jones et al. 2015 - Jones E.R., et al. Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians // *Nature Communications*. 2015. Vol. 6. Article № 8912.
- Keller et al. 2012 - Keller A., et al. New insights into the Tyrolean Iceman's origin and phenotype as inferred by whole-genome sequencing // *Nature Communications*. 2012. Vol. 3. article № 698.
- Key et al. 2020 - Key F.M., et al. Emergence of human-adapted *Salmonella enterica* is linked to the Neolithization process // *Nature Ecology & Evolution*. 2020. Vol. 4. S. 324-333.
- Keyser et al. 2021 - Keyser C., et al. Genetic evidence suggests a sense of family, parity and conquest in the Xiongnu Iron Age nomads of Mongolia // *Human Genetics*. 2021. Vol. 140. S. 349-359.
- Kiliç et al., 2016 - Kiliç G.M., et al. The Demographic Development of the First Farmers in Anatolia // *Current Biology*. 2016. Vol. 26. № 19. S. 2659-2666.
- Krause-Kyora et al. 2018 - Krause-Kyora B., et al. Neolithic and medieval virus genomes reveal complex evolution of hepatitis B // *eLife*. 2018. Vol. 7. Article № e36666.
- Krzewińska et al. 2018a - Krzewińska M., et al. Genomic and strontium isotope variation reveal immigration patterns in a Viking Age town // *Current Biology*. 2018. Vol. 28. № 17. S. 2730-2738.
- Krzewińska et al. 2018b - Krzewińska M., et al. Ancient genomes suggest the eastern Pontic-Caspian steppe as the source of western Iron Age nomads // *Science Advances*. 2018. Vol. 4. № 10. Article № eaat4457.
- Lazaridis et al. 2014 - Lazaridis I., et al. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans // *Nature*. 2014. Vol. 536. S. 409-413.
- Lazaridis et al. 2016 - Lazaridis I., et al. Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East // *Nature*. 2016. Vol. 536. S. 419-424.
- Lazaridis et al. 2017 - Lazaridis I., et al. Genetic origins of the Minoans and Mycenaeans // *Nature*. 2017. Vol. 548. S. 214-218.
- Lipson et al. 2017 - Lipson M., et al. Parallel palaeogenomic transects reveal complex genetic history of early European farmers // *Nature*. 2017. Vol. 551. S. 368-372.
- Malmström et al. 2019 - Malmström H., et al. The genomic ancestry of the Scandinavian Battle Axe Culture people and their relation to the broader Corded Ware horizon // *Proceedings of the Royal Society B*. 2019. Vol. 286. Article № 20191528.
- Marchi et al. 2020 - Marchi N., et al. The mixed genetic origin of the first farmers of Europe // *BioRxiv*. 2020.
- Marcus et al. 2020 - Marcus J.H., et al. Genetic history from the Middle Neolithic to present on the Mediterranean island of Sardinia // *Nature Communications*. 2020. Vol. 11. Article № 939.
- Margaryan et al. 2020 - Margaryan A., et al. Population genomics of the Viking world // *Nature*. 2020. Vol. 585. S. 390-396.
- Martiniano et al. 2016 - Martiniano R., et al. Genomic signals of migration and continuity in Britain before the Anglo-Saxons // *Nature Communications*. 2016. Vol. 7. Article № 10326.
- Mathieson et al. 2015 - Mathieson I., et al. Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians // *Nature*. 2015. Vol. 528. S. 499-503.
- Mathieson et al. 2018 - Mathieson I., et al. The genomic history of southeastern Europe // *Nature*. 2018. Vol. 555. S. 197-203.
- Mittnik et al. 2018 - Mittnik A., et al. The genetic prehistory of the Baltic Sea region // *Nature Communications*. 2018. Vol. 9. Article № 442.
- Mittnik et al. 2019 - Mittnik A., et al. Kinship-based social inequality in Bronze Age Europe // *Science*. 2019. Vol. 366. № 6466. S. 731-734.
- Narasimhan et al. 2019 - Narasimhan V.M., et al. The formation of human populations in South and Central Asia // *Science*. 2019. Vol. 365. № 6457. Article № eaat7487.
- Neparáczki et al. 2017 - Neparáczki E., et al. Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing // *PLoS ONE*. Vol. 12. № 4. Article № e0174886.

- Neparáczki et al. 2019 - Neparáczki E., et al. Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin // *Scientific Reports*. 2019. Vol. 9. Article № 16569.
- Nikitin et al. 2019 - Nikitin A.G., et al. Interactions between earliest Linearbandkeramik farmers and central European hunter gatherers at the dawn of European Neolithization // *Scientific Reports*. 2019. Vol. 9. Article № 19544.
- Novak et al. 2021 - Novak M., et al. Genome-wide analysis of nearly all the victims of a 6200 year old massacre // *PLoS ONE*. Vol. 16. № 3. Article № e0247332.
- O'Sullivan et al. 2018 - O'Sullivan N., et al. Ancient genome-wide analyses infer kinship structure in an Early Medieval Alemannic graveyard // *Science Advances*. 2018. Vol. 4. № 9. article № aao1262.
- Olalde et al. 2018 - Olalde I., et al. The Beaker phenomenon and the genomic transformation of northwest Europe // *Nature*. 2018. Vol. 555. S. 190-196.
- Olalde et al. 2019 - Olalde I., et al. The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years. // *Science*. 2019. Vol. 363. № 6432. S. 1230-1234.
- Papac et al. 2021 - Papac L., et al. Dynamic changes in genomic and social structures in third millennium BCE central Europe // *Science Advances*. 2021. Vol. 7. № 35. Article № eabi6941.
- Parker et al. 2020 - Parker C., et al. A systematic investigation of human DNA preservation in medieval skeletons // *Scientific Reports*. 2020. Vol. 10. Article № 18225.
- Patterson et al. 2021 - Patterson N., et al. Large-scale migration into Britain during the Middle to Late Bronze Age // *Nature*. 2021. Vol. 601. S. 588-594.
- Posth et al. 2021 - Posth C., et al. The origin and legacy of the Etruscans through a 2000-year archeogenomic time transect // *Science Advances*. 2021. Vol. 7. № 39. Article № eabi7673.
- Rivollat et al. 2020 - Rivollat M., et al. Ancient genome-wide DNA from France highlights the complexity of interactions between Mesolithic hunter-gatherers and Neolithic farmers // *Science Advances*. 2021. Vol. 6. № 22. Article № eaaz5344.
- Sánchez-Quinto et al. 2019 - Sánchez-Quinto F., et al. Megalithic tombs in western and northern Neolithic Europe were linked to a kindred society // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2019. Vol. 116. № 19. S. 9469-9474.
- Saupe et al. 2021 - Saupe T., et al. Ancient genomes reveal structural shifts after the arrival of Steppe-related ancestry in the Italian Peninsula // *Current Biology*. 2021. Vol. 31. № 12. S. 2576-2591.
- Schroeder et al. 2019 - Schroeder H., et al. Unraveling ancestry, kinship, and violence in a Late Neolithic mass grave // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2019. Vol. 116. № 22. S. 10705-10710.
- Seguin-Orlando et al. 2021 - Seguin-Orlando A., et al. Heterogeneous Hunter-Gatherer and Steppe-Related Ancestries in Late Neolithic and Bell Beaker Genomes from Present-Day France // *Current Biology*. 2021. Vol. 31. № 5. S. 1072-1083.
- Sikora et al. 2017 - Sikora M., et al. Ancient genomes show social and reproductive behavior of early Upper Paleolithic foragers // *Science*. 2017. Vol. 358. № 6363. S. 659-662.
- Sirak et al. 2021 - Sirak K.A., et al. Social stratification without genetic differentiation at the site of Kulubnarti in Christian Period Nubia // *Nature Communications*. 2021. Vol. 12. Article № 7283.
- Skoglund et al. 2014 - Skoglund P., et al. Genomic Diversity and Admixture Differs for Stone-Age Scandinavian Foragers and Farmers // *Science*. 2014. Vol. 344. № 6185. S. 747-750.
- Skourtanioti et al. 2020 - Skourtanioti E., et al. Genomic History of Neolithic to Bronze Age Anatolia, Northern Levant, and Southern Caucasus // *Cell*. 2020. Vol. 181. № 5. S. 1158-1175.
- Stolarek et al. 2018 - Stolarek I., et al. A mosaic genetic structure of the human population living in the South Baltic region during the Iron Age // *Scientific Reports*. 2018. Vol. 8. Article № 2455.
- Stolarek et al. 2019 - Stolarek I., et al. Goth migration induced changes in the matrilineal genetic structure of the central-east European population // *Scientific Reports*. 2019. Vol. 9. Article № 2455.
- Szécsényi-Nagy et al. 2015 - Szécsényi-Nagy A., et al. Tracing the genetic origin of Europe's first farmers reveals insights into their social organization // *Proceedings of the Royal Society B*. 2015. Vol. 282. Article № 20150339.
- Teschler-Nicola et al. 2020 - Teschler-Nicola M., et al. Ancient DNA reveals monozygotic newborn twins from the Upper Palaeolithic // *Communications Biology*. 2020. Vol. 3. Article №: 650.
- Valdiosera et al. 2018 - Valdiosera C., et al. Four millennia of Iberian biomolecular prehistory illustrate the impact of prehistoric migrations at the far end of Eurasia // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2018. Vol. 115. № 13. S. 3428-3433.
- Van de Loosdrecht, et al. 2020 - Van de Loosdrecht M.S., et al. Genomic and dietary transitions during the Mesolithic and Early Neolithic in Sicily // *bioRxiv*. 2020.
- Veeramah et al. 2018 - Veeramah K.R., et al. Population genomic analysis of elongated skulls reveals extensive female-biased immigration in Early Medieval Bavaria // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2018. Vol. 115. № 13. S. 3494-3499.
- Villalba-Mouco et al. 2019 - Villalba-Mouco V., et al. Survival of Late Pleistocene hunter-gatherer ancestry in the Iberian Peninsula // *Current Biology*. 2019. Vol. 29. № 7. S. 1169-1177.
- Villalba-Mouco et al. 2021 - Villalba-Mouco V., et al. Genomic transformation and social organization during the Copper Age – Bronze Age transition in southern Iberia // *Science Advances*. 2021. Vol. 7. № 47. Article № abi7038.
- Wang et al. 2019 - Wang C.-C., et al. Ancient human genome-wide data from a 3000-year interval in the Caucasus corresponds with eco-geographic regions // *Nature Communications*. 2019. Vol. 10. Article № 590.
- Yaka et al. 2021 - Yaka R., et al. Variable kinship patterns in Neolithic Anatolia revealed by ancient genomes // *Current Biology*. 2021. Vol. 31. № 11. S. 2455-2468.
- Žegarac et al. 2021 - Žegarac A., et al. Ancient genomes provide insights into family structure and the heredity of social status in the early Bronze Age of southeastern Europe // *Scientific Reports*. 2021. Vol. 11. Article № 10072.

REFERENCES

- Allentoft et al. 2015 - Allentoft M., et al. Population genomics of Bronze Age Eurasia, in: *Nature*, 2015, Vol. 522, pp. 167-172 [in English].
- Amorim et al. 2018 - Amorim C.E.G., et al. Understanding 6th-century barbarian social organization and migration through paleogenomics, in: *Nature Communications*, 2018, Vol. 9, article № 3547 [in English].
- Aneli et al. 2022 - Aneli S., et al. The Genetic Origin of Daunians and the Pan-Mediterranean Southern Italian Iron Age Context, in: *Molecular Biology and Evolution*, 2022, Vol. 39, № 2, article № msac014 [in English].
- Anthony 2007 - Anthony D. *The Horse, the Wheel and Language: How Bronze-age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World*, Princeton, 2007, 553 p. [in English].
- Anthony et al. 2022 - Anthony D.W., et al. The Eneolithic cemetery at Khvalynsk on the Volga River, in: *Præhistorische Zeitschrift*, 2022, published online March 23, 2022 [in English].
- Antonio et al. 2019 - Antonio M.L., et al. Ancient Rome: A genetic crossroads of Europe and the Mediterranean, in: *Science*, 2019, Vol. 366, № 6466, pp. 708-714 [in English].
- Bortolini et al. 2021 - Bortolini E., et al. Early Alpine occupation backdates westward human migration in Late Glacial Europe, in: *Current Biology*, 2021, Vol. 31, № 11, pp. 2484-2493 [in English].
- Boulygina et al. 2020 - Boulygina E., et al. Mitochondrial and Y-chromosome diversity of the prehistoric Koban culture of the North Caucasus, in: *Journal of Archaeological Science: Reports*, 2020, Vol. 31, article № 102357 [in English].
- Brace et al. 2019 - Brace S., et al. Ancient genomes indicate population replacement in Early Neolithic Britain, in: *Nature Ecology & Evolution*, 2019, Vol. 3, pp. 765-771 [in English].
- Broushaki et al. 2016 - Broushaki F., et al. Early Neolithic genomes from the eastern Fertile Crescent, in: *Science*, 2016, Vol. 363, № 6298, pp. 499-503 [in English].
- Brunel et al. 2020 - Brunel S., et al. Ancient genomes from present-day France unveil 7,000 years of its demographic history, in: *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2020, Vol. 117, № 23, pp. 12791-12798 [in English].
- Burger et al. 2020 - Burger J., et al. Low Prevalence of Lactase Persistence in Bronze Age Europe Indicates Ongoing Strong Selection over the Last 3,000 Year, in: *Current Biology*, 2020, Vol. 30, № 21, pp. 4307-4315 [in English].
- Cassidy 2017 - Cassidy L. *A Genomic Compendium of an Island: Documenting Continuity and Change across Irish Human Prehistory*. PhD Thesis: Trinity College Dublin. School of Genetics & Microbiology. GENETICS, 2018 [in English].
- Cassidy et al. 2020 - Cassidy L.M., et al. A dynastic elite in monumental Neolithic society, in: *Nature*, 2020, Vol. 582, pp. 384-388 [in English].
- Clemente et al. 2021 - Clemente F., et al. The genomic history of the Aegean palatial civilizations, in: *Cell*, 2021, Vol. 184, № 10, pp. 2565-2586 [in English].
- Coutinho et al. 2020 - Coutinho A., et al. The Neolithic Pitted Ware culture foragers were culturally but not genetically influenced by the Battle Axe culture herders, in: *American Journal of Biological Anthropology*, 2020, Vol. 172, pp. 638-649 [in English].
- Csáky et al. 2020 - Csáky V., et al. Early medieval genetic data from Ural region evaluated in the light of archaeological evidence of ancient Hungarians, in: *Scientific Reports*, 2020, Vol. 10, article № 19137 [in English].
- Damgaard et al. 2018a - Damgaard P.d.B., et al. 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes, in: *Nature*, 2018, Vol. 557, pp. 369-374 [in English].
- Damgaard et al. 2018b - Damgaard P.d.B., et al. The first horse herders and the impact of early Bronze Age steppe expansions into Asia, in: *Science*, 2018, Vol. 360, № 6396, article № eaar7711 [in English].
- Ebenesersdóttir et al. 2018 - Ebenesersdóttir S.S., et al. Ancient genomes from Iceland reveal the making of a human population, in: *Science*, 2018, Vol. 360, № 6392, pp. 1028-1032 [in English].
- Feldman et al. 2019 - Feldman M., et al. Late Pleistocene human genome suggests a local origin for the first farmers of central Anatolia, in: *Nature Communications*, 2019, Vol. 10, article № 1218 [in English].
- Fernandes et al. 2018 - Fernandes D.M., et al. A genomic Neolithic time transect of hunter-farmer admixture in central Poland, in: *Scientific Reports*, 2018, Vol. 8, article № 14879 [in English].
- Fernandes et al. 2020 - Fernandes D.M., et al. The spread of steppe and Iranian-related ancestry in the islands of the western Mediterranean, in: *Nature Ecology & Evolution*, 2020, Vol. 4, pp. 334-345 [in English].
- Fischer et al. 2019 - Fischer C.-E., et al. Multi-scale archaeogenetic study of two French Iron Age communities: From internal social- to broad-scale population dynamics, in: *Journal of Archaeological Science: Reports*, 2019, Vol. 27, article № 101942 [in English].
- Fóthi et al. 2020 - Fóthi E., et al. Genetic analysis of male Hungarian Conquerors: European and Asian paternal lineages of the conquering Hungarian tribes, in: *Archaeological and Anthropological Sciences*, 2020, Vol. 12, article № 31 [in English].
- Fraser et al. 2018 - Fraser M., et al. New insights on cultural dualism and population structure in the Middle Neolithic Funnel Beaker culture on the island of Gotland, in: *Journal of Archaeological Science: Reports*, 2019, Vol. 17, pp. 325-334 [in English].
- Fregel et al. 2018 - Fregel R., et al. Ancient genomes from North Africa evidence prehistoric migrations to the Maghreb from both the Levant and Europe, in: *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2018, Vol. 115, № 26, pp. 6774-6779 [in English].
- Freilich et al. 2021 - Freilich S., et al. Reconstructing genetic histories and social organisation in Neolithic and Bronze Age Croatia, in: *Scientific Reports*, 2021, Vol. 11, article № 16729 [in English].
- Fu et al. 2016 - Fu Q., et al. The genetic history of Ice Age Europe, in: *Nature*, 2016, Vol. 534, pp. 200-205 [in English].
- Furtwängler et al. 2020 - Furtwängler A., et al. Ancient genomes reveal social and genetic structure of Late Neolithic Switzerland, in: *Nature Communications*, 2020, Vol. 11, article № 1915 [in English].
- Gelabert et al. 2022 - Gelabert et al. Genomes from Verteba cave suggest diversity within the Trypillians in Ukraine, in: *Scientific Reports*, 2022, Vol. 12, article №: 7242 [in English].

- Gonzales-Fortes et al. 2017 - González-Fortes, G., et al. Paleogenomic evidence for multi-generational mixing between Neolithic farmers and Mesolithic hunter-gatherers in the Lower Danube Basin, in: *Current Biology*, 2017, Vol. 27, № 12, pp. 1801-1810 [in English].
- Günther et al. 2015 - Günther T., et al. Ancient genomes link early farmers from Atapuerca in Spain to modern-day Basques, in: *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2015, Vol. 112, № 38, pp. 11917-11922 [in English].
- Günther et al. 2018 - Günther T., et al. Population genomics of Mesolithic Scandinavia: Investigating early postglacial migration routes and high-latitude adaptation, in: *PLOS Biology*, Vol. 16, article № e2003703 [in English].
- Haak et al. 2015 - Haak W., et al. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe, in: *Nature*, 2015, Vol. 522, pp. 207-211 [in English].
- Haber et al. 2018 - Haber M., et al. A transient pulse of genetic admixture from the crusaders in the near east identified from ancient genome sequences, in: *American Journal of Human Genetics*, 2019, Vol. 104, № 5, pp. 977-984 [in English].
- Harney et al. 2019 - Harney É., et al. Ancient DNA from the skeletons of Roopkund Lake reveals Mediterranean migrants in India, in: *Nature Communications*, 2019, Vol. 10, article № 3670.
- Harney et al. 2021 - Harney É., et al. A minimally destructive protocol for DNA extraction from ancient teeth, in: *Genome Research*, 2021, Vol. 31, pp. 472-483 [in English].
- Hofmanová et al. 2016 - Hofmanova Z., et al. Early farmers from across Europe directly descended from Neolithic Aegeans, in: *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2016, Vol. 113, № 25, pp. 6886-6891 [in English].
- Immel et al. 2021 - Immel A., et al. Genome-wide study of a Neolithic Wartberg grave community reveals distinct HLA variation and hunter-gatherer ancestry, in: *Communications Biology*, 2021, Vol. 4, article № 113 [in English].
- Jones et al. 2015 - Jones E.R., et al. Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians, in: *Nature Communications*, 2015, Vol. 6, article № 8912 [in English].
- Keller et al. 2012 - Keller A., et al. New insights into the Tyrolean Iceman's origin and phenotype as inferred by whole-genome sequencing, in: *Nature Communications*, 2012, Vol. 3, article № 698 [in English].
- Key et al. 2020 - Key F.M., et al. Emergence of human-adapted *Salmonella enterica* is linked to the Neolithization process, in: *Nature Ecology & Evolution*, 2020, Vol. 4, pp. 324-333 [in English].
- Keyser et al. 2021 - Keyser C., et al. Genetic evidence suggests a sense of family, parity and conquest in the Xiongnu Iron Age nomads of Mongolia, in: *Human Genetics*, 2021, Vol. 140, pp. 349-359 [in English].
- Kiliç et al., 2016 - Kiliç G.M., et al. The Demographic Development of the First Farmers in Anatolia, in: *Current Biology*, 2016, Vol. 26, № 19, pp. 2659-2666 [in English].
- Krause-Kyora et al. 2018 - Krause-Kyora B., et al. Neolithic and medieval virus genomes reveal complex evolution of hepatitis B, in: *eLife*, 2018, Vol., 7, article № e36666 [in English].
- Krzewińska et al. 2018a - Krzewińska M., et al. Genomic and strontium isotope variation reveal immigration patterns in a Viking Age town, in: *Current Biology*, 2018, Vol. 28, № 17, pp. 2730-2738 [in English].
- Krzewińska et al. 2018b - Krzewińska M., et al. Ancient genomes suggest the eastern Pontic-Caspian steppe as the source of western Iron Age nomads, in: *Science Advances*, 2018, Vol. 4, № 10, article № eaat4457 [in English].
- Lazaridis et al. 2014 - Lazaridis I., et al. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans, in: *Nature*, 2014, Vol. 536, pp. 409-413 [in English].
- Lazaridis et al. 2016 - Lazaridis I., et al. Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East, in: *Nature*, 2016, Vol. 536, pp. 419-424 [in English].
- Lazaridis et al. 2017 - Lazaridis I., et al. Genetic origins of the Minoans and Mycenaeans, in: *Nature*, 2017, Vol. 548, pp. 214-218 [in English].
- Lipson et al. 2017 - Lipson M., et al. Parallel palaeogenomic transects reveal complex genetic history of early European farmers, in: *Nature*, 2017, Vol. 551, pp. 368-372 [in English].
- Malmström et al. 2019 - Malmström H., et al. The genomic ancestry of the Scandinavian Battle Axe Culture people and their relation to the broader Corded Ware horizon, in: *Proceedings of the Royal Society B*, 2019, Vol. 286, article № 20191528 [in English].
- Marchi et al. 2020 - Marchi N., et al. The mixed genetic origin of the first farmers of Europe, in: *BioRxiv*, 2020 [in English].
- Marcus et al. 2020 - Marcus J.H., et al. Genetic history from the Middle Neolithic to present on the Mediterranean island of Sardinia, in: *Nature Communications*, 2020, Vol. 11, article № 939 [in English].
- Margaryan et al. 2020 - Margaryan A., et al. Population genomics of the Viking world, in: *Nature*, 2020, Vol. 585, pp. 390-396 [in English].
- Martiniano et al. 2016 - Martiniano R., et al. Genomic signals of migration and continuity in Britain before the Anglo-Saxons, in: *Nature Communications*, 2016, Vol. 7, article № 10326 [in English].
- Mathieson et al. 2015 - Mathieson I., et al. Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians, in: *Nature*, 2015, Vol. 528, pp. 499-503 [in English].
- Mathieson et al. 2018 - Mathieson I., et al. The genomic history of southeastern Europe, in: *Nature*, 2018, Vol. 555, pp. 197-203 [in English].
- Mittnik et al. 2018 - Mittnik A., et al. The genetic prehistory of the Baltic Sea region, in: *Nature Communications*, 2018, Vol. 9, article № 442 [in English].
- Mittnik et al. 2019 - Mittnik A., et al. Kinship-based social inequality in Bronze Age Europe, in: *Science*, 2019, Vol. 366, № 6466, pp. 731-734 [in English].
- Narasimhan et al. 2019 - Narasimhan V.M., et al. The formation of human populations in South and Central Asia, in: *Science*, 2019, Vol. 365, № 6457, article № eaat7487 [in English].
- Neparáczki et al. 2017 - Neparáczki E., et al. Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing, in: *PLoS ONE*, Vol. 12, № 4, article № e0174886 [in English].

- Neparáczi et al. 2019 - Neparáczi E., et al. Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin, in: Scientific Reports, 2019, Vol. 9, article № 16569 [in English].
- Nikitin et al. 2019 - Nikitin A.G., et al. Interactions between earliest Linearbandkeramik farmers and central European hunter gatherers at the dawn of European Neolithization, in: Scientific Reports, 2019, Vol. 9, article № 19544 [in English].
- Novak et al. 2021 - Novak M., et al. Genome-wide analysis of nearly all the victims of a 6200 year old massacre, in: PLoS ONE, Vol. 16, № 3, article № e0247332 [in English].
- O'Sullivan et al. 2018 - O'Sullivan N., et al. Ancient genome-wide analyses infer kinship structure in an Early Medieval Alemannic graveyard, in: Science Advances, 2018, Vol. 4, № 9, article № aao1262 [in English].
- Olalde et al. 2018 - Olalde I., et al. The Beaker phenomenon and the genomic transformation of northwest Europe, in: Nature, 2018, Vol. 555, pp. 190-196 [in English].
- Olalde et al. 2019 - Olalde I., et al. The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years, in: Science, 2019, Vol. 363, № 6432, pp. 1230-1234 [in English].
- Papac et al. 2021 - Papac L., et al. Dynamic changes in genomic and social structures in third millennium BCE central Europe, in: Science Advances, 2021, Vol. 7, № 35, article № eabi6941 [in English].
- Parker et al. 2020 - Parker C., et al. A systematic investigation of human DNA preservation in medieval skeletons, in: Scientific Reports, 2020, Vol. 10, article № 18225 [in English].
- Patterson et al. 2021 - Patterson N., et al. Large-scale migration into Britain during the Middle to Late Bronze Age, in: Nature, 2021, Vol. 601, pp. 588-594 [in English].
- Posth et al. 2021 - Posth C., et al. The origin and legacy of the Etruscans through a 2000-year archeogenomic time transect, in: Science Advances, 2021, Vol. 7, № 39, article № eabi7673 [in English].
- Rivollat et al. 2020 - Rivollat M., et al. Ancient genome-wide DNA from France highlights the complexity of interactions between Mesolithic hunter-gatherers and Neolithic farmers, in: Science Advances, 2021, Vol. 6, № 22, article № eaaz5344 [in English].
- Rozhanskij 2017 - Rozhanskij I.L. Istoricheskie gaplokarty: obzor dannyh po iskopaemoj DNK [Historical haplomap: review of ancient Y-DNA data], in: Istoricheskiy format [Historical format], 2017, № 1-2, pp. 92-114 [in Russian].
- Rozhanskij 2021 - Rozhanskij I.L. Obzor dannyh po iskopaemoj DNK: gaplokarta R1b [A review of ancient DNA data: haplomap of R1b], in: Istoricheskiy format [Historical format], 2021, № 2, pp. 21-35 [in Russian].
- Sánchez-Quinto et al. 2019 - Sánchez-Quinto F., et al. Megalithic tombs in western and northern Neolithic Europe were linked to a kindred society, in: Proceedings of the National Academy of Sciences, 2019, Vol. 116, № 19, pp. 9469-9474 [in English].
- Saupe et al. 2021 - Saupe T., et al. Ancient genomes reveal structural shifts after the arrival of Steppe-related ancestry in the Italian Peninsula, in: Current Biology, 2021, Vol. 31, № 12, pp. 2576-2591 [in English].
- Schroeder et al. 2019 - Schroeder H., et al. Unraveling ancestry, kinship, and violence in a Late Neolithic mass grave, in: Proceedings of the National Academy of Sciences, 2019, Vol. 116, № 22, pp. 10705-10710 [in English].
- Seguin-Orlando et al. 2021 - Seguin-Orlando A., et al. Heterogeneous Hunter-Gatherer and Steppe-Related Ancestries in Late Neolithic and Bell Beaker Genomes from Present-Day France, in: Current Biology, 2021, Vol. 31, № 5, pp. 1072-1083 [in English].
- Sikora et al. 2017 - Sikora M., et al. Ancient genomes show social and reproductive behavior of early Upper Paleolithic foragers, in: Science, 2017, Vol. 358, № 6363, pp. 659-662 [in English].
- Sirak et al. 2021 - Sirak K.A., et al. Social stratification without genetic differentiation at the site of Kulubnarti in Christian Period Nubia, in: Nature Communications, 2021, Vol. 12, article № 7283 [in English].
- Skoglund et al. 2014 - Skoglund P., et al. Genomic Diversity and Admixture Differs for Stone-Age Scandinavian Foragers and Farmers, in: Science, 2014, Vol. 344, № 6185, pp. 747-750 [in English].
- Skourtanioti et al. 2020 - Skourtanioti E., et al. Genomic History of Neolithic to Bronze Age Anatolia, Northern Levant, and Southern Caucasus, in: Cell, 2020, Vol. 181, № 5, pp. 1158-1175 [in English].
- Stolarek et al. 2018 - Stolarek I., et al. A mosaic genetic structure of the human population living in the South Baltic region during the Iron Age, in: Scientific Reports, 2018, Vol. 8, article № 2455 [in English].
- Stolarek et al. 2019 - Stolarek I., et al. Goth migration induced changes in the matrilineal genetic structure of the central-east European population, in: Scientific Reports, 2019, Vol. 9, article № 2455 [in English].
- Szécseyi-Nagy et al. 2015 - Szécseyi-Nagy A., et al. Tracing the genetic origin of Europe's first farmers reveals insights into their social organization, in: Proceedings of the Royal Society B, 2015, Vol. 282, article № 20150339 [in English].
- Teschler-Nicola et al. 2020 - Teschler-Nicola M., et al. Ancient DNA reveals monozygotic newborn twins from the Upper Palaeolithic, in: Communications Biology, 2020, Vol. 3, article №: 650 [in English].
- Valdiosera et al. 2018 - Valdiosera C., et al. Four millennia of Iberian biomolecular prehistory illustrate the impact of prehistoric migrations at the far end of Eurasia, in: Proceedings of the National Academy of Sciences, 2018, Vol. 115, № 13, pp. 3428-3433 [in English].
- Van de Loosdrecht, et al. 2020 - Van de Loosdrecht M.S., et al. Genomic and dietary transitions during the Mesolithic and Early Neolithic in Sicily, in: bioRxiv, 2020 [in English].
- Veeramah et al. 2018 - Veeramah K.R., et al. Population genomic analysis of elongated skulls reveals extensive female-biased immigration in Early Medieval Bavaria, in: Proceedings of the National Academy of Sciences, 2018, Vol. 115, № 13, pp. 3494-3499 [in English].
- Villalba-Mouco et al. 2019 - Villalba-Mouco V., et al. Survival of Late Pleistocene hunter-gatherer ancestry in the Iberian Peninsula, in: Current Biology, 2019, Vol. 29, № 7, pp. 1169-1177 [in English].
- Villalba-Mouco et al. 2021 - Villalba-Mouco V., et al. Genomic transformation and social organization during the Copper Age - Bronze Age transition in southern Iberia, in: Science Advances, 2021, Vol. 7, № 47, article № abi7038 [in English].
- Wang et al. 2019 - Wang C.-C., et al. Ancient human genome-wide data from a 3000-year interval in the Caucasus corresponds with eco-geographic regions, in: Nature Communications, 2019, Vol. 10, article № 590 [in English].

Yaka et al. 2021 - Yaka R., et al. Variable kinship patterns in Neolithic Anatolia revealed by ancient genomes, in: *Current Biology*, 2021, Vol. 31, № 11, pp. 2455-2468 [in English].

Žegarac et al. 2021 - Žegarac A., et al. Ancient genomes provide insights into family structure and the heredity of social status in the early Bronze Age of southeastern Europe, in: *Scientific Reports*, 2021, Vol. 11, article № 10072 [in English].

Рожанский Игорь Львович

– Кандидат химических наук, Академия ДНК-генеалогии (Цукуба, Япония).

Igor Rozhansky

– PhD in Chemistry, Academy of DNA Genealogy (Tsukuba, Japan).

info@dna-academy.ru