

ОБЗОР ДАННЫХ ИСКОПАЕМОЙ ДНК: ГАПЛОКАРТА Q

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-гаплогруппы Q, опубликованный в научных работах с 2010 по октябрь 2022 года. Данные по более, чем 500 образцам размещены на интерактивной карте на платформе Google Maps. Согласно полученным результатам, ископаемые образцы ДНК из гаплогруппы Q могут рассматриваться как важный источник по истории Америки и севера Евразии, начиная с эпохи палеолита. В частности, с их помощью удалось установить, что процесс заселения Америки носителями гаплогруппы Q согласуется с моделью однократной миграции группы родственных племен, живших 16400-13500 лет назад на крайнем северо-востоке Евразии. Теории нескольких волн миграции пока не подтверждаются, за исключением сравнительно позднего появления эскимосских народов в арктической зоне. Модель однократной миграции дает основания к пересмотру ныне существующей классификации америндских языков и теории их эволюции.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: ископаемая ДНК, Y-гаплогруппа Q, интерактивная карта, история Сибири, заселение Америки.

A REVIEW OF ANCIENT DNA DATA: HAPLOMAP OF Q

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 haplogroup Q have been collected and arranged. They are taken from scientific sources published from 2010 to October 2022. More than 500 samples have been placed onto the interactive map on the Google Maps platform. The current results on ancient DNA samples from Q haplogroup can be considered as an important source on the history of Americas and Northern Eurasia, back to Paleolithic period. In particular, current data agree with the single dispersal model of the peopling of Americas by haplogroup Q bearers, starting from the group of closely related tribes inhabiting extreme North-East Eurasia 16400-13500 years before present. Theories of multiple migration waves are not confirmed by now, except for the relatively late appearance of Eskimo peoples in the Arctic zone. The single dispersal model gives grounds for revision of existing classifications of Amerind languages and theories of their evolution.

KEYWORDS: ancient DNA, Y-chromosomal haplogroup Q, interactive map, history of Siberia, peopling of Americas.

ВВЕДЕНИЕ

Настоящая статья продолжает серию обзоров по ископаемой Y-ДНК, начатой в 2017 году (Рожанский 2017) и продолженной спустя 4 года в виде тематических выпусков по данным из гаплогрупп R1b (Рожанский 2021a), R1a (Рожанский 2022), G и I (Рожанский 2021b). При анализе почти 3000 образцов из перечисленных выше гаплогрупп были получены сведения по истории Европы, Передней и Центральной Азии, которые были ранее недоступны для исследователей. В частности, при анализе образцов из гаплогрупп G и I удалось независимым

методом подтвердить гипотезу о возникновении первых неолитических культур Европы за счет миграции народов из Малой Азии, а также выяснить степень их взаимодействия с коренными жителями Европы. Анализ данных из гаплогрупп R1a и R1b дал прямое подтверждение, что смена археологических культур Европы эпохи ранней бронзы (5000-4200 лет назад) сопровождалась значительными изменениями в демографии и быстрым ростом популяций, в которых доминировали носители гаплогрупп R1a и R1b. Данные по гаплогруппе R1a и, в меньшей степени, R1b из зоны евразийских сте-

Inuk

Skeletal code	Saqqaq, EU725621.2, Qt 86 85/261: 12
Y haplogroup	Q- F746>YP1500>Y222276>Z36017
mtDNA haplogroup	D2a1
Coverage	14.14
Date	2220-1650 calBCE
Archeological context	Greenland_Szaqqaq
Country	Greenland
Locality	Qeqertasussuk
Latitude	69.2438
Longitude	-53.5413
Publication	RasmussenNature2010

Рис. 1. Пример информационной сводки по образцу ископаемой ДНК с карты

пей эпох бронзы и раннего железа подтвердили гипотезу о восточноевропейском происхождении носителей соответствующих археологических культур, что ранее основывалась на косвенных аргументах. Были получены новые независимые данные по распространению индоевропейских языков и их носителей в Передней и Южной Азии.

При продвижении далее на восток все больший вклад в Y-хромосомные линии живущих там народов вносят гаплогруппы, характерные для Восточной Азии, а именно С, N, O и Q. На сегодняшний день больше всего образцов ископаемой ДНК из перечисленных гаплогрупп опубликовано для гаплогруппы Q – около 600 на октябрь 2022 года. Они примерно поровну поделены между Америкой и Евразией. О ключевой роли людей из гаплогруппы Q в заселении Северной и Южной Америки известно с первых исследований Y-ДНК коренных жителей обоих континентов, а об их вкладе в демографическую историю Евразии стало известно благодаря последним данным палеогенетики. Несмотря на сравнительно небольшую долю современных носителей гаплогруппы Q в Старом Свете, ископаемые образцы оказываются важными индикаторами процессов этногенеза и миграций, что особенно ценно для регионов и эпох, по которым почти отсутствуют исторические сведения. Это дает основание посвятить гаплогруппе Q отдельный обзор.

ПОСТАНОВКА ЗАДАЧИ И РЕЗУЛЬТАТЫ

Также как в предыдущих обзорах, 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 обновляющаяся гаплогрупповая карта на платформе Google Maps можно найти по следующей ссылке: https://www.google.com/maps/d/edit?mid=1qgQaPKr1dr_rZHU7J4lep5iytjPZc&usp=sharing

Пример информационного окна приведен на рис. 1.

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, приедена в соответствие с нотацией YFull v10.06.00 (<https://www.yfull.com/tree/Q/>). Это дает возможности, при необходимости, быстро найти положение образца на древе, 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, нарастаю-

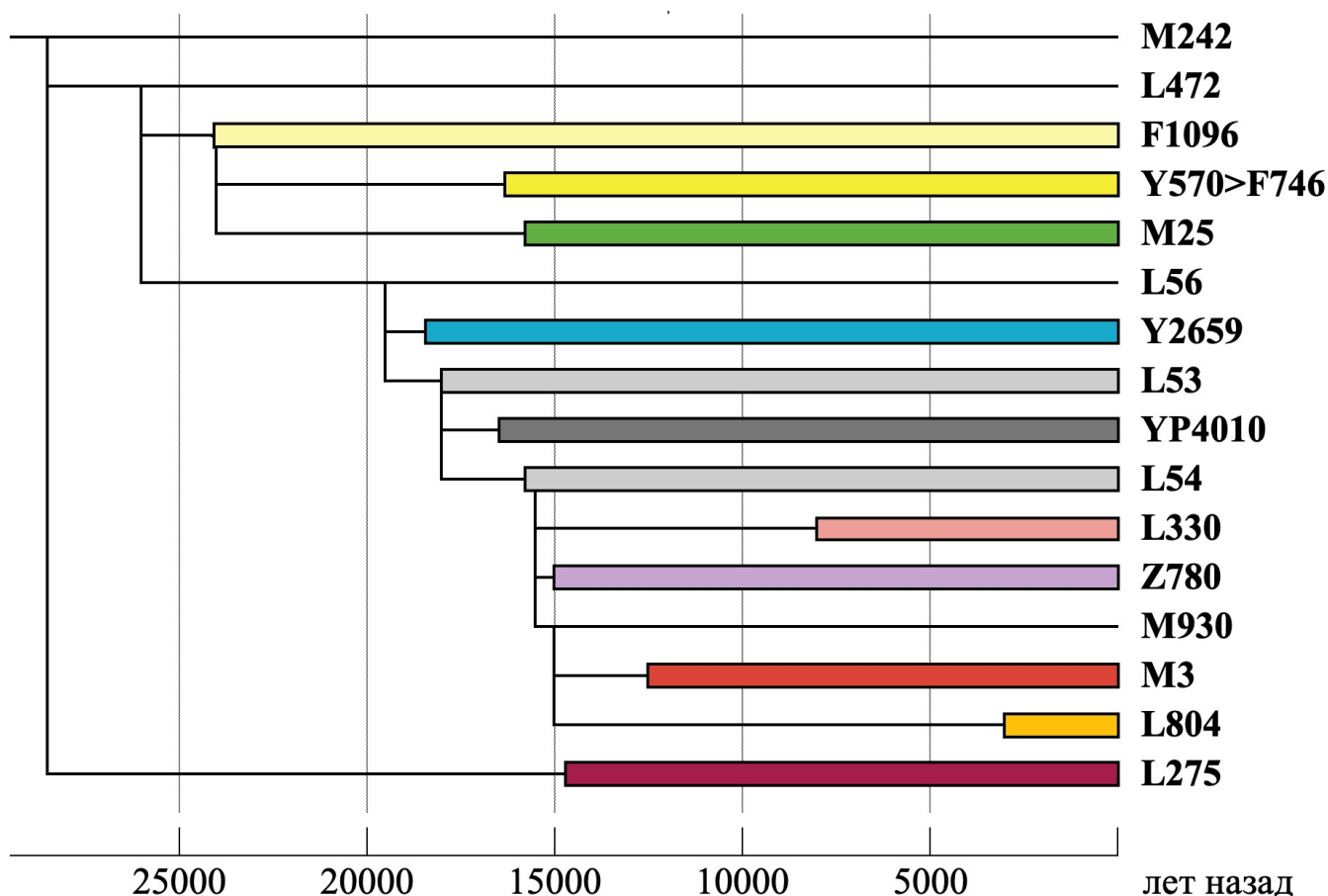


Рис. 2. Упрощенное древо гаплогруппы Q, с указанием основных субкладов, датировок ветвления и времен жизни предков современных представителей ветвей (длина цветных прямоугольников)

щая 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 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 была 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 объекта. Для удобства работы с картой, образцы разных эпох обозначены разными символами: каменный век и энеолит – кружками, бронзовый век – ромбами, железный век – квадратами. Цвет символа соответствует принадлежности к субкладу гаплогруппы Q, согласно приведенной ниже схеме ветвления (рис. 2). Если ни один из выделенных на схеме субкладов не удается определить, символ не закрашен.

Также как в предыдущих обзорах, 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 2010 годом и позднее. Данные из ранних работ, выполненные другими методами, на карту не нанесены как недостаточно информативные. Для дальнейшего уточнения привлекались материалы с порталов YFull

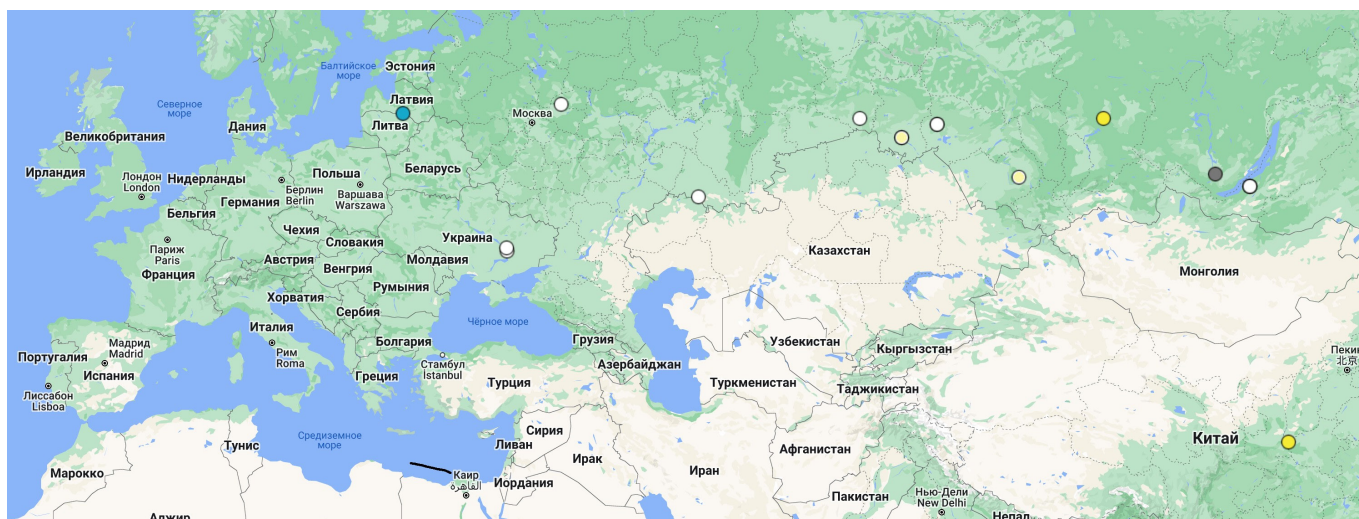


Рис. 3. Снимок экрана для слоя с образцами каменного века от 16.10.2022

(<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 октября 2022 года на интерактивной карте размещено 593 образца. Чтобы их упорядочить, они распределены по 6 слоям, из которых в один включены все образцы из Нового Света, а 5 слоев для образцов из Евразии организованы по хронологическому принципу. По тому же принципу построен обзор данных, который ориентирован на ключевые моменты по каждой из рассматриваемых эпох.

СЛОЙ № 1. ЕВРАЗИЯ, КАМЕННЫЙ ВЕК

В слой включено 20 образцов с датировками от 32000 до 6500 лет назад, что разбросаны на огромной территории от низовьев Колымы до Латвии. Самый древний образец из гаплогруппы Q найден в Красноярском крае на археологическом памятнике Афонтова Гора. Он датируется 16950-16590 годами назад, но это не самый древний образец на карте. В слой также включены 2 образца из Якутии с Янской стоянки с датировкой около 32000 лет назад, у которых определена гаплогруппа R, родительская как для Q, так и для R (Sikora et al. 2019). В силу природных условий археологического объекта, расположенного на 70 градусе северной широты, для обоих образцов удалось получить высокое покрытие, что позволило подтвердить их принадлежность к гаплогруппе R, а не к какой-либо из дочерних. Отнесение согласуется с расчетами датировок, что помещают развилку гаплогрупп R и Q на более позднее время. Эта находка далеко на севере Восточной Сибири дает основание считать, что Сибирь является родиной гаплогрупп Q и R, самые ранние образцы которых обнаружены в том же регионе. Хотя данные все еще остаются единичными, они более согласуются с гипотезой о сибирском происхождении, чем с версией, что носители гаплогрупп Q и R пришли в Восточную Сибирь со стороны.

Несколько неожиданно, 5 из 17 образцов времен мезолита и неолита были найдены на территории Русской равнины, где сейчас гаплогруппа Q встречается крайне

редко. Они поступили из захоронений, в которых в большем количестве найдены субклады R1b-Y2913 и R1b-M73, также почти отсутствующие в современной Восточной Европе. Только для одного образца из Латвии, датированного 8583-8350 годами назад, определили нисходящую ветвь из редкого субклада Y2659. По остальным европейским образцам из гаплогруппы Q уточнений пока нет, но их наличие служит косвенным доводом в пользу ранней (не позднее 13-14 тысяч лет назад) миграции жителей Сибири в сторону Европы. Она захватила носителей родственных гаплогрупп Q и R, из которых последняя оказалась демографически успешной, а первая почти угасла. Видимо, реликтами той ранней волны можно считать редкие скандинавские ветви L527 из субклада Y2659 и L804, родственную «американскому» субкладу M3, но для доказательства необходимы данные древней ДНК, что пока отсутствуют.

По 12 азиатским образцам эпох мезолита и неолита, рассеянным от Урала до Колымы, всего 3 имеют результаты анализа на субклады, что оставляет много вопросов о происхождении тех людей. Тем не менее, следует отметить, что образцы из субклада Y570/ F746 найдены там, где их следовало бы ожидать, исходя из современных данных. Образец Kolyta1 с датировкой 9902-9608 лет назад принадлежит к ветви YP1500, характерной для эскимосов, как современных, так и древних (см. ниже), а XW-M1R18 (7252-6655 лет назад) из неолитической культуры Яншао бассейна Хуанхэ – к ветви M120, что рассеяна на уровне 1-2 % в современном Китае. Вероятно, географическое разделение разных ветвей гаплогруппы Q произошло в ранние времена и сохранилось во многом до наших дней.

СЛОЙ № 2. ЕВРАЗИЯ, ЭНЕОЛИТ

В слой занесено 25 образцов с датировками от 6500 до 5000 лет назад. Его определение несколько условно, поскольку базируется на периодизации для культур Передней Азии и Средиземноморья, что не всегда совпадает с терминологией, принятой в археологии Восточной Европы и Сибири. Однако, такое определение позволяет получить наглядное представление о шкале

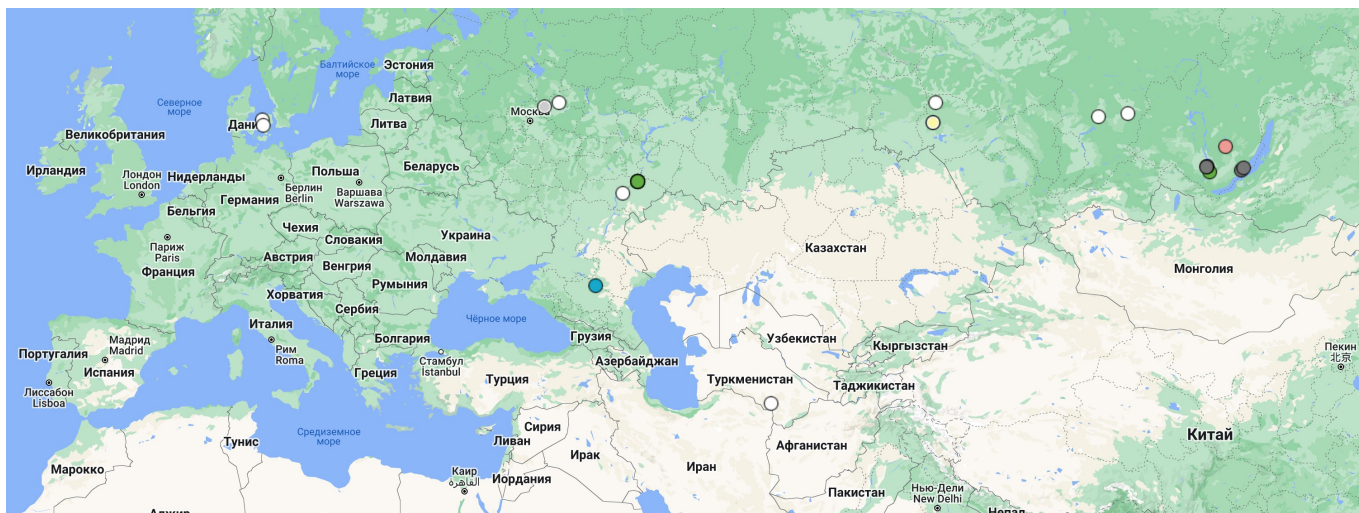


Рис. 4. Снимок экрана для слоя с образцами энеолита от 16.10.2022

времен, вне зависимости от места находки. Как и ранее, основная часть образцов приходится на Сибирь. Среди них можно выделить компактную группу из Прибайкалья, датируемую 6300-5100 годами назад (Damgaard et al. 2018; Kılınc et al. 2021). Из 7 образцов приемлемого для анализа качества 5 относится к субкладу YP4010. Еще один образец из того же субклада был найден в Центральной Якутии. Видимо, в ту эпоху это была одна из распространенных линий местного населения. Однако, в настоящее время субклад YP4010 определен всего у нескольких человек из многих сотен представителей коренных народов Сибири и Дальнего Востока, среди которых проводили тестирование на Y-ДНК. Почти все его носителя сейчас живут на Северном Кавказе, а их общий предок датируется намного более поздним временем, между 3600 и 2100 годами назад. Что это были за племена в Сибири, и какова их судьба, пока неизвестно.

Русская равнина представлена 10 образцами, которые, как и ранее, найдены в захоронениях вместе с носителями ныне реликтовых субкладов гаплогруппы R1b. Наиболее исследован могильник Хвалынск, что дал название археологической культуре, сходной по типу хозяйства и похоронному обряду с более поздней ямной культурой, но отличной от нее по составу линий ДНК (Anthony et al. 2022). Из 19 мужских образцов могильника Хвалынск II у 13 была определена гаплогруппа R1b, а у 5 гаплогруппа Q, субклад M25. В настоящее время этот субклад рассеян среди разных народов степной зоны от Венгрии до Енисея, а также является одной из принципиальных линий у туркменов Ирана. Являются его нынешние носители потомками того древнего народа, или ветвь из Хвалынска оказалась тупиковой, пока неизвестно, как неизвестен вклад людей из хвалынской культуры в формирование последующего населения степного региона.

За пределами Сибири и Русской равнины находятся два образца из Дании (Allentoft et al. 2022) и один из Туркмении (Narasimhan et al. 2019), субклады которых пока не установлены. Это не дает возможности интерпрети-

ровать полученные результаты в той мере, как проведено выше.

СЛОЙ № 3. ЕВРАЗИЯ, БРОНЗОВЫЙ ВЕК

В слой включено 109 образцов, что превосходит предыдущие 2 слоя, вместе взятые. Датировки от 5000 до 3000 лет назад, как и ранее, приведены в соответствии с периодизацией, принятой для Передней Азии. В отличие от предыдущих выборок, для большинства образцов (96 из 109) установлены субклады из списка на рис. 2, а для многих также нисходящие от них ветви. Это дает возможность выявить больше деталей в истории и географическом распределении основных линий гаплогруппы Q в данную эпоху.

Восточную часть исследованного ареала (восток Монголии и Китая) занимают образцы из субклада F746, все из «китайской» ветви M120. Их доля на фоне образцов из других гаплогрупп эпохи бронзы оказалась заметно выше современной, что не превышает 2% среди этнических монголов и ханьцев. Пока неясно, вызвано это статистическим разбросом из-за малого размера выборки, или так проявляется демографическая история Восточной Азии и бассейна Хуанхэ, в частности. При систематическом исследовании древней ДНК из региона, где сформировались первые китайские государства периода Шан (с 1554 по 1046 год до н.э. в китайской историографии), выяснилось, что образцы из ныне доминирующей гаплогруппы O во времена неолита и бронзы встречаются заметно реже образцов из гаплогрупп N и Q-M120 или отсутствуют вовсе.

В Прибайкалье, как и в предшествующую эпоху, преобладают образцы из субклада YP4010, но к ним добавляются представители субклада L330, который в настоящее время остается фактически единственной линией гаплогруппы Q среди коренных народов Сибири.

На то же время приходится появление на юге Сибири племен европейского происхождения, сформировавших афанасьевскую культуру, с датировкой 5300-4500 лет назад. Основной линией ее носителей был субклад R1b-Z2103, но в захоронениях в Синьцзян-Уйгурском АО Китая были также обнаружены образцы из субкла-

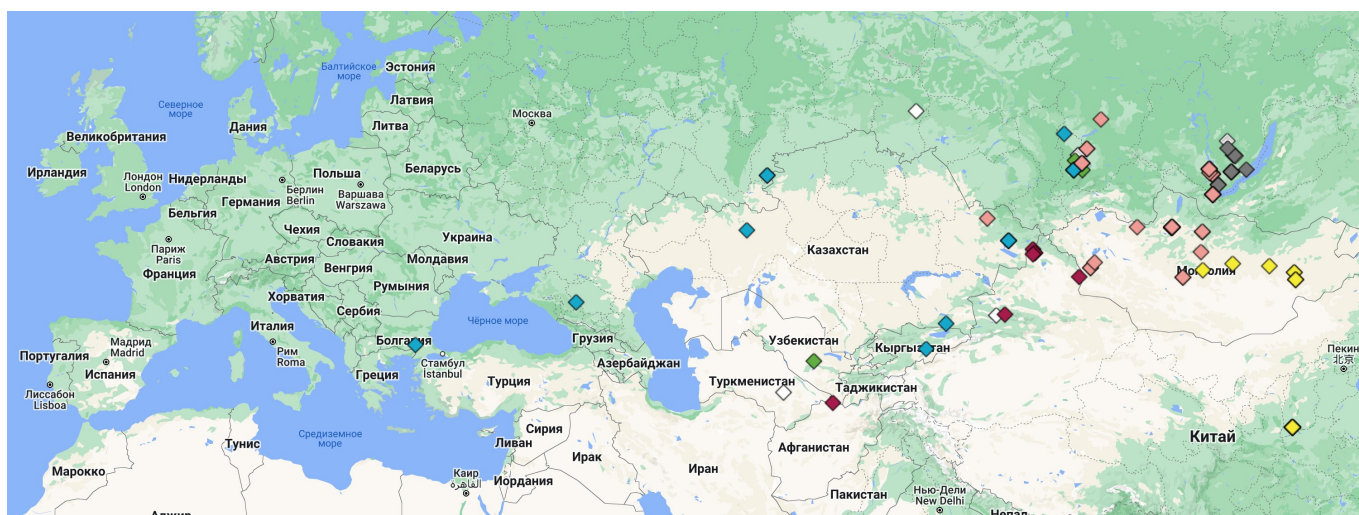


Рис. 5. Снимок экрана для слоя с образцами бронзового века от 16.10.2022

да Q-L275, а на Алтае – из Q-Y2659. Очевидно, это знак смешения с местным населением, что прослеживается также по антропологическим данным. В свою очередь, люди из сменившей афанасьевскую окуневской культуры (4600-3800 лет назад) были преимущественно носителями гаплогруппы Q, в основном из субклада Y2659. Подобную замену можно трактовать как «возрождение» местного населения, аналогично процессу, происшедшему в эпоху энеолита в Европе (Рожанский 2021b). Новая волна миграции с запада племен из андроновской культуры (4000-3115 лет назад) привела к замещению прежних линий на субклад R1a-Z93, что по сей день составляет заметную долю у коренных народов Алтая и Саян. В имеющихся образцах из андроновской культуры гаплогруппа Q пока не обнаружена, а судьба «афанасьевских» и «окуневских» ветвей субклада Y2659 остается неизвестной.

Единичные образцы из ныне редкого субклада Y2659 обнаружены также к западу от Сибири в захоронениях степных культур. Они выступают в качестве «микроримеси» к основным линиям, а потому об их происхождении можно только строить догадки. Пока те находки можно рассматривать как один из маркеров мобильности степных народов эпохи бронзы.

СЛОЙ № 4. ЖЕЛЕЗНЫЙ ВЕК

В слой занесен 91 образец с датировками от 3000 до 1400 лет назад, из которых 87 приходится на Азию. Практически все получены при раскопках захоронений кочевых народов. В археологической классификации этот временной отрезок делят на скифский, сарматский и гуннский периоды, но это деление весьма условно как по датировкам, так и по этнической принадлежности племен, живших от Дуная до Амура.

Среди образцов присутствуют все евразийские субклады гаплогруппы Q, а их география в целом следует той, что отмечена в эпоху бронзы. Как и ранее, субклад F746 встречается в восточной части ареала, за единственным, но примечательным исключением. Это образец sim358 из могильника Глиное Сад в Приднестровье (Krzewinska et al. 2018). По датировке (X-IX век до н.э.)

он предшествует скифскому периоду, а потому в оригинальной статье записан как киммериец. Поскольку у «киммерийца» не только Y, но и мито-гаплогруппа (C5c) характерны для Восточной Азии, это означает что ее уроженцы достигала западной границы степной зоны задолго до нашествия гуннов и аваров. Масштаб той древней миграции и судьба ее носителей пока неизвестны.

Носители субклада YP4010, известного по более ранним находкам из Прибайкалья, обнаружены также западнее – в Казахстане, Западной Сибири и восточных предгорьях Памира. Видимо, за прошедшее время часть племен их этой древней сибирской ветви влилась в состав кочевых народов и ушла в западном направлении. То же самое можно сказать о носителях субкладов L330 и M25, что сообщают охватывают около половины образцов железного века. Как уже отмечалось в обзоре по гаплогруппе R1a (Рожанский 2022), в тот период в одних и тех же захоронениях степной зоны находят образцы из гаплогрупп R1a-Z93, Q, N и C-L1373. Возрастание вклада народов Сибири и Восточной Азии находится в согласии с антропологическими данными. Из данных палеогенетики, в особенности по гаплогруппе Q, следует, что этот процесс происходил уже в «скифский» период, а не начался во времена нашествия гуннов, что еще недавно считалось почти доказанным.

За пределами евразийских степей и Средней Азии оказался образец SFI-5 из Ливана периода эллинизма (2304-2006 лет назад; Haber et al. 2020). У него определили субклад Y2659, который еще в эпоху энеолита был рассеян далеко за пределами Сибири и Средней Азии. По этой причине нет пока возможности установить, с какими историческими событиями связано появление данного единичного образца на Ближнем Востоке.

СЛОЙ № 5. СРЕДНИЕ ВЕКА И НОВОЕ ВРЕМЯ

В отличие от ранее рассмотренных гаплогрупп, слой с самыми поздними по времени образцами гаплогруппы Q оказался наименьшим по численности. Он насчитывает 15 образцов, из которых 5 приходится на Венгрию. Отчасти это вызвано уменьшением обще-

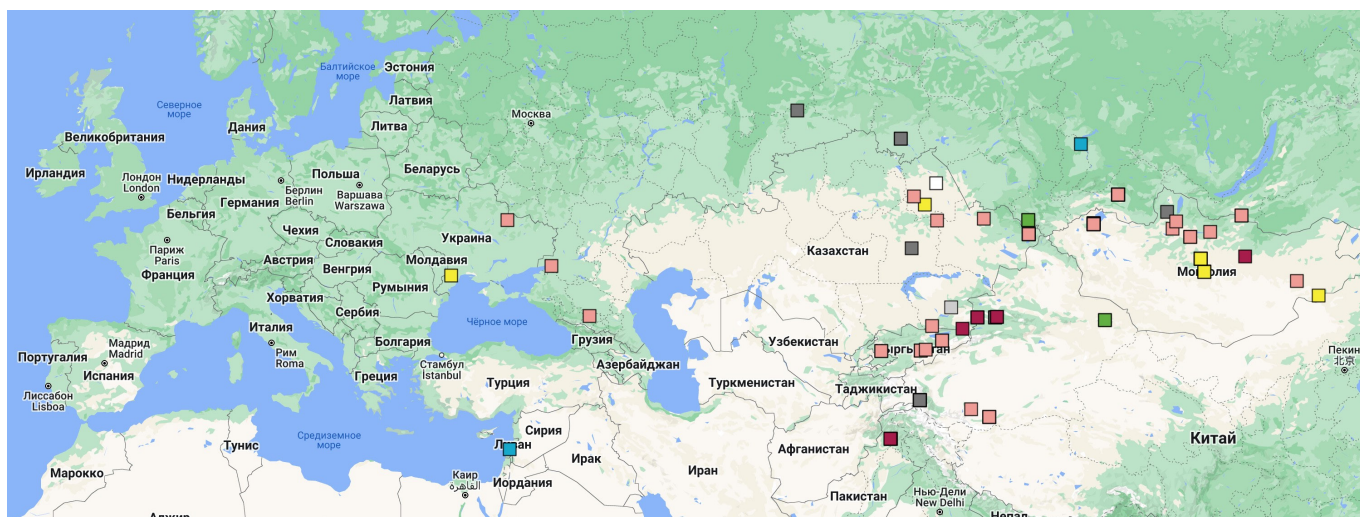


Рис. 6. Снимок экрана для слоя с образцами эпохи железа от 16.10.2022

го числа образцов с Алтая, из Казахстана и Монголии, отчасти с преобладанием гаплогруппы С для данного периода, что сохраняется по сей день. Очевидно, массовые миграции времен тюркских и монгольских кочевых империй привели к новым сдвигам в этническом составе региона.

Во времена раннего средневековья западная граница степного мира захватывала Среднедунайскую равнину, что пережила последовательные вторжения гуннов, аваров и мадьяр. Доля гаплогруппы Q у этих народов была невелика, но благодаря кропотливой работе венгерских специалистов принадлежащие ей образцы были найдены и охарактеризованы.

Из двух образцов с Северного Кавказа следует обратить внимание на DA162 из Северной Осетии (Damgaard et al. 2018a), который в единственном числе представляет субклад YP4010. У него определили терминальный сноп BZ5214, который помещает его в ветвь YP4055, что характеризует группу из 4,5-6,5 % чеченцев с проектов компании FTDNA. По датировке (450-850 н.э.) и археологическому контексту захоронение относят к аланам, доминировавшим тогда на Северном Кавказе. Образец пока остается единственным, что дает прямую связь между современными народами региона и все еще единичными находками времен аланского владычества. Хотя потомками алан по языку считают осетины, появление сравнительно молодой (около 2800 лет до предка) степной линии в среде вайнахских народов свидетельствует, что преемственность была не столь прямолинейной, как это принято считать на основании одних только лингвистических и этнографических данных.

Наконец, образцы из субклада Y2659 вновь обнаружены за пределами степной зоны – в Ливане (Haber et al. 2017) и в Англии (Margaryan et al. 2020). Первый (SI-45) датируется поздним Средневековьем и принадлежит к ветви, отличной от той, что была найдена в Ливане эллинистической эпохи. По данным с современных ДНК-проектов, участники из разрозненных ветвей субклада Y2659 представлены в основном уроженцами Ближнего Востока и Передней Азии, но их крайне мало

в сравнении с доминирующими там гаплогруппами J, E и T. Очевидно, та же ситуация существовала и в прошлом, как можно заключить из единичных находок в Ливане. Образец VK260 из Англии пока остается единственным из скандинавской ветви L527, о которой шла речь при обсуждении первого слоя. Единичная находка также находится в согласии с редкостью этой ветви у современных жителей Скандинавии и Британии.

СЛОЙ № 6. СЕВЕРНАЯ И ЮЖНАЯ АМЕРИКА

В слое насчитывается 335 образцов, которые маркированы по хронологическому принципу, также как для Евразии: образцы с датировками ранее 5000 лет назад отмечены кружками, между 5000 и 3000 лет назад ромбами, и позднее 3000 лет назад – квадратами. Последние составляют основную часть (277 из 335), что подразумевает особую ценность немногочисленных древних образцов, на которые в данном разделе сделан акцент.

Помимо специфических для коренных жителей Америки субкладов M3 (242 образца) и Z780 (18 образцов), в выборке присутствуют ветви, что обнаружены как в Северной Америке, так и в Евразии. Во-первых, это субклад Y570, что был идентифицирован у самого раннего на сегодняшний день образца гаплогруппы Q из-под Красноярска (AF2; Allentoft et al. 2015). Он представлен ветвью YP1500, найденной в образцах с Канадского Арктического архипелага, Гренландии, Лабрадора и российского побережья Берингова пролива. Самый ранний из них, датируемый 2220-1650 гг. до н.э., достоин отдельного комментария (Rasmussen et al. 2010; см. рис. 1). Опубликованная в 2010 году статья может по праву называться прорывной по экспериментальному исполнению, что вывело палеогенетику на качественно новый уровень. В частности, установленный у древнего жителя Гренландии субклад гаплогруппы Q в 2010 году еще отсутствовал в международной классификации, и лишь через некоторое время был найден у современных эскимосов и коряков. Благодаря этой и последующим находкам удается реконструировать процесс

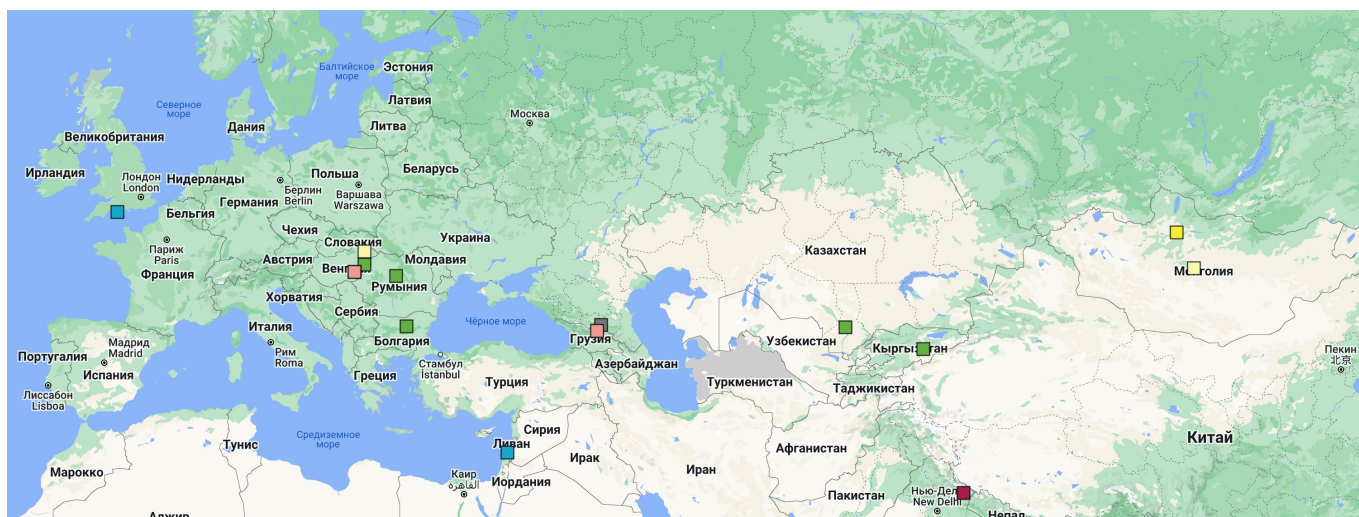


Рис. 7. Снимок экрана для слоя с образцами эпохи Средневековья и Нового Времени от 16.10.2022

освоения арктической зоны Северной Америки и северо-востока Евразии за последние 4000 лет.

На территории Северной Америки были также обнаружены единичные образцы из субклада YP4010, известного по находкам из Прибайкалья и евразийских степей. Среди современных коренных народов Америки этот субклад пока не обнаружен, но он подтвержден для образца Lovelock4 из штата Невада, датированного началом нашей эры (Moreno-Mayar et al. 2018). Определенный у него терминальный сноп YP4004 задает ветвь, которая образовалась 17800-14700 лет назад, то есть еще во время существования Берингии – перешейка, соединявшего Евразию и Северную Америку. По этой причине пока неизвестно, входили люди из этой редкой ветви в состав первой волны заселения Америки или они пересекли Берингов пролив позже, также как носители субклада YP1500.

Находки из «американских» субкладов M3 и Z780 позволяют взглянуть под новым углом на проблему заселения Америки. Согласно археологическим данным, самые ранние следы переселения из Евразии связывают с культурой Кловис, существовавшей 13500-12800 лет назад на территории Северной и Центральной Америки. У единственного известного на сегодня ее представителя из захоронения Anzick в штате Монтана был определен субклад Z780, начало роста которого датируется 16400-14400 годами назад (Rasmussen et al. 2014). Поскольку его носители в Евразии пока не обнаружены, рассчитанную выше датировку следует принять в качестве начальной для популяции, заселившей Америку. Самый ранний известный образец из намного превосходящего по численности субклада M3 датируется несколько более поздним временем, 12370-11400 годами назад (I11974; Posth et al. 2018), но место его находки (центральная часть Чили) дает основание считать, что люди из этого субклада жили в Северной Америке во времена культуры Кловис или даже ранее. Тот же субклад M3 характеризует группу образцов из штата Минас-Жерайс в Бразилии, датированных 10560-9920 лет назад (Posth et al. 2018). По краниологическим данным их выделяют в т.н. палеоамериканский антропологический

тип, отличный от монголоидного, к которому относят современных южноамериканских индейцев. Расхождение между преобладанием в линиях Y-ДНК и отсутствием таковой по антропологическим параметрам пока не находит однозначного объяснения и требует дополнительных данных.

Исследования многочисленных образцов, синхронных железному веку и Средневековью Европы, были посвящены, как правило, решению частных задач, таких как этническая история Антильских островов, южноамериканских Анд и Патагонии. Их результаты позволили уточнить существующие теории.

ОБСУЖДЕНИЕ

В отличие от рассмотренных ранее гаплогрупп G, I, R1a и R1b, представители гаплогруппы Q внесли сравнительно небольшой вклад в демографическую историю Евразии. Тем не менее, анализ имеющихся данных позволил выявить детали, что не вытекали из прежних исследований. Важным результатом следует считать находки на Русской равнине времен мезолита и неолита, поскольку они указывают на Сибирь или Центральную Азию как один из источников популяции, заселившей восток Европы в послеледниковое время. По мере появления новых образцов и уточнения филогении существующих должны проясниться детали этого процесса, а также судьба угасших линий.

Данные по Монголии и Китаю дают основание считать, что в неолитических культурах бассейна Хуанхэ доля носителей ветви Q-F746>M120 была значительно выше, чем у современного населения региона. Ее снижение до уровня в 1-2%, очевидно, вызвано притоком мигрантов с юга, усиливавшимся по мере становления древнекитайской государственности и завоевания новых земель. Были первые земледельцы с Лёссового Плато из гаплогруппы Q предками китайцев по языку, или древнекитайский сформировался в среде мигрантов из гаплогруппы O, еще предстоит выяснить.

Результаты исследований по Южной Сибири позволили реконструировать сложный процесс смены населения за последние 8000 лет, детали которого



Рис. 8. Снимок экрана для слоя с образцами из Северной и Южной Америки, Гренландии и Чукотки от 16.10.2022

еще предстоит выяснить. Систематические данные есть только по Прибайкалью, Саянам и Алтаю, остальные регионы представлены единичными образцами или до сих пор не исследованы. К их числу относятся места, что к середине XVII века заселяли народности, говорившие на ныне мертвых языках енисейской семьи. Енисейская языковая семья привлекает особое внимание лингвистов как реликт древних языков Сибири и возможное связующее звено с языковой семьей На-Дене Северной Америки. На основании единичных тестов у живущих на Енисее кетов для носителей енисейских языков предполагается гаплогруппа Q в качестве основной линии, но статистически значимые данные, в том числе по филогении, отсутствуют. Решение загадки енисейских языков едва ли возможно без данных палеогенетики, если принять во внимание почти полную ассимиляцию енисейских народов за последние 300-400 лет.

Данные по зоне евразийских степей времен железа и поздней бронзы позволяют реконструировать постепенный процесс смешения потомков пришедших из Восточной Европы племен с коренным населением Сибири. Доля образцов из разных субкладов гаплогруппы Q нарастает, а их ареал смещается к западу. Наглядным примером такого процесса можно назвать упомянутую выше ветвь YP4055 из субклада YP4010 в среде чеченцев. Одним из следствий смешения стала тюркизация степных народов, начало и ход которой остаются

предметом дебатов. Практически все носители субклада R1a-Z93 среди народов б. СССР (кроме евреев-ашкенази) говорят на тюркских языках, хотя в прошлом этот субклад охватывал народы, говорившие на языках индоевропейской семьи, в том числе иранских. Сравнительно немногочисленные носители субкладов Q-M25 и Q-L330 также в основном тюркоязычны. Очевидно, тюркские языки зародились среди народов из гаплогрупп, отличный от R1a, в числе которых может быть Q. Вопрос об исходном тюркоязычии людей из гаплогруппы Q остается открытым.

Наибольший прогресс был достигнут в палеогенетике Америки. Благодаря находкам из США, Чили и Бразилии удалось установить временной интервал, когда существовала общность, к которой восходят все линии нынешних индейских народов Северной и Южной Америки. Это 16400-13500 лет назад. К рассчитанной специалистами компании YFull датировке независимо сходятся времена возникновения субклада Z780 и развилки субкладов M3 и L804, из которых последний встречается с низкой частотой в Скандинавии. Датировка несколько превышает время существования культуры Кловис, а потому, вероятно, относится к популяции, населявшей Берингию до начала миграции. В очевидном противоречии с ней находятся датировки ряда палеолитических стоянок, уходящие на 23000-21000 лет назад (Bennett et al. 2021). Ни на одной из них пока не было найдено образцов ДНК человека, а потому неизвестно, какие люди

оставили там следы, и какова была их дальнейшая судьба. На сегодняшний день, все коренные жители Америки из гаплогруппы Q, за исключением части эскимосов, восходят к небольшой группе людей, принадлежавших к субкладам M3, Z780 и, возможно, YP4010. О скорости, с которой они заселяли оба континента, можно судить по датировке образца I11974 из Чили (12370-11400 лет назад), у которого определен терминальный сноп M848. Он задает нисходящую от субклада M3 ветвь, время образования которой оценивается в 14200-11000 лет назад. Датировки перекрываются, а это означает, что новые ветви в субкладах M3 и, очевидно, Z780 возникали на начальном этапе не во время длительного проживания в ограниченном ареале, а «на марше», в ходе освоения новых земель. Аналогичный процесс в более ограниченном территориальном масштабе отмечен для носителей гаплогрупп R1a и R1b времен ранней бронзы.

Скорость, с которой потомки небольшой группы людей, находившихся в близком родстве, расселились на огромной территории, очевидно, дает ключ к разгадке происхождения америндских языков. Специалисты разделяют их на большое число групп, семей и макросемей, состав и родственные связи которых вызывают порой ожесточенные дискуссии. Как правило, отвергается наличие общего для них языка-предка даже на уровне культуры Кловис, но данные палеогенетики и ДНК-генеалогии доказывают, что такой язык в виде группы родственных диалектов не мог не существовать. Однако, еще на начальном этапе развития их носители утратили какой-либо контакт друг с другом, а потому языки эволюционировали самостоятельно, не испытывая взаимного влияния, как это происходило со многими языковыми семьями Старого Света. Таким образом, история америндских языков может оказаться модельным при-

мером для сравнительной лингвистики, но для дальнейшего продвижения необходимы данные палеогенетики, намного более детальные, чем в настоящее время. Это дело будущего.

ВЫВОДЫ

В гапlocарте Q собран и систематизирован материал из десятков научных публикаций, в которых есть данные по более, чем 500 образцам от палеолита до Нового Времени. Согласно имеющимся данным, она выделилась в качестве самостоятельной линии из гапlocарты P в Сибири, там же сформировались ее основные субклады. После отступления ледника ее носители заселили территории Русской равнины, Средней Азии, бассейна Хуанхэ, и начали освоение Америки. Миграции в восточном направлении оказались демографически успешными, тогда как линии, ушедшие на запад, угасли или сохранились в качестве минорных реликтовых ветвей. В эпоху бронзы и раннего железа наблюдается «возрождение» ряда сибирских ветвей гапlocарты Q, представители которых влились в состав кочевых народов и заселили зону евразийских степей в ходе продвижения на запад. Процесс заселения Америки носителями гапlocарты Q согласуется с моделью однократной миграции группы родственных племен, живших 16400-13500 лет назад на крайнем северо-востоке Евразии. Теории нескольких волн миграции пока не подтверждаются экспериментальными данными, за исключением сравнительно позднего появления эскимосских народов в арктической зоне Северной Америки. Модель однократной миграции дает основания к пересмотру ныне существующей классификации америндских языков и теории их эволюции.

ЛИТЕРАТУРА

- Рожанский 2017 - Рожанский И.Л. Исторические гапlocарты: обзор данных по ископаемой ДНК // Исторический формат. 2017. № 1-2. С. 92-114.
- Рожанский 2021a - Рожанский И.Л. Обзор данных по ископаемой ДНК: гапlocарта R1b // Исторический формат. 2021. № 2. С. 21-35.
- Рожанский 2021b - Рожанский И.Л. Обзор данных по ископаемой ДНК: гапlocарты G и I // Исторический формат. 2021. № 2. С. 125-140.
- Рожанский 2022 - Рожанский И.Л. Обзор данных по ископаемой ДНК: гапlocарта R1a // Исторический формат. 2022. № 1. С. 11-23.
- Allentoft et al. 2015 - Allentoft M. et al. Population genomics of Bronze Age Eurasia // Nature. 2015. Vol. 522. S. 167-172.
- Allentoft et al. 2022 - Allentoft M. et al. Population Genomics of Stone Age Eurasia // BioRxiv. 2022, posted May 06.
- Anthony 2019 - Anthony D.W. Ancient DNA, mating networks, and the Anatolian split // Dispersals and Diversification. Linguistic and archeological perspectives on the early stages of Indo-European, ed. by M. Serangeli and T. Olander. Leiden; Boston: Brill, 2019. S. 21-53.
- Anthony et al. 2022 - Anthony D.W. et al. The Eneolithic cemetery at Khvalynsk on the Volga River // Praehistorische Zeitschrift. 2022. Vol. 97. S. 22-67.
- Bennett et al. 2021 - Bennett M.R. et al. Evidence of humans in North America during the Last Glacial Maximum // Science. 2021. Vol. 373. № 6562. S. 1528-1531.
- Bongers et al. 2020 - Bongers J.L. et al. Integration of ancient DNA with transdisciplinary dataset finds strong support for Inca resettlement in the south Peruvian coast // Proceedings of the National Academy of Sciences. 2020. Vol. 117. № 31. S. 18359-18368.
- Cui et al. 2020 - Cui Y. et al. Bioarchaeological perspective on the expansion of Transeurasian languages in Neolithic Amur River basin // Evolutionary Human Sciences. 2020. Vol. 2. Article № E15.
- 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.
- de la Fuente et al. 2018 - de la Fuente C. et al. Genomic insights into the origin and diversification of late maritime hunter-gatherers from the Chilean Patagonia // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2018. Vol. 115. № 17. S. E4006-E4012.
- Fernandes et al. 2021 - Fernandes D.M. et al. A genetic history of the pre-contact Caribbean // *Nature*. 2021. Vol. 590. S. 103-110.
- Flegontov et al. 2019 - Flegontov P. et al. Palaeo-Eskimo genetic ancestry and the peopling of Chukotka and North America // *Nature*. 2019. Vol. 570. S. 236-240.
- Gnecchi-Ruscone et al. 2021 - Gnecchi-Ruscone G.A. et al. Ancient genomic time transect from the Central Asian Steppe unravels the history of the Scythians // *Science Advances*. 2021. Vol. 7. № 13. Article № eabe4414.
- Gnecchi-Ruscone et al. 2022 - Gnecchi-Ruscone G.A. et al. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites // *Cell*. 2022. Vol. 185. № 8. S. 1402-1413.
- Haber et al. 2017 - Haber M. et al. Continuity and Admixture in the Last Five Millennia of Levantine History from Ancient Canaanite and Present-Day Lebanese Genome Sequences // *American Journal of Human Genetics*. 2017. Vol. 101. № 2. S. 274-282.
- Haber et al. 2020 - Haber M. et al. A Genetic History of the Near East from an aDNA Time Course Sampling Eight Points in the Past 4,000 Years // *American Journal of Human Genetics*. 2020. Vol. 107. № 1. S. 149-157.
- 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.
- Hollard et al. 2018 - Hollard C. et al. New genetic evidence of affinities and discontinuities between bronze age Siberian populations // *American Journal of Physical Anthropology*. 2018. Vol. 167. № 1. S. 97-107.
- Järve et al. 2019 - Järve M. et al. Shifts in the Genetic Landscape of the Western Eurasian Steppe Associated with the Beginning and End of the Scythian Dominance // *Current Biology*. 2019. Vol. 29. № 14. S. 2430-2441.
- Jeong et al. 2018 - Jeong C. et al. Bronze Age population dynamics and the rise of dairy pastoralism on the eastern Eurasian steppe // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2018. Vol. 115. № 48. S. E11248-E11255.
- Jeong et al. 2020 - Jeong C. et al. A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe // *Cell*. 2020. Vol. 183. № 4. S. 890-904.
- Kennett et al. 2017 - Kennett D.J. et al. Archaeogenomic evidence reveals prehistoric matrilineal dynasty // *Nature Communications*. 2017. Vol. 8. Article № 14115.
- Kennett et al. 2022 - Kennett D.J. et al. South-to-north migration preceded the advent of intensive farming in the Maya region // *Nature Communications*. 2022. Vol. 13. Article № 1530.
- Keyser et al. 2020 - 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.
- Kılınc et al. 2021 - Kılınc G.M. et al. Human population dynamics and Yersinia pestis in ancient northeast Asia // *Science Advances*. 2021. Vol. 7. № 2. Article № eabc4587.
- Krzewinska et al. 2018 - 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.
- Kumar et al. 2022 - Kumar V. et al. Bronze and Iron Age population movements underlie Xinjiang population history // *Science*. 2022. Vol. 376. № 6588. S. 62-69.
- Lamnidis 2021 - Lamnidis T.C. Exploring the effects of migration and admixture on human populations through time, using ancient DNA. PhD Dissertation, Friedrich-Schiller-Universität Jena, Fakultät für Biowissenschaften, 2021.
- Lazaridis et al. 2022 - Lazaridis I. et al. The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe // *Science*. 2022. Vol. 377. № 6609. Article № eabm4247.
- Lindo et al. 2017 - Lindo J. et al. Ancient individuals from the North American Northwest Coast reveal 10,000 years of regional genetic continuity // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2017. Vol. 114. № 16. S. 4093-4098.
- Lindo et al. 2018 - Lindo J. et al. The genetic prehistory of the Andean highlands 7000 years BP though European contact // *Science Advances*. 2018. Vol. 4. № 11. Article № aau4921.
- Margaryan et al. 2020 - Margaryan A. et al. Population genomics of the Viking world // *Nature*. 2020. Vol. 585. S. 390-396.
- Mary et al. 2019 - Mary L. et al. Genetic kinship and admixture in Iron Age Scytho-Siberians // *Human Genetics*. 2019. Vol. 138. S. 411-423.
- Mathieson et al. 2018 - Mathieson I. et al. The genomic history of southeastern Europe // *Nature*. 2018. Vol. 555. S. 197-203.
- Mendisco et al. 2014 - Mendisco F. et al. Genetic Diversity of a Late Prehispanic Group of the Quebrada de Humahuaca, Northwestern Argentina // *Annals of Human Genetics*. 2014. Vol. 78. № 5. S. 367-380.
- Moreno-Mayar et al. 2018 - Moreno-Mayar J.V. et al. Early human dispersals within the Americas // *Science*. 2018. Vol. 362. № 6419. Article № eaav2621.
- Nägele et al. 2020 - Nägele K. et al. Genomic insights into the early peopling of the Caribbean // *Science*. 2020. Vol. 360. № 6502. S. 456-460.
- Nakatsuka et al. 2020a - Nakatsuka N. et al. A Paleogenomic Reconstruction of the Deep Population History of the Andes // *Cell*. 2020. Vol. 181. № 5. S. 1131-1145.
- Nakatsuka et al. 2020b - Nakatsuka N. et al. Ancient genomes in South Patagonia reveal population movements associated with technological shifts and geography // *Nature Communications*. 2020. Vol. 11. Article № 3868.
- 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. 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.

- Nieves-Colón et al. 2020 - Nieves-Colón M.A. et al. Ancient DNA Reconstructs the Genetic Legacies of Precontact Puerto Rico Communities // *Molecular Biology and Evolution*. 2020. Vol. 37. № 3. S. 611-626.
- Ning et al. 2019 - Ning C. et al. Ancient genomes reveal Yamnaya-related ancestry and a potential source of Indo-European speakers in iron age Tianshan // *Current Biology*. 2019. Vol. 29. № 15. S. 2526-2532.
- Ning et al. 2020 - Ning C. et al. Ancient genomes from northern China suggest links between subsistence changes and human migration // *Nature Communications*. 2020. Vol. 11. Article № 2700.
- Popović et al. 2021 - Popović D. et al. Ancient genomes reveal long-range influence of the pre-Columbian culture and site of Tiwanaku // *Science Advances*. 2021. Vol. 7. № 39. Article № abg7261.
- Posth et al. 2018 - Posth C. et al. Reconstructing the Deep Population History of Central and South America // *Cell*. 2018. Vol. 175. № 5. S. 1185-1197.
- Raghavan et al. 2014 - Raghavan M. et al. The genetic prehistory of the New World Arctic // *Science*. 2014. Vol. 345. № 6200. Article № 1255832.
- Raghavan et al. 2015 - Raghavan M. et al. Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans // *Science*. 2015. Vol. 340. № 6250. Article № aab3884.
- Rasmussen et al. 2010 - Rasmussen M. et al. Ancient human genome sequence of an extinct Palaeo-Eskimo // *Nature*. 2010. Vol. 463. S. 757-762.
- Rasmussen et al. 2014 - Rasmussen M. et al. The genome of a Late Pleistocene human from a Clovis burial site in western Montana // *Nature*. 2014. Vol. 506. S. 225-229.
- Rasmussen et al. 2015 - Rasmussen M. et al. The ancestry and affiliations of Kennewick Man // *Nature*. 2015. Vol. 523. S. 455-458.
- Saag et al. 2021 - Saag L. et al. Genetic ancestry changes in Stone to Bronze Age transition in the East European plain // *Science Advances*. 2021. Vol. 7. № 4. Article № eabd6535.
- Scheib et al. 2018 - Scheib C.L. et al. Ancient human parallel lineages within North America contributed to a coastal expansion // *Science*. 2018. Vol. 360. № 6392. S.1024-1027.
- Sikora et al. 2019 - Sikora M. et al. The population history of northeastern Siberia since the Pleistocene // *Nature*. 2019. Vol. 570. S. 182-188.
- Unterlander et al. 2017 - Unterländer M. et al. Ancestry and demography and descendants of Iron Age nomads of the Eurasian Steppe // *Nature Communications*. 2017. Vol. 8. Article № 14615.
- 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.
- Wang et al. 2021 - Wang C.-C. et al. Genomic Insights into the Formation of Human Populations in East Asia // *Nature*. 2021. Vol. 591. S. 413-419.
- Yu et al. 2020 - Yu H. et al. Paleolithic to Bronze Age Siberians Reveal Connections with First Americans and across Eurasia // *Cell*. 2020. Vol. 181. № 6. S. 1232-1245.
- Zhang et al. 2021 - Zhang F. et al. The genomic origins of the Bronze Age Tarim Basin mummies // *Nature*. 2021. Vol. 599. S. 256-261.
- Zhao et al. 2015 - Zhao Y.-B. et al. Ancient DNA Reveals That the Genetic Structure of the Northern Han Chinese Was Shaped Prior to 3,000 Years Ago // *PLoS ONE*. 2015. Vol. 10. № 5. Article № e0125676.

REFERENCES

- Allentoft et al. 2015 - Allentoft M. et al. Population genomics of Bronze Age Eurasia, in: *Nature*, 2015, № 522, pp. 167-172 [in English].
- Allentoft et al. 2022 - Allentoft M. et al. Population Genomics of Stone Age Eurasia, in: *BioRxiv*, 2022, posted May 06 [in English].
- Anthony 2019 - Anthony D.W. Ancient DNA, mating networks, and the Anatolian split, in: *Dispersals and Diversification. Linguistic and archeological perspectives on the early stages of Indo-European*, ed. by M. Serangeli and T. Olander, Leiden; Boston, Brill Publ., 2019, pp. 21-53 [in English].
- Anthony et al. 2022 - Anthony D.W. et al. The Eneolithic cemetery at Khvalynsk on the Volga River, in: *Præhistorische Zeitschrift*, 2022, Vol. 97, pp. 22-67 [in English].
- Bennett et al. 2021 - Bennett M.R. et al. Evidence of humans in North America during the Last Glacial Maximum, in *Science*, 2021, Vol. 373, № 6562, pp. 1528-1531 [in English].
- Bongers et al. 2020 - Bongers J.L. et al. Integration of ancient DNA with transdisciplinary dataset finds strong support for Inca resettlement in the south Peruvian coast, in: *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2020, Vol. 117, № 31, pp. 18359-18368 [in English].
- Cui et al. 2020 - Cui Y. et al. Bioarchaeological perspective on the expansion of Transeurasian languages in Neolithic Amur River basin, in: *Evolutionary Human Sciences*, 2020, Vol. 2, Article № E15 [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].
- de la Fuente et al. 2018 - de la Fuente C. et al. Genomic insights into the origin and diversification of late maritime hunter-gatherers from the Chilean Patagonia, in: *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2018, Vol. 115, № 17, pp. E4006-E4012 [in English].
- Fernandes et al. 2021 - Fernandes D.M. et al. A genetic history of the pre-contact Caribbean, in: *Nature*, 2021, Vol. 590, pp. 103-110 [in English].

- Flegontov et al. 2019** - Flegontov P. et al. Palaeo-Eskimo genetic ancestry and the peopling of Chukotka and North America, in: *Nature*, 2019, Vol. 570, pp. 236-240 [in English].
- Gneccchi-Ruscione et al. 2021** - Gneccchi-Ruscione G.A. et al. Ancient genomic time transect from the Central Asian Steppe unravels the history of the Scythians, in: *Science Advances*, 2021, Vol. 7, № 13, Article № eabe4414 [in English].
- Gneccchi-Ruscione et al. 2022** - Gneccchi-Ruscione G.A. et al. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites, in: *Cell*, Vol. 185, № 8, pp. 1402-1413 [in English].
- Haber et al. 2017** - Haber M. et al. Continuity and Admixture in the Last Five Millennia of Levantine History from Ancient Canaanite and Present-Day Lebanese Genome Sequences, in: *American Journal of Human Genetics*, 2017, Vol. 101, № 2, pp. 274-282 [in English].
- Haber et al. 2020** - Haber M. et al. A Genetic History of the Near East from an aDNA Time Course Sampling Eight Points in the Past 4,000 Years, in: *American Journal of Human Genetics*, 2020, Vol. 107, № 1, pp. 149-157 [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 [in English].
- Hollard et al. 2018** - Hollard C. et al. New genetic evidence of affinities and discontinuities between bronze age Siberian populations, in: *American Journal of Physical Anthropology*, 2018, Vol. 167, № 1, pp. 97-107 [in English].
- Järve et al. 2019** - Järve M. et al. Shifts in the Genetic Landscape of the Western Eurasian Steppe Associated with the Beginning and End of the Scythian Dominance, in: *Current Biology*, 2019, Vol. 29, № 14, pp. 2430-2441 [in English].
- Jeong et al. 2018** - Jeong C. et al. Bronze Age population dynamics and the rise of dairy pastoralism on the eastern Eurasian steppe, in: *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2018, Vol. 115, № 48, pp. E11248-E11255 [in English].
- Jeong et al. 2020** - Jeong C. et al. A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe, in: *Cell*, 2020, Vol. 183, № 4, pp. 890-904 [in English].
- Kennett et al. 2017** - Kennett D.J. et al. Archaeogenomic evidence reveals prehistoric matrilineal dynasty, in: *Nature Communications*, 2017, Vol. 8, Article № 14115 [in English].
- Kennett et al. 2022** - Kennett D.J. et al. South-to-north migration preceded the advent of intensive farming in the Maya region, in: *Nature Communications*, 2022, Vol. 13, Article № 1530 [in English].
- Keyser et al. 2020** - 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].
- Kılınc et al. 2021** - Kılınc G.M. et al. Human population dynamics and Yersinia pestis in ancient northeast Asia, in: *Science Advances*, 2021, Vol. 7, № 2, Article № eabc4587 [in English].
- Krzewinska et al. 2018** - Krzewinska 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].
- Kumar et al. 2022** - Kumar V. et al. Bronze and Iron Age population movements underlie Xinjiang population history, in: *Science*, 2022, Vol. 376, № 6588, pp. 62-69 [in English].
- Lamnidis 2021** - Lamnidis T.C. Exploring the effects of migration and admixture on human populations through time, using ancient DNA. PhD Dissertation, Friedrich-Schiller-Universität Jena, Fakultät für Biowissenschaften, 2021 [in English].
- Lazaridis et al. 2022** - Lazaridis I. et al. The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe, in: *Science*, 2022, Vol. 377, № 6609, Article № eabm4247 [in English].
- Lindo et al. 2017** - Lindo J. et al. Ancient individuals from the North American Northwest Coast reveal 10,000 years of regional genetic continuity, in: *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2017, Vol. 114, № 16, pp. 4093-4098.
- Lindo et al. 2018** - Lindo J. et al. The genetic prehistory of the Andean highlands 7000 years BP though European contact, in: *Science Advances*, 2018, Vol. 4, № 11, Article № aau4921 [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].
- Mary et al. 2019** - Mary L. et al. Genetic kinship and admixture in Iron Age Scytho-Siberians, in: *Human Genetics*, 2019, Vol. 138, pp. 411-423 [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].
- Mendisico et al. 2014** - Mendisico F. et al. Genetic Diversity of a Late Prehispanic Group of the Quebrada de Humahuaca, Northwestern Argentina, in: *Annals of Human Genetics*, 2014, Vol. 78, № 5, pp. 367-380 [in English].
- Moreno-Mayar et al. 2018** - Moreno-Mayar J.V. et al. Early human dispersals within the Americas, in: *Science*, 2018, Vol. 362, № 6419, Article № eaav2621 [in English].
- Nägele et al. 2020** - Nägele K. et al. Genomic insights into the early peopling of the Caribbean, in: *Science*, 2020, Vol. 360, № 6502, pp. 456-460 [in English].
- Nakatsuka et al. 2020a** - Nakatsuka N. et al. A Paleogenomic Reconstruction of the Deep Population History of the Andes, in: *Cell*, 2020, Vol. 181, № 5, pp. 1131-1145 [in English].
- Nakatsuka et al. 2020b** - Nakatsuka N. et al. Ancient genomes in South Patagonia reveal population movements associated with technological shifts and geography, in: *Nature Communications*, 2020, Vol. 11, Article № 3868 [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. 2019** - Neparáczki 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].
- Nieves-Colón et al. 2020** - Nieves-Colón M.A. et al. Ancient DNA Reconstructs the Genetic Legacies of Precontact Puerto Rico Communities, in: *Molecular Biology and Evolution*, 2020, Vol. 37, № 3, pp. 611-626 [in English].
- Ning et al. 2019** - Ning C. et al. Ancient genomes reveal Yamnaya-related ancestry and a potential source of Indo-European speakers in iron age Tianshan, in: *Current Biology*, 2019, Vol. 29, № 15, pp. 2526-2532 [in English].

- Ning et al. 2020 - Ning C. et al. Ancient genomes from northern China suggest links between subsistence changes and human migration, in: Nature Communications, 2020, Vol. 11, Article № 2700 [in English].
- Popović et al. 2021 - Popović D. et al. Ancient genomes reveal long-range influence of the pre-Columbian culture and site of Tiwanaku, in: Science Advances, 2021, Vol. 7, № 39, Article № abg7261 [in English].
- Posth et al. 2018 - Posth C. et al. Reconstructing the Deep Population History of Central and South America, in: Cell, 2018, Vol. 175, № 5, pp. 1185-1197 [in English].
- Raghavan et al. 2014 - Raghavan M. et al. The genetic prehistory of the New World Arctic, in: Science, 2014, Vol. 345, № 6200, Article № 1255832 [in English].
- Raghavan et al. 2015 - Raghavan M. et al. Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans, in: Science, 2015, Vol. 340, № 6250, Article № aab3884 [in English].
- Rasmussen et al. 2010 - Rasmussen M. et al. Ancient human genome sequence of an extinct Palaeo-Eskimo, in: Nature, 2010, Vol. 463, pp. 757-762 [in English].
- Rasmussen et al. 2014 - Rasmussen M. et al. The genome of a Late Pleistocene human from a Clovis burial site in western Montana, in: Nature, 2014, Vol. 506, pp. 225-229 [in English].
- Rasmussen et al. 2015 - Rasmussen M. et al. The ancestry and affiliations of Kennewick Man, in: Nature, 2015, Vol. 523, pp. 455-458 [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 2021a - 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].
- Rozhanskij 2021b - Rozhanskij I.L. Obzor dannyh po iskopaemoj DNK: gaplokarty G i I [A review of ancient DNA data: haplomap of G and I], in: Istoricheskiy format [Historical format], 2021, № 4, pp. 125-140 [in Russian].
- Rozhanskij 2022 - Rozhanskij I.L. Obzor dannyh po iskopaemoj DNK: gaplokarta R1b [A review of ancient DNA data: haplomap of R1b], in: Istoricheskiy format [Historical format], 2022, № 1, pp. 11-23 [in Russian].
- Saag et al. 2021 - Saag L. et al. Genetic ancestry changes in Stone to Bronze Age transition in the East European plain, in: Science Advances, 2021, Vol. 7, № 4, Article № eabd6535 [in English].
- Scheib et al. 2018 - Scheib C.L. et al. Ancient human parallel lineages within North America contributed to a coastal expansion, in: Science, 2018, Vol. 360, № 6392, pp.1024-1027 [in English].
- Sikora et al. 2019 - Sikora M. et al. The population history of northeastern Siberia since the Pleistocene, in: Nature, 2019, Vol. 570, pp. 182-188 [in English].
- Unterlander et al. 2017 - Unterländer M. et al. Ancestry and demography and descendants of Iron Age nomads of the Eurasian Steppe, in: Nature Communications, 2017, Vol. 8, Article № 14615 [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].
- Wang et al. 2021 - Wang C.-C. et al. Genomic Insights into the Formation of Human Populations in East Asia, in: Nature, 2021, Vol. 591, pp. 413-419 [in English].
- Yu et al. 2020 - Yu H. et al. Paleolithic to Bronze Age Siberians Reveal Connections with First Americans and across Eurasia, in: Cell, 2020, Vol. 181, № 6, pp. 1232-1245 [in English].
- Zhang et al. 2021 - Zhang F. et al. The genomic origins of the Bronze Age Tarim Basin mummies, in: Nature, 2021, Vol. 599, pp. 256-261 [in English].
- Zhao et al. 2015 - Zhao Y.-B. et al. Ancient DNA Reveals That the Genetic Structure of the Northern Han Chinese Was Shaped Prior to 3,000 Years Ago, in: PLoS ONE, 2015, Vol. 10, № 5, Article № e0125676 [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