

ОБЗОР ДАННЫХ ИСКОПАЕМОЙ ДНК: ЯМНАЯ КУЛЬТУРА

И. Л. Рожанский

Академия ДНК-генеалогии

Россия, 127591, г. Москва, ул. Дубнинская, д. 26, корп. 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

АННОТАЦИЯ

В статье собран и систематизирован материал по ископаемым образцам ДНК из ямной культурной общности и предшествовавшим ей археологическим культурам Русской равнины и Сибири, опубликованный в научных работах с 2014 по февраль 2025 гг. Более чем 800 образцов размещены на интерактивной карте на платформе Google Maps. Согласно имеющимся данным, люди, создавшие ямную культуру, состояли из нескольких групп, различавшихся по происхождению и занимаемой территории. Наиболее демографически успешная группа сформировалась между 4000 и 3500 гг. до н.э. в ходе смешения одного из племен, населявших степную зону Европы, с не идентифицированной пока общностью, родственной жителям лесной зоны Восточной Европы эпохи энеолита. К началу III тысячелетия до н.э. доминирующей мужской линией в её составе стал субклад R1b-Z2103. К этой группе восходит население афанасьевской культуры Южной Сибири, что свидетельствует в пользу её европейского происхождения. Имеющиеся на сегодня данные ископаемой ДНК не дают возможности установить, на каких языках говорили те люди, и не дают новых аргументов в поддержку какой-либо из основных гипотез индоевропейской прародины.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: ископаемая ДНК, интерактивная карта, ямная культура, проблема индоевропейской прародины.

A REVIEW OF ANCIENT DNA DATA: YAMNAYA CULTURE

Igor Rozhanskii

Academy of DNA Genealogy

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

e-mail: info@dna-academy.ru

ABSTRACT

The data on ancient DNA samples from the Yamnaya cultural group and the preceding archaeological cultures of the Russian Plain and Siberia, published in scientific papers from 2014 to February 2025, were collected and systematized. More than 800 samples are posted on an interactive map on the Google Maps platform. According to the available data, the people who created the Yamnaya culture consisted of several groups that differed in origin and territory occupied. The most demographically successful one was formed between 4000 and 3500 BC during the mixing of one of the tribes inhabiting the steppe zone of Europe with an as yet unidentified community related to the inhabitants of the forest zone of Eastern Europe of the Eneolithic era. By the beginning of the 3rd millennium BC, the R1b-Z2103 subclade became the dominant male line among its bearers. The Afanas'ev culture population of Southern Siberia dates back to this group, which is evidence in favor of its European origin. Up to date, the ancient DNA data do not allow us to establish what languages these people spoke, and do not provide new arguments in support of any of the major hypotheses of the Indo-European homeland.

KEYWORDS: ancient DNA, interactive map, Yamnaya culture, problem of the Indo-European homeland.

ВВЕДЕНИЕ

Настоящая статья продолжает серию обзоров по ископаемой ДНК, начатой в 2017 году (Рожанский 2017) и продолженной спустя 4 года в виде тематических выпусков по данным из Y-гаплогрупп G и I (Рожанский 2021b), Q (Рожанский 2022b), R1a (Рожанский 2022a), R1b (Рожанский 2021a) и Балканскому полуострову от палеолита до Средних Веков (Рожанский 2024). При анализе

более 5000 образцов были получены сведения по истории Евразии и Северной Америки, 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.

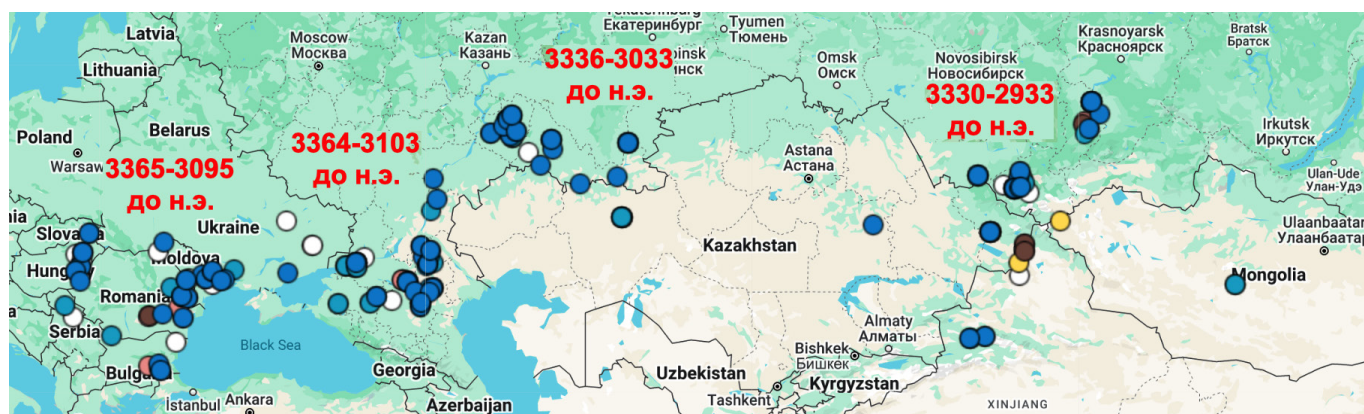


Рис. 1. Места находок образцов из ямной и афанасьевской культур, с указанием радиоуглеродных датировок для самых ранних образцов по четырем географическим зонам

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 Q для Северной и Южной Америки позволили сделать вывод, что они наиболее адекватно описываются моделью однократной миграции группы родственных племен, живших 16500-13500 лет назад на крайнем северо-востоке Евразии. Совокупность данных по Балканам позволила выявить несколько волн миграций, проходивших через регион в разные эпохи в разных направлениях. Некоторые почти не оставили следов в современном населении, наследие других оказалось решающим в его этногенезе.

В обзорах, посвященных гаплогруппам R1a и R1b, было уделено внимание культурам евразийских степей бронзового века: ямной, афанасьевской, катакомбной, полтавкинской, синташтинской, срубной, андроновской. Их можно отнести к числу фаворитов в палеогенетике благодаря сочетанию нескольких факторов: обилию доступных для анализа образцов, их хорошему археологическому описанию, географическому масштабу, а также общему интересу со стороны широкого круга читателей. Интерес связан, прежде всего, с т.н. курганной гипотезой индоевропейской прародин, согласно которой индоевропейские языки сформировались в прикаспийских степях в эпоху ранней бронзы, а их дальнейшее распространение и разделение происходило за счет миграции степных народов (Anthony 2007). Свое название «курганная» (kurgan hypothesis) она получила из-за особенностей погребального обряда степных народов той эпохи – возведению искусственных холмов (курганов) над могилами своих соплеменников. Аргументация курганной гипотезы индоевропейской прародин опирается почти исключительно на археологический материал, тогда как лингвистические модели более согласуются с альтернативной анатолийской гипотезой, в которой исходным ареалом является Анатолия эпохи неолита (Гамкрелидзе, Иванов 1984; Gray, Atkinson 2003). В последние несколько лет предпринимались попытки совместить обе концепции в единое целое, привлекая доступные на то время дан-

ные ископаемой ДНК (Anthony 2019; Lazaridis et al. 2022). Центральное место в «объединительных» концепциях занимает ямная культура, время существования (с 3300 по 2850 гг. до н.э.) и необычайно широкое географическое распространение которой (см. рис. 1) связывают с одной из ранних стадий распада протоиндоевропейской языковой общности.

В начале 2025 года в журнале Nature вышла статья под названием «Генетическое происхождение индоевропейцев», в которой коллектив палеогенетиков и археологов подвел промежуточные итоги в исследовании ямной культуры современными естественнонаучными методами (Lazaridis et al. 2025). К несомненным достоинствам работы следует отнести богатство исходного материала, что включает более 400 новых образцов ископаемой ДНК, то есть больше, чем было опубликовано по этой теме за предыдущие 10 лет. Их подробное археологическое описание систематизировано на 240 страницах сопроводительного текста, что делает его полноценным археологическим справочником для специалистов, многие из которых не имеют доступа к оригинальным материалам на русском, румынском, венгерском и словацком языках. С другой стороны, название статьи вводит в заблуждение, потому что лингвистический термин «индоевропейцы» (Indo-Europeans) подразумевает, что в ней должен быть раздел, посвященный языковым вопросам. Однако, лингвистический аспект почти не обсуждается, и определение «индоевропейцы» фактически является синонимом «люди из ямной культуры», принимаемым без доказательства. Не самый лучший способ обоснования, поскольку до сих пор нет объективных данных, на каких языках говорили те люди. Профессиональные археологи стараются избегать столь однозначных ассоциаций языков с культурами, а потому название статьи можно считать уступкой масс-медиа.

Для решения вынесенной в заголовок задачи авторы используют методы, основанные на кластерном анализе полных геномов, точнее, их фрагментов, входящих в стандартный набор из примерно 1,24 миллионов однонуклеотидных полиморфизмов (снупов). Пример разбивки образцов на кластеры приведен на рис. 1b оригинальной работы в виде графика разложения по принципиальным компонентам (Lazaridis et al. 2025).

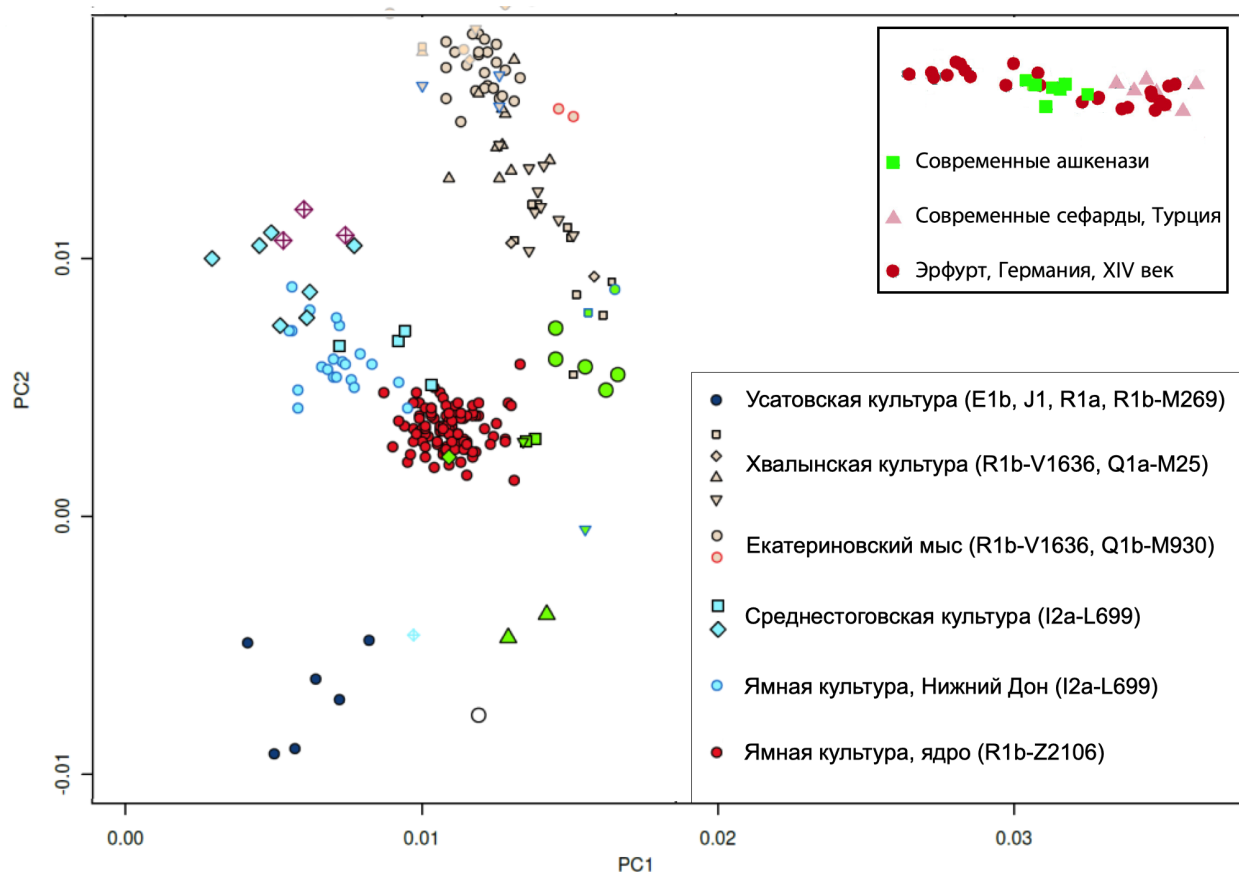


Рис. 2. Фрагмент разложения по принципиальным компонентам (PC1 – PC2) для образцов энеолита и ранней бронзы из статьи: Lazaridis et al. 2025. В скобках указаны основные Y-гаплогруппы, характеризующие соответствующий кластер. Врезка: график разложения по принципиальным компонентам для популяций евреев (Waldman et al. 2022)

I11829

Skeletal code	(Krivyansky-9, kurgan 1, burial 27)
Y haplogroup	No value
mtDNA haplogroup	U3a2a4
Coverage	4.684092926
Mean date, BP	5082
Date	3330-2933 calBCE (4440±25 BP, PSUAMS-7867)
Group ID	Konstantinovsk
Area	South-East
Country	Russia
Location	Krivyanskaya
Latitude	47.418517
Longitude	40.187857
Publication	LazaridisNature2025
Placement	47.418517, 40.187857

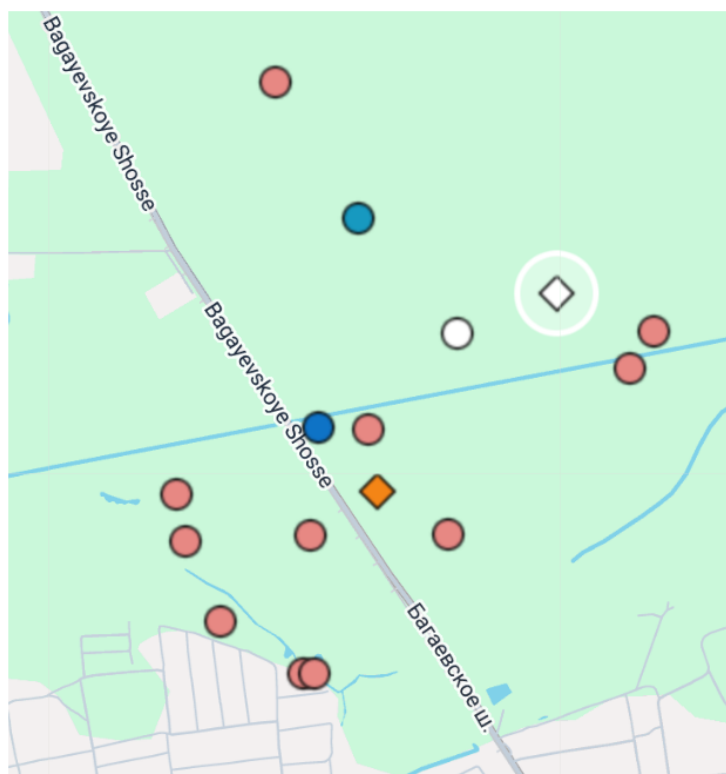


Рис. 3. Слева: пример информационной сводки по образцу ископаемой ДНК с карты. Справа: снимок экрана с карты, с искусственно разнесенными образцами из археологического объекта Кривянский-9

Ареал	1	2	3	4	5	6	7
Y г/г, всего	25	52	97	34	72	61	49
C	0	0	0	0	0	16	16
E	0	0	1	0	0	0	0
G	0	0	1	1	0	0	0
I	10	6	55	0	4	0	0
J	0	4	2	11	1	0	0
N	0	0	0	0	1	2	19
Q	1	8	6	5	28	35	13
R1a	1	11	10	3	3	0	0
R1b	13	23	22	9	35	5	0
Прочие	0	0	0	5	0	3	1
Mt г/г, всего	42	94	155	63	117	86	86
U2	3	14	11	4	19	17	0
U4	12	26	38	10	35	5	0
U5	26	40	70	4	46	4	0
U8>K	0	4	3	3	0	1	0
HV>V	0	0	0	1	0	0	0
H	1	0	13	5	9	0	0
J	0	0	3	2	0	0	0
T	0	2	8	13	2	1	0
N1a>I	0	0	4	6	1	0	0
W	0	0	2	1	0	0	0
R1b	0	4	0	0	5	9	2
A~G, Z	0	3	0	0	0	47	82
Прочие	0	1	3	14	0	2	2

Таблица 1. Распределение образцов из слоев № 1 и 2 по Y-хромосомным и митохондриальным гаплогруппам

Здесь воспроизведен его фрагмент с дополнениями автора настоящего обзора (рис. 2).

Физический смысл кластеров на рис. 2 интуитивно понятен для тех, кто знаком с математической статистикой – алгоритм сближает геномы, в которых систематически повторяются сходные наборы сипов во всех хромосомах, и, наоборот, разделяет те, в которых таких общих фрагментов меньше. В идеале, в один кластер должна входить группа людей, находящихся в родстве друг с другом, как по прямой линии, так и по более сложным цепочкам. Примером очень плотного кластера родственников можно назвать геномы современных евреев-ашкенази, которые за 600 лет жизни в Восточной Европе в изоляции от местного населения настолько перемешались между собой, что люди из разных Y- и митохондриальных гаплогрупп стали генетически неразличимы (рис. 2, врезка). С одной стороны, это дает возможность легко идентифицировать еврейскую родословную (в том числе частичную) по результатам аутосомного теста, с другой – создает серьезные проблемы при реконструкции истории этнической группы ашкенази. Все различия, что когда-то существовали на заре формирования, полностью нивелировались, и только анализ Y-хромосомных линий и их датировок дает возможность углубиться в предысторию народа.

Кластер, получивший в статье название «ядро ямной культуры» (Core Yamnaya), очень напоминает по своей

структуре (точнее, отсутствию таковой) кластер евреев-ашкенази, но с одним принципиальным отличием – большинство мужчин в нем принадлежат к одному и тому же субкладу R1b-Z2103. Чтобы выяснить происхождение этой группы, авторы используют методы, внешне напоминающие работу художника, который смешивает на палитре краски из разных тюбиков, чтобы добиться нужного оттенка. Очень образное сравнение для чрезвычайно ресурсоемких вычислительных методов, но принципиальные проблемы у генетика и художника одни и те же – выбор «тюбиков» для создания картины. Художник ограничен только своей фантазией и доступностью красок, у генетика задача сложнее – доказать, что используемый им набор референсных геномов («тюбиков») действительно описывает процессы миграции и смешения популяций, которым посвящено исследование. На доказательство выводов уходит львиная доля вычислительных ресурсов, а соответствующие графики и диаграммы занимают основную часть сопроводительного материала к статьям.

Результатом работы палеогенетиков и археологов стал вывод о «трех источниках и трех составных частях» популяции, создавшей ямную культуру. Это: (1) население причерноморских степей позднего энеолита из среднестоговской и наследовавших ей культур, (2) энеолитическое население Среднего и Нижнего Поволжья (включая хвалынскую культуру), (3) население

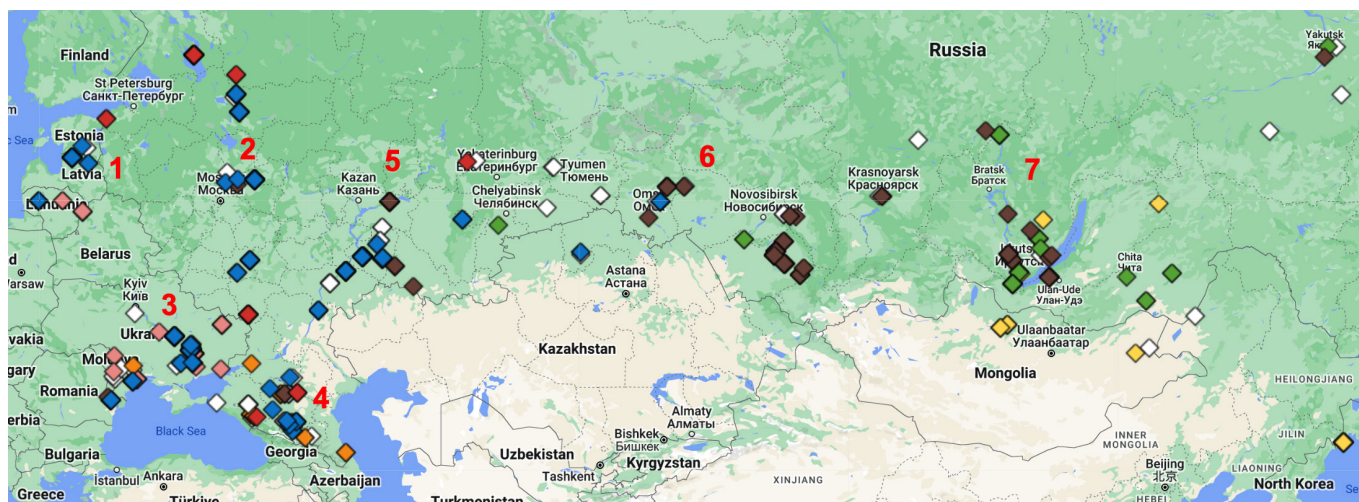


Рис. 4. Места находок ископаемой ДНК с датировками от 11000 до 5100 лет назад по состоянию на 15.03.2025. Цифрами отмечены ареалы, на которые разделены образцы с Русской равнины и из Сибири

предгорий Северного Кавказа (включая майкопскую культуру). Однако, по этой внешне стройной схеме есть вопросы, на которые в статье нет ответа. Во-первых, почему кластер «ядро ямной культуры» оказывается намного плотнее, чем более ранние кластеры среднестоговской (слева сверху) и хвалынской (вверху) культур, а также популяций энеолита Северного Кавказа (внизу, за пределами фрагмента на рис. 2)? При смешении популяций следовало бы ожидать, что он окажется намного более размытым. Во-вторых, какова судьба линий из субкладов I2a-L699 и R1b-V1636, что доминировали в энеолите Причерноморья, Поволжья и в степной зоне Северного Кавказа? Они практически отсутствуют в кластере «ядро ямной культуры», в котором основным является субклад R1b-Z2103, до сих пор не обнаруженный в более ранних популяциях. В-третьих, насколько согласуется с предложенной моделью распределение митохондриальных гаплогрупп в ямной культуре, что может вывести на регион, где начала формироваться эта группа людей?

Настоящий обзор сфокусирован на освещении поставленных выше вопросов, что остались на периферии внимания палеогенетиков, занимавшихся степными популяциями ранней бронзы.

ПОСТАНОВКА ЗАДАЧИ И РЕЗУЛЬТАТЫ

Также как в предыдущих обзорах, собранные автором сведения из оригинальных работ размещены на интерактивной карте, где каждый образец помещен в место его находки, а информация по нему открывается в виде всплывающего окна при нажатии на символ. Поскольку целью обзора является не только ямная культура, но и поиск ее возможных корней в более ранних группах людей, на карте размещены также имеющиеся на сегодняшний день данные по ископаемой ДНК с Русской равнины и из Сибири от эпохи мезолита до периода, непосредственного предшествующего появлению ямной культуры. Интерактивную гапlockарту на платформе Google Maps можно найти по следующей ссылке: <https://www.google.com/maps/d/edit?mid=16Lvl6DjxC AJGkDGzn1pVkuPgglTbNQ&usp=sharing>

Пример информационного окна приведен на рис. 3. 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 приведена в соответствие с нотацией YFull v13.02.00 (<https://www.yfull.com/tree/>). 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 образцы не размещены на MTree на портале YFull (<https://www.yfull.com/mtree/>). В последнем случае, они записаны, согласно версии 1.02.22645. 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 сипов. Чтобы иметь сопоставимые величины, приведено покрытие для стандартного набора из 1,24 миллиона сипов, разработанного в Гарвардском Университете (Mathieson et al. 2015). Средняя датировка (mean date) соответствует среднему арифметическому от верхнего и нижнего пределов, и приведена в годах до настоящего времени, каким, по соглашению, считается 1950 год. В обозначениях датировок (date) 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 «идентификатор группы» (group ID) приоритет отдавался данным из оригинальных работ. Если они отсутствовали или были неоднозначными, привлекались материалы из работ археологов по соответствующей тематике. Графа ареал (area) дает привязку к ареалу, согласно карте на рис. 4. Графа страна (country) соответствует государству, в границах которого, по состоянию на 2013 год, был найден образец. Названия мест находок (location) и их координаты

Ареал	Запад	Центр	Восток	Сибирь
Y г/г, всего	34	60	35	39
C	0	0	0	2
E	0	0	0	0
G	1	0	0	0
I	2	12	0	1
J	1	0	0	1
N	0	0	0	0
Q	1	0	2	7
R1a	0	0	0	0
R1b	29	48	33	28
Прочие	0	0	0	0
Mt г/г, всего	54	74	47	65
U2	2	3	3	3
U4	11	12	6	7
U5	11	23	8	20
U8>K	2	2	0	1
HV>V	2	2	0	1
H	17	9	12	7
J	0	0	2	7
T	4	14	7	12
N1a>I	2	4	2	0
W	1	1	5	1
R1b	1	0	0	2
A~G, Z	0	1	1	2
Прочие	1	3	1	2

Таблица 2. Распределение образцов из слоя № 3 по Y-хромосомным и митохондриальным гаплогруппам

(latitude – широта, longitude – долгота) взяты из оригинальных статей, перепроверены и, при необходимости, скорректированы автором, во избежание искажений и разночтений. 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. Дополнительный параметр расположение (placement) введен для того, чтобы можно было найти на карте все образцы из одного и того же археологического объекта. Они случайным образом рассеяны в круге радиусом 1,5 км, и при соответствующем увеличении можно получить детали по каждому из них, как показано на рис. 3.

В отличие от тематических обзоров по Y-гаплогруппам, на карту нанесены как мужские, так и женские образцы. Автор счел это необходимым, поскольку анализ данных митохондриальной ДНК вносит существенные дополнения в общую картину. Для удобства, цвет символа соответствует Y-гаплогруппе образца. Не закрашенные метки обозначают женские образцы, а также мужские, для которых из-за низкого покрытия не удается установить гаплогруппу. Образцы, отнесенные археологами к ямной и афанасьевской культурам, обозначены кружками, более ранние – ромбами.

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 2014 годом и позднее. Для дальнейшего уточнения привлекались материалы с порталов YFull (<https://www.yfull.com/tree/>) и FTDNA Discover (<https://discover.familytreedna.com>), на которых размещены результаты независимого анализа генетических данных для части опубликованных образцов. По состоянию на конец февраля 2025 года на интерактивной карте размещено 896 образцов. Они поделены по хронологическому принципу: в слоях 1 и 2 находятся образцы с датировками от мезолита до энеолита, в слое № 3 – образцы из ямной и афанасьевской культур.

СЛОИ № 1 И 2. МЕЗОЛИТ, НЕОЛИТ И ЭНЕОЛИТ РУССКОЙ РАВНИНЫ И СИБИРИ

Снимок с карты на рис. 4 дает представление об ареалах, охваченных данными палеогенетики для периодов от мезолита до энеолита. В слой № 1 входит 173 образца из Сибири, Казахстана и Монголии, поделенные на запад (6, от Урала до Енисея) и восток (7, восточнее Енисея). Слой № 2 насчитывает 477 образцов с Русской равнины, также разделенных на ареалы: северо-запад

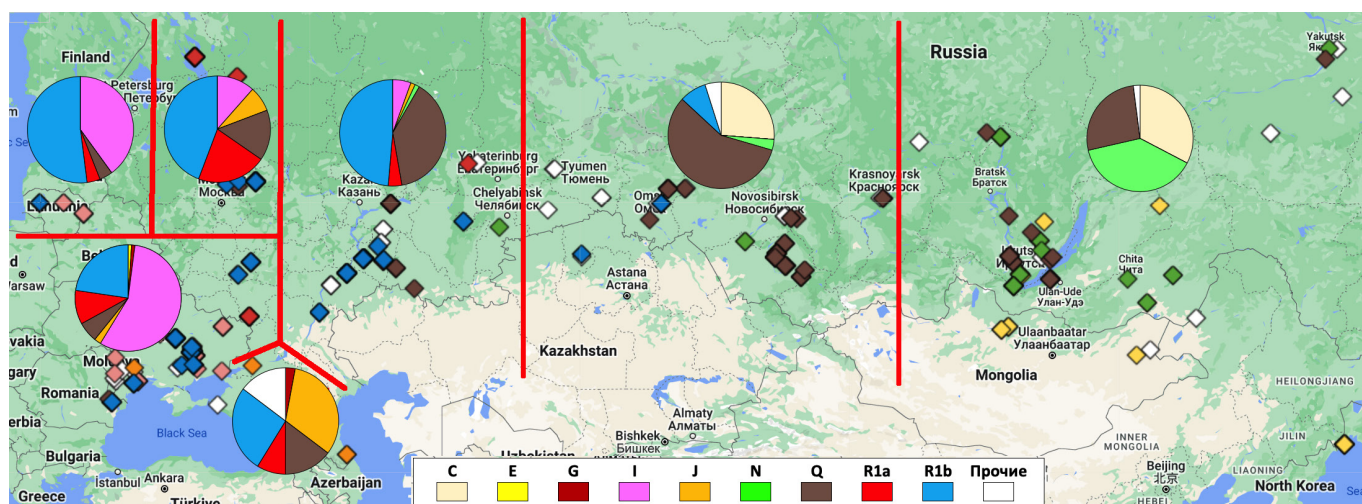


Рис. 5. Распределение Y-хромосомных гаплогрупп для образцов с Русской равнины и из Сибири, предшествующих ямной культуре

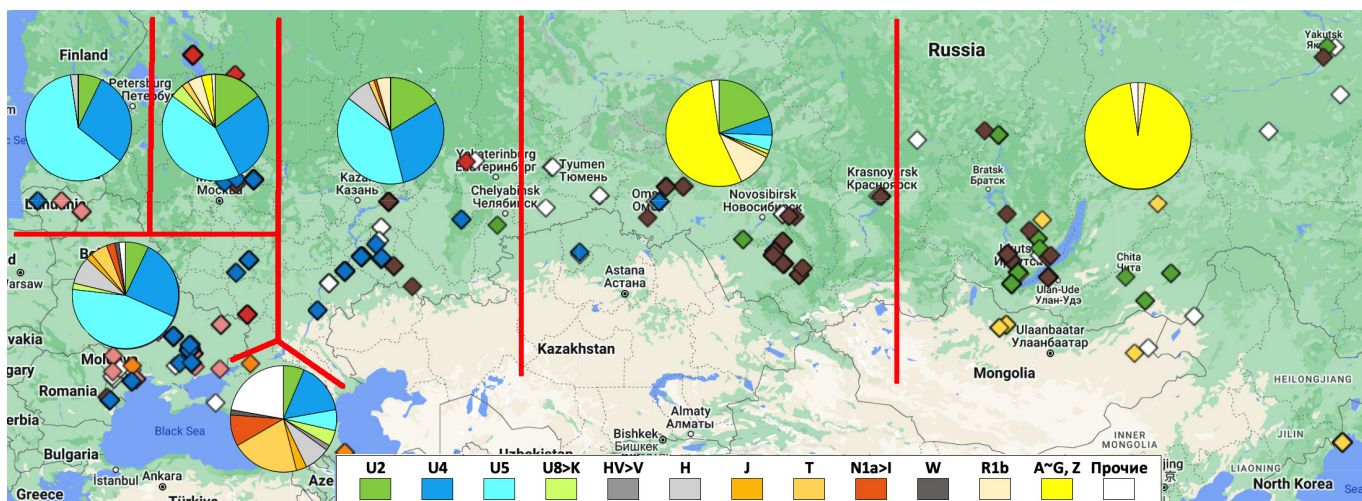


Рис. 6. Распределение митохондриальных гаплогрупп для образцов с Русской равнины и из Сибири, предшествующих ямной культуре

(1), север (2), юг (3), юго-восток (4) и восток (5). Статистика по гаплогруппам для всех образцов, предшествовавших ямной культуре, собрана в таблице 1.

Для наглядности, те же данные представлены в графическом виде на рис. 5 и 6, где круговые диаграммы помещены в соответствующий ареал.

Несколько неожиданно, общей для всех ареалов оказалась Y-гаплогруппа Q, ныне очень редкая в Старом Свете. Она представлена разными, далеко отстоящими субкладами, нередко в пределах одного и того же археологического объекта. Например, в мезолитическом оленеостровском могильнике на Онежском озере идентифицировано два образца из субклада Q1a-F1096 и один из Q1b-L56. Эти линии разделились 28000-24000 лет назад, ранее, чем, например, гаплогруппы R1a и R1b (25000-20500 лет назад). Образцы из гаплогруппы Q в Европе находят вплоть до появления ямной культуры, но затем они исчезают, и об их существовании напоминают только очень редкие ветви, сохранившиеся на Скандинавском полуострове и Кавказе. Судьбу линий гаплогруппы Q с Русской равнины во многом разде-

лили их соседи из Y-гаплогруппы I2, восходящей к древнейшим жителям Европы. Особо следует остановиться на субкладе I2a-M223, в том числе нисходящей от него ветви L699, что была основной линией в Поднепровье периода неолита и энеолита. Его определили у всех 6 мужских образцов из среднестоговской культуры с датировками от 4700 до 3700 гг. до н.э. Вклад ее носителей в формирование ямной культуры считается основным, но их мужские линии не продолжились, также как линии из гаплогруппы Q.

Для населения Балкан и Центральной Европы периода неолита и энеолита была характерна высокая доля Y-гаплогрупп анатолийского происхождения, таких как E, G и J. Однако, среди жителей Русской равнины того же периода они встречаются крайне редко – всего 2 образца из 252. Исключение составляет Северный Кавказ, где гаплогруппа J представлена 11 образцами из 34 мужских. К ним также добавляется образец из гаплогруппы G, 4 образца из ныне очень редкой гаплогруппы L2-L595 и один из гаплогруппы T. Последние 5 помещены в раздел «прочие» в таблице 1. Эти линии

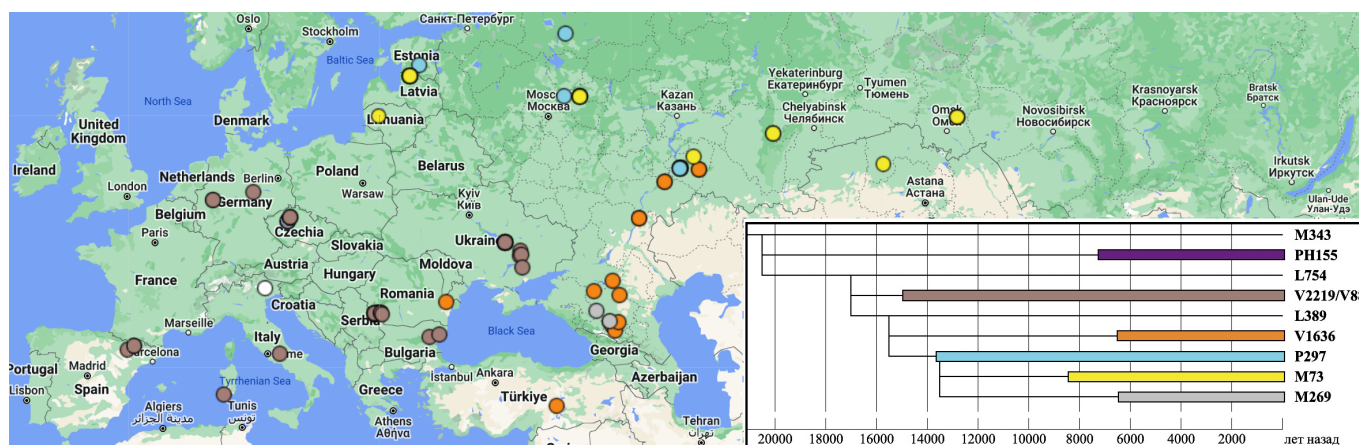


Рис. 7. Места находок образцов из Y-гаплогруппы R1b, предшествовавших появлению ямной культуры. Цвета меток соответствуют субкладу, согласно схеме ветвления на врезке

также не продолжились в ямной культуре, но частично сохранились в современном населении региона.

При рассмотрении митохондриальных гаплогрупп обращает на себя внимание резкое различие в европейской и азиатской частях исследованного региона. Общей для них оказывается только древняя гаплогруппа U2, что была найдена еще в палеолитической стоянке Костёнки-14, а ныне рассеяна от Южной Азии до Западной Европы. В выборке из 86 образцов из Западной Сибири и Казахстана она встречается у 17 (20±8 %), но среди 86 образцов из Восточной Сибири не найдена ни у одного. Женские линии там представлены митохондриальными гаплогруппами A, C, D, F и G, характерными для современного населения Восточной Азии. Очевидно, к времени появления ямной культуры различия в структуре населения Русской равнины и Сибири были очень значительны, даже с учетом пересечений по Y-гаплогруппе Q и митохондриальной гаплогруппе U2.

Следует отметить также весьма незначительный вклад митохондриальных гаплогрупп анатолийского происхождения в население Русской равнины, предшествовавшее ямной культуре. В таблице 1 они рассортированы по сводным гаплогруппам U8>K, HV>V, H, J, T, N1a>I и W. Даже на территории Украины и Молдавии, где существовала балканская по происхождению трипольская культура, перечисленные выше гаплогруппы составляют долю всего в 21±6 % (33 из 155) от образцов, не входящих в трипольскую общность. В уже упомянутой выше выборке из среднестоговской культуры «анатолийские» митохондриальные гаплогруппы определены у 4 образцов из 12. Остальные 8 входят в триаду U2, U4, U5, что доминировала на Русской равнине со времен мезолита. Для сравнения, в пещере Вертеба в Тернопольской области, по которой опубликовано 26 образцов из трипольской культуры, всего 2 представляют гаплогруппу U5, одну из «триады». Остальные 24 входят в гаплогруппы, принесенные в Европу мигрантами из Малой Азии.

Также как с Y-гаплогруппами, Северный Кавказ выпадает из общей закономерности, поскольку только 18 из 63 образцов относятся к триаде U2, U4, U5. Остальные, очевидно, имеют корни за пределами Русской рав-

нины, причем 14 образцов представляют гаплогруппы, редкие не только для Русской равнины, но и для неолита Европы. Это R0 (1 образец), R1a (4), U1 (3), U3 (2), U7 (2) и X (2). Они объединены в категорию «прочие».

Отдельного внимания заслуживает Y-гаплогруппа R1b, поскольку именно она доминирует в кластере «ядро ямной культуры». Она охватывает значительную часть образцов, предшествовавших появлению ямной культуры, и представлена несколькими далеко разошедшимися субкладами. Сводку по ним можно получить на карте на рис. 7, где, во избежание неопределенности, опущены образцы, для которых из-за недостаточного покрытия не удастся углубиться дальше уровня R1b, R1b-L754 и R1b-L389.

Древний субклад R1b-V2219 обнаружен в Европе эпохи мезолита, но его предки, вероятно, появились там раньше, как можно заключить по находке из археологического объекта Виллабруна на севере Италии. У человека, жившего около 14000 лет назад, определили гаплогруппу R1b-L754, без нисходящих сипов. Возможно, его ветвь была тупиковой, но кто-то из его современников стал родоначальником субклада V2219, представители которого влились в население Европы периода мезолита в качестве «микропримеси» к доминировавшим линиям из гаплогруппы I2. Какими путями они пришли в Европу, пока неизвестно. На Русской равнине образцы из субклада R1b-V2219 и нисходящего от него R1b-V88 находят пока только в Поднепровье, причем находки ограничиваются в основном мезолитом и неолитом.

В других частях Русской равнины, а также в Западной Сибири, находят образцы из субкладов V1636 и P297, ареалы которых заметно различаются. Первый преобладает в Поволжье и на Северном Кавказе, второй смещен к северу и востоку. Пока сложно дать однозначный ответ, чем вызвано такое географическое разделение, поскольку отсутствуют данные древней ДНК по Белоруссии, северу Украины и западу России, на территории которых, очевидно, также жили люди из гаплогруппы R1b. Субклад R1b-V1636, отмеченный на рис. 7 оранжевым цветом, разделит судьбу ветви I2a-L699 из Поднепровья – эта линия не продолжилась.

№	Образец	Датировка* (г. до н.э.)	Страна	Регион	Археологический объект
1	I2762	2916-2881	Венгрия	Бекеш	Dévaványa
2	I2761	2874-2578	Венгрия	Бекеш	Kétegyháza
3	I1427	3300-2500	Болгария	Ямбол	Голямата Могила
4	I10499	2896-2677	Румыния	Тулча	Rahman
5	I10208	2900-2500	Молдавия	Кагульский район	Крихана Веке
6	I17744	2860-2578	Молдавия	Леовский район	Сэрэтенъ
7	I12168	3018-2911	Украина	Одесская обл.	Знаменка
8	I11999	2626-2476	Украина	Одесская обл.	Знаменка
9	I12619	2868-2462	Украина	Одесская обл.	Вапнярка
10	RISE546	2900-2600	Россия	Ростовская обл.	Темрта-4
11	I6703	2851-2498	Россия	Ставропольский край	Чограй-2
12	I6918	2847-2492	Россия	Волгоградская обл.	Цаца
13	I32997	2863-2580	Россия	Респ. Калмыкия	Хар-Зуха-2
14	I32875	2864-2574	Россия	Респ. Калмыкия	Чограй-4
15	I32865	3011-2890	Россия	Респ. Калмыкия	Заханата
16	I32864	3300-2600	Россия	Респ. Калмыкия	Улан-Толга
17	I32868	3100-2800	Россия	Респ. Калмыкия	Эвдык-1
18	I32871	3010-2881	Россия	Респ. Калмыкия	Эвдык-1
19	I32851	3100-2800	Россия	Респ. Калмыкия	Эвдык-1
20	I33308	2893-2675	Россия	Респ. Калмыкия	Цаган-Усн-5
21	I10567	2882-2636	Россия	Респ. Калмыкия	Балкин-2
22	I6885	2950-2550	Россия	Респ. Калмыкия	Балкин-2
23	I33307	3705-3533**	Россия	Респ. Калмыкия	Кан. Волга-Чограй-53
24	I33312	2600-2300	Россия	Респ. Калмыкия	Кан. Волга-Чограй-56
25	I0231	2911-2881	Россия	Самарская обл.	Екатериновский Мыс
26	I8291	2864-2574	Россия	Самарская обл.	Екатериновка-1
27	I0438	3020-2631	Россия	Самарская обл.	Лужки-1
28	I0245	2986-2584	Россия	Самарская обл.	Грачевка-2
29	I0429	3339-2916	Россия	Самарская обл.	Лопатино-1
30	I10714	3300-2500	Россия	Самарская обл.	Лопатино-1
31	I7677	2911-2881	Россия	Самарская обл.	Поплавское-1
32	I6727	2831-2476	Россия	Самарская обл.	Нижняя Орлянка-1
33	I6728	3083-2916	Россия	Самарская обл.	Нижняя Орлянка-1
34	I0444	3335-2883	Россия	Самарская обл.	Кутулук-1
35	I11840	2921-2878	Россия	Самарская обл.	Кутулук-1
36	I11990	2868-2584	Россия	Оренбургская обл.	Шумаево-1
37	I12243	2851-2506	Россия	Оренбургская обл.	Красиково
38	I12242	2900-2450	Россия	Оренбургская обл.	Красиково
39	I11831	3074-2904	Россия	Оренбургская обл.	Боголюбовка
40	I10630	2868-2580	Россия	Оренбургская обл.	Увак-Курган
41	I0370	3300-2500	Россия	Оренбургская обл.	Ишкиновка-1
42	I7483	2881-2671	Россия	Челябинская обл.	Кизильский-1
43	I7487	2887-2671	Россия	Челябинская обл.	Кизильский
44	I7488	2883-2673	Россия	Челябинская обл.	Кизильский
45	I7486	2877-2635	Россия	Челябинская обл.	Кизильский-3
46	Yamnaуа	3016-2885	Казахстан	Карагандинская обл.	Карагаш
47	C3340	3013-2576	Китай	Синьцзян	Нилки
48	I13812	3300-2500	Россия	Алтайский край	Ханкаринский Дол
49	I13813	3300-2500	Россия	Алтайский край	Инской Дол
50	I32819	3300-2700	Россия	Респ. Алтай	Ело-1
51	I5269	3016-2897	Россия	Респ. Алтай	Ело-1
52	I5277	3092-2923	Россия	Респ. Алтай	Ело-Баши
53	I26089	3330-2933	Россия	Респ. Алтай	Каракол-2
54	I20101	3011-2900	Россия	Респ. Алтай	Курота-2
55	I3952	2868-2577	Россия	Респ. Хакасия	Карасук-3
56	I32501	3000-2600	Россия	Респ. Хакасия	Камыштк-1
57	I6712	2857-2501	Россия	Респ. Хакасия	Афанасьева Гора

Таблица 3. Образцы ископаемой ДНК из субклада R1b-Z2106 в географическом порядке, с запада на восток

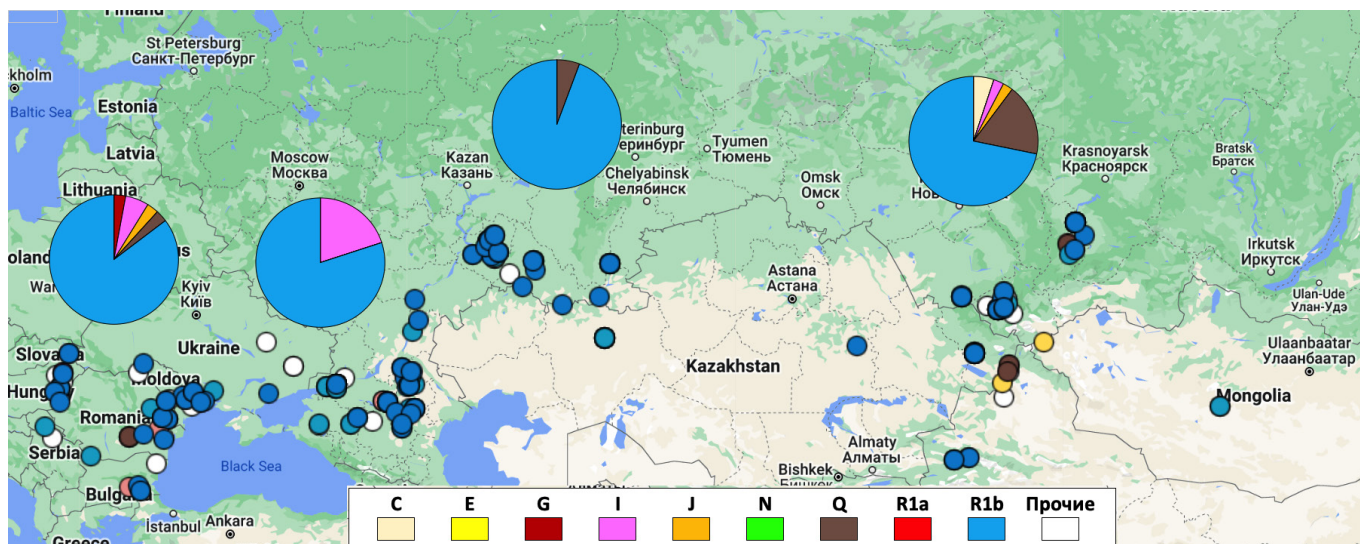


Рис. 8. Распределение Y-хромосомных гаплогрупп для образцов из ямной и афанасьевской культур

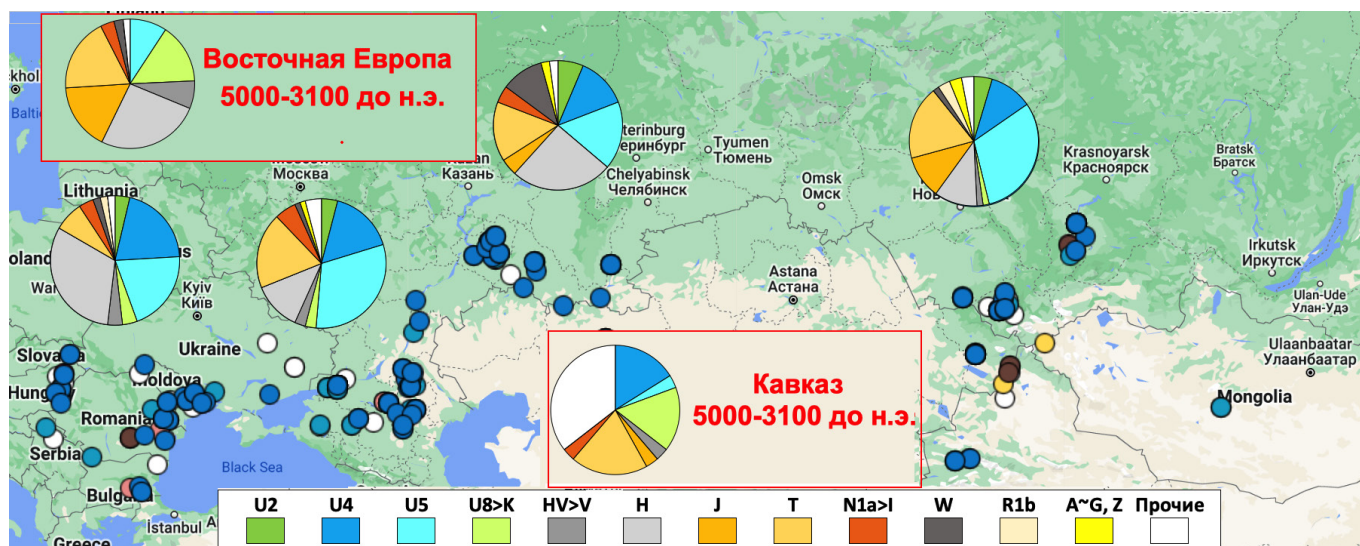


Рис. 9. Распределение митохондриальных гаплогрупп для образцов из ямной и афанасьевской культур. На врезках приведена информация по соседним регионам в предшествующую эпоху

В родственном ему субкладе R1b-P297 сейчас известно 2 нисходящие ветви – M73 (она же Y13200 в нотации YFull) и M269. Образцы из первой рассеяны от Прибалтики до Западной Сибири, не пересекаясь с регионом, где, согласно модели палеогенетиков, сформировалась ямная культура. Вторая (R1b-M269) долгое время отсутствовала среди образцов, предшествовавших ямной культуре, и только в 2024 году появились данные о двух образцах из Ставропольского края с датировками 3900-3650 гг. до н.э. (Ghalichi et al. 2024). По археологическому контексту они отнесены к степному энеолиту, без уточнения археологической культуры. Спустя несколько столетий субклад R1b-M269 станет доминирующей линией в ямной культуре, но имеют ли те единичные образцы с Кавказа отношение к его быстрому численному росту, пока неизвестно.

СЛОЙ № 3. ЯМНАЯ КУЛЬТУРА

В слой включено 249 образцов, которые в оригинальных статьях отнесены по археологическому контек-

сту к ямной и синхронной ей афанасьевской культурам. Места находок отмечены на снимке экрана на рис. 1. Они поделены на 4 хорошо различимых ареала: запад, центр, восток и Сибирь (афанасьевская культура). Статистика по распределению гаплогрупп собрана в таблице 2.

Те же данные приведены в графическом виде на рис. 8 и 9.

Y-хромосомная гаплогруппа R1b была впервые идентифицирована у людей из ямной культуры более 10 лет назад, и за прошедшее время ее статус основной линии не поменялся. Среди размещенных в слое № 3 168 мужских образцов к гаплогруппе R1b принадлежит 138, что составляет $82 \pm 6\%$, с учетом статистической погрешности. В свою очередь, для 89 из 138 образцов гаплогруппы R1b подтвержден субклад R1b-M269>L23>Z2103, не обнаруженный до сих пор в находках, предшествовавших ямной культуре. К той же группе следует добавить образцы, отнесенные к вышестоящим субкладам R1b-M269>L23 и R1b-M269, поскольку их

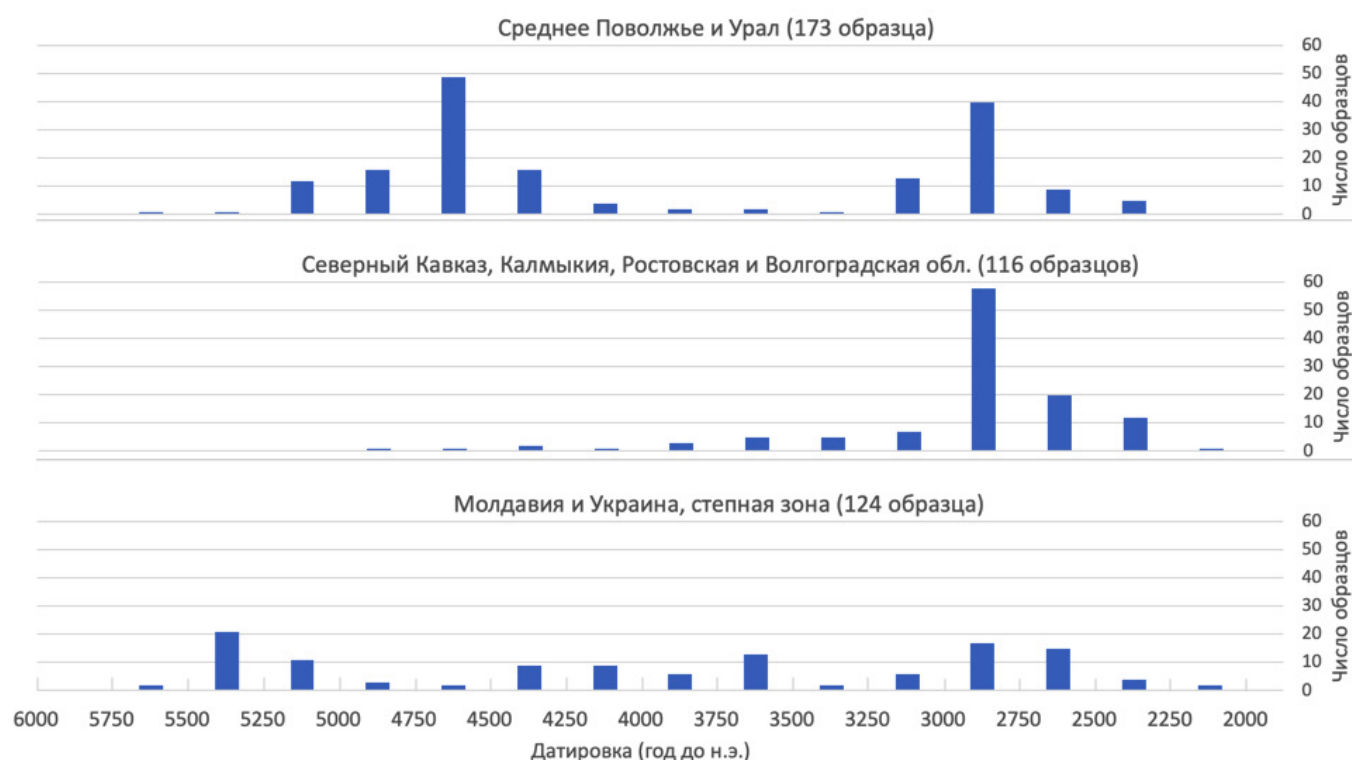


Рис. 10. Распределение по временным 250-летним периодам образцов ДНК, использовавшихся в статье (Lazaridis et al. 2025)

принадлежность к нижестоящим ветвям не всегда удается установить из-за недостаточно хорошей сохранности ДНК. Это дает еще 71 образец. К субкладам, отличным от R1b-M269, надежно отнесены всего 6 образцов из 168: один из R1b-L754 (Ростовская область), два из R1b-M73 (Самарская область и Республика Хакасия) и три из R1b-V1636 (Ростовская область и Актыбинская область, Казахстан). Очень незначительная доля, если сопоставить со вкладом этих субкладов в население Русской равнины до возникновения ямной культуры.

В центральной группе обращает на себя внимание высокая доля гаплогруппы I, в сравнении с другими ареалами – 12 образцов из 60. Однако, 10 из них найдены в одном месте – кургане 4 из курганного комплекса Кривянский-9 в Ростовской области. Все они принадлежат к субкладу I2a-L699, характерному для среднестоговской культуры. При кластерном анализе их выделили в группу «Россия, Дон, ранняя бронза, ямная», не пересекающуюся с кластером «ядро ямной культуры». Налицо статистический перекося в исходном материале, а потому неизвестно, насколько велик был вклад той группы в формирование населения, создавшего ямную культуру. В западной части ареала ямной культуры обнаружены единичные образцы из гаплогрупп G2a и J2b, что можно трактовать как знак смешения с местными линиями. В восточной части, в афанасьевской культуре доля местных гаплогрупп выше – 9 образцов из 39. Из них 7 принадлежит к ветвям гаплогруппы Q, известным по находкам из Западной Сибири более ранней эпохи, а 2 – из гаплогруппы C2, по сей день остающейся одной из главных линий народов Центральной и Восточной Азии.

Среди митохондриальных гаплогрупп ямной культуры доля образцов из триады U2, U4, U5 по-прежнему высока, но она существенно ниже, чем для популяций, из которых выводят ее корни. Например, в образцах эпохи неолита/энеолита из южного ареала (включая среднестоговскую культуру) она составляет $77 \pm 7\%$ (119 из 155), а в западном и центральном ареалах ямной культуры снижается до $48 \pm 9\%$ (62 из 128). Данные не пересекаются в пределах коридора погрешностей, а потому снижение является статистически значимым. То же соотношение ($46 \pm 12\%$, 30 из 65) сохраняется для афанасьевской культуры Южной Сибири.

Таким образом, во всех ареалах ямной культуры наблюдается высокая доля женских линий ближневосточного происхождения, источник которых не выводится из охарактеризованных на сегодня степных популяций периода энеолита. В модели, предложенной в статье (Lazaridis et al. 2025), вклад митохондриальных гаплогрупп не рассматривается, но в неявном виде он присутствует в расчетах по вкладам разных популяций в формирование кластера «ядро ямной культуры». В качестве источника указывают, прежде всего, на Северный Кавказ, где такие линии преобладали во времена энеолита. Чтобы понять, насколько обосновано такое предположение, на рис. 9 в графическом виде дается статистика по митохондриальным гаплогруппам известных на сегодня образцов периода энеолита из всего кавказского региона, а также из Восточной Европы того же периода.

Из-за недостаточной статистики сложно сделать однозначный вывод об источнике женских линий, поскольку в ямной культуре обнаружены гаплогруппы, что найдены как на Северном Кавказе, так и в Восточной Европе. Однако, можно отметить, что для ямной

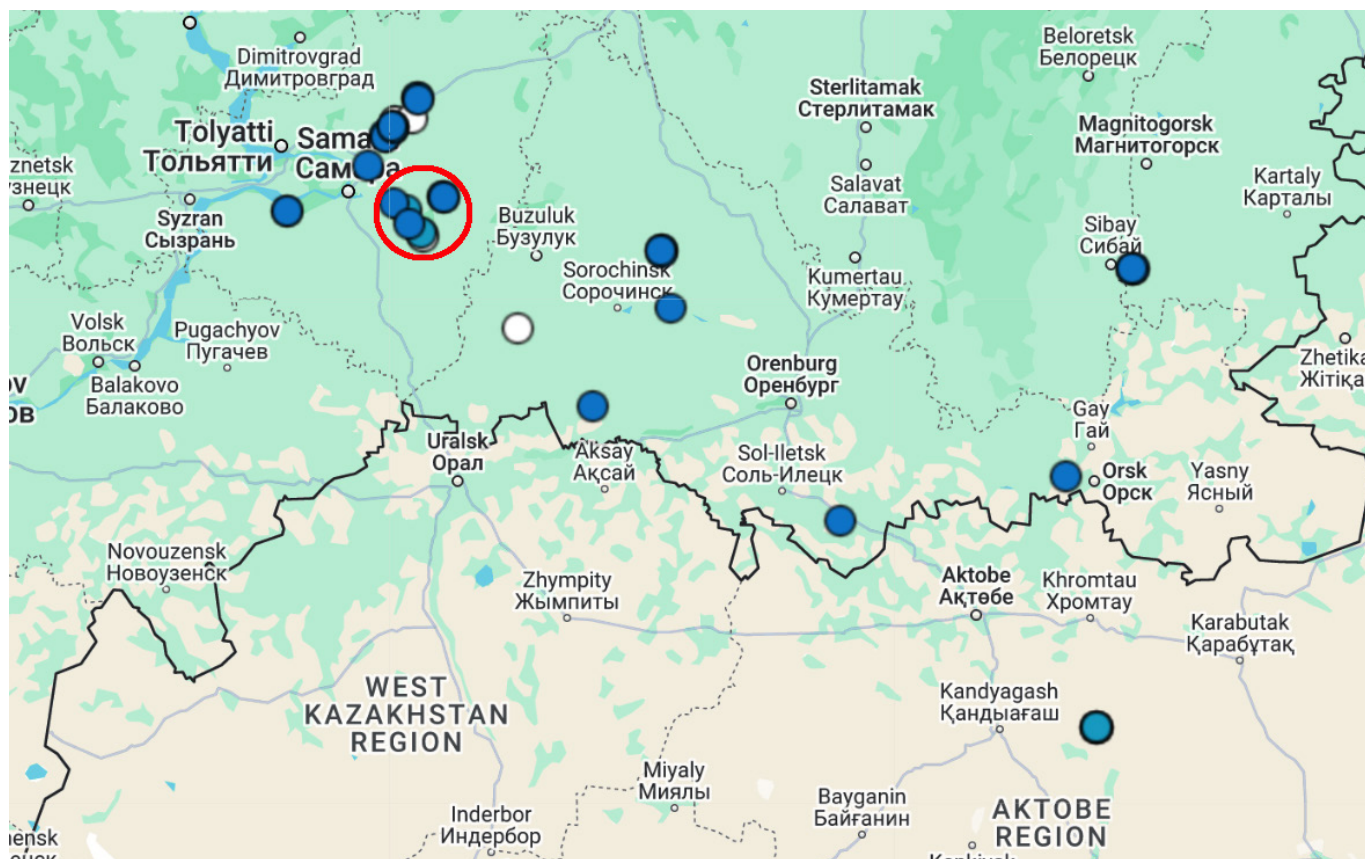


Рис. 11. Места находок образцов ДНК из восточного (волго-уральского) ареала ямной культуры. Обведена группа из бассейна Самары

культуры не характерны гаплогруппы R1a, U1, U3, U7 и X, что сообщает вклад около 1/3 в образцы с Кавказа. Из перечисленных гаплогрупп в ямной культуре найдено только 5 образцов из R1a, что рассеяны во всем ареале, и один из U3, обнаруженный в могильнике Чограй-5 в Калмыкии. Это всего $2,5 \pm 2\%$ (6 из 240) от общего числа, что, даже с поправкой на малую статистику, дает основание считать вклад населения Кавказа в формирование кластера «ядро ямной культуры» незначительным. Распределение митохондриальных гаплогрупп в образцах из энеолита Восточной Европы заметно отличается от кавказских, даже с поправкой на статистический разброс. Для них характерна триада H, J, T, что охватывает 106 из 173 образцов из Польши, Венгрии, Румынии и пещеры Вертеба на Украине. Та же триада, в разных соотношениях, дает вклад от 30 до 50 % в женские линии людей из ямной и афанасьевской культур во всех ареалах. Хотя выявленную статистику нельзя считать прямым доказательством вклада населения Восточной Европы, она дает косвенные аргументы в пользу такого сценария.

ОБСУЖДЕНИЕ

Прежде, чем начать обсуждение результатов, следует обозначить ключевые для понимания регионы, по которым нет данных ископаемой ДНК. Прежде всего, это лесная зона Русской равнины, куда входит восток Польши, вся Белоруссия, север Украины и запад России. Островками в этом огромном по площади регионе являются археологические объекты льяловской и волосов-

ской культур к северо-востоку от Москвы и 11 образцов эпохи неолита из Липецкой области. Последние включены в настоящем обзоре в южный ареал, но по своему географическому положению и происхождению те люди могут быть частью большой группы, пока не исследованной палеогенетиками. В том же регионе находятся образцы культуры шаровидных амфор из Польши и с севера Украины, а также фатьяновской культуры из Центральной России, но они не включены в список, поскольку датируются тем же или более поздним временем, чем ямная культура. Наглядное представление о пробелах в наших знаниях о ДНК людей, живших к востоку от Карпат до появления ямной культуры, дает карта на рис. 4, где отмечены места находок по состоянию на начало 2025 года.

В статье (Lazaridis et al. 2025) особое внимание уделено археологическим культурам степной зоны, но по ним также имеются пробелы, порой охватывающие целые эпохи. На рис. 10 в графической форме дается статистика по образцам из наиболее изученных регионов, что использовались авторами при расчетах. Как выясняется, остались почти не охвачены культуры позднего энеолита из ключевых для понимания бассейнов Дона и Волги, а также Приазовья. Сообщается о единичных образцах из этих регионов. К сожалению, среди них нет ни одного из репинской культуры Нижнего Поволжья и Среднего Дона, которая по типу керамики наиболее сближается с ранними образцами ямной культуры (Смирнов 1959: 307). Значительные пробелы по ДНК из степной зоны не могли не сказаться на расчетах ме-

тодами популяционной генетики, потому что приходилось стягивать в одну модель данные, нередко разделенные столетиями. За это время в регионе, очевидно, произошли заметные демографические изменения, как можно заключить из последующего рассмотрения. Хотя обозреватели из ведущих научных журналов оценили вышедшие в одном выпуске *Nature* статьи (Lazaridis et al. 2025, Nikitin et al. 2025) почти как финальный аккорд в поддержку курганной гипотезы происхождения индоевропейских языков, проблема далека от решения из-за пробелов, о которых шла речь выше.

Наиболее яркой чертой ямной культуры можно назвать беспримерно быстрое распространение на огромном пространстве от Венгрии до Монголии. Это послужило хотя и косвенным, но весомым доводом в пользу курганной гипотезы. Географическая экспансия не могла не сопровождаться численным ростом. В статье (Lazaridis et al. 2025) оценки численного роста кластера «ядро ямной культуры» проводили методом *HarNe-LD*, основанном на статистике по гетерозиготным локусам в геномах (Fournier et al. 2023). Результатом расчета стал вывод о прохождении бутылочного горлышка популяции в 3642–3374 гг. до н.э. с последующим 10-кратным ростом ее эффективного размера за 500 лет. Поскольку эффективный размер популяции (2000–4000 при прохождении бутылочного горлышка) – это формализованный параметр, который выводят из генетического разнообразия, без учета всех угасших линий, то она заведомо меньше фактической численности людей из ямной культуры. Насколько меньше, неизвестно, потому что однозначной связи между ними нет.

Археологи со своей стороны также предпринимали попытки оценить демографию популяций, оставивших после себя курганные погребения, в частности, в бассейне реки Самара (Кузнецов 2003). Погребения, из которых поступили образцы ископаемой ДНК, отмечены на рис. 11. Демографические оценки можно сделать, если подсчитать число курганных погребений в наиболее изученной части по течению Самары, зная их датировки и археологический контекст. При сопоставлении числа курганов (как раскопанных, так и выявленных при разведке) с временем, в течение которого они возводились, был сделан вывод, что в месте их наибольшей концентрации близ села Утевка площадью около 30 км² в эпоху ранней бронзы «в среднем было возведено не более 15 курганов на протяжении ста лет». Возведение кургана было исключительным событием, о чем также свидетельствует избирательность захоронений (3/4 мужчин и мало детей) и отсутствие близких родственников (за редкими исключениями) даже в пределах одного кургана, как показал генетический анализ. Это не были семейные усыпальницы, как в сообществах неолитической Европы.

Для более поздней полтавкинской культуры из бассейна Самары демографическую оценку проводили, исходя из трудозатрат на возведение т.н. больших курганов, которые по размерам намного превосходили те, что сооружали во времена ямной культуры (Кузнецов 2003). Самый большой из них имел диаметр 110 м и высоту 3,5 м. Согласно сохранившимся нормам земляных

работ Древнего Шумера, на сооружение насыпи такого размера требовалось, как минимум, 40 тысяч человеческой, причем, по данным почвоведов, эти трудовые ресурсы были задействованы в течение одного сезона в теплое время года. Это дает 500 одних только землянок, насыпавших курган за 80 дней. По оценке, «социум, имеющий отношение и к сооружению кургана, и к обеспечению повседневного процесса жизнедеятельности, должен был состоять, как минимум из 1,5–3,0 тысяч человек». Какую площадь занимало то сообщество, оценить сложнее. Поскольку курганы концентрируются у поймы р. Самары, то можно предположить, что люди жили в прилегающих к долине Самары степях, которые сейчас входят в территории Нефтегорского, Богатовского и южной части Кинельского районов Самарской области. Они занимают площадь около 3000 км², что соответствует плотности населения времен полтавкинской культуры 0,5 – 1 человек на км². С такой плотностью заселены степи современной Монголии, продуктивность которых намного уступает более увлажненным степям бассейна Самары. Например, экологический потенциал степей бассейна Нижнего Дона позволял поддерживать плотность населения до 5 чел/км² (Файферт 2015). С учетом хозяйственного уровня эпохи ранней бронзы и меньшей продуктивности скота, в сравнении с современностью, плотность населения в 0,5–1 чел/км² для степей бассейна Самары можно считать реалистичной оценкой.

Оценка в 1,5–3 тысячи человек для сообщества, создавшего курганы, проводилась на примере полтавкинской культуры, наследовавшей ямной (Кузнецов 2003). Поскольку хозяйственный уклад существенно не менялся, можно принять, что во времена ямной культуры численность населения была на том же уровне. По оценке возрастной структуры погребенных, средняя продолжительность жизни тогда составляла около 32 лет (Хохлов 2003), что соответствует уровню смертности 3% в год, то есть 45–90 человек для этого сообщества, без учета эпидемий и стихийных бедствий. Следовательно, общее число умерших за 400 лет существования ямной культуры на территории в 3000 км² должно было составить 18000–36000 человек. Поскольку около 75 % курганных погребений принадлежит мужчинам, то удобнее сделать пересчет на мужское население, что дает 9000–18000 человек за 400 лет.

В сопроводительной информации к статье (Lazaridis et al. 2025) есть сведения о 7 мужских образцах из курганных комплексов Кутулук, Подлесный, Красносамарское, Поплавское и Лещево, обведенных красным на рис. 12. Если поделить их на число умерших за этот период мужчин, то из расчета следует, что палеогенетики располагают данными о 0,04–0,08% от общего числа мужчин, населявших территорию 2,5 районов Самарской области во времена ямной культуры. То есть, на один опубликованный мужской образец приходится около 1300 не найденных или не исследованных, если плотность населения составляла 0,5 чел/км², или 2600 при плотности 1 чел/км². Бассейн Самары относится к наиболее изученным регионам ямной культуры, а потому приведенную выше оценку следует считать оптимистической.

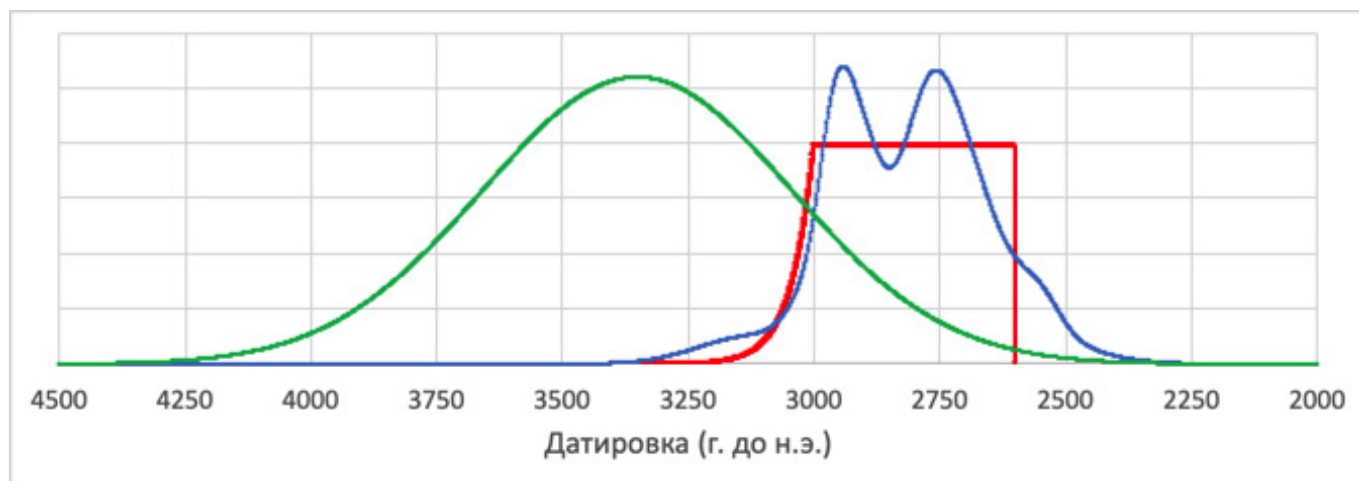


Рис. 12. Распределение вероятностей для времени жизни предка субклада R1b-Z2106 (зеленая кривая) и распределение датировок образцов из того же субклада, с учетом 95 % доверительного интервала (синяя кривая). Красным обозначена численность рода, согласно двустадийной модели

Для сравнения, в Ростовской области число погребений ямной культуры в несколько раз превышает их количество во всей Самарской области, но в распоряжении палеогенетиков есть данные только о 23 мужских образцах (Lazaridis et al. 2025), причем они происходят из 6 курганных групп при общей численности 7500 состоящих на учете курганных групп. Очевидно, в степях Нижнего Дона на один проанализированный на ДНК образец приходится более, чем 2600 мужчин, умерших в течение 400 лет, или 0,04% от их общей численности. Насколько больше, пока нет возможности рассчитать, а потому в качестве очень приблизительной, заниженной, по всей видимости, оценки можно принять цифру, выведенную для плотности населения 1 чел/км², округленно один образец ДНК на 2500 мужчин, умерших за время существования ямной и афанасьевской культур во всех известных на сегодня ареалах. При этом выборка хронологически неравномерна: большинство образцов относится к концу позднего этапа ямной культуры, а ранний этап образцами почти не представлен.

Выведенный выше коэффициент пересчета позволяет провести оценки демографии не только для всего населения ямной культуры, но и для отдельных родовых линий. Самой значимой из них следует считать субклад R1b-Z2106, нисходящий от R1b-M269 через последовательность сипов M269 > Z2103 > M12149 > Z2106. В сопроводительном материале к статье (Lazaridis et al. 2025) есть информация о 57 образцах с подтвержденным отнесением к субкладу R1b-Z2106, что составляет 1/3 от всех мужских образцов. Их полный список приведен в таблице 3.

Умножение на коэффициент 2500 дает оценку в 142500 мужчин из субклада R1b-Z2106, умерших в течение 700 лет, между 3200 и 2500 гг. до н.э., согласно данным из таблицы 3. Цифра не выглядит впечатляющей для большого промежутка времени, но обращает на себя внимание, что род набрал большую численность за очень короткое время, поскольку родоначальник жил всего за несколько столетий до того, как его потомки расселились от Венгрии до Хакасии, а именно 5400±600 лет назад (<https://www.yfull.com/tree/R-Z2106/>).

Кривая вероятности для его времени жизни (аппроксимированная нормальным распределением) перекрывается с радиоуглеродными датировками 41 образца, по которым имеются такие данные (рис. 12).

Синяя кривая распределения образцов по датировкам хорошо вписывается в упрощенную, но реалистичную демографическую модель, состоящую из двух стадий: (1) экспоненциального роста, от родоначальника до набора численности, при которой род стал доминирующим, и (2) стабильной численности в период существования ямной культуры. Модель предполагает 3 точки – время возникновения рода, время достижения стабильной численности и время завершения ямной культурной общности. Из графика на рис. 13 можно вывести следующие даты, исходя из средних значений: 3400, 3000 и 2600 гг. до н.э., соответственно.

Согласно модельному расчету, на первой стадии продолжительностью 400 лет темпы естественного прироста рода R1b-Z2106 составили 23,5 на 1000 человек в год, что позволило к 3000 году до н.э. достичь численности в 10700 человек (рис. 12, красная линия). Хотя она едва ли оставалась постоянной в течение последующих 400 лет, было принято такое допущение, поскольку имеющиеся на сегодня данные не дают оснований считать, что были резкие перепады в этот период. Общее число умерших за все 800 лет составило 142500 человек, как было задано по условию. Численность в 10700 человек для рода, к которому принадлежал каждый третий мужчина из разбросанных на огромной территории курганных погребений, выглядит заниженной, если только не допустить, что в курганах их хоронили избирательно. Однако, проверить предположение об избирательности независимыми методами пока нет возможности из-за недостатка данных. С другой стороны, даже большие вариации в численности популяции на плато незначительно сказываются на темпах естественного прироста на первой стадии. Например, численность в 41400 человек достигается при естественном приросте 27,0‰ в год.

В современном обществе годовой естественный прирост свыше 20‰ наблюдается в основном в слабо-

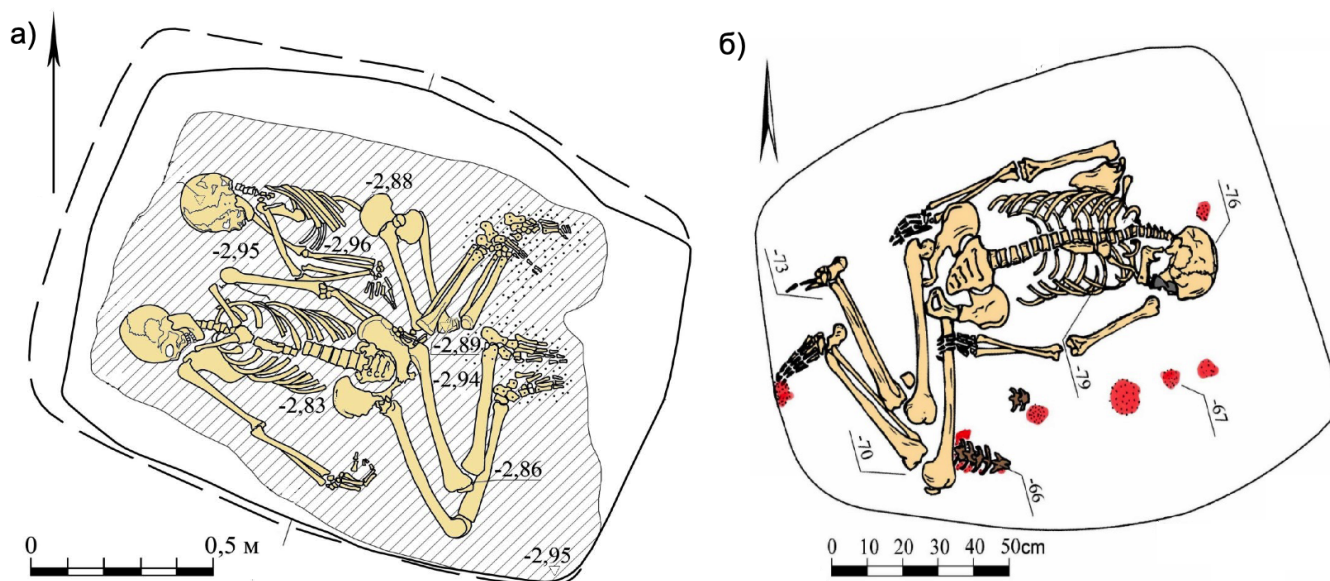


Рис. 13. Чертежи захоронений ямной культуры: а) Индивиды I24085 (внизу) и I24086 (вверху) из курганного комплекса Кривянский-9, Ростовская обл., Y-гаплогруппа I2a-M223>CTS10057>L701>Y5606>L699, митохондриальные гаплогруппы U5a1a1 и R1a1a, кластер «Россия, Дон, ранняя бронза, ямная», б) Индивид I0245 из курганного комплекса Грачевка-2, Самарская обл., Y-гаплогруппа R1b-Z2103>M12149>Z2106>Z2108>KMS67, митохондриальная гаплогруппа T1a1, кластер «ядро ямной культуры»

развитых странах Африки (например, Кения 23,4‰, Руанда 26,8‰, Нигер 40,9‰, по данным ООН за 2019 год), население которых сохраняет высокий уровень рождаемости, принятый в традиционном обществе, но, благодаря достижениям медицины, уровень младенческой и детской смертности в них снизился с более 500 до 70-100 на 1000 рождений. Столь радикальное сокращение детской смертности было нереально для общества бронзового века, а потому следует искать другие причины роста, эквивалентного удвоению численности каждые 25-30 лет. В традиционном обществе столь быстрых темпов можно было достичь единственным путем – повышением рождаемости до уровня, намного превосходящего средний показатель для сообщества, в котором тот род находится. Мужчины из того рода получают преимущество при выборе партнера для брака (вероятно, с элементами полигинии), у них рождается больше детей, которые умирают реже, чем в семьях других членов сообщества. Налицо формирование элиты, имеющей больший доступ к ресурсам, в сравнении с остальными.

Следствием преимущественного роста элитного рода стало вымывание других мужских линий, что было неизбежно должно было произойти по законам математической статистики. К таким линиям, вероятно, относятся субклады R1b-V1636 и I2a-L699, характерные для степных культур IV-V тысячелетий до н.э. Таким образом, одной из причин однородности территориально очень разбросанного кластера «ядро ямной культуры» следует считать родство его представителей по прямой мужской линии. Особую роль мужчин из субклада R1b-Z2106 в его формировании подтверждает независимый расчет методом HarNe-LD, который дал бутылочное горлышко в 3642–3374 гг. до н.э. (Lazaridis et al. 2025). Результат совпадает с временем жизни предка этого рода, 3400±600 гг. до н.э. Однако, родство по мужской линии может компенсироваться

разнообразием женских линий, что входят в гаплогруппы разного происхождения. Следовательно, вторым условием, также как в случае евреев-ашкенази, должно быть смешение в пределах одной популяции, в той или иной мере изолированной от других. Эта предковая группа должна была занимать ограниченный ареал, поскольку на большой территории было бы невозможно добиться той степени смешения, что дают генетические расчеты. Что это была за группа людей, и какие черты материальной культуры ее характеризуют, ответ так и не был получен.

Основная причина, вне зависимости от модели – скудость данных ДНК из популяций, что непосредственно предшествовали ямной культуре. Как можно заключить из данных для кластера «ядро ямной культуры», за несколько столетий до его образования в степной зоне появилась группа людей с набором митохондриальных гаплогрупп, характерных для населения Восточной Европы периода позднего неолита и энеолита. Откуда они пришли и где осели, неизвестно. Археологический материал по миграциям того периода можно трактовать по-разному, а данные ДНК дают перекося в сторону среднестоговской культуры, который во многом вызван особенностями расчетной модели. Большие кластеры имеют свойство «притягиваться», если в выборке недостаточно образцов из других родственных групп. Сравнение Y-хромосомных и митохондриальных гаплогрупп из среднестоговской культуры (12 образцов) и кластера «ядро ямной культуры» (101 образец) свидетельствует скорее о «притягивании», а не о прямой преемственности. По мере появления новых образцов из не охваченных пока тестированием археологических культур можно будет внести ясность в этот вопрос. Будущие находки должны помочь с определением региона, где около 5500 лет назад пересеклись пути коренных жителей европейских степей и мигрантов новой волны, при ин-

тенсивном смешении которых в течение нескольких веков сформировалось новое сообщество, спаянное родственными связями. Возможно, люди из не найденной пока второй группы внесли свой вклад также в формирование общности культуры шнуровой керамики, о чем косвенно свидетельствуют результаты анализа протяженных сегментов ДНК (IBD – идентичных по наследованию). Родословные многих представителей двух общностей пересекались за несколько столетий до времени их жизни, но не про прямой мужской линии (Ringbauer et al. 2024). Из-за несовершенства пока еще недостаточно отработанной методики время и степень того пересечения варьируют в слишком широких пределах, чтобы можно было делать конкретные выводы.

Следует отметить, что вымывание прежних мужских линий было не полным, как удалось выяснить при анализе новых образцов из курганных комплексов Кривянский-9 и Мокро-Чалтырский-1 в низовьях Дона. По датировкам (между 3300 и 2600 до н.э.) и погребальному обряду они надежно вписываются в ямную культуру, но 12 из 14 похороненных там мужчин были из гаплогрупп предшествовавшего населения. При геномном анализе их выделили в кластер «Россия, Дон, ранняя бронза, ямная», не перекрывающийся с кластером «ядро ямной культуры». Третья группа, входящая в ямную культурную общность, но заметно отстоящая от кластера «ядро ямной культуры», была идентифицирована в курганном комплексе Кумсай в Актюбинской области Казахстана. Она насчитывает 13 образцов, из которых мужские (всего 5) принадлежат к линиям, известным по энеолиту Северного Кавказа (R1b-V1636 и Q-L472>L56>Y2659), но не найденным в кластере «ядро ямной культуры». Обнаружение групп, отличных по происхождению, но сходных по археологическим признакам с другими вариантами ямной культуры, означает, что, помимо основной группы, характеризующейся субкладом R1b-Z2106, были другие, о которых пока мало известно. Очевидно, это не последние находки такого рода, потому что десятки тысяч курганов периода ранней бронзы до сих пор не раскопаны, а сотни образцов из музейных коллекций ждут своей очереди на исследование ДНК.

Благодаря находкам их курганов Нижнего Дона выясняется, что сходные предметы материальной культуры и сходные черты погребального обряда не всегда подразумевают генетическое родство людей (рис. 13). Очевидно, популяция, создавшая ямную культуру, была более мозаичной, чем это представлялось еще 2-3 года назад. В настоящее время более-менее изучена только наиболее демографически успешная группа, что носит название «ядра ямной культуры». Сколько будет найдено более мелких «ядер», предугадать сложно. Например, среди известных на сегодня образцов ранней бронзы не обнаружены субклады R1b-Y4362 (<https://www.yfull.com/tree/R-Y4362/>) и R1b-L854 (<https://www.yfull.com/tree/R-L584/>), что являются параллельными субкладом R1b-Z2106, характеризующему кластер «ядро ямной культуры». Образцы из этих ветвей найдены в Армении эпохи раннего железа (Lazaridis et al. 2022), и потомки тех людей по-прежнему составляют значительную долю среди современных армян, ассирийцев

и других народов Восточной Анатолии. Возможно, их родословные восходят к не обнаруженным пока кластерам в составе ямной культурной общности. Открытие новых групп – дело будущего. Можно пока заключить, что нередкие расхождения в трактовках палеогенетиков и археологов во многом вызваны неоднородностью населения, которая пока не выявляется из-за ограниченных данных по ископаемой ДНК.

Статья (Lazaridis et al. 2025) носит название «Генетическое происхождение индоевропейцев», но вопрос о языке, на котором говорили люди из ямной культурной общности, остается открытым – от него не осталось ни письменных свидетельств, ни упоминаний в других источниках. Более того, новые данные о существовании, как минимум, трех синхронных, но разных по происхождению групп в ее составе могут означать, что те люди говорили на разных языках, возможно, даже из разных языковых семей. В заключительной части статьи (Lazaridis et al. 2025), озаглавленной «Происхождение индо-анатолийских языков» дается попытка обосновать с помощью численных моделей миграцию носителей протоанатолийских языков из региона между Кавказом и Нижней Волгой в Малую Азию за несколько столетий до возникновения ямной культуры. Однако, модель выглядит спекулятивной при имеющемся уровне знаний об обитателях того региона в период между 4000 и 3500 гг. до н.э. (см. рис. 10). Следовательно, одна из главных целей исследования – связать в единое целое возникновение анатолийских языков и курганную гипотезу – не была достигнута, несмотря на большое продвижение вперед в количестве и качестве генетического материала.

В статье также обсуждают схему распространения индоевропейских языков из других ветвей. Авторы следуют гипотезе о переносе индоевропейских языков от носителей ямной культурной общности к их западным соседям из культуры шнуровой керамики, но делают это весьма сбивчиво, поскольку не располагают весомыми аргументами в пользу языковой преемственности. Таким аргументом была бы преемственность по прямой мужской линии, но она не обнаружена. Субклад R1b-Z2103 на сегодняшний день найден только в одном из 73 мужских образцов культуры шнуровой керамики во всем ее ареале. Он поступил из Праги, из захоронения позднего этапа, спустя 300-400 лет после завершения ямной культуры (Papas et al. 2021). Явно недостаточно для доказательства. Этой не решенной пока проблеме в большой по объему статье посвящена одна короткая фраза о «непрямом переносе языка через наследовавшие культуры смешанного ямно-земледельческого происхождения». По сути, фраза является отговоркой, потому что авторы почти безоговорочно следуют модели, предложенной археологами и лингвистами несколькими десятилетиями ранее. Данные ДНК в такой интерпретации не дают принципиально новых аргументов.

Принципиально новым оказался факт исчезновения в степной зоне рода R1b-Z2106 в конце III тысячелетия до н.э., столь же быстрого, как его появление тысячелетием раньше. Традиция возводить курганы продол-



Рис. 14. Места рождения предков участников ДНК-проектов из субклада R1b-Z2106>KMS67 (булавки) и находок образцов из ямной и полтавкинской культур (звездочки).
Разные цвета меток соответствуют разным дочерним ветвям субклада R1b-KMS67

жила в культурах средней бронзы (синташинской, срубной, андроновской, абашевской и др.), но в них были похоронены люди с другой родословной (преимущественно из гаплогруппы R1a-Z93) и с другими погребальными обрядами. Почему археологи не находят захоронений потомков общности, набравшей на демографическом пике большую численность, пока нет однозначных объяснений. Предполагаются версии депопуляции, миграции в другие экологические зоны из-за климатических катаклизмов, смены погребального обряда, но их пока сложно проверить. Свою роль, несомненно, играет слабая изученность курганных захоронений, о которой шла речь выше. Возможно, люди нигде не исчезали, просто их еще не нашли.

В отличие от своих предшественников из субкладов R1b-V1636 и I2a-L699, род R1b-Z2103>Z2106 не угас. Находки вновь появляются в эпоху железа, а его современная география даже более широка, чем во времена ранней бронзы. Представление о ней можно получить на примере субклада R1b-Z2106>KMS67, специфического для людей из ямной культуры волго-уральского региона (рис. 14). Многие из их потомков по-прежнему живут там же, войдя в состав башкир, татар, казахов, удмуртов и коми, другие за прошедшие тысячелетия оказались рассеяны по разным странам и народам. Суммарная доля носителей субклада R1b-Z2106 среди народов Ев-

разии невелика, но его широкая география напоминает о событиях 5000-летней давности.

ВЫВОДЫ

По результатам анализа почти 250 образцов ископаемой ДНК из ямной и афанасьевской культур, а также данных по предшествовавшим им культурам степной зоны Евразии выявлены новые детали о возникновении и распространении группы людей, миграции которых предопределили дальнейшую историю этого огромного по площади региона. Формирование общности можно отнести к периоду между 4000 и 3500 гг. до н.э., когда в неуставленном пока месте пересеклись пути племен, населявших Русскую равнину со времен мезолита, и группы, генетически родственной их соседям из неолитических культур Восточной Европы. Из-за недостатка данных по ДНК того периода пока не удастся идентифицировать происхождение и пути миграций второй группы, вклад которой прослеживается в основном по женским линиям. В ходе смешения в течение последующих нескольких сот лет мужские линии новой общности оказались в значительной мере вытеснены потомками человека, принадлежавшего к субкладу R1b-Z2103. По оценке, наиболее демографически успешная линия того рода, R1b-Z2106, набрала численность от одного до более 10000 человек в течение примерно

400 лет, что эквивалентно удвоению каждые 25-30 лет. Пока нет данных, к какой из групп восходит линия родоначальника – к первой, «восточной», или ко второй, «западной». Его потомки составили основу группы, получившей название «ядро ямной культуры». За короткое время они расселились на территории, простиравшейся с запада на восток более, чем на 5000 км. Данные ДНК подтверждают европейские корни людей, создавших афанасьевскую культуру Южной Сибири, поскольку у них найдены митохондриальные гаплогруппы только европейского и анатолийского происхождения, не зафиксированные в Сибири ранее. Их Y-хромосомные линии характерны для «ядра ямной культуры». Помимо «ядра», большинство мужчин которого принадлежали к ветви R1b-Z2103, в ямную культурную общность входили другие группы, численность, время существования и географическое распространение которых еще предстоит выяснить. Новые данные – серьезный аргумент

в пользу полиэтнического состава ямной культурной общности, что ранее нельзя было ни доказать, ни убедительно опровергнуть. Остается открытым вопрос об участии ее представителей в процессе формирования и/или распространения индоевропейских языков. Прямые данные в виде сохранившихся текстов и вероятной языковой преемственности отсутствуют (в отличие от R1a-Z645, например), а косвенные, по истории возникновения ямной культурной общности, все еще фрагментарны. Курганная гипотеза индоевропейской прародины по-прежнему базируется в основном на археологических реконструкциях, поскольку результаты анализа ДНК из степных культур ранней бронзы не дают аргументов ни за, ни против.

В заключение, автор искренне благодарит исследователя ямной культуры к.и.н. А.В. Файферта (Ростов-на-Дону) за предоставленный археологический материал и ценные замечания.

ЛИТЕРАТУРА

- Андреева и др. 2024 - Андреева Т.М. и др. Археогеномика человека из слоя верхневолжской культуры – наибольшее генетическое сходство с восточно-европейскими охотниками-собирателями и древними представителями мезолита/неолита Европы // Вестник археологии, антропологии и этнографии. 2024. № 1. С. 113-125.
- Гамкрелидзе, Иванов 1984 - Гамкрелидзе Т.В., Иванов В.В. Индоевропейский язык и индоевропейцы. Тбилиси: Издательство Тбилисского университета, 1984. 1328 с.
- Кузнецов 2003 - Кузнецов П.Ф. Особенности курганных обрядов населения Самарской долины в первой половине бронзового века // Материальная культура населения бассейна реки Самары в бронзовом веке. Самара, 2003. С. 43-51.
- Рожанский 2017 - Рожанский И.Л. Исторические гаплокарты: обзор данных по ископаемой ДНК // Исторический формат. 2017. № 1-2. С. 92-114.
- Рожанский 2021a - Рожанский И.Л. Обзор данных ископаемой ДНК: гаплокарта R1b // Исторический формат. 2021. № 2. С. 21-35.
- Рожанский 2021b - Рожанский И.Л. Обзор данных ископаемой ДНК: гаплокарты G и I // Исторический формат. 2021. № 4. С. 125-140.
- Рожанский 2022a - Рожанский И.Л. Обзор данных ископаемой ДНК: гаплокарта R1a // Исторический формат. 2022. № 1. С. 11-23.
- Рожанский 2022b - Рожанский И.Л. Обзор данных ископаемой ДНК: гаплокарта Q // Исторический формат. 2022. № 3. С. 20-33.
- Рожанский 2024 - Рожанский И.Л. Обзор данных ископаемой ДНК: гаплокарта Балканского полуострова // Исторический формат. 2024. № 1. С. 26-43.
- Смирнов 1959 - Смирнов К.Ф. Курганы у сел Иловатка и Политотдельское Сталинградской области // Материалы и исследования по археологии СССР. № 60. М., 1959. С. 206-322.
- Файферт 2015 - Файферт А.В. Топография, способы возведения и количественные характеристики курганов эпохи бронзы на территории бассейнов Дона и Маныча // Вестник Калмыцкого Института Гуманитарных Исследований РАН. 2015. С. 47-53.
- Хохлов 2003 - Хохлов А.А. Демографические особенности населения эпохи бронзы долины реки Самара // Материальная культура населения бассейна реки Самары в бронзовом веке. Самара, 2003. С. 112-146.
- Allentoft et al. 2015 - Allentoft M. et al. Population genomics of Bronze Age Eurasia // Nature. 2015. Vol. 522. S. 167-172.
- Allentoft et al. 2024 - Allentoft M. et al. Population genomics of post-glacial western Eurasia // Nature. 2024. Vol. 625. S. 301-311.
- Anthony 2007 - Anthony D.W. The Horse, the Wheel and Language: How Bronze-age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World // Princeton. 2007. 553 s.
- Anthony 2019 - Anthony D.W. Ancient DNA, mating networks, and the Anatolian split // Dispersals and Diversification. Brill, 2019. S. 21-53.
- Damgaard et al. 2018 - Damgaard P.d.B. et al. 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes // Nature. 2018. Vol. 557. S. 369-374.
- Der Sarkissian et al. 2014 - Der Sarkissian C. et al. Mitochondrial Genome Sequencing in Mesolithic North East Europe Unearths a New Sub-Clade within the Broadly Distributed Human Haplogroup C1 // PLoS ONE. 2014. Vol. 9. № 2. Article № e87612.
- 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.
- Fournier et al. 2023 - Fournier R. et al. Haplotype-based inference of recent effective population size in modern and ancient DNA samples // Nature Communications. 2023. Vol. 14. Article № 7945.

- Gelabert et al. 2022 - Gelabert P. et al. Genomes from Verteba cave suggest diversity within the Trypillians in Ukraine // *Scientific Reports*. 2022. Vol. 12. Article № 7242.
- Ghalichi et al. 2024 - Ghalichi A. et al. The rise and transformation of Bronze Age pastoralists in the Caucasus // *Nature*. 2024. Vol. 635. S. 917-925.
- Gray and Atkinson 2003 - Gray R.D., Atkinson Q.D. Language-tree divergence times support the Anatolian theory of Indo-European origin // *Nature*. 2003. Vol. 426. S. 435-439.
- 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. 2019 - Jeong C. et al. The genetic history of admixture across inner Eurasia // *Nature Ecology & Evolution*. 2019. Vol. 3. S. 966-976.
- 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.
- Jones et al. 2017 - Jones E.P. et al. The Neolithic Transition in the Baltic Was Not Driven by Admixture with Early European Farmers // *Current Biology*. 2017. Vol. 27. № 4. S. 576-582.
- Kilinc et al. 2021 - Kilinc G.M. et al. Human population dynamics and *Yersinia pestis* in ancient northeast Asia // *Science Advances*. 2021. Vol. 7. № 2. Article № eabc4587.
- 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.
- 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.
- Lazaridis et al. 2025 - Lazaridis I. et al. The genetic origin of the Indo-Europeans // *Nature*. 2025. Vol. 639. S. 132-142.
- 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 geography // *Nature Communications*. 2018. Vol. 9. Article № 442.
- 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.
- Nikitin et al. 2025 - Nikitin A. et al. A genomic history of the North Pontic Region from the Neolithic to the Bronze Age // *Nature*. 2025. Vol. 639. S. 124-131.
- 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.
- Penske et al. 2023 - Penske S. et al. Early contact between late farming and pastoralist societies in southeastern Europe // *Nature*. 2023. Vol. 620. S. 358-365.
- Posth et al. 2023 - Posth C. et al. Palaeogenomics of Upper Palaeolithic to Neolithic European hunter-gatherers // *Nature*. 2023. Vol. 615. S. 117-126.
- Ringbauer et al. 2024 - Ringbauer H. et al. Accurate detection of identity-by-descent segments in human ancient DNA // *Nature Genetics*. 2024. Vol. 56. S. 143-151.
- Saag et al. 2017 - Saag L. et al. Extensive Farming in Estonia Started through a Sex-Biased Migration from the Steppe // *Current Biology*. 2017. Vol. 27. № 14. S. 2185-2193.
- 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.
- Sikora et al. 2019 - Sikora M. et al. The population history of northeastern Siberia since the Pleistocene // *Nature*. 2019. Vol. 570. S. 182-188.
- Waldman et al. 2022 - Waldman S. et al. Genome-wide data from medieval German Jews show that the Ashkenazi founder event pre-dated the 14th century // *Cell*. 2022. Vol. 185. № 25. S. 4703-4716.
- 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.
- Zeng et al. 2023 - Zeng T.C. et al. Postglacial genomes from foragers across Northern Eurasia reveal prehistoric mobility associated with the spread of the Uralic and Yeniseian languages // *BioRxiv*. 2023. Posted October 04, 2023.
- 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.

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].
- Allentoft et al. 2024 - Allentoft M. et al. Population genomics of post-glacial western Eurasia, in: *Nature*, 2024, Vol. 625, pp. 301-311 [in English].
- Andreeva et al. 2024 - Andreeva T.M. et al. Археогеномика человека из слоя верхневолжской культуры – наиболее вероятное генетическое родство с восточно-европейскими охотниками-собирателями и древними представителями мезолита/неолита Европы [Archeogenomics of a human from the Upper Volga Culture layer – the largest genetic likelihood to Eastern

- European hunter-gatherers and ancient Mesolithic/Neolithic Europeans], in: Vestnik arkheologii, antropologii i etnografii [Bulletin of archeology, anthropology and ethnography], 2024, № 1, pp. 113-125 [in Russian].
- Anthony 2007 - Anthony D.W. 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 2019 - Anthony D.W. Ancient DNA, mating networks, and the Anatolian split, in: Dispersals and Diversification, Brill, 2019, pp. 21-53 [in English].
- Damgaard et al. 2018 - 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].
- Der Sarkissian et al. 2014 - Der Sarkissian C. et al. Mitochondrial Genome Sequencing in Mesolithic North East Europe Unearths a New Sub-Clade within the Broadly Distributed Human Haplogroup C1, in: PLoS ONE, 2014, Vol. 9, № 2, Article № e87612 [in English].
- Faifert 2015 - Faifert A.V. Topografiya, sposoby vozvrzheniya i kolichestvennyye kharakteristiki kurganov epokhi bronzy na territorii basseinov Dona i Manycha [Topography, construction methods and quantitative characteristics of Bronze Age barrows on the territory of the Don and Manych basins], in: Vestnik Kalmytskogo Instituta Gumanitarnykh Issledovaniy RAN [Bulletin of the Kalmyk Institute for Humanities of the Russian Academy of Science], 2015, pp. 47-53 [in Russian].
- 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].
- Fournier et al. 2023 - Fournier R. et al. Haplotype-based inference of recent effective population size in modern and ancient DNA samples, in: Nature Communications, 2023, Vol. 14, Article № 7945 [in English].
- Gamkrelidze, Ivanov 1984 - Gamkrelidze T.V., Ivanov V.V. Indoevropskij yazyk i indoevropejcy [Indo-European language and Indo-Europeans], Tbilisi: Izdatel'stvo Tbilisskogo universiteta Publ., 1984, 1328 p. [in Russian].
- Gelabert et al. 2022 - Gelabert P. et al. Genomes from Verteba cave suggest diversity within the Trypillians in Ukraine, in: Scientific Reports, 2022, Vol. 12, Article № 7242 [in English].
- Ghalichi et al. 2024 - Ghalichi A. et al. The rise and transformation of Bronze Age pastoralists in the Caucasus, in: Nature, 2024, Vol. 635, pp. 917-925 [in English].
- Gray and Atkinson 2003 - Gray R.D., Atkinson Q.D. Language-tree divergence times support the Anatolian theory of Indo-European origin, in: Nature, 2003, Vol. 426, pp. 435-439 [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. 2019 - Jeong C. et al. The genetic history of admixture across inner Eurasia, in: Nature Ecology & Evolution, 2019, Vol. 3, pp. 966-976 [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].
- Jones et al. 2017 - Jones E.P. et al. The Neolithic Transition in the Baltic Was Not Driven by Admixture with Early European Farmers, in: Current Biology, 2017, Vol. 27, № 4, pp. 576-582 [in English].
- Khokhlov 2003 - Khokhlov A.A. Demograficheskiye osobennosti naseleniya epokhi bronzy doliny reki Samara [Demographic features of the Bronze Age inhabitants of the Samara river valley], in: Material'naya kul'tura naseleniya basseina reki Samara v bronzovom veke [Material culture of the people of the Samara river basin in Bronze Age], Samara, 2003, pp. 112-146 [in Russian].
- Kilinc et al. 2021 - Kilinc 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].
- 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].
- Kuznetsov 2003 - Kuznetsov P.F. Osobennosti kurgannykh obryadov naseleniya Samarskoi doliny v pervoi polovine bronzovogo veka [Peculiarities of kurgan rites of the Samara valley people in the 1st half of Bronze Age], in: Material'naya kul'tura naseleniya basseina reki Samara v bronzovom veke [Material culture of the people of the Samara river basin in Bronze Age], Samara, 2003, pp. 43-51 [in Russian].
- 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].
- Lazaridis et al. 2025 - Lazaridis I. et al. The genetic origin of the Indo-Europeans, in: Nature, 2025, Vol. 639, pp. 132-142 [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 geography, in: Nature Communications, 2018, Vol. 9, Article № 442 [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].
- Nikitin et al. 2025 - Nikitin A. et al. A genomic history of the North Pontic Region from the Neolithic to the Bronze Age, in: Nature, 2025, Vol. 639, pp. 124-131 [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].
- Penske et al. 2023 - Penske P.P. et al. Early contact between late farming and pastoralist societies in southeastern Europe, in: Nature, 2023, Vol. 620, pp. 358-365 [in English].
- Posth et al. 2023 - Posth C. et al. Palaeogenomics of Upper Palaeolithic to Neolithic European hunter-gatherers, in: Nature, 2023, Vol. 615, pp. 117-126 [in English].

- Ringbauer et al. 2024 - Ringbauer H. et al. Accurate detection of identity-by-descent segments in human ancient DNA, in: Nature Genetics, 2024, Vol. 56, pp. 143-151 [in English].
- Rozhanskii 2017 - Rozhanskij I.L. Istoricheskie gaplokarty: obzor dannyh iskopaemoj DNK [Historical haplomaps: review of ancient Y-DNA data], in: Istoricheskij format [Historical format], 2017, № 1-2, pp. 92-114 [in Russian].
- Rozhanskii 2021a - Rozhanskij I.L. Obzor dannyh iskopaemoj DNK: gaplokarta R1b [A review of ancient DNA data: haplomap of R1b], in: Istoricheskij format [Historical format], 2021, № 2, pp. 21-35 [in Russian].
- Rozhanskii 2021b - Rozhanskij I.L. Obzor dannyh iskopaemoj DNK: gaplokarty G i I [A review of ancient DNA data: haplomaps of G and I], in: Istoricheskij format [Historical format], 2021, № 4, pp. 125-140 [in Russian].
- Rozhanskii 2022a - Rozhanskij I.L. Obzor dannyh iskopaemoj DNK: gaplokarta R1a [A review of ancient DNA data: haplomap of R1a], in: Istoricheskij format [Historical format], 2022, № 1, pp. 11-23 [in Russian].
- Rozhanskii 2022b - Rozhanskij I.L. Obzor dannyh iskopaemoj DNK: gaplokarta Q [A review of ancient DNA data: haplomap of Q], in: Istoricheskij format [Historical format], 2022, № 3, pp. 20-33 [in Russian].
- Rozhanskii 2024 - Rozhanskij I.L. Obzor dannyh iskopaemoj DNK: gaplokarta Balkanskogo poluostrova [A review of ancient DNA data: haplomap of the Balkan Peninsula], in: Istoricheskij format [Historical format], 2024, № 1, pp. 26-43 [in Russian].
- Saag et al. 2017 - Saag L. et al. Extensive Farming in Estonia Started through a Sex-Biased Migration from the Steppe, in: Current Biology, 2017, Vol. 27, № 14, pp. 2185-2193 [in English].
- 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].
- 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].
- Smirnov 1959 - Smirnov K.F. Kurgany u sel Ilovatka i Politotdel'skoye Stalingradskoi oblasti [Kurgans near Ilovatka and Politotdel'skoye villages of Stalingrad region], in: Materialy i issledovaniya po arkheologii SSSR [Materials and studies on archeology of the USSR], № 60, Moscow, 1959, pp. 206-322 [in Russian].
- Waldman et al. 2022 - Waldman P.P. et al. Genome-wide data from medieval German Jews show that the Ashkenazi founder event pre-dated the 14th century, in: Cell, 2022, Vol. 185, № 25, pp. 4703-4716 [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].
- Zeng et al. 2023 - Zeng T.C. et al. Postglacial genomes from foragers across Northern Eurasia reveal prehistoric mobility associated with the spread of the Uralic and Yeniseian languages, in: BioRxiv, 2023, Posted October 04, 2023 [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].

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