

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИСТОРИЯ КИТАЯ В КОНТЕКСТЕ ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИСТОРИИ ВОСТОЧНОЙ АЗИИ

POPULATION-GENETIC HISTORY OF CHINA IN THE CONTEXT OF THE EAST ASIAN POPULATION HISTORY



© 2023 **Андрей Сергеевич Коньков**

Кандидат биологических наук, старший научный сотрудник
Центра палеоэтнологических исследований, Москва, Россия
andrey.s.konkov@gmail.com
ORCID ID: 0000-0003-4681-2007

Andrey S. Konkov

PhD (Biology), Senior Research Scholar, Paleoethnology
Research Centre, Moscow, Russian Federation
andrey.s.konkov@gmail.com
ORCID ID: 0000-0003-4681-2007

Территория современного Китая была зоной активных трансформаций населения с самого начала ее заселения представителями нашего вида. Именно здесь находилась зона формирования прародителей всех монголоидных популяций, связанных с восточным стволом неафриканцев. Древнейшая сформировавшаяся здесь группа связана с населением, жившим в районе пещеры Тяньюань (田園洞). Затем в южных районах современного Китая выделяется кластер южных и северных популяций. На основе северных групп сформируется современное население северной половины Китая, Японии и Кореи, а также Монголии, Сибири и Америки, а на основе южных групп — население Индокитая, Индонезии, восточной Океании. С начала эпохи неолита между обеими группами начинается двустороннее взаимодействие. В эпоху распространения земледелия выходцы из верховий реки Хуанхэ (黄河) активно расселяются в Тибет, в юго-западные провинции Китая, формируя основу генофонда современных тибетцев, других тибето-бирманцев и



прародителей ханьцев. Также выходцы из долины реки Хуанхэ влияют на население долины реки Сиялохэ (西辽河), связанное с другой подгруппой северного кластера монголоидов. Из бассейна этой реки данное население заселяет Корейский полуостров, а оттуда и Японский архипелаг.

В историческое время, особенно в эпохи Цзинь, Тан и Сун, проникновение северян на территории к югу от Хуанхэ усиливается. Они поглощают местные группы, влияя на генофонды местных сино-тибетских и хмонг-мьенских групп, избежавших ассимиляции. Прибытие ханьцев, вероятно, вызывает отток части тибето-бирманских групп в северо-восточную Индию. Вторжения степных кочевников не изменили генофонд Китая, наоборот переселения ханьцев-земледельцев в степь оставляли ощутимую примесь в населении Монголии с эпохи сюнну до современности. Таким образом, население Китая издревле имеет не только бурную внутреннюю популяционную историю, но с самых ранних эпох влияет на остальное население ойкумены: в Сибири, Новом Свете, Индостане, Юго-Восточной Азии и Океании.

Ключевые слова: Китай, древняя ДНК, генетика, ханьцы, Яншао, тибето-бирманцы, Сиялохэ

Для цитирования: Коньков А. С. Популяционно-генетическая история Китая в контексте популяционно-генетической истории Восточной Азии. *Восточный курьер / Oriental Courier*. 2023. № 3. С. 170–179. DOI 10.18254/S268684310026641-3

The territory of modern China was a zone of active population transformations from the time of its occupation by human species. There was the formation zone of the progenitors of all Mongoloid populations associated with the eastern trunk of non-Africans. The most ancient group is associated with the population of Tianyuan cave (田園洞). The basal stem split, after Tianyuan branch separation into two clusters of southern and northern populations. The north groups formed a gene pool base for the modern population of the northern half of China, Japan, Korea, as well as Mongolia, Siberia, and America. The southern groups formed a gene pool core for the population of Indochina, Indonesia, eastern Oceania. From the beginning of the Neolithic era, two-way interaction begins between both groups. During the agricultural spread, people from the region of the upper Yellow River actively settled in Tibet, the southwestern provinces of China, the lower reaches of the Yellow River, forming the basis of the gene pool of modern Tibetans, other Tibetan-Burmans and progenitors of the Han. Also, the migrants from the valley of Yellow River influence the population of the western Liao River, associated with another subgroup of the northern Mongoloid cluster. And the basin of this river, this population inhabits the Korean Peninsula, and from there to the Japanese archipelago.

In historical time, especially in the Jin, Tang and Song eras, the penetration of northerners south of the Yellow River intensified. It absorbs local groups and affects the gene pools of local Sino-Tibetan and Hmong-Mien groups that have escaped assimilation. At the same time, the southern groups of Han Chinese also receive a noticeable admixture from the southern Mongoloid groups of the southern cluster. The arrival of the Han Chinese probably causes the outflow of part of the Tibeto-Burman groups to northeast India. The invasions of the steppe nomads did not change the gene pool of China. On the contrary, the resettlement of Han farmers in the steppe left a noticeable admixture in the population of Mongolia from the Xiongnu era to the present. Thus, the population of China since ancient times has not only a turbulent internal population history but had been influencing since the earliest epochs to rest of the population of the Inhabited parts of the World like Siberia, both Americas, India, South-East Asia and Oceania.

Keywords: China, ancient DNA, genetics, Han, Yangshao, Tibeto-Burman group, Western Liao River

For citation: Konkov Andrey S. Population-Genetic History of China in the Context of the East Asian Population History. *Oriental Courier*. 2023. No. 3. Pp. 170–179. DOI 10.18254/S268684310026641-3



Реконструкция популяционно-генетического прошлого населения Восточной Азии крайне важна для понимания генезиса населения Китая и населения сопредельных с ним стран. Современные данные, полученные на основе полногеномного анализа современного и древнего населения, позволяют достаточно точно восстановить ключевые события в популяционной истории региона.

ДРЕВНЕЙШЕЕ НАСЕЛЕНИЕ РЕГИОНА

Первые представители нашего вида могли появиться на территории современного Китая во время первых попыток выхода человека из Африки. Они могут быть связаны с жителями пещер Фуюань (福岩洞) и Люцзян (柳江), возрастом 130–120 тысяч лет [Liu, 2015; Shen, 2002]. Однако вне африканской колыбели потомки этих ранних волн бесследно исчезли — как в Китае, так и в других частях Старого Света: мы не располагаем данными об их популяционно-генетическом облике, а информация о древней ДНК из их костных останков пока отсутствует.

Во время последней переселенческой волны из Африки, имевшей место 70–60 тыс. лет назад, произошло новое заселение Восточной Азии. Не только предки нынешних жителей Восточной Азии, но и все современные неафриканцы происходят от ее представителей [Vallini, 2022; Baе, 2017; Pagani, 2016]. После выхода из Африки предки всех неафриканцев разделились на несколько стволов: 1) ствол базальных евразийцев в Западной Азии, не сохранившихся в чистом виде, но оставивших ощутимую примесь в населении Ближнего Востока, особенно Аравии [Almarri, 2021]; 2) ствол палеолитических людей, связанных с могильником Златы Кун в Чехии [Vallini, 2022]; 3) западный ствол, связанный с прародителями современного населения Европы, Западной Азии и древним палеолитическим населением Сибири — так называемой группы ANE (Ancient North Eurasian) [Vallini, 2022]; 4) восточный ствол, который связан с праро-

дителям всех популяций монголоидной расы в Восточной Азии и за ее пределами, с популяциями австралоидной расы, с представителями еще двух групп: с палеолитическими людьми из Усть-Ишима в Сибири и Бачо-Киро в Европе [Vallini, 2022]. Эти две ветви восточного ствола исчезли в Северной Азии и на европейском субконтиненте, будучи замещены около 37 тыс. лет назад представителями западного ствола неафриканцев [Vallini, 2022].

Таким образом, предки современного населения Китая и Восточной Азии связаны с потомками восточного ствола неафриканцев, во время миграции с Ближнего Востока заселившими территории от Европы до Океании. Ветвь этого ствола, занявшая территорию современных Китая и, вероятно, северного Индокитая, стала прародительницей как всех древних и современных жителей восточноазиатского региона, так и вообще всех популяций монголоидной расы [Vallini, 2022]. Так, современные жители Китая — прямые потомки первых групп нашего вида, которые проникли в этот регион после последнего исхода *Homo sapiens sapiens* из Африки [Vallini, 2022].

Представители группы первопредков, т. е. прародителей всех популяций Восточной Азии, пока не обнаружены в палеогенетической летописи. Самые ранние образцы ДНК из Восточной Азии описаны для могильника Тяньюань 40-тысячелетнего возраста, находящегося в северном Китае [Yang, 2017]. Тяньюаньская группа представляла боковое ответвление, самостоятельную дочернюю ветвь, вычленившуюся из общего ствола всех первопредков восточноазиатов [Мао, 2021; Yang, 2017]. Эти люди расселились по всему северу Восточной Азии вплоть до Амура и Монголии [Мао, 2021; Massilani, 2020] около 33 тыс. лет назад. Формирование предков других групп восточноазиатского населения должно было находиться ближе к современным южным районам Китая [Мао, 2021].

Оставшиеся представители восточноазиатского населения разделились на две группы — северную и южную. Обе эти группы исходно, ско-



рее всего, занимали южные районы Китая [Мао, 2021; Yang, 2020]. На основе северной группы сформировался популяционно-генетический фундамент современных популяций севера Восточной Азии, Монголии, Сибири, обеих Америк [Мао, 2021; Massilani, 2020; Yu, 2020; Damgaard, 2018; Raghavan, 2014]. На основе южной группы сформировался популяционно-генетический фундамент современных популяций Индокитая, отчасти южных районов Китая, Малайского и Филиппинского архипелагов и Полинезии [Zhang, 2022; McColl, 2018; Mallick, 2016; Scoglund, 2016; Lipson, 2014].

ПОПУЛЯЦИОННЫЕ ТРАНСФОРМАЦИИ В ВОСТОЧНОЙ АЗИИ С ПЕРИОДА ЛЕДНИКОВОГО МАКСИМУМА ДО НЕОЛИТА И ИХ ВЛИЯНИЕ НА ДРУГИЕ РЕГИОНЫ ОЙКУМЕНА

Предки современных популяций Индокитая и Южного Китая формируются на территориях к югу от реки Янцзы на основе самых южных групп восточноазиатов. В составе этих популяций выделяются несколько отличающихся популяционных кластеров, родственные связи между которыми требуют уточнения [Zhang, 2022; Mallick, 2016]. Именно это население сформировало основу генофонда популяций будущих австроазиатских, тай-кадайских и австронезийских народов [He, 2023; Wang, 2021; McColl, 2018; Lipson, 2014].

Северная группа древних популяций Восточной Азии (из линии, близкой жителям пещеры Тяньюань) исчезает в регионе с началом оледенения и не оставляет потомков. Уже в период ледникового максимума, север Восточной Азии заселяется с юга новой ветвью монголоидов. Не позднее 19 тыс. лет назад они проникают на территорию современного китайского Примурья [Мао, 2021]. Эти люди повторяют путь своих предшественников, но заселяют и более широкие территории, охватывающие весь север Азии к востоку от Енисея. В Сибирь из

северного Китая они проникают в составе, как минимум, трех волн миграции. Первая волна проникает в Якутию еще 16 тыс. лет назад с носителями дюктайской культуры. Эта волна внесла некоторую лепту в генофонд арктических монголоидов [Kılınc, 2021]. Вторая, палеосибирская волна сформировала основу популяций арктических монголоидов и америндов [Sikora, 2019; Flegontov, 2019; Yu, 2020]. Третья, неосибирская волна сформировала фундамент большей части популяций коренного населения Сибири [Kılınc, 2021; Sikora, 2019; Yu, 2020]. Еще одна группа выходцев из Китая, заселяя российское Приморье, смешивалась с группами, близкими айнам и дзёмонцам [Wang, 2023; Jeong 2016, Jinam, 2012]. Группы, оставшиеся на территории севера Китая, сформируют ядро неолитических популяций этой области.

ПОПУЛЯЦИОННЫЕ ТРАНСФОРМАЦИИ НАСЕЛЕНИЯ ВОСТОЧНОЙ АЗИИ С ЭПОХИ НЕОЛИТА ДО НАЧАЛА 1-ГО ТЫС. Н. Э.

Уже в начале неолитической эпохи в середине 8-го — середине 6-го тыс. до н. э. начинаются двусторонние перемещения представителей северной и южной групп в прибрежной зоне Китая. Отдельные группы северян расселяются по береговой линии до современных южных приморских провинций КНР. Синхронно в это же время в обратном направлении южные группы восточноазиатского населения проникают на север до Шаньдуна и Желтого моря. В контактной зоне приморских районов обе группы формируют смешанное население. Двусторонние перемещения происходят исключительно в зоне побережья. Внутренние материковые районы остаются не охваченными этими перемещениями до конца неолита [Wang, 2021; Yang, 2020].

Во внутриконтинентальных районах современного Китая происходили иные миграционные процессы. Представители северной группы восточноазиатов послеледникового времени проникают со стороны верхнего и среднего те-



чений реки Хуанхэ в Тибет. Это проникновение происходит либо во время распространения земледелия в горную зону в 4-м тыс. до н. э., либо даже прежде его возникновения в начале голоцена [Liu, 2022, Wang, 2021]. На территории нагорья они смешиваются с местной группой популяций, имеющих неясные систематические связи с остальными группами современного и древнего человечества [Liu, 2022]. Эти люди становятся прародителями популяций современных тибетцев [Liu, 2022; Wang, 2021].

Другая группа северных восточноазиатов, также выходцев из верховьев Хуанхэ, обошла Тибетское нагорье через окраинные предгорные районы в сторону Индокитая. Эти люди стали прародителями большинства популяций тибето-бирманских народов. Точное время этой миграции требует уточнения. По мере продвижения на юг они смешивались с местными группами южных восточноазиатов южного Китая и Индокитайского полуострова [Zhang, 2022; Wang, 2021]. В некоторых случаях на юге ареала тибето-бирманских языков, группы прибывших передавали свои языки, но поглощались генофондом южных восточноазиатских групп. Так это произошло в случае предков хани и лаху [Zhang, 2022].

Третья группа переселенцев со среднего и верхнего течений Хуанхэ в 4-м тыс. до н. э. направилась в сторону низовьев этой реки и на юг — на пространства Великой Китайской равнины. Эти люди сформировали основу генофонда населения культуры Яншао, а также прародителей будущих хуся и северных ханьцев [Wang, 2021]. По мере продвижения на юг от реки Хуанхэ представители третьей группы переселенцев, так же, как и проникающие на юг предки тибето-бирманцев, смешивались с южными группами восточноазиатов. Примесь со стороны южных групп была значительной и увеличивалась по мере удаления от старта миграции северян, достигая 40%. К моменту проникновения выходцев из низовий реки Хуанхэ на Великую Китайскую равнину и в бассейн реки Янцзы, здесь уже проживало многочислен-

ное население, возможно связанное с рисоводческим сельскохозяйственным комплексом. Уже в древности эта особенность, в виде примеси южных групп, определила специфику генофонда южных китайцев-ханьцев и их отличия от генофонда прародителей северных китайцев-ханьцев [Wang, 2021].

Зона бассейна реки Силяохэ, расположенная к северу от Желтого моря, была стартовой зоной миграций в Восточной Азии. Исходно, в 7-м тыс. до н. э. она была занята группами, близкими к населению Амура (отдаленно родственному выходцам из верховий Хуанхэ, но существенно отличающемуся от него). Эти люди могли domestцировать просо независимо от соседних групп, живших в верхнем течении Хуанхэ. Ближе к концу неолита в среду этих популяций проникли выходцы из района среднего и верхнего течений Хуанхэ и смешались с прежним населением. В 4-м тыс. до н. э. выходцы из региона Силяохэ стали расселяться на восток, в сторону современной территории Кореи, а из Кореи они переселяются через море в начале 1-го тыс. до н. э. в Японию [Robbeets, 2021; Wang, 2021; Ning, 2020]. Перед переселением на Японские острова, обитающие на Корейском полуострове прародители японцев и корейцев получают еще одну примесь со стороны новой группы мигрантов с Шаньдунского полуострова, которая приносит с собой рисовое земледелие [Robbeets, 2021].

На Японском архипелаге выходцы из Восточной Азии смешиваются с потомками дзёмонцев (генетически близких айнам), поглощая местных обитателей, но и ощутимо с ними смешиваясь. На основе смешения потомков дзёмонцев и переселенцев с Корейского полуострова, связанных с населением культуры Яёй, формируется генофонд японцев [Watanabe, 2023; Wang, 2021, Jeong, 2016; Jinam, 2012].

Со стороны южных районов Китая одна из южных групп восточноазиатского населения распространяется вместе с носителями австронезийских языков путем морских миграций. На первом этапе, в 4-м тыс. до н. э. эта группа населения заселяет



Тайвань, откуда распространяется на территории Филиппин, Индонезии, а далее, на рубеже 3-го и 2-го тыс. до н. э. проникает в Океанию [Wang, 2021; Scoglund, 2016; Lipson, 2014].

ПОПУЛЯЦИОННЫЕ ТРАНСФОРМАЦИИ В КИТАЕ В ИСТОРИЧЕСКОЕ ВРЕМЯ

Среди более поздних событий методами популяционной генетики установлено проникновение китайцев-ханьцев в районы к югу от Янцзы и поглощение популяций южных племен в эпохи Цзинь, Тан, Сун [Wen, 2004]. Выявлен сильный миграционный поток со стороны популяций китайцев-ханьцев в генофонды популяций сино-тибетских народов бай, и, цян [Zhang, 2022]. Также установлено, что этот приток ограниченно повлиял и на хмонг-мьенские (мяо-яо) народы во 2 половине 1-го тыс. н. э. [He, 2023].

В эпоху династии Тан (618–907), известной активными торговыми, культурными, политическими контактами с более западными странами, произошла ограниченная инфильтрация выходцев из западной части Евразии в Китай, оставившая незначительный след (2–4%) в некоторых локальных популяциях современных ханьцев [Wang, 2021].

Вторжения кочевников степной зоны в северный Китай, напротив, значительно не изменяли генофонд ханьцев и хуася. Наоборот, начиная с эпохи сюнну до монгольского завоевания, в населении монгольских степей всегда присутствовала значительная доля переселенцев из сельскохозяйственных районов Китая [Jeong, 2020].

На рубеже 1-го и 2-го тыс. н. э. произошло проникновение популяций тибето-бирманских народов с территории юго-западных провинций Китая на северо-восток Индии [Metspalu, 2018; Tamang, 2018].

ВЫВОДЫ

Территория Китая играла ключевую роль в истории населения всей ойкумены.

1) Именно на юге современной КНР находился исходный очаг возникновения предковой популяции всех монголоидных групп.

2) Вплоть до эпохи последнего оледенения прародители всего современного монголоидного населения отсутствовали и в Сибири, и южнее Индокитая, занимая в основном территорию Китая.

3) В эпоху последнего оледенения на севере Китая формируется группа прародителей всего современного населения северной половины Восточной Азии, Сибири, Америки и востока евразийских степей. Именно с территории Китая они заселяют Приморье, восток Монголии, а через окрестности Байкала — Сибирь и Новый Свет.

4) В южных районах Китая, включая, вероятно, и северные районы Индокитая, в ледниковую эпоху формируются прародители современного населения материковой и островной частей Юго-Восточной Азии, а также коренного населения Тайваня и Полинезии.

5) В раннем неолите между северной и южной группами восточноазиатов начинается взаимодействие в прибрежных районах Китая.

6) В эпоху распространения земледелия выходцы из верховьев Хуанхэ становятся основой формирования большинства современных сино-тибетских народов (кроме ряда групп в Индокитае и на юге Юньнани, которые, переняв тибето-бирманские языки, сохранили генофонд групп, характерный для популяций южных монголоидов Индокитая).

7) Одна из этих групп заселила Тибетское нагорье, откуда проникла в высокогорную зону Гималаев, другая заселила юго-западные провинции Китая, сформировав основу нетибетских тибето-бирманских народов. Третья группа, расселявшаяся в низовья Хуанхэ и Великую Китайскую равнину, сформировала генофонд китайцев-ханьцев. Также не исключено более раннее проникновение выходцев из долины реки Хуанхэ в Тибет в доземледельческий период.

8) Уже в неолитическую эпоху прямые прародители современных тибето-бирманцев и



современных ханьцев по мере продвижения на юг смешивались с южными группами восточноазиатов, связанных с южномонголоидным населением.

9) Другая группа земледельцев переселялась на север, смешиваясь с обитателями долины реки Силяохэ, заселяя оттуда Корею, а из Кореи смешиваясь с носителями культуры Яёй, Японию.

10) В Историческое время поток переселений ханьцев усилился во времена династий Цзинь, Тан и Сун. Группы ханьцев-переселенцев поглощали местное население и влияли на генофонд сино-тибетских и хмонг-мьенских групп, избежавших ассимиляции и сохранявших этническое своеобразие. Но южные группы ханьцев также получали примесь от представителей южного кластера популяций, что и определило популяционно-генетическое своеобразие южных ханьцев.

11) Описанные передвижения могли вызвать исход части тибето-бирманского населения в северо-восточные районы Индии на рубеже 1-го и 2-го тыс. до н. э.

12) Вторжения степных кочевников из Монголии и возникновение «варварских династий и держав» на территории Китая, не оказали существенного популяционного влияния на его генофонд. Однако переселенцы из земледельческих районов Китая, непрерывно переселяясь в степную зону Монголии с эпохи сюнну до эпохи Чингизидов, оставляли существенный вклад в генофонде степного евразийского пояса, который прослеживается здесь до сих пор.

Многие популяционные процессы, происходившие на этой территории, напрямую меняли генофонд населения сопредельных стран восточноазиатского макрорегиона, а нередко их влияние выходило и за эти рамки и охватывало также и другие области Евразии (полуостров Индостан, в Сибирь, Юго-Восточную Азию), а вместе с ними и Океанию. Даже те популяционные процессы, которые имели меньший масштаб и происходили, преимущественно, во внутренних границах Китая, оказывали сильное популяционное воздействие на соседние территории Восточной Азии.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ / REFERENCES

Almarri M. A., Haber M., Lootah R. A., Hallast P., Al Turki S., Martin H. C., Xue Y., Tyler-Smith C. The Genomic History of the Middle East. *Cell*. 2021. Vol. 184. No. 18. Pp. 4612–4625.

Bae C. J., Douka K., Petraglia M. D. On the Origin of Modern Humans: Asian Perspectives. *Science*. 2017. Vol. 358. No. 6368. URL: https://www.science.org/doi/10.1126/science.aai9067?url_ver=Z39.882003&rfr_id=ori:rid:crossref.org&rfr_dat=cr_pub%20%20pubmed (accessed 29.09.2023)

Damgaard P. B., Marchi N., Rasmussen S., Peyrot M., Renaud G., Korneliussen T., Moreno-Mayar J. V., Pedersen MW, Goldberg A., Usmanova E., Baimukhanov N., Loman V., Hedeager L., Pedersen A. G., Nielsen K., Afanasiev G., Akmatov K., Aldashev A., Alpaslan A., Baimbetov G., Bazaliiskii V. I., Beisenov A., Boldbaatar B., Boldgiv B., Dorzhu C., Ellingvag S., Erdenebaatar D., Dajani R., Dmitriev E., Evdokimov V., Frei K. M., Gromov A., Goryachev A., Hakonarson H., Hegay T., Khachatryan Z., Khaskhanov R., Kitov E., Kolbina A., Kubatbek T., Kukushkin A., Kukushkin I., Lau N., Margaryan A., Merkyte I., Mertz I. V., Mertz V. K., Mijiddorj E., Moiyesev V., Mukhtarova G., Nurmukhanbetov B., Orozbekova Z., Panyushkina I., Pieta K., Smrčka V., Shevnina I., Logvin A., Sjögren K. G., Štolcová T., Taravel-la A. M., Tashbaeva K., Tkachev A., Tulegenov T., Voyakin D., Yepiskoposyan L., Undrakhbold S., Varfolomeev V., Weber A., Wilson Sayres MA., Kra-din N., Allentoft M. E., Orlando L., Nielsen R., Sikora M., Heyer E., Kristiansen K., Willerslev E. 137 Ancient Human Genomes from across the Eurasian Steppes. *Nature*. 2018. Vol. 557. No. 7705. Pp. 369–374.

Flegontov P., Changmai P., Zidkova A., Logacheva M. D., Altınışık N. E., Flegontova O., Gelfand M. S., Gerasimov E. S., Khrameeva E. E., Konovalova O. P., Neretina T., Nikolsky Y. V., Starostin G., Stepanova V. V., Travinsky I. V., Triska M., Triska P., Tatarinova T. V. Paleo-Eskimo Genetic Ancestry and the Peopling of Chukotka and



North America. *Nature*. 2019. Vol. 570. No. 7760. Pp. 236–240.

He G., Wang J., Yang L. Genome-Wide Allele and Haplotype-Sharing Patterns Suggested One Unique Hmong-Mein-Related Lineage and Biological Adaptation History in Southwest China. *Human Genomics*. 2023. Vol. 7. No. 1. URL: <https://humgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40246-023-00452-0> (accessed 29.09.2023).

Jeong C., Nakagome S., Di Rienzo A. Deep History of East Asian Populations Revealed through Genetic Analysis of the Ainu. *Genetics*. 2016. Vol. 202. No. 1. Pp. 261–272.

Jeong C., Wang K., Wilkin S., Wang K., Wilkin S., Taylor WTT, Miller BK., Bemmman JH., Stahl R., Chiovelli C., Knolle F., Ulziibayar S., Khatanbaatar D., Erdenebaatar D., Erdenebat U., Ochir A., Ankhsanaa G., Vanchigdash C., Ochir B., Munkhbayar C., Tumen D., Kovalev A., Kradin N., Bazarov B. A., Miyagashev D. A., Konovalov P. B., Zhambaltarova E., Miller A. V., Haak W., Schiffels S., Krause J., Boivin N., Erdene M., Hendy J., Warinner C. A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*. 2020. Vol. 183. No. 4. Pp. 890–904.

Jinam T. A., Nishida N., Hirai M., Kawamura S., Oota H., Umetsu K., Kimura R., Ohashi J., Tajima A., Yamamoto T., Tanabe H., Mano S., Suto Y., Kaname T., Naritomi K., Yanagi K., Niikawa N., Omoto K., Tokunaga K., Saitou N. The History of Human Populations in the Japanese Archipelago Inferred from Genome-Wide SNP Data with a Special Reference to the Ainu and the Ryukyuan Populations. *Journal of Human Genetics*. 2012. Vol. 57. No. 12. Pp. 787–795.

Kılınc G. M., Kashuba N., Koptekin D., Bergfeldt N., Dönertaş H. M., Rodríguez-Varela R., Shergin D., Ivanov G., Kichigin D., Pestereva K., Volkov D., Mandryka P., Kharinskii A., Tishkin A., Ineshin E., Kovychev E., Stepanov A., Dalén L., Günther T., Kırđök E., Jakobsson M., Somel M., Krzewińska M., Storå J., Götherström A. Human Population Dynamics and *Yersinia Pestis* in Ancient Northeast Asia. *Science Advances*. 2021.

Vol. 7. No. 2. URL: <https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.abc4587> (accessed 29.09.2023).

Lipson M., Loh P. R., Patterson N., Moorjani P., Ko Y. C., Stoneking M., Berger B., Reich D. Reconstructing Austronesian Population History in Island Southeast Asia. *Nature Communications*. 2014. Vol. 5. URL: <https://www.nature.com/articles/ncomms5689> (accessed 29.09.2023).

Liu C. C., Witonsky D., Gosling A., Lee J. H., Ringbauer H., Hagan R., Patel N., Stahl R., Novembre J., Aldenderfer M., Warinner C., Di Rienzo A., Jeong C. Ancient Genomes from the Himalayas Illuminate the Genetic History of Tibetans and Their Tibeto-Burman Speaking Neighbors. *Nature Communications*. 2022. Vol. 13. No. 1. URL: <https://www.nature.com/articles/s41467-022-28827-2> (accessed 29.09.2023).

Liu W., Martínón-Torres M., Cai Y. J., Xing S., Tong H. W., Pei S. W., Sier M. J., Wu X. H., Edwards R. L., Cheng H., Li Y. Y., Yang X. X., de Castro J. M., Wu X. J. The Earliest Unequivocally Modern Humans in Southern China. *Nature*. 2015. Vol. 526. No. 7575. Pp. 696–699.

Mallick S., Li H., Lipson M., Mathieson I. et al. The Simons Genome Diversity Project: 300 Genomes from 142 Diverse Populations. *Nature*. 2016. Vol. 538. No. 7624. Pp. 201–206.

Mao X., Zhang H., Qiao S., Liu Y., Chang F., Xie P., Zhang M., Wang T., Li M., Cao P., Yang R., Liu F., Dai Q., Feng X., Ping W., Lei C., Olsen J. W., Bennett E. A., Fu Q. The Deep Population History of Northern East Asia from the Late Pleistocene to the Holocene. *Cell*. 2021. Vol. 184. No. 12. Pp. 3256–3266.

Massilani D., Skov L., Hajdinjak M. et al. Denisovan Ancestry and Population History of Early East Asians. *Science*. 2020. Vol. 370. No. 6516. Pp. 579–583.

McColl H., Racimo F., Vinner L. The Prehistoric Peopling of Southeast Asia. *Science*. 2018. Vol. 361. No. 6397. Pp. 88–92.

Metspalu M., Mondal M., Chaubey G. The Genetic Makings of South Asia. *Current Opinion in Genetics & Development* 2018. Vol. 53. Pp. 128–133.



- Ning C., Li T., Wang K., Zhang F., Li T., Wu X., Gao S., Zhang Q., Zhang H., Hudson M. J., Dong G., Wu S., Fang Y., Liu C., Feng C., Li W., Han T., Li R., Wei J., Zhu Y., Zhou Y., Wang C. C., Fan S., Xiong Z., Sun Z., Ye M., Sun L., Wu X., Liang F., Cao Y., Wei X., Zhu H., Zhou H., Krause J., Robbeets M., Jeong C., Cui Y. Ancient Genomes from Northern China Suggest Links Between Subsistence Changes and Human Migration. *Nature Communications*. 2020. Vol. 11. No. 1. URL: <https://www.nature.com/articles/s41467-020-16557-2> (accessed 29.09.2023)
- Pagani L., Lawson D. J., Jagoda E., et al. Genomic Analyses Inform on Migration Events During the Peopling of Eurasia. *Nature*. 2016. Vol. 538. No. 7624. Pp. 238–242.
- Raghavan M., Skoglund P., Graf K. E., et al. Upper Palaeolithic Siberian Genome Reveals Dual Ancestry of Native Americans. *Nature*. 2014. Vol. 505. No. 7481. Pp. 87–91.
- Robbeets M., Bouckaert R., Conte M. et al. Triangulation Supports Agricultural Spread of the Transeurasian Languages. *Nature*. 2021. Vol. 599. No. 7886. Pp. 616–621.
- Skoglund P., Posth C., Sirak K., Spriggs M., Valentin F., Bedford S., Clark G. R., Reepmeyer C., Petchey F., Fernandes D., Fu Q., Harney E., Lipson M., Mallick S., Novak M., Rohland N., Stewardson K., Abdullah S., Cox M. P., Friedlaender F. R., Friedlaender J. S., Kivisild T., Koki G., Kusuma P., Merriwether D. A., Ricaut F. X., Wee J. T., Patterson N., Krause J., Pinhasi R., Reich D. Genomic Insights into the Peopling of the Southwest Pacific. *Nature*. 2016. Vol. 538. No. 7626. Pp. 510–513.
- Shen G., Wang W., Wang Q., Zhao J., Collerson K., Zhou C., Tobias P. V. U-Series Dating of Liujiang Hominid Site in Guangxi, Southern China. *Journal of Human Evolution*. 2002. Vol. 43. No. 6. Pp. 817–829.
- Sikora M., Pitulko V. V., Sousa V. C., Allentoft M. E., Vinner L., Rasmussen S., Margaryan A., de Barros Damgaard P., de la Fuente C., Renaud G., Yang M. A., Fu Q., Dupanloup I., Giampoudakis K., Nogués-Bravo D., Rahbek C., Kroonen G., Peyrot M., McColl H., Vasilyev S. V., Veselovskaya E., Gerasimova M., Pavlova E. Y., Chasnyk V. G., Nikolskiy P. A., Gromov A. V., Khartanovich V. I., Moiseyev V., Grebenyuk P. S., Fedorchenko A. Y., Lebedintsev A. I., Slobodin S. B., Mal'yarchuk B. A., Martiniano R., Meldgaard M., Arppe L., Palo J. U., Sundell T., Mannermaa K., Putkonen M., Alexandersen V., Primeau C., Baimukhanov N., Malhi R. S., Sjögren K. G., Kristiansen K., Wessman A., Sajantila A., Lahr M. M., Durbin R., Nielsen R., Meltzer D. J., Excoffier L., Willerslev E. The Population History of Northeastern Siberia since the Pleistocene. *Nature*. 2019. Vol. 570. No. 7760. Pp. 182–188.
- Tamang R., Chaubey G., Nandan A., Govindaraj P., Singh V. K., Rai N., Mallick C. B., Sharma V., Sharma V. K., Shah A. M., Lalremruata A., Reddy A. G., Rani D. S., Dovich P., Negi N., Hadid Y., Pande V., Vishnupriya S., van Driem G., Behar D. M., Sharma T., Singh L., Vilems R., Thangaraj K. Reconstructing the Demographic History of the Himalayan and Adjoining Populations. *Human Genetics*. 2018. Vol. 137. No. 2. Pp. 129–139.
- Vallini L., Marciani G., Aneli S., Bortolini E., Benazzi S., Pievani T., Pagani L. Genetics and Material Culture Support Repeated Expansions into Paleolithic Eurasia from a Population Hub out of Africa. *Genome Biology and Evolution*. 2022. Vol. 14. No. 4. URL: <https://academic.oup.com/gbe/article/14/4/evac045/6563828> (accessed 29.09.2023).
- Wang C. C., Yeh H. Y., Popov A. N., Zhang H. Q., Matsumura H., Sirak K., Cheronet O., Kovalev A., Rohland N., Kim A. M., Mallick S., Bernardos R., Tumen D., Zhao J., Liu Y. C., Liu J. Y., Mah M., Wang K., Zhang Z., Adamski N., Broomandkhoshbacht N., Callan K., Candilio F., Carlson K. S. D., Culleton B. J., Eccles L., Freilich S., Keating D., Lawson A. M., Mandl K., Michel M., Oppenheimer J., Özdoğan K. T., Stewardson K., Wen S., Yan S., Zalzal F., Chuang R., Huang C. J., Loo H., Shiung C. C., Nikitin Y. G., Tabarev A. V., Tishkin A. A., Lin S., Sun Z. Y., Wu X. M., Yang T. L., Hu X., Chen L., Du H., Bayarsaikhan J., Mijidorj E., Erdenebaatar D., Iderkhangai T. O., Myagmar E., Kanzawa-Kiriyama H., Nishino M.,



Shinoda KI., Shubina O. A., Guo J., Cai W., Deng Q., Kang L., Li D., Li D., Lin R., Nini, Shrestha R., Wang L. X., Wei L., Xie G., Yao H., Zhang M., He G., Yang X., Hu R., Robbeets M., Schiffels S., Kennett DJ., Jin L., Li H., Krause J., Pinhasi R., Reich D. Genomic Insights into the Formation of Human Populations in East Asia. *Nature*. 2021. Vol. 591. No. 7850. Pp. 413–419.

Wang K., Yu H., Radzevičiūtė R., Kiryushin Y. F., Tishkin A. A., Frolov Y. V., Stepanova N. F., Kiryushin K. Y., Kungurov A. L., Shnaider S. V., Tur S. S., Tiunov M. P., Zubova A. V., Pevzner M., Karimov T., Buzhilova A., Slon V., Jeong C., Krause J., Posth C. Middle Holocene Siberian Genomes Reveal Highly Connected Gene Pools throughout North Asia. *Current Biology*. 2023. Vol. 33. No. 3. Pp. 423–433.

Watanabe Y., Ohashi J. Modern Japanese ancestry-derived variants reveal the formation process of the current Japanese regional gradations. *iScience*. 2023. 26. Issue 3. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2589004223002079> (accessed 29.09.2023).

Wen B., Li H., Lu D., Song X., Zhang F., He Y., Li F., Gao Y., Mao X., Zhang L., Qian J., Tan J., Jin J., Huang W., DeKa R., Su B., Chakraborty R.,

Jin L. Genetic Evidence Supports Demic Diffusion of Han Culture. *Nature*. 2004. Vol. 431. No. 7006. Pp. 302–305.

Yang M. A., Fan X., Sun B., et al. Ancient DNA Indicates Human Population Shifts and Admixture in Northern and Southern China. *Science*. 2020. No. 369. Vol. 6501. Pp. 282–288.

Yang M. A., Gao X., Theunert C. et al. 40,000-Year-Old Individual from Asia Provides Insight into Early Population Structure in Eurasia. *Current Biology*. 2017. Vol. 27. No. 20. Pp. 3202–3208.

Yu H., Spyrou M. A., Karapetian M., Shnaider S., Radzevičiūtė R., Nägele K., Neumann G. U., Penske S., Zech J., Lucas M., LeRoux P., Roberts P., Pavlenok G., Buzhilova A., Posth C., Jeong C., Krause J. Paleolithic to Bronze Age Siberians Reveal Connections with First Americans and Across Eurasia. *Cell*. 2020. Vol. 181. No. 6. Pp. 1232–1245.

Zhang Z., Zhang Y., Wang Y., Zhao Z., Yang M., Zhang L., Zhou B., Xu B., Zhang H., Chen T., Dai W., Zhou Y., Shi S., Nielsen R., Li S. C., Li S. The Tibetan-Yi Region Is Both a Corridor and a Barrier for Human Gene Flow. *Cell Reports*. 2022. Vol. 39. No. 4. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2211124722004818> (accessed 29.09.2023).

