

ПРИЛОЖЕНИЯ

к статье Б.А. Малярчука «Истоки митохондриального генофонда русских по результатам анализа современных и палеогеномных данных»

Приложение 1

Распределение гаплогрупп мтДНК у современного русского населения в сравнении с древним населением разных эпох

Современные русские	Восточная Европа	Культура боевых топоров	Территории Германии, Британских островов	Территории Венгрии, Польши, Чехии	Территории Сербии, Румынии, Болгарии, Греции	Кавказ
	3 тыс. лет до н.э. и более	2–2.5 тыс. лет до н.э.	3 тыс. лет до н.э. и более	3 тыс. лет до н.э. и более	3 тыс. лет до н.э. и более	3 тыс. лет до н.э. и более
H*	H			H (9)	H (7)	H
H1*	H1		H1	H1	H1	
H13a1a1c					H13 (2)	
H13a1a1c1	H13a1a1					
H1b	H1b			H1b		
H1c			H1c			
H28a				H28a		
H2a1	H2a1					H2a1 (2)
H2a1a	H2a1a					
H3*			H3 (3)			
H44b				H44		
H5			H5 (3)		H5	
H5a*	H5a					
H5a1*		H5a1				
H5b3					H5b	
H6a1b2	H6a1b					
H7				H7	H7 (2)	
HV0*			HV0	HV0a (2)		
HV	HV		HV	HV (2)	HV (2)	HV
I1a1						I1
J1b1a1		J1b1a1				
J1c1b1a			J1c1b1	J1c1b		
J1c2		J1c2e	J1c2	J1c2 (2)		
J1c3c		J1c3				
J1c5		J1c5		J1c5 (2)	J1c5	
J2a1a1a2				J2a1a1		J2a1
J2b1a	J2b1			J2b1 (2)	J2b1 (3)	
K1a2			K1a2 (2)	K1a2	K1a2 (3)	
K1a3			K1a3a (2)	K1a3a3 (2)		
K1b1			K1b1a1 (2)	K1b1 (3)		
K1b2a2				K1b1a1	K1b1a	
K1c1				K1c	K1c (3)	
K1c1					K1c1	
N1a1a1a1			N1a1a1 (3)	N1a1a1 (2)		
N1a1a1a1				N1a1a1a (2)		
N1a1a1a3			N1a1a1a3 (2)	N1a1a1a3 (2)		
R1a1a1a						R1a (4)
R1a1a1a						R1a1 (2)

Окончание табл.

Современные русские	Восточная Европа	Культура боевых топоров	Территории Германии, Британских островов	Территории Венгрии, Польши, Чехии	Территории Сербии, Румынии, Болгарии, Греции	Кавказ
	3 тыс. лет до н.э. и более	2–2.5 тыс. лет до н.э.	3 тыс. лет до н.э. и более	3 тыс. лет до н.э. и более	3 тыс. лет до н.э. и более	3 тыс. лет до н.э. и более
T1a1	T1a1			T1a (2)	T1a (2)	
T1a2c				T1a2		T1a2 (2)
T2*	T2					
T2a1a1a		T2a1a				T2a1
T2a1b1a1						T2a1b
T2b	T2b		T2b (8)	T2b (6)	T2b (2)	
T2c1e	T2c1a2					T2c1
T2e1		T2e	T2e1 (2)		T2e (3)	T2e
T2f1a1			T2f4	T2f (3)	T2f	
U1a1c1d3					U1a1	
U2e1b1a	U2e1 (3)					U2e1
U2e2a1a	U2e1a1	U2e1a1				
U3a1a			U3a1			
	U4a (3)				U4a (4)	U4a
U4a1a1a	U4a1 (6)					
U4a2a	U4a2 or U4d					U4a2 (3)
U4b*	U4b (4)					
U4d1a2	U4d1					
U5a1a	U5a1			U5a1	U5a1	U5a1
U5a1a1	U5a1a1 (3)					
U5a1b	U5a1b (5)					
U5a1b1b						U5a1b1
U5a1c1	U5a1c (3)			U5a1c1	U5a1c1 (4)	
	U5a1d (2)					
U5a1d2b	U5a1d2					
U5a1g		U5a1g				
U5a2a1	U5a2a (7)		U5a2a		U5a2a (3)	
U5a2c4	U5a2c (2)		U5a2c (2)			
U5b1a1			U5b1 (2)			
U5b1b1		U5b1b				
U5b2a1a2	U5b2a1a (3)		U5b2a		U5b2a1a (3)	
U5b2b1a2	U5b2b1 (3)		U5b2b1a		U5b2b (3)	
U7b1a						U7b (2)
U8a1a1			U8a (4)			
V1a1b1				V1a		
W1e1a				W1+119C		
W5a1a		W5a		W5 (3)		
W6a		W6a				
X2b4			X2b (2)	X2b (2)	X2b	

Примечание. В скобках приводится количество древних образцов мтДНК (если более одного). В колонке «Восточная Европа, 3 тыс. лет до н.э. и более» представлены образцы с территорий современной России, Украины и Балтийских стран: красным цветом отмечены гаплогруппы мтДНК, обнаруженные у представителей ямной культуры (3–4 тыс. лет до н.э.); зеленым – у представителей трипольской культуры (3–4 тыс. лет до н.э.); пурпурным – у представителей энеолита (3–4 тыс. лет до н.э.). В колонке «Культура боевых топоров, 2–2.5 тыс. лет до н.э.» приведены образцы с территорий Германии, Чехии, Польши, Эстонии.

По данным работ:

- Allentoft M.E., Sikora M., Sjögren K.G., Rasmussen S., Rasmussen M., Stenderup J., Damgaard P.B., Schroeder H., Ahlström T., Vinner L., Malaspinas A.S., Margaryan A., Higham T., Chivall D., Lynnerup N., Harvig L., Baron J., Della Casa P., Dąbrowski P., Duffy P.R., Ebel A.V., Epimakhov A., Frei K., Furmanek M., Gralak T., Gromov A., Gronkiewicz S., Grupe G., Hajdu T., Jarysz R., Khartanovich V., Khokhlov A., Kiss V., Kolář J., Kriiska A., Lasak I., Longhi C., McGlynn G., Merkevicius A., Merkyte I., Metspalu M., Mkrtychyan R., Moiseyev V., Paja L., Pálfi G., Pokutta D., Pospieszny L., Price T.D., Saag L., Sablin M., Shishlina N., Smrčka V., Soenov V.I., Szeverényi V., Tóth G., Trifanova S.V., Varul L., Vicze M., Yepiskoposyan L., Zhitenev V., Orlando L., Slicheritz-Pontén T., Brunak S., Nielsen R., Kristiansen K., Willerslev E. Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*. 2015;522(7555):167-172. DOI 10.1038/nature14507.
- Bollongino R., Nehlich O., Richards M.P., Orschiedt J., Thomas M.G., Sell C., Fajkosová Z., Powell A., Burger J. 2000 years of parallel societies in Stone Age Central Europe. *Science*. 2013;342(6157):479-481. DOI 10.1126/science.1245049.
- Gamba C., Jones E.R., Teasdale M.D., McLaughlin R.L., Gonzalez-Fortes G., Mattiangeli V., Domboróczki L., Kóvári I., Pap I., Anders A., Whittle A., Dani J., Raczky P., Higham T.F., Hofreiter M., Bradley D.G., Pinhasi R. Genome flux and stasis in a five millennium transect of European prehistory. *Nat. Commun.* 2014;5:5257. DOI 10.1038/ncomms6257.
- Haak W., Lazaridis I., Patterson N., Rohland N., Mallick S., Llamas B., Brandt G., Nordenfelt S., Harney E., Stewardson K., Fu Q., Mittnik A., Bánffy E., Economou C., Francken M., Friederich S., Pena R.G., Hallgren F., Khartanovich V., Khokhlov A., Kunst M., Kuznetsov P., Meller H., Mochalov O., Moiseyev V., Nicklisch N., Pichler S.L., Risch R., Rojo Guerra M.A., Roth C., Szécsényi-Nagy A., Wahl J., Meyer M., Krause J., Brown D., Anthony D., Cooper A., Alt K.W., Reich D. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature*. 2015;522(7555):207-211. DOI 10.1038/nature14317.
- Juras A., Chyleński M., Ehler E., Malmström H., Żurkiewicz D., Włodarczyk P., Wilk S., Peńka J., Fojtík P., Králík M., Libera J., Bagińska J., Tunia K., Klochko V.I., Dabert M., Jakobsson M., Koško A. Mitochondrial genomes reveal an east to west cline of steppe ancestry in Corded Ware populations. *Sci. Rep.* 2018;8(1):11603. DOI 10.1038/s41598-018-29914-5.
- Lazaridis I., Patterson N., Mittnik A., Renaud G., Mallick S., Kirsanow K., Sudmant P.H., Schraiber J.G., Castellano S., Lipson M., Berger B., Economou C., Bollongino R., Fu Q., Bos K.I., Nordenfelt S., Li H., de Filippo C., Prüfer K., Sawyer S., Posth C., Haak W., Hallgren F., Fornander E., Rohland N., Delsate D., Francken M., Guinet J.M., Wahl J., Ayodo G., Babiker H.A., Baillet G., Balanovska E., Balanovsky O., Barrantes R., Bedoya G., Ben-Ami H., Bene J., Berrada F., Bravi C.M., Brisighelli F., Busby G.B., Cali F., Churnosov M., Cole D.E., Corach D., Damba L., van Driem G., Dryomov S., Dugoujon J.M., Fedorova S.A., Gallego Romero I., Gubina M., Hammer M., Henn B.M., Hervig T., Hodoglugil U., Jha A.R., Karachanak-Yankova S., Khusainova R., Khusnutdinova E., Kittles R., Kivisild T., Klitz W., Kučinskas V., Kushniarevich A., Laredj L., Litvinov S., Loukidis T., Mahley R.W., Melegh B., Metspalu E., Molina J., Mountain J., Näkkäläjärvi K., Nesheva D., Nyambo T., Osipova L., Parik J., Platonov F., Posukh O., Romano V., Rothhammer F., Rudan I., Ruizbakiev R., Sahakyan H., Sajantila A., Salas A., Starikovskaya E.B., Tarekgn A., Toncheva D., Turdikulova S., Uktveryte I., Utevska O., Vasquez R., Villena M., Voevoda M., Winkler C.A., Yepiskoposyan L., Zalloua P., Zemanek T., Cooper A., Capelli C., Thomas M.G., Ruiz-Linares A., Tishkoff S.A., Singh L., Thangaraj K., Villemers R., Comas D., Sukernik R., Metspalu M., Meyer M., Eichler E.E., Burger J., Slatkin M., Pääbo S., Kelso J., Reich D., Krause J. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature*. 2014;513(7518):409-413. DOI 10.1038/nature13673.
- Lipson M., Szécsényi-Nagy A., Mallick S., Pósa A., Stégmár B., Keerl V., Rohland N., Stewardson K., Ferry M., Michel M., Oppenheimer J., Broomandkoshbacht N., Harney E., Nordenfelt S., Llamas B., Gusztáv Mende B., Köhler K., Oross K., Bondár M., Marton T., Oszás A., Jakucs J., Paluch T., Horváth F., Csengeri P., Koós J., Sebök K., Anders A., Raczky P., Regénye J., Barna J.P., Fábrián S., Serlegi G., Toldi Z., Gyöngyvér Nagy E., Dani J., Molnár E., Pálfi G., Márk L., Melegh B., Bánfai Z., Domboróczki L., Fernández-Eraso J., Antonio Mujika-Alustiza J., Alonso Fernández C., Jiménez Echevarría J., Bollongino R., Orschiedt J., Schierhold K., Meller H., Cooper A., Burger J., Bánffy E., Alt K.W., Lalueza-Fox C., Haak W., Reich D. Parallel palaeogenomic transects reveal complex genetic history of early European farmers. *Nature*. 2017;551(7680):368-372. DOI 10.1038/nature24476.
- Malyarchuk B., Litvinov A., Derenko M., Skonieczna K., Grzybowski T., Grosheva A., Shneider Y., Rychkov S., Zhukova O. Mitogenomic diversity in Russians and Poles. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2017;30:51-56. DOI 10.1016/j.fsigen.2017.06.003.
- Margaryan A., Derenko M., Hovhannisyán H., Malyarchuk B., Heller R., Khachatryan Z., Avetisyan P., Badalyan R., Bobokhyan A., Melikyan V., Sargsyan G., Piliposyan A., Simonyan H., Mkrtychyan R., Denisova G., Yepiskoposyan L., Willerslev E., Allentoft M.E. Eight millennia of matrilineal genetic continuity in the South Caucasus. *Curr. Biol.* 2017;27(13):2023-2028.e7. DOI 10.1016/j.cub.2017.05.087.
- Mathieson I., Alpaslan-Roodenberg S., Posth C., Szécsényi-Nagy A., Rohland N., Mallick S., Olalde I., Broomandkoshbacht N., Candilio F., Cheronet O., Fernandes D., Ferry M., Gamarra B., Fortes G.G., Haak W., Harney E., Jones E., Keating D., Krause-Kyora B., Kucukkalipci I., Michel M., Mittnik A., Nägele K., Novak M., Oppenheimer J., Patterson N., Pfrengle S., Sirak K., Stewardson K., Vai S., Alexandrov S., Alt K.W., Andreescu R., Antonović D., Ash A., Atanassova N., Bacvarov K., Gusztáv M.B., Bocherens H., Bolus M., Boroneanț A., Boyadzhiev Y., Budnik A., Burmaz J., Chohadzhiev S., Conard N.J., Cottiaux R., Čuka M., Cupillard C., Drucker D.G., Elenski N., Francken M., Galabova B., Ganetsovski G., Gély B., Hajdu T., Handzhyska V., Harvati K., Higham T., Iliiev S., Janković I., Karavanić I., Kennett D.J., Komáňo D., Kozak A., Labuda D., Lari M., Lazar C., Leppek M., Leshtakov K., Vetro D.L., Los D., Lozanov I., Malina M., Martini F., McSweeney K., Meller H., Menđunić M., Mirea P., Moiseyev V., Petrova V., Price T.D., Simalcsik A., Sineo L., Nlaus M., Slavchev V., Stanev P., Starović A., Szeniczey T., Talamo S., Teschler-Nicola M., Thevenet C., Valchev I., Valentin F., Vasilyev S., Veljanovska F., Venelinova S., Veselovskaya E., Viola B., Virag C., Zaninović J., Zäuner S., Stockhammer P.W., Catalano G., Krauß R., Caramelli D., Zariņa G., Gaydarska B., Lillie M., Nikitin A.G., Potekhina I., Papathanasiou A., Borić D., Bonsall C., Krause J., Pinhasi R., Reich D. The genomic history of southeastern Europe. *Nature*. 2018;555(7695):197-203. DOI 10.1038/nature25778.

- Mathieson I., Lazaridis I., Rohland N., Mallick S., Patterson N., Roodenberg S.A., Harney E., Stewardson K., Fernandes D., Novak M., Sirak K., Gamba C., Jones E.R., Llamas B., Dryomov S., Pickrell J., Arsuaga J.L., de Castro J.M., Carbonell E., Gerritsen F., Khokhlov A., Kuznetsov P., Lozano M., Meller H., Mochalov O., Moiseyev V., Guerra M.A., Roodenberg J., Vergès J.M., Krause J., Cooper A., Alt K.W., Brown D., Anthony D., Lalueza-Fox C., Haak W., Pinhasi R., Reich D. Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians. *Nature*. 2015;528(7583):499-503. DOI 10.1038/nature16152.
- Mittnik A., Wang C.C., Pfrengle S., Daubaras M., Zariņa G., Hallgren F., Allmāe R., Khartanovich V., Moiseyev V., Tõrv M., Furtwängler A., Andrades Valtueña A., Feldman M., Economou C., Oinonen M., Vasks A., Balanovska E., Reich D., Jankauskas R., Haak W., Schiffels S., Krause J. The genetic prehistory of the Baltic Sea region. *Nat. Commun.* 2018;9(1):442. DOI 10.1038/s41467-018-02825-9.
- Olalde I., Brace S., Allentoft M.E., Armit I., Kristiansen K., Booth T., Rohland N., Mallick S., Szécsényi-Nagy A., Mittnik A., Altena E., Lipson M., Lazaridis I., Harper T.K., Patterson N., Broomandkoshobacht N., Diekmann Y., Faltyskova Z., Fernandes D., Ferry M., Harney E., de Knijff P., Michel M., Oppenheimer J., Stewardson K., Barclay A., Alt K.W., Liesau C., Ríos P., Blasco C., Miguel J.V., García R.M., Fernández A.A., Bánffy E., Bernabò-Brea M., Billoin D., Bonsall C., Bonsall L., Allen T., Büster L., Carver S., Navarro L.C., Craig O.E., Cook G.T., Cunliffe B., Denaire A., Dinwiddy K.E., Dodwell N., Ernée M., Evans C., Kuchařík M., Farré J.F., Fowler C., Gazezbeek M., Pena R.G., Haber-Urriarte M., Haduch E., Hey G., Jowett N., Knowles T., Massy K., Pfrengle S., Lefranc P., Lemerrier O., Lefebvre A., Martínez C.H., Olmo V.G., Ramírez A.B., Maurandi J.L., Majó T., McKinley J.I., McSweeney K., Mende B.G., Modi A., Kulcsár G., Kiss V., Czene A., Patay R., Endrődi A., Köhler K., Hajdu T., Szeniczey T., Dani J., Bernert Z., Hoole M., Cheronet O., Keating D., Velemínský P., Dobeň M., Candilio F., Brown F., Fernández R.F., Herrero-Corral A.M., Tusa S., Carnieri E., Lentini L., Valenti A., Zanini A., Waddington C., Delibes G., Guerra-Doce E., Neil B., Brittain M., Luke M., Mortimer R., Desideri J., Besse M., Brücken G., Furmanek M., Hałuszko A., Mackiewicz M., Rapiński A., Leach S., Soriano I., Lillios K.T., Cardoso J.L., Pearson M.P., Włodarczak P., Price T.D., Prieto P., Rey P.J., Risch R., Rojo Guerra M.A., Schmitt A., Serralongue J., Silva A.M., Smrčka V., Vergnaud L., Zilhão J., Caramelli D., Higham T., Thomas M.G., Kennett D.J., Fokkens H., Heyd V., Sheridan A., Sjögren K.G., Stockhammer P.W., Krause J., Pinhasi R., Haak W., Barnes I., Lalueza-Fox C., Reich D. The Beaker phenomenon and the genomic transformation of northwest Europe. *Nature*. 2018;555(7695):190-196. DOI 10.1038/nature25738.
- Saag L., Varul L., Scheib C.L., Stenderup J., Allentoft M.E., Saag L., Pagani L., Reidla M., Tambets K., Metspalu E., Kriiska A., Willerslev E., Kivisild T., Metspalu M. Extensive farming in Estonia started through a sex-biased migration from the steppe. *Curr. Biol.* 2017;27(14):2185-2193.e6. DOI 10.1016/j.cub.2017.06.022.
- Wang C.C., Reinhold S., Kalmykov A., Wissgott A., Brandt G., Jeong C., Cheronet O., Ferry M., Harney E., Keating D., Mallick S., Rohland N., Stewardson K., Kantorovich A.R., Maslov V.E., Petrenko V.G., Erlikh V.R., Atabiev B.C., Magomedov R.G., Kohl P.L., Alt K.W., Pichler S.L., Gerling C., Meller H., Vardanyan B., Yeganyan L., Rezepkin A.D., Mariaschk D., Berezina N., Gresky J., Fuchs K., Knipper C., Schiffels S., Balanovska E., Balanovsky O., Mathieson I., Higham T., Berezin Y.B., Buzhilova A., Trifonov V., Pinhasi R., Belinskij A.B., Reich D., Hansen S., Krause J., Haak W. Ancient human genome-wide data from a 3000-year interval in the Caucasus corresponds with eco-geographic regions. *Nat. Commun.* 2019;10(1):590. DOI 10.1038/s41467-018-08220-8.

Приложение 2

Филогенетические деревья целых митохондриальных геномов, относящихся к гаплогруппам R1a, R1a1, R1a1a, U2e2a1d, H2b, H8b, U4d2 и N1a1a1a1. Транзиции указаны на ветвях дерева, для трансверсий показан результат нуклеотидной замены, инсерции отмечены как ins, делеции – как del, гетероплазмия – как het. Обратные мутации подчеркнуты. Эволюционный возраст кластеров мтДНК (в тыс. лет) приводится в соответствии со скоростью мутаций в целом митогеноме (синий цвет) и только в кодирующей области (красный цвет). Для митогеномов приводятся номера в GenBank, а также этническая принадлежность или страна происхождения. Филогенетическое дерево построено с помощью программы mtPhyl 4.015.









