

ЭО, 2010 г., № 5

© В.А. Васильев

ПРОБЛЕМА ПРОИСХОЖДЕНИЯ АМЕРИКАНСКИХ ИНДЕЙЦЕВ

Ключевые слова: америнды, аутосомные генетические маркеры, маркеры митохондриальной ДНК и Y-хромосомы, индейцы, происхождение, Америка, заселение, антропологический тип, расовый тип

В статье проанализированы лингвистические, антропометрические и молекулярно-генетические характеристики различных групп американских индейцев. Анализ имеющихся данных не позволяет прийти к единому мнению о генезисе и расовой принадлежности коренного доевропейского населения Америки. Однако гипотеза, предполагающая происхождение индейцев от нейтрального по физическому типу древнеазиатского населения, наиболее полно объясняет вариации антропологических и генетических типов америндов. А сумма фактов, отражающих большое своеобразие антропологического и генетического состава населения Нового Света, достаточна для выделения их в “большой” автономный расовый тип, состоящий из весьма разнообразных антропологических вариантов, и возникший вследствие нескольких миграционных потоков из Азии в течение длительного времени.

Одна из самых старых проблем антропологии – проблема происхождения американских индейцев, имеющая несколько аспектов. А именно – к какому из “больших” расовых типов мира принадлежат америнды, имеются ли в их составе генетические компоненты других расовых комплексов? Однороден или многообразен физический и генетический тип (типы) коренного доевропейского населения Америки, происходит ли аборигенное население Нового Света от одной предковой группы либо нескольких различных групп (популяций)? Какими путями или одним путем и как давно переселились протоамеринды, как они эволюционировали далее в пределах Нового Света? Поставленные вопросы всегда были и остаются предметом острых дискуссий между антропологами, этнографами, археологами и генетиками.

Местоположение американских индейцев в классификации расовых типов

В физической антропологии американские индейцы традиционно описывались как “американоидный”, или “американский” расовый тип, который либо фигурировал в литературе как часть “большого” монголоидного расового типа, либо выделялся как самостоятельная ветвь внутривидовой дифференциации человечества на уровне основных его подразделений (Зубов 1999).

Сходство аборигенов Нового Света с монголоидами не всегда отмечалось исследователями. Так, создатель первой научной классификации человеческих рас Франсуа Бернье (1684) сближал америндов не с коренным населением Сибири, а с европеоидами. Авторы других классификаций, хоть и отмечали сходство индейцев с восточноазиатскими народами, в то же время воздерживались от констатации прямого родства антропологических типов американских аборигенов и азиатских монголоидов, предпочитая выделять америндов в особую расу (Ж. Ламарк, В. Джуфрида-Руджери). Позже сходную позицию заняли американские исследователи, приравнивая

таксономический ранг америндов к большим расам (*Bridsell* 1951). В XX в. формируется другая точка зрения, согласно которой американские индейцы в таксономическом отношении должны быть включены в состав большой монголоидной расы (*Hrdlicka* 1942; *Дебец* 1959). А Н.Н. Чебоксаров предложил именовать монголоидную расу азиатско-американской (*Чебоксаров* 1951).

В настоящее время господствуют несколько противоположных концепций относительно систематического положения америндов. Первая – это концепция единства расового комплекса (монорасовость) всего индейского населения, а также мономиграционность и принадлежность к монголоидному расовому стволу. Противоположная точка зрения предполагает, что американский расовый тип сложился в результате метисации представителей нескольких миграционных волн из разных регионов мира, притом относящихся к разным расовым типам – монголоидному, полинезийскому, меланезийскому, австралийскому. Значительно позже сложилась еще одна точка зрения, согласно которой американская раса представляет собой недифференцированный тип с элементами восточно-монголоидными и отдельными австралоидными признаками (*Зубов* 1999).

На основании антропометрических и антропоскопических данных А. Грдличка обосновал гипотезу “американского гомотипа” – единого антропометрического типа индейцев, считая, что этот набор признаков характерен для всего аборигенного индейского населения Америки: густые, прямые, черные волосы, желто-коричневый цвет кожи, темно-карие глаза, выдающиеся скулы, средний (по масштабу больших расовых типов) прогнатизм, довольно сильно выступающий нос (у мужчин – часто “орлиный”), наружный угол глаза немного выше внутреннего, широкий рот, довольно толстые губы (толще, чем у европейцев).

Многие из этих признаков, в частности форма и цвет волос, цвет кожи, слабое развитие третичного волосяного покрова позволили ряду антропологов отнести индейцев Америки к большому монголоидному расовому типу. Такое немалое число таксономически важных признаков лица и головы, дифференцирующих “большие” расовые стволы, подтверждает гипотезу о принадлежности индейцев к монголоидным расовым типам. Однако обращает на себя внимание очень слабое развитие эпикантуса у индейцев (менее 10%), что резко противопоставляет их сибирским и дальневосточным монголоидам. Далее, америндов отличает от монголоидного типа высокое переносье, сильно выступающий нос, слабая уплощенность лица и еще один важный признак, не укладывающийся в антропологический комплекс североазиатских монголоидов, – высота лица (а в некоторых случаях и ширина) во многих индейских популяциях значительно меньше, чем в североазиатских аборигенных группах (*Зубов* 1999).

Эскимосы и алеуты (относящиеся к сибирским монголоидам) – другая ветвь до-европейского населения Америки – отличаются от индейцев более скуластым лицом, более высокой частотой эпикантуса, менее выступающим носом. По этим признакам они занимают промежуточное положение между индейцами и азиатскими монголоидами (*Hrdlicka* 1942).

Широкомасштабные сравнительные исследования популяций Северной, Центральной и Южной Америки привели антропологов к необходимости выделения большого числа разнообразных морфологических вариантов америндов. В своей классификации И. Деникер выделял аборигенов Америки в три расы (группы): североамериканскую (высокий рост, мезокефалия, “орлиный” нос), среднеамериканскую (малый рост, брахикефалия, прямой или “орлиный” нос) и южноамериканскую (малый рост, прямой или вогнутый нос) (*Деникер* 1902). В классификации этого автора особняком стоит патагонская раса, отличающаяся прямым носом, высоким ростом и брахикефалией. Далее Деникер подразделял североамериканскую расу на атлантическую (особенно высокий рост) и тихоокеанскую (меньший рост, более развитый третичный волосяной покров, тенденция к брахикефалии), а южноамериканскую – на палеоамериканскую (долихокефалия, волнистые волосы) и собственно южноамериканскую (прямые во-

лосы). Однако многими исследователями реальность выделения палеоамериканского типа ставилась под сомнение вследствие его дисперсности и неоднородности набора характеризующих его маркирующих особенностей. В палеоамериканском “наборе” присутствуют черты немонголоидного комплекса, напоминающие австралоидные и меланезийские расовые варианты. Причем этот комплекс почти нигде не складывается в характерный тип австралийца или меланезийца. Дисперсность палеоамериканских особенностей и приуроченность их либо к глубинным районам Южной Америки, либо к периферии говорит об их большой древности и, как будто, подтверждает гипотезу поликомпонентности расового типа америндов, сложившегося в результате нескольких разнорасовых миграций.

Политипический характер американоидной расы был подтвержден рядом антропологов, а аргентинский американист Х. Имбеллони, систематизировав и уточнив классификации, разработанные предшественниками, выделил среди аборигенного населения Америки 11 территориальных морфологических вариантов (*Imbelloni* 1943).

В.П. Алексеев, в свою очередь, выделил только две большие общности коренного американского населения – североамериканскую и протоамериканскую расы и определил границы между ними – южные штаты Америки и северные районы Мексики. В североамериканской расе, в свою очередь, им выделяются атлантическая и тихоокеанские ветви. К протоамериканской расе он относит более темнокожих индейцев Калифорнии, центрoамериканскую (андскую), южноамериканскую (бассейн Амазонии), патагонскую и огнеземельскую группы (*Алексеев* 1989).

На основании лингвистических исследований Гринберг в популяциях коренного американского населения выделил три языковые группы: америнды, или палеоиндейцы (народы Северной, Центральной и Южной Америки), на-дене (атапаски, апачи и навахо, живущие в США, в Канаде и на Аляске) и эскимосо-алеуты (эскимосы и аборигены Алеутских островов). Причем каждая языковая группа, по его мнению, формировалась самостоятельно и в разное время (*Greenberg et al.* 1986).

Диапазон локальных различий морфологических и лингвистических характеристик аборигенного населения Америки даже на основе приблизительных классификаций вряд ли может оставить место для вывода о полном единстве типа американоидной расы ко времени прихода европейцев.

В настоящее время антропологи все реже прибегают к измерениям и описаниям живых индивидуумов по расоведческим программам, зато наблюдается значительное количество новых данных по краниологии, одонтологии, дерматоглифике, молекулярно-генетическим маркерам.

Краниологические данные позволяют антропологам анализировать расогенетические процессы на территории Нового Света в разные эпохи доевропейского периода, когда генетическая структура групп не была нарушена. В связи с этим наибольший интерес представляют краниологические материалы плейстоценового времени, т.е. древнее 10–12 тыс. лет. На территории Америки таких находок очень мало, и их датировки постоянно пересматриваются и оспариваются. Возраст палеоантропологических находок из Северной, Центральной и Южной Америки обычно колеблется между самым концом плейстоцена и началом голоцена – скелеты с о-ва Санта Роса (Калифорния, 7–8 тыс. лет), скелет из Тепешпан (Мексика, 10 тыс. лет или менее), материалы со стоянок Серро Сота и Пали Айк (соответственно 14 и 11 тыс. лет).

Большинство древних находок обнаруживает те или иные черты палеоамериканского комплекса, что дало повод сделать вывод: палеоамериканский комплекс черт не укладывается в рамки какого-либо одного большого расового типа, а занимает промежуточное положение между большими расовыми типами мира. От экваториальных форм палеоамериканский тип отличается узким и довольно сильно выступающим носом, а от азиатских монголоидов, особенно от сибирских – меньшей уплощенностью лицевого скелета и меньшими размерами лица (*Rodriguez* 1987). Анализ нескольких

древних черепных серий из Флориды и Нижней Калифорнии (США), Колумбии, Бразилии и южной части Чили, относящихся к концу плейстоцена – началу голоцена, четко показал наибольшую близость исследованных палеоамериканских выборок к австралийским аборигенам, тасманийцам и меланезийцам (*Neves, Nubbe 2005; Neves et al. 2007*).

На основании краниологических данных рядом исследователей было сделано предположение, что предками палеоамериканских групп были племена (популяции) недифференцированного австрало-монголоидного типа, жившие в Азии до формирования “классических” монголоидов. Морфотип америндов, а точнее, конгломерат морфотипов восходит к древнему протоморфному “восточному” стволу, общему для предков монголоидов, австралийцев и тасманийцев (*Зубов 1993, 1999; Neves, Nubbe 2005; Neves et al. 2007*).

Таким образом, поликомпонентность как палеоамериканского, так и в целом американоидного типа можно объяснить тем, что монголоидные и австрало-меланезийские элементы могли входить в древний протоморфный комплекс, который проник в Америку через Берингов пролив (Берингию). Продолжающийся поступательный процесс дивергенции монголоидной ветви “восточного” типа обусловил возрастающую “монголизацию” последующих волн переселенцев, проникающих в Америку. Более поздние волны приобретали более выраженный монголоидный облик, а более ранние содержали в себе много протоморфных черт австрало-меланезийского характера (*Зубов 1999*).

Данные, полученные при вычислении удельного веса монголоидного компонента (в краниологическом комплексе, а не в геноме), подтверждают прогрессирующую “монголизацию” мигрантов. Так, у палеоамериндов при первоначальном заселении Америки этот показатель равнялся 62,6% – он соответствует показателям монголоидности уральской расы. Более поздняя волна мигрантов, предков племен языковой семьи на-дене, имеет более высокий показатель монголоидного комплекса (85,7%). Алеуты и эскимосы в краниологическом отношении по этому показателю могут считаться “чистыми” монголоидами (удельный вес компонента – 100%) (*Rodriguez 1987*).

Как видно из краниологических исследований, весь процесс формирования американоидов уникален, хотя на разных этапах обнаруживает черты, которые позже сложились в Старом Свете в австралоидный и монголоидные комплексы. По всей видимости, в современной классификации рас америнды должны занять особое место.

Для выяснения антропологического состава аборигенного населения Америки очень важную информацию дает одонтология. Анализ по сумме одонтологических показателей выявил, что аборигены Тихоокеанского побережья Перу занимают промежуточное положение между восточными одонтологическими вариантами Монголии и отдельными вариантами Сибири и Дальнего Востока. Такое распределение признаков предполагает, что одонтологический комплекс предков аборигенов Перу формировался в период начавшейся дивергенции древнесибирских популяций от общего монголоидного ствола (*Зубов 1979*). Однако здесь следует иметь в виду, что в одонтологическом отношении австралийские аборигены имеют очень много общего с монголоидами и вычленив отдельно монголоидный и австралоидный компоненты по стандартному набору одонтологических показателей очень трудно, а исследованная группа перуанских индейцев не относилась к палеоамериканскому типу (*Он же 1999*).

По распределению частот важнейшего “восточного” (монголоидного) маркера – лопатообразной форме резцов – относительно гомогенно только индейское население Северной Америки. В изученных группах индейцев пима, пуэбло, сиу и в аборигенных группах Техаса частота этого признака колеблется от 90 до 100%. В Центральной и Южной Америке частота этого признака значительно ниже и составляет для индейцев кекчи из группы майя 33,9%, а для мужчин племени гуахиро (Венесуэла) 36,5%. Эти значения соответствуют типу южных монголоидов и сопоставимы с данными по полинезийцам, микронезийцам и айнам (Там же).

Таким образом, по отрывочным данным по Южной и Центральной Америке одонтологический комплекс признаков, как и краниологический, имел в ранних популяциях пониженный удельный вес монголоидного компонента.

Дерматоглифика, как и другие системы признаков, вносит свой оригинальный вклад в исследование разнообразия расовых типов Америки. По сумме признаков дерматоглифики все америнды как целое занимают промежуточное положение между микронезийско-меланезийским комплексом и монголоидами. По типу сочетаний маркеров индейцы сходны как с монголоидами, так и с австралоидами, между которыми наблюдается определенное сходство. Эти данные подтверждают, что предками америндов были племена недифференцированного австрало-монголоидного типа (*Хитъ, Долинова* 1990). Эскимосы по признакам дерматоглифики обнаруживают большое сходство с индейцами, что подтверждает предположение об их принадлежности к кругу америндов и древнейшему коренному населению Нового Света. При учете таксономически важного для Америки маркера – узорности тенарной подушечки – эскимосский комплекс оказывается промежуточным между аборигенами Сибири и Северной Америки.

В настоящее время коренное население Америки достаточно хорошо изучено с точки зрения генетики популяций по значительному числу генетических маркеров крови. Исследования частот групп крови эритроцитарной системы АВ0 показали, что группа 0 (I) встречается у большинства североамериканских (70–90%) и практически у всех центральноамериканских и южноамериканских индейцев (90–100%). Частота встречаемости этой группы крови также высока у аборигенов северо-востока Сибири (60–70%), эскимосов (70–80%) и в ряде аборигенных групп Австралии и Океании (60–70%). Группа А (II) встречается у североамериканских индейцев и эскимосов весьма редко (0,1–0,5%), но к югу – в Центральной и особенно Южной Америке – ее частота снижается почти до нуля. У аборигенов Австралии частота встречаемости этой группы крови значительно выше и достигает 32–63%. Группы крови В (III) и АВ (IV) отсутствуют у индейцев обеих Америк, а у сибирских монголоидов встречаются относительно часто. Аборигены Австралии практически лишены аллеля В (группы крови: В – 0–10% и АВ – 0–3%). Довольно яркую картину своеобразия аборигенного населения Америки выявляет генетический маркер крови – система Rh (резус-фактор). У американских индейцев встречаемость отрицательного резус-фактора крайне редка (2–10%), у эскимосов практически не наблюдается (0–1%), в популяциях монголоидов Сибири также низок – средняя частота 2,5%, а у аборигенов Австралии полностью отсутствует (*Зубов* 1999; *Оловникова* 2002). Более значительными, чем предполагалось, оказались генетические расстояния в пределах американоидной расы по эритроцитарным показателям крови (АОВ, Rh, MN, S, P, Duffy и Diego). В частности, при изучении 144 популяций американских индейцев были выявлены по этим показателям значительные различия между аборигенами Северной и Южной Америк (*O'Rourke et al.* 1992).

Изучение генетически детерминированных систем сывороточных белков крови (иммуноглобулины Gm) позволило исследовать географическое распределение гаплотипов в различных человеческих популяциях. В частности, удалось выявить гаплотипы системы Gm, характерные для североазиатских монголоидов (нганасаны, чукчи), у эскимосов и атапасков, представителей поздних волн заселения Нового Света. Причем эти гаплотипы отсутствуют в Южной Америке, где сохранились варианты, общие для больших рас, т. е. маркеры недифференцированных комплексов, и этот факт указывает на древность генотипов, представляющих палеоамериканскую волну (*Сукерник и др.* 1988). Сходная картина территориального распределения гаплотипов была выявлена при изучении вариативности главного комплекса тканевой совместимости человека (HLA-система). Оказалось, что популяции америндов и на-дене различаются между собой по 15 гаплотипам, выявляемых этой системой маркеров. Таким образом, данные

по изменчивости HLA-системы указывают на различное эволюционное происхождение аборигенных групп америндов и на-дене (*Bodmer, Bodmer 1973; Monsalve et al. 1998*).

В последние годы для изучения проблемы происхождения человека и формирования этнорасовых групп широко и успешно используются данные, полученные на основании изменчивости высокополиморфных генетических систем человека, – митохондриальной ДНК (мтДНК) и Y-хромосомы.

Наследование мтДНК человека происходит строго по материнской линии и без рекомбинаций, что позволяет рассматривать ее как единый локус, а значительная скорость накопления мутаций обуславливает высокую степень полиморфизма митохондриальных генов. Изучая изменчивость мтДНК, можно получать информацию о сходстве и различиях в женских линиях этнических групп и по ней воссоздать процессы дифференциации человечества, а также получить представления о филогении на глобальном, общечеловеческом уровне. При исследовании полиморфизма митохондриального генома оказалось, что структура филогенетических деревьев имеет выраженное веерообразное ветвление, характеризующееся единственным центральным типом мтДНК, который свидетельствует о монофилетическом происхождении расовых типов человека. Данные об изменчивости мтДНК указывают на существенные межрасовые различия, до 23,5% при исследовании главной некодирующей области мтДНК (*Jorde et al. 2000*), что позволяет проводить исследования в отношении проблемы расогенеза. Для европеоидов, монголоидов и австралоидов характерны различные комбинации групп мтДНК, однако все они принадлежат к трем макрогруппам – R, N и M. Американоиды характеризуются редуцированным набором групп мтДНК по отношению к монголоидам. Негроиды в генетическом отношении обособлены, поскольку их генофонд представлен преимущественно (до 100%) группами мтДНК из макрогруппы L, которая дала начало евразийским макрогруппам (Табл.).

Это свидетельствует о том, что антропологические различия (расоспецифические комбинации групп мтДНК) начали формироваться уже после завершения этапа дифференциации мтДНК на макрогруппы, т.е. 60 – 80 тыс. лет назад. Таким образом, следует заключить, что в расогенезе евразийцев участвовали, как минимум, три общие предковые группы (популяции) (*Малярчук, Деренко 2006*).

Таблица

Распределение гаплогрупп мтДНК в расовых группах человека (*Малярчук и др. 2006*)

Раса	Группы мтДНК	Макрогруппы мтДНК
Европеоидная	HV, JT, U, R*	R
	N1, N2, N5, X	N
	M1, M*	M
Монголоидная	B, R9, R**	R
	A, N9	N
	C, D, E, G, Z, M**	M
Американоидная	B	R
	A, X	N
	C, D	M
Австралоидная	P	R
	O, S	N
	Q	M
Негроидная	U	R
	M1	N
	L0 – L6	M

* – гаплогруппы мтДНК различаются на уровне подгрупп.

При обширных исследованиях полиморфизма разных локусов мтДНК в популяциях современных американских индейцев было выявлено много вариаций (подгаплогрупп), которые сводятся к пяти гаплогруппам – А – D и X (*Schurr et al.* 1990; *Torroni et al.* 1992, 1993a, 1993b, 1993c; *Torroni, Wollas* 1995; *Forster et al.* 1996; *Brown et al.* 1998).

Эти же группы мтДНК с другими вариантами были выявлены при исследовании палеоантропологических образцов америндов (*Stone, Stoneking* 1993; *Merriwether et al.* 1994; *Fox* 1996; *Lalueza et al.* 1997; *Carlyle et al.* 2000; *Kaestle, Smith* 2001). Однако рядом исследователей были обнаружены уникальные гаплогруппы мтДНК с очень низкой частотой встречаемости в Южной Америке, которые не относились к известным гаплогруппам (А–D) (*Easton et al.* 1996; *Keyeux et al.* 2002). Основные гаплогруппы А–D были обнаружены на территории Северной, Центральной и Южной Америки, во всех трех лингвистических группах (америнды, на-дене, эскимосо-алеуты), выделенных Гринбергом (*Greenberg et al.* 1986), причем 97% популяций американских аборигенов имели только одну из четырех гаплогрупп (*Brown et al.* 1998; *Torroni et al.* 1992, 1993a, 1993b, 1994; *Batista et al.* 1995; *Lorenz, Smith* 1996, 1997; *Scozzari et al.* 1997). Среди америндов, гаплогруппа А с большей частотой встречается в Северной Америке, чем в других регионах, в то же время гаплогруппы С и D мтДНК с большей частотой представлены в Южной Америке. Гаплогруппа В не имеет четкого клинального распределения и фактически отсутствует на севере Северной Америки (*Schurr et al.* 1990; *Torroni et al.* 1992, 1993a, 1993b, 1994; *Fox* 1996; *Malhi et al.* 2001, 2002). Эта гаплогруппа мтДНК была выявлена с довольно высокой частотой в популяциях индейцев атапасков (75%) и пима (50%), но отсутствовала в иных индейских группах этого региона – макирита (Makiritare), догриб (Dogrib) и хайда (Haida). Также гаплогруппа В не была выявлена ни в одной популяции сибирских аборигенов, обитающих в районе Берингова пролива (*Merriwether, Ferrell* 1996).

Группа Х мтДНК была обнаружена с низкой частотой (3%) только на территории Северной Америки в племенах оджибва (Ojibwa), нутка (Nutmka), сиу, помо (Pomo), якима (Yakima), черноногие (Blackfoot) и навахо (Navajo) (последние – лингвистическая группа на-дене) (*Brown et al.* 1998; *Smith et al.* 1999; *Malhi et al.* 2001, 2002; *Schurr et al.* 2002). При детальном анализе вариабельности гаплогруппы Х мтДНК в популяциях Африки и Евразии было выявлено два основных варианта этой гаплогруппы – Х1 и Х2. Ареал распространения гаплогруппы Х1 ограничивается Северной и Восточной Африкой, Ближним Востоком. Гаплогруппа Х2 была выявлена в популяциях Европы, Западной и Центральной Азии, Сибири и Ближнего Востока. Было показано, что Х2 гаплогруппа мтДНК возникла позже Х1 и в дальнейшем распространялась по Евразии во время или после последнего ледникового максимума. На филогенетическом дереве гаплогруппы Х мтДНК, выявленные в популяциях аборигенов Северной Америки, образуют отдельный подкластер Х2а, входящий в кластер Х2. В аборигенных популяциях Старого Света, включая Сибирь, не было выявлено близких к американским вариантам гаплогруппы Х мтДНК. Таким образом, положение Х2а кластера мтДНК на филогенетическом дереве предполагает раннее обособление этих гаплогрупп мтДНК от других Х2 типов, и, возможно, это событие произошло в самом начале их распространения с Ближнего Востока (*Brown et al.* 1998; *Derenko et al.* 2001, 2003; *Schurr et al.* 2002; *Reidla et al.* 2003).

Эти данные отражают степень генетического дрейфа и его влияние на дифференциацию типов мтДНК в популяциях америндов. Однако в популяциях индейцев на-дене и эскимосо-алеутов было выявлено другое распределение гаплогрупп. Для этих аборигенных групп характерны с высокой частотой А и D гаплогруппы мтДНК, с более низкой – В и очень низкой частотой гаплогруппа С. Ни одна из групп на-дене и эскимосо-алеутов не имела вариантов Х-гаплогруппы мтДНК (*Saillard et al.*, 2000; *Rubicz et al.* 2002). Таким образом, циркумарктические группы аборигенов Северной

Америки имеют свою популяционную историю заселения Америки, которая в значительной степени отличается от таковой у америндов.

Результаты филогенетического анализа распределения гаплогрупп мтДНК в популяциях мира показывает, что наиболее вероятным сценарием заселения Евразии из Африки является классическая “двухволновая” модель, основанная сначала на данных иммунобиохимического полиморфизма (*Cavalli-Sforza, Feldman* 2003). Согласно этой модели, предполагается, что обе волны миграций произошли в эпоху позднего плейстоцена (50–60 тыс. лет назад) и были направлены из Восточной Африки в Евразию.

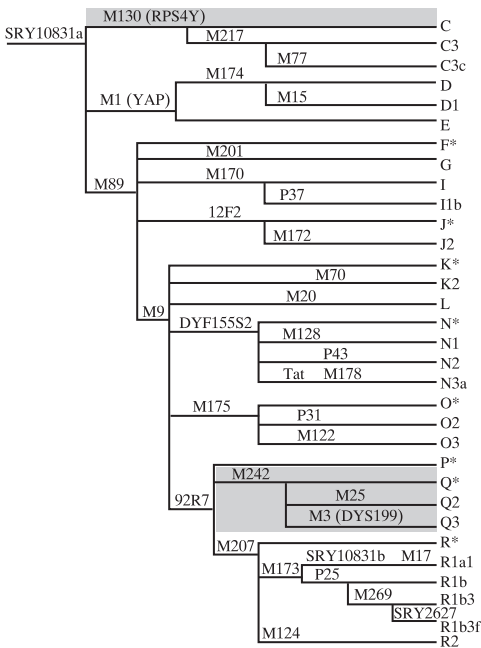
Сценарий “южной” (аустрической) волны подтвержден исследованиями разнообразия мтДНК населения Юго-Восточной Азии, которые показали, что заселение Азии произошло вследствие одной волны миграций из Африки вдоль южного побережья Азии, через Индию в направлении Австралии примерно 65 тыс. лет назад (*Macaulay et al.* 2005). “Северная” (бореальная) волна (которая, возможно, была одним из ранних ответвлений аустрической волны (*Ibid.*) была направлена из Восточной Африки в Анатолию и далее в Европу и Индию. Высокое разнообразие в популяциях Южной Сибири некоторых гаплогрупп (С, D и G), присутствие всех пяти гаплогрупп мтДНК (А, В, С, D и Х), описывающих все разнообразие митохондриального генома аборигенов Америки, позволяет считать, что на этих территориях располагался один из вторичных очагов диверсификации мтДНК. Современные данные о географическом распределении гаплогрупп мтДНК в популяциях мира позволяют предположить, что Северная Азия и Америка заселялись популяциями смешанного происхождения, сформировавшимися в результате происшедшего на юге Сибири слияния двух миграционных волн – аустрической и бореальной (*Маларчук, Деренко* 2006).

Большое разнообразие вариантов основных гаплогрупп мтДНК (А–D и Х) и данные микросателлитного анализа ядерного генома указывают на то, что ранние миграции предков американских индейцев в Новый Свет не подвергались серьезным сокращениям генетических вариантов (*Horai et al.* 1993; *Bailliet et al.* 1994; *Hutz et al.* 2002). Следовательно, все разнообразие митохондриального генома аборигенов Америки было изначально представлено четырьмя монголоидными (А–D) и европеоидной Х гаплогруппами. Отсутствие в их геноме остальных гаплогрупп (Е, F, Н, М* и др.), характерных для азиатских монголоидов, позволяет предположить, что митохондриальные линии проамериндов и промонголоидов разошлись, когда еще не был сформирован монголоидный генетическо-расовый тип.

Древность расхождения геномов америндов и азиатских монголоидов подтверждается временем дивергенции основных гаплогрупп мтДНК. Так, для гаплогрупп С и D мтДНК, выявленных с высокой частотой встречаемости в Южной Америке, время дивергенции составило – $38\,400 \pm 9900$ лет для гаплогруппы С и $37\,500 \pm 6700$ лет для гаплогруппы D (*Derenko et al.*, 2003). Время расхождения азиатских и американских аборигенных популяций по гаплогруппе А составило $30\,000\text{--}43\,000 \pm 10\,000$ лет (*Bonatto, Salzano* 1997), для В – $13\,000\text{--}16\,000$ (*Starikovskaya et al.* 1998), а для гаплогруппы Х – $12\,000\text{--}30\,000$ лет (*Brown et al.* 1998). Кроме того, при филогенетическом анализе аборигенных групп из обеих Америк, Африки, Азии и Европы все индейцы объединились в четыре обособленных кластера, и это указывает на уникальное филогенетическое положение американских индейцев (*Horai et al.* 1993).

Таким образом, суммарные данные по полиморфизму мтДНК позволяют предположить, что предки америндов представляли собой недифференцированный (протоморфный) или находящийся на начальной стадии дифференциации комплекс, включающий монголоидные и немонголоидные (возможно меланезийские) расовые элементы.

Перекомбинантная часть Y-хромосомы (NRY) предоставляет одну из самых используемых генетических систем в популяционной и эволюционной генетике человека. Отсутствие рекомбинации, наличие многочисленных маркеров позволяют с большой точностью проследить миграционные события в истории популяций человека по муж-



ской линии (Hammer, Zegura 1996, 2002; Karafet et al. 1997; Underhill et al. 2001).

Генетические маркеры нерекомбинантной части Y-хромосомы можно разделить на две основные категории – бинарные (диаллельные) и полиаллельные. К первой категории относятся SNP (Single Nucleotide Polymorphisms – точечные мутации, замены оснований) и небольшие делеции/инсерции. Вторая категория маркеров включает микросателлиты, или STR (Short Tandem Repeats). Каждый микросателлит состоит из последовательно расположенных повторов из 1–6 нуклеотидов. К настоящему времени на Y-хромосоме описано более 400 подтвержденных SNP (Cinnioglu et al. 2004) и 475 STR (Mathias et al. 1994; Kayser et al. 1997, 2004) маркеров. Ранние работы по изучению разнообразия Y-хромосомы сталкивались с проблемой отсутствия единой филогенетически обоснованной классификации линий (гаплогрупп). В 2002 г. была предложена стандартная номенклатура для NRY филогенетического дерева

(The Y-Chromosome Consortium 2002), построенного на основе диаллельных локусов (SNP). Каждая ветвь или линия дерева определяет NRY гаплогруппу. 18 основных гаплогрупп обозначены буквами латинского алфавита от А до R, и эта классификация включает примерно 250 маркеров, по которым можно выделить 160 конечных кластеров. Упрощенный вариант филогенетического дерева, охватывающий основные линии, представленные у населения Евразии, показан ниже.

На схеме представлено филогенетическое древо основных линий Y-хромосомы у населения Евразии, основанное на номенклатуре консорциума по изучению Y-хромосомы (YCC). Наиболее близкие к корню африканские клады А и В не показаны. Отмечены предположительные предковые линии американских индейцев.

Термин “гаплотип” используется для определения подразделения гаплогрупп на основе другого типа маркеров – STR-маркеров. Высокая частота мутаций микросателлитов (Heyer et al. 1997; Kayser et al. 2001; Zhivotovsky et al. 2004) приводит к их высокой вариабельности в популяциях человека. Эти маркеры особенно информативны при изучении близкородственных групп, тогда как SNPs, характеризующиеся низкой скоростью мутаций, широко используются для исследования различных этногенетических процессов, включая происхождение популяций, миграции в доисторический период и взаимоотношения этносов (Karafet и др. 2006).

Исследования полиморфизма Y-хромосомы у коренных жителей Америки выявили высокое разнообразие гаплотипов (до 95 комбинаций) (Karafet et al. 1999; Lell et al. 2002), которые представляют, по крайней мере, три основные отцовские линии: Q-P36, Q-M3 и C-P39 (Zegura et al. 2004; Karafet и др. 2006). Q-P36 и Q-M3 гаплогруппы обнаружены по всей территории Америки, от Аляски до Огненной Земли и восточного побережья Гренландии (Karafet et al. 1999; Lell et al. 2002; Bosch et al. 2003; Zegura et al. 2004; Karafet и др. 2006). Гаплогруппа Q-M3 встречается с частотой от 17,8 до 90% во всех лингвистических группах американских аборигенов (америнды, на-дене и эскимосо-алеуты) (Santos et al. 1995; Underhill et al. 1996; Bravi et al. 2001; Lell et al. 2002). Причем частота встречаемости этой гаплогруппы увеличивается в направле-

нии с севера на юг и достигает 90% у америндов, живущих в Южной и Центральной Америках (Pena et al. 1995; Santos et al. 1996). Интересно отметить, что Q-M3 гаплогруппа в Сибири была обнаружена лишь у нескольких мужчин у эскимосов, чукчей и эвенков (Lell et al. 1997, 2002; Karafet et al. 1997). Наличие этой гаплогруппы в Сибири, вероятно, можно объяснить обратной миграцией аборигенов из Нового Света в Азию (Karafet et al. 1997). Q-P36 линия обнаружена с различной частотой (не более 10%) практически во всех сибирских этносах, достигая своего максимума в мужском генофонде кетов (86%) (Santos et al. 1995; Karafet et al. 1999; Степанов и др. 2006), и, по-видимому, эта линия гаплотипов была вытеснена другими вариантами Y-хромосомы, принесенными в Северную Азию более поздними миграциями (Степанов и др. 2006).

Гаплогруппа С составляет около 5% Y-хромосомного пула американских индейцев и имеет очень прерывистое распределение на территории Америки. В значительной степени она была выявлена в группах танана Аляски, шайеннов Великих Равнин, юго-западных апачей, колумбийских вайю (Alaskan Tanana, Great Plains Cheyenne, Southwest Apache, Colombian Wayu) и с низкой частотой у навахо, чипевайян и инуитов Гренландии (Navajo, Chipewayan, Greenland Inuit) (Santos et al. 1996; Lell et al. 2002; Bosch et al. 2003; Bortolini et al. 2003; Zegura et al. 2004). В Центральной и Восточной Азии гаплогруппа С охватывает от 25 до 75% мужских линий в большинстве этнических групп этого региона. Гаплогруппа С распространена также в Юго-Восточной Азии (Китай, Индонезия, Филиппины), Австралазии (аборигены Австралии и Новой Гвинеи), островах Тихого океана (маори, Самоа) и Японии (Karafet et al. 2006; Степанов и др. 2006).

Возможно, современный ареал этой гаплогруппы является отражением миграции по аустрическому пути, а распространение линии Q представляет следы борельных миграций древнего человека (Степанов и др. 2006). Однако сложившиеся зоны распределения той или иной линии отнюдь не обязательно могут быть связаны с древнейшими миграциями; “древние” гаплогруппы могли быть привнесены на территории их современного распространения и в ходе более поздних миграций. Последнее можно проиллюстрировать примером распространения гаплогруппы С у аборигенов Австралии и островов Тихого океана. В Австралии и Океании она составляет более 50% мужского генного пула, хотя анализ микросателлитных гаплотипов показал, что их разнообразие в Австралии ограничено и возраст его генерации не превышает 11 тыс. лет (Redd et al. 2002), т. е. С-группа появилась на южной оконечности аустрического маршрута только в эпоху голоцена, а человек в Австралии уже жил около 50 тыс. лет назад (Bowler et al. 2003). Таким образом, первые представители анатомически современного человека на этом континенте несли другие варианты Y-хромосомы (Степанов и др. 2006).

Похожая картина территориального распределения гаплотипов была выявлена при изучении полиморфизма HLA-системы человека. Оказалось, что некоторые гаплотипы, характерные для всех аборигенов Америки, были обнаружены в популяциях японских айнов (локус V39-HR5-DQ7), а гаплотипы, встречаемые в популяциях североамериканских тлинкитов и инуитов из Гренландии, удалось выявить в аборигенных группах Тайваня, маори Новой Зеландии, ороченов северо-восточной части Китая (локус A24-Cw8-B48). Малые генетические дистанции и обнаруженный полиморфизм предполагают, что дифференциация между предковыми группами американских и азиатских аборигенов произошла в верхнем палеолите (позже 40 тыс. лет назад) на территории Восточной Азии (Tokunaga et al. 2001). Примерно такое же время дивергенции было определено для основных азиатских и американских материнских линий (A-D мтДНК) (Bonatto, Salzano 1997; Derenko et al. 2003). Однако время расхождения мужских линий по STR-маркерам NRY было оценено несколько ниже и составило для гаплогруппы С $17,2 \pm 4,6$ тыс. лет, а для M – $13,9 \pm 3,2$ тыс. лет (Zegura et al. 2004), и,

вероятно, первые мигранты из Америки, как и австралийские, имели другие варианты Y-хромосомы.

Линия R, выявленная у коренных жителей Америки с частотой примерно 13,4%, является наиболее частой гаплогруппой у европейцев (53%) и этногрупп Индии (14,5%) (*Santos et al.* 1999; *Schurr et al.* 2004). Наличие этой линии у аборигенов Америки вызывает много споров. Ряд исследователей предполагает, что R-гаплогруппа уже присутствовала в геномном пуле древних переселенцев из Азии (*Santos et al.*, 1999; *Schurr et al.*, 2004), а другие объясняют наличие данной гаплогруппы смешением местного населения Америки с европеоидами после завоеваний Колумба (*Zegura et al.*, 2004).

Гаплогруппа P-M45 так же, как и остальные гаплогруппы, широко представлена в индейских популяциях и составляет около 30% всех Y-хромосомных линий (*Ruiz-Linares et al.* 1999; *Lell et al.* 2002; *Bortolini et al.* 2002, 2003). Филогенетический анализ показал, что в индейских популяциях присутствуют два варианта этой гаплогруппы. Первый из них (P-M45a) широко представлен у аборигенов Северной, Центральной и Южной Америки, а второй (P-M45b) встречается только в северо- и центральноамериканских группах (*Lell et al.* 2002). Данные по STR-полиморфизму, Q-M3 гаплогруппе также показали существенные различия в популяциях Северной, Центральной и Южной Америки, подтверждая различную популяционную историю в этих больших континентальных регионах (*Underhill et al.* 1996; *Lell et al.* 1997; *Bianchi et al.* 1997, 1998; *Santos et al.* 1999; *Lell et al.* 2002).

Эти данные предполагают наличие двух миграционных волн из Азии. Первая представляла древние популяции Центральной Сибири и принесла в Америку Y-хромосомную гаплогруппу P-M45a. Вторая волна была позже. Представители указанных популяций были выходцами из районов Нижнего Амура и Охотского моря, имевшими в своем геноме C-P39 и P45b Y-хромосомные линии (*Lell et al.* 2002; *Schurr et al.* 2004). Вместе с тем другая группа исследователей, проведя сравнительный анализ STR-локусов, выявила в популяциях южных алтайцев ближайшие предковые гаплотипы, ведущие к трем основным Y-линиям американских индейцев (Q-M3, Q-P36 и C-339) (*Zegura et al.* 2004). По мнению этих авторов, выявление только азиатской популяции, несущей предковые гаплотипы для всех трех основных линий Y-хромосомы американских аборигенов, служит косвенным доказательством одной волны миграции в Америку менее 20 тыс. лет назад (*Карафет и др.* 2006).

Несмотря на расхождения исследователей в оценке количества миграционных волн по полиморфизму Y-хромосомных вариантов, очевидно, что колонизация Нового Света протекала в период последнего ледникового максимума из разных районов Азии. Более поздние, постамериндные, миграционные волны проходили во время формирования расы монголоидного типа, и мигранты уже обладали все более выраженными физическими “монголоидными” чертами.

Анализ имеющихся данных физической и молекулярно-генетической антропологии не позволяет прийти к единому мнению о генезисе и расовой принадлежности коренного доевропейского населения Америки. Однако гипотеза, предполагающая происхождение индейцев от нейтрального по физическому типу древнеазиатского населения, наиболее полно объясняет вариации антропологических и генетических типов америндов, которые различаются по пропорции монголоидного и австралоокеанийского компонента, которая изменялась с течением времени в ходе эволюции и дифференциации “восточного” надрасового ствола. А сумма фактов, отражающих большое своеобразие антропологического и генетического состава населения Нового Света, достаточна для выделения их в “большой” автономный расовый тип, состоящий из весьма разнообразных антропологических вариантов и возникший вследствие нескольких миграционных потоков из Азии в ходе длительного периода.

Литература

- Алексеев* 1989 – *Алексеев В.П.* Историческая антропология и этногенез. М., 1989.
- Дебец* 1959 – *Дебец Г.Ф.* Происхождение коренного населения Америки // Народы мира. Народы Америки. Т. 1. М., 1959.
- Деникер* 1902 – *Деникер И.* Человеческие расы. СПб., 1902.
- Зубов* 1979 – *Зубов А.А.* “Восточный зубной комплекс” у населения Тихоокеанского побережья Перу // Сб. “XIV Тихоокеанский научный конгресс”. Т. 1. М., 1979. С. 45–55.
- Зубов* 1993 – *Зубов А.А.* Древнейшее заселение Америки в свете данных физической антропологии // Российский этнограф. Вып. 20. 1993.
- Зубов* 1999 – *Зубов А.А.* Биолого-антропологическая характеристика коренного доевропейского населения Америки // Население Нового Света: проблемы формирования и социальнокультурного развития. М., 1999. С. 9–66.
- Карафет и др.* 2006 – *Карафет Т.М., Зегура С.Л., Хаммер М.Ф.* Историческое освоение человеком новых территорий: роль древних популяций Азии в заселении Америки // Вестн. ВОГиС. (Вавиловское об-во генетиков и селекционеров). 2006. Т. 10. № 1. С. 7–23.
- Малярчук, Деренко* 2006 – *Малярчук Б.А., Деренко М.В.* Филогенетические аспекты изменчивости митохондриального генома человека // Вестн. ВОГиС. 2006. Т. 10. № 1. С. 41–56.
- Оловникова* 2002 – *Оловникова Н.* Группы крови: 100 лет после открытия // Наука и жизнь. 2002. № 7. С. 25–27.
- Степанов и др.* 2006 – *Степанов В.А., Харьков В.Н., Пузырев В.П.* Эволюция и филогеография линий Y-хромосомы человека // Вестн. ВОГиС. 2006. Т. 10. № 1. С. 57–73.
- Сукерник и др.* 1988 – *Сукерник Р.И., Кроуфорд М.Г., Осипова Л.П., Виле В.П., Шенфилд М.С.* Первоначальное заселение Америки в свете данных популяционной генетики // Экология американских индейцев и эскимосов: Проблемы индеанистики. М., 1988.
- Хить, Долинова* 1990 – *Хить Г.П., Долинова Н.А.* Расовая дифференциация человечества (Демагогические данные), М., 1990.
- Чебоксаров* 1951 – *Чебоксаров Н.Н.* Основные принципы антропологических классификаций // Происхождение человека и древнее расселение человечества. М., 1951. С. 291–325.
- Bridsell* 1951 – *Bridsell J.B.* The Problem of the Early Peopling of the Americas as Viewed from Asia // Papers on the Physical Anthropology of the American Indians. N.Y., 1951.
- Bailliet et al.*, 1994 – *Bailliet G., Rothhammer F., Carnese F.R.* Founder mitochondrial Haplotypes in Amerindian Populations // American Journal of Human Genetics (далее – American Journ. Hum. Genet.). 1994. Vol. 55. № 1. P. 27–33.
- Batista et al.*, 1995 – *Batista O., Kolman C.J., Bermingham E.* Mitochondrial DNA diversity in the Kuna Amerinds of Panama // Human Molecular Genetics (далее – Hum. Mol. Genet.). 1995. Vol. 4. № 5. P. 921–929.
- Bianchi et al.*, 1997 – *Bianchi N., Bailliet G., Brav C.* Origin of Amerindian Y-Chromosomes as Inferred by the Analysis of Six Polymorphic Markers // American Journal of Physical Anthropology (далее – American Journ. Phys. Anthropol.) 1997. Vol. 102. P. 79–89.
- Bianchi et al.*, 1998 – *Bianchi N.O., Catanesi C.I., Baillie G.* Characterization of Ancestral and Derived Y-Chromosome Haplotypes of New World Native Populations // American Journ. Hum. Genet. 1998. Vol. 63. P. 1862–1871.
- Bodmer, Bodmer* 1973 – *Bodmer J., Bodmer W.F.* Population Genetics of the HLA System. A Summary of Data from the Fifth International Histocompatibility Testing Workshop // Israel Journal of Medical Science. 1973. Vol. 9. P. 1257–1268.
- Bonato, Salzano* 1997 – *Bonato S., Salzano F.* Diversity and Age of the Four Major mtDNA Haplogroups, and Their Implications for the Peopling of the New World // American Journ. Hum. Genet. 1997. Vol. 61. P. 1413–1423.
- Bortolini et al.*, 2002 – *Bortolini M.C., Salzano F.M., Bau C.H.* Y-chromosome biallelic polymorphisms and American Indian population structure // Annual Review of Genomics and Human Genetics (далее – Ann. Review of Hum. Genet.). 2002. Vol. 66. Pt. 4. P. 255–259.
- Bortolini et al.*, 2003 – *Bortolini M.C., Salzano F.M., Thomas M.G.* Y-chromosome evidence for differing ancient demographic histories in the Americas // American Journ. Hum. Genet. 2003. Vol. 73. № 3. P. 524–539.
- Bosch et al.*, 2003 – *Bosch E., Calafell F., Rosser Z.H.* High level of male-biased Scandinavian admixture in Greenlandic Inuit shown by Y-chromosomal analysis // Hum. Genetics. 2003. Vol. 112. P. 353–363.

- Bowler et al.*, 2003 – *Bowler J.M. et al.* New ages for human occupation and climatic change at Lake Mungo, Australia // *Nature*. 2003. Vol. 421. P. 837–840.
- Bravi et al.*, 2001 – *Bravi C.M., Bailliet G., Martinez-Marignac V.L.* Tracing the origin and geographic distribution of an ancestral form of the modern human Y chromosome // *Revista Chilena De Historia Natural*. 2001. Vol. 74. № 1. P. 139–149.
- Brown et al.*, 1998 – *Brown M.D., Hosseini S.H., Torroni A.* mtDNA Haplogroup X: An Ancient Link between Europe/Western Asia and North America // *American Journ. Hum. Genet.* 1998. Vol. 63. P. 1852–1861.
- Carlyle et al.*, 2000 – *Carlyle S.W., Parr R.L., Hayes M.G., O'Rourke D.H.* Context of maternal lineages in the greater Southwest // *American Journ. Phys. Anthropol.* 2000. Vol. 113. № 1. P. 85–101.
- Cavalli-Sforza, Feldman* 2003 – *Cavalli-Sforza L.L., Feldman M.W.* The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution // *Nature Genetics*. 2003. Vol. 33. P. 266–275.
- Cinnioglu et al.*, 2004 – *Cinnioglu C., King R., Kivisild T.* Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia // *Human Genetics*. 2004. Vol. 114. P. 127–148.
- Derenko et al.*, 2001 – *Derenko M.V., Grzybowski T., Malyarchuk B.A.* The presence of mitochondrial haplogroup X in Altaians from South Siberia // *American Journ. Human. Genetics*. 2001. Vol. 69. P. 237–241.
- Derenko et al.*, 2003 – *Derenko M.V., Grzybowski T., Malyarchuk B.A.* Diversity of mitochondrial DNA lineages in South Siberia // *Ann. Hum. Genet.* 2003. Vol. 67. Pt. 5. P. 391–411.
- Easton et al.*, 1996 – *Easton R.D., Merriwether A., Crews D.E., Ferrell R.E.* mtDNA Variation in the Yanomami: Evidence for Additional New World Founding Lineages // *American Journ. Hum. Genet.* 1996. Vol. 59. P. 213–225.
- Forster et al.*, 1996 – *Forster P., Harding R., Torroni A., Bandelt H.-J.* Origin and Evolution of Native American mtDNA Variation: A Reappraisal // *American Journ. Hum. Genet.* 1996. Vol. 59. P. 935–945.
- Fox* 1996 – *Fox C.L.* Mitochondrial DNA haplogroups in four tribes from Tierra del Fuego Patagonia: Inferences about the peopling of the Americas // *Human Biology*. 1996. Vol. 68. № 6. P. 855–871.
- Greenberg et al.*, 1986 – *Greenberg J.H., Turner C.G., Zegura S.L.* The settlement of the Americas: a comparison of the linguistic, dental, and genetic evidence // *Current Anthropology* (далее – *Curr. Anthropol.*). 1986. Vol. 27. P. 477–497.
- Hammer, Zegura* 1996 – *Hammer M.F., Zegura S.L.* The role of the Y chromosome in human evolutionary studies // *Evolutionary. Anthropology*. 1996. Vol. 5. P. 116–134.
- Hammer, Zegura* 2002 – *Hammer M.F., Zegura S.L.* The Human Y Chromosome Haplogroup Tree: Nomenclature and Phylogeography of Its Major Divisions // *Annual Review of Anthropology* (далее – *Ann. Rev. Anthropol.*). 2002. Vol. 31. № 1. P. 303–321.
- Heyer et al.*, 2001 – *Heyer E., Puymirat J., Dieltjes P.* Estimating Y chromosome specific microsatellite mutation frequencies using deep rooting pedigrees // *Hum. Mol. Genet.* 1997 Vol. 6. P. 799–803.
- Horai et al.*, 1993 – *Horai S., Kondo R., Nakagawa-Hattori Y.* Peopling of the Americas, founded by four major lineages of mitochondrial DNA // *Molecular Biology and Evolution* (далее – *Mol. Biol. Evol.*). 1993. Vol. 10 № 1. P. 23–47.
- Hrdlicka* 1942 – *Hrdlicka A.* The origin and antiquity of the American Indians. Wash., 1942.
- Hutz et al.*, 2002 – *Hutz M.H., Callegari-Jacques S.M., Almeida S.E.M.* Low Levels of STRP Variability Are Not Universal in American Indians // *Human Biology*. 2002. Vol. 74. № 6. P. 791–806.
- Imbelloni* 1943 – *Imbelloni J.* The Peopling of America // *Acta Americana*. Vol. 1. 1943.
- Jorde et al.*, 2000 – *Jorde L.B., Watkins W.S., Bamshad M.G.* The distribution of human genetic diversity: a comparison of mitochondrial, autosomal, and Y-chromosome data // *American Journ. Hum. Genet.* 2000. Vol. 66. № 3. P. 979–988.
- Kaestle, Smith* 2001 – *Kaestle F.A., Smith D.G.* Ancient mitochondrial DNA evidence for prehistoric population movement: The Numic expansion // *American Journ. Phys. Anthropol.* 2001. Vol. 115. № 1. P. 1–12.
- Karafet et al.*, 1997 – *Karafet T., Zegura S.L., Vuturo-Brady J.* Y-chromosome markers and Trans-Bering Strait dispersals // *American Journ. Phys. Anthropol.* 1997. Vol. 102. P. 301–314.
- Karafet et al.*, 1999 – *Karafet T.M., Zegura S.L., Posukh O.* Ancestral Asian Source(s) of New World Y-Chromosome Founder Haplotypes // *American Journ. Hum. Genet.* 1999. Vol. 64. P. 817–831.
- Kayser et al.*, 1997 – *Kayser M., Gaglia A., Corach D.* Evaluation of Y-chromosome STRs: a multicenter study // *International Journal of Legal Medicine*. 1997. Vol. 110. P. 125–133.

- Kayser et al.*, 2001 – *Kayser M., Krawczak M., Excoffier L.* An extensive analysis of Y-chromosomal microsatellite haplotypes in globally dispersed human populations // *American Journ. Hum. Genet.* 2001. Vol. 68. P. 990–1018.
- Kayser et al.*, 2004 – *Kayser M., Kittler R., Erler A.* A comprehensive survey of human Y-chromosomal microsatellites // *American Journ. Hum. Genet.* 2004. Vol. 74. P. 1183–1197.
- Keyeux et al.*, 2002 – *Keyeux G., Rodas C., Gelvez N., Carter D.* Possible migration routes into South America deduced from mitochondrial DNA studies in Colombian Amerindian populations // *Human Biology* 2002. Vol. 74. № 2. P. 211–233.
- Lalueza et al.*, 1997 – *Lalueza C., PerezPerez A., Prats E.* Lack of founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in extinct aborigines from Tierra del Fuego Patagonia // *Hum. Mol. Genet.* 1997. Vol. 6. № 1. P. 41–46.
- Lell et al.*, 1997 – *Lell J.T., Brown M.D., Schurr T.G.* Y-Chromosome Polymorphisms in Native American and Siberian Populations: Identification of Native American Y Chromosome Haplotypes // *Human Genetics.* 1997. Vol. 10. P. 8.
- Lell et al.*, 2002 – *Lell J.T., Sukernik R.I., Starikovskaya Y.B.* The dual origin and Siberian affinities of American Indian Y-chromosomes // *American Journ. Hum. Genet.* 2002. Vol. 70. № 1. P. 192–206.
- Lorenz, Smith* 1996 – *Lorenz J., Smith D.G.* Distribution of Four Founding mtDNA Haplogroups Among Native North Americans // *American Journ. Phys. Anthropol.* 1996. Vol. 101. P. 307–323.
- Lorenz, Smith* 1997 – *Lorenz J.G., Smith D.G.* Distribution of sequence variation in the mtDNA control region of native North Americans // *Human Biology.* 1997. Vol. 69. № 6. P. 749–776.
- Macaulay et al.*, 2005 – *Macaulay V., Hill C., Achilli A.* Single, rapid coastal settlement of Asia revealed by analysis of complete mitochondrial genomes // *Science.* 2005. Vol. 308. № 5. P. 1034–1036.
- Malhi et al.*, 2001 – *Malhi R.S., Schultz B.A., Smith D.G.* Distribution of mitochondrial DNA lineages among American Indian tribes of northeastern North America // *Human Biology.* 2001. Vol. 73. № 1. P. 17–55.
- Malhi, Smith* 2002 – *Malhi R.S., Smith D.G.* Brief Communication: Haplogroup X Confirmed in Prehistoric North America // *American Journ. Phys. Anthropol.* 2002. Vol. 119. № 1. P. 84–86.
- Mathias et al.*, 1994 – *Mathias N., Bayes M., Tyler-Smith C.* Highly information compound haplotypes for the human Y-chromosome // *Hum. Mol. Genet.* 1994. Vol. 3. P. 115–123.
- Merriwether et al.*, 1994 – *Merriwether D.A., Rothhammer F., Ferrell R.E.* Genetic Variation in the New World: Ancient Teeth, Bone, and Tissue as Sources of DNA // *Experientia.* 1994. Vol. 50. № 6. P. 592–601.
- Merriwether, Ferrell* 1996 – *Merriwether D.A., Ferrell R.E.* The four founding lineage hypothesis for the New World: a critical reevaluation // *Molecular Phylogenetics and Evolution.* 1996. Vol. 5. № 1. P. 241–246.
- Monsalve et al.*, 1998 – *Monsalve M.V., Edin G., Devine D.V.* Analysis of HLA class I and class II in Na-Dene and Amerindian populations from British Columbia, Canada // *Human Immunology.* 1998. Vol. 59. № 1. P. 48–55.
- Neves, Nubbe* 2005 – *Neves W.A., Hubbe M.* Cranial morphology of early Americans from Lagoa Santa, Brazil: Implications for the settlement of the New World // *Proceedings of the National Academy of Sciences.* 2005. Vol. 102. № 51. P. 18309–18314.
- Neves et al.*, 2007 – *Neves A.W., Hubbe M., Piló L.B.* Early Holocene human skeletal remains from Sumidouro Cave, Lagoa Santa, Brazil: History of discoveries, geological and chronological context, and comparative cranial morphology // *Journ. Hum. Evol.* 2007. Vol. 52. P. 16–30.
- O'Rourke et al.*, 1992 – *O'Rourke D.H., Mobarry A., Suarez B.K.* Patterns of Genetic Variation in Native America // *Human Biology.* 1992. Vol. 64. № 3. P. 417–434.
- Pena et al.*, 1995 – *Pena S.D., Santos F.R., Bianchi N.O.* A Major Founder Y-Chromosome Haplotype in Amerindians // *Nature Genetics.* 1995. Vol. 11. № 1. P. 15–16.
- Redd et al.*, 2002 – *Redd A.J. et al.* Gene flow from the Indian subcontinent to Australia: evidence from the Y-chromosome // *Current Biology.* 2002. Vol. 12. P. 673–677.
- Reidla et al.*, 2003 – *Reidla M., Kivisild T., Metspalu E.* Origin and Diffusion of mtDNA Haplogroup X // *American Journ. Hum. Genet.* 2003. Vol. 73. № 6. P. 1178–1190.
- Rodriguez* 1987 – *Rodriguez J.V.C.* Algunos aspectos metodológicos-bioantropológicos relacionados con el poblamiento de America // *Maguare. Revista Dpto. Antropología, Universidad Nacional de Colombia.* 1987. № 5.

- Rubicz *et al.*, 2002 – Rubicz R., Melvin K.L., Crawford M.H. Genetic evidence for the phylogenetic relationship between Na-Dene and Yeniseian speakers // *Human Biology*. 2002. Vol. 74. № 6. P. 743–760.
- Ruiz-Linares *et al.*, 1999 – Ruiz-Linares A., Ortiz-Barrientos D., Figueroa M. Microsatellites provide evidence for Y-chromosome diversity among the founders of the New World // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1999. Vol. 96. № 11. P. 6312–6317.
- Saillard *et al.*, 2000 – Saillard J., Forster P., Lynnerup N. mtDNA Variation Among Greenland Eskimos: The Edge of the Beringian Expansion // *American Journ. Hum. Genet.* 2000. Vol. 67. P. 718–726.
- Santos *et al.*, 1995 – Santos F.R., Hutz M.H., Coimbra C.E.A. Further Evidence for the Existence of a Major Founder Y-Chromosome Haplotype in Amerindians // *Brazil Journal of Genetics*. 1995. Vol. 18. P. 669–672.
- Santos *et al.*, 1996 – Santos F.R., Rodriguez-Delfin L., Pena S.D. North and South Amerindians may have the same Major Founder Y-Chromosome Haplotype // *American Journ. Hum. Genet.* 1996. Vol. 58. № 6. P. 1369–1370.
- Santos *et al.*, 1999 – Santos F.R., Pandya A., Tyler-Smith C. The Central Siberian Origin for American Indian Y-Chromosomes // *American Journ. Hum. Genet.* 1999. Vol. 64. P. 619–628.
- Schurr *et al.*, 1990 – Schurr T., Ballinger S., Gan Y. Amerindian Mitochondrial DNAs Have Rare Asian Mutations at High Frequencies, Suggesting They Derived from Four Primary Maternal Lineages // *American Journ. Hum. Genet.* 1990. Vol. 46. P. 613–623.
- Schurr, Wallace 2002 – Schurr T.G., Wallace D.C. Mitochondrial DNA Diversity in Southeast Asian Populations // *Human Biology*. 2002. Vol. 74. № 3. P. 431–452.
- Schurr, Sherry 2004 – Schurr T.G., Sherry S.T. Mitochondrial DNA and Y-Chromosome Diversity and the Peopling of the Americas: Evolutionary and Demographic Evidence // *American Journ. Human Biology*. 2004. Vol. 16. P. 420–439.
- Scozzari *et al.*, 1997 – Scozzari R., Cruciani F., Santolamazza P. mtDNA and Y-Chromosome-specific Polymorphisms in Modern Ojibwa: Implications About the Origin of Their Gene Pool // *American Journal of Human Genet.* 1997. Vol. 60. № 1. P. 241–244.
- Smith *et al.*, 1999 – Smith D.G., Malhi R., Eshleman J. Distribution of mtDNA Haplogroup X Among Native North Americans // *American Journ. Phys. Anthropol.* 1999. Vol. 110. P. 271–284.
- Starikovskaya *et al.*, 1998 – Starikovskaya Y.B., Sukernik R.I., Schurr N.G. mtDNA diversity in Chukchi and Siberian Eskimos: Implications for the genetic history of ancient Beringia and the peopling of the New World // *American Journ. Hum. Genet.* 1998. Vol. 63. № 5. P. 1473–1491.
- Stone, Stoneking 1993 – Stone A.C., Stoneking M. Ancient DNA from a pre-Columbian Amerindian Population // *American Journ. Phys. Anthropol.* 1993. Vol. 92. P. 463–471.
- The Y-Chromosome Consortium 2002 – The Y-Chromosome Consortium. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups // *Genome Research*. 2002. Vol. 12. P. 339–348.
- Tokunaga *et al.*, 2001 – Tokunaga K., Ohashi J., Bannai M. Genetic Link Between Asians and American Indians: Evidence from HLA Genes and Haplotypes // *Human Immunology*. 2001. Vol. 62. P. 1001–1008.
- Torroni *et al.*, 1992 – Torroni A., Schurr T.G., Yang C.C. Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the Nadene populations were founded by two independent migrations // *Genetics*. 1992. Vol. 130 № 1. P. 153–162.
- Torroni *et al.*, 1993a – Torroni A., Chen Y.S., Scott R.C. Mitochondrial-DNA and Y-Chromosome Polymorphisms in 4 Native-American Populations from Southern Mexico // *American Journ. Hum. Genet.* 1993. Vol. 53. № 3. P. 72–72.
- Torroni *et al.*, 1993b – Torroni A., Schurr T.G., Cabell M.F. Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs // *American Journ. Hum. Genet.* 1993. Vol. 53. № 3. P. 563–590.
- Torroni *et al.*, 1993c – Torroni A., Sukernik R.I., Schurr T.G. mtDNA variation of aboriginal Siberians reveals distinct genetic affinities with Native Americans // *American Journ. Hum. Genet.* 1993. Vol. 53. № 3. P. 591–608.
- Torroni *et al.*, 1994 – Torroni A., Chen Y.S., Semino O. mtDNA and Y-chromosome polymorphisms in four Native American populations from southern Mexico // *American Journ. Hum. Genet.* 1994. Vol. 54. № 2. P. 303–318.
- Torroni, Wallace 1995 – Torroni A., Wallace D.C. mtDNA haplogroups in Native Americans //

- American Journ. Hum. Genet. 1995. Vol. 56. № 5. P. 1234–1238.
- Underhill et al.*, 1996 – *Underhill P.A., Jin L., Zemans R.* A pre-Columbian Y-chromosome-specific transition and its implications for human evolutionary history // Proceedings of The National Academy of Sciences of the United States of America. 1996. Vol. 93. № 1. P. 196–200.
- Underhill et al.*, 2001 – *Underhill P.A., Passarino G., Lin A.A.* The Phylogeography of Y-Chromosome Binary Haplotypes and the Origins of Modern Human Populations // Annals of Human Genetics. 2001. Vol. 65. P. 43–62.
- Zegura et al.*, 2004 – *Zegura S.L., Karafet T M., Zhivotovsky L.A.* High-resolution SNPs and microsatellite haplotypes point to a single, recent entry of American Indian Y-chromosomes into the Americas // Mol. Biol. and Evol. 2004. Vol. 21. № 1. P. 164–175.
- Zhivotovsky et al.*, 2004 – *Zhivotovsky L.A., Underhill P.A., Cinnioglu C.* The effective mutation rate at Y-chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time // American Journ. Hum. Genet. 2004. Vol. 74. P. 50–61.

V.A. Vasiliev. The Problem of the American Indians origin

Keywords: Amerinds, nuclear and mitochondrial genetic markers, Indians, origins, America, populating, anthropological type, racial type

The article analyzes linguistic, anthropometric and molecular genetic characteristics of various groups of Native Americans. The analysis of the available data cannot yet lead to a consensus about the genesis and ethnicity of the native population of America. However, the hypothesis suggesting the origin of the Native Americans from the ancient Asian population, neutral by its physical type, most closely explains the variations of anthropological and genetic types of the Amerinds. And the sum of the facts that reflect the great originality of the anthropological and genetic composition of the New World population is sufficient for singling them out as a “large” autonomous race consisting of quite different anthropological variants and originating as a result of several migration flows from Asia over a long period of time.

ЭО, 2010 г., № 5

© Н.В. Харламова

СРЕДНЕВЕКОВОЕ НАСЕЛЕНИЕ ПОВОЛЖЬЯ ПО ДАННЫМ ОДОНТОЛОГИИ

Ключевые слова: одонтология, Поволжье, средневековье, палеоантропология, население

В работе анализируется средневековый одонтологический материал с территории Поволжья. Изученное население демонстрирует черты средневропейского, северного грацильного, северо-восточного реликтового одонтологических типов. Основной одонтологической характеристикой изучаемых групп является мозаичность, формирование которой основано на взаимодействии различно относящихся нескольких одонтологических комплексов.

На территории Поволжья с древних времен происходили бурные этногенетические процессы, во многом определившие антропологический облик ряда современных народов этого региона. В работах по антропологии средневекового населения Поволжья