

Контакты населения Индостана и Среднеазиатского междуречья в эпоху Хараппской цивилизации и в период Кушанского царства

Внимание разных исторических наук обращено к генетике как новому инструменту в исследовании прошлого*. Однако генетические исследования имеют ограничения, что нужно учитывать для адекватной интерпретации популяционно-генетических данных и тем более для их сопоставления с данными других наук: 1) любые методы изучения ДНК позволяют изучать только популяционную историю населения, но не историю вообще. Анализ ДНК не позволяет восстановить многие аспекты культурной и социальной истории в силу того, что они не относятся к биологической инфор-

* В настоящее время в генетических исследованиях особенно активно используются полногеномные методы анализа, которые дополняют и расширяют палитру возможностей анализа однородительских маркеров Y-хромосомы и митохондриальной ДНК. Полногеномные методы анализа включают от нескольких сотен тысяч (Mendizabal 2012) до нескольких миллионов (Mallick 2016) маркеров, охватывающих весь геном и представляющих собой либо однонуклеотидные замены, т.е. вставки (инсерции) и выпадения — (делеции) в локальных участках геномных текстов. Активное внедрение исследований полногеномных маркеров в исторические исследования связано не только с развитием методов биотехнологии, но, что не менее важно, также и с развитием вычислительных методов биоинформационного анализа, позволяющего обрабатывать и классифицировать большие массивы данных. Применение биоинформационных алгоритмов на основе анализа полногеномных маркеров, позволяет оценить разные аспекты популяционной истории: 1) долю метисации и вклад предковых групп в изучаемой группе популяций, для чего применяются такие методы как ADMIXTURE (Alexander 2009), алгоритмы на основе f-статистики (Patterson 2006), 2) Кроме того, можно датировать время миграции и метисации, что достигается методами ALDER (Lox 2013), GLOBETROTTER (Hellenthal 2014), TreeMix (Patterson 2012) qpGraph (Pickrel 2012, 3). Также можно определить периоды демографических подъемов и спадов изучаемой популяции, например, при помощи такого метода, как FastSimCoal2 (Gravel 2012).

мации, 2) неполнота палеогенетической и палеонтологической «летописей» схожи, потому многие процессы прошлого не могут быть надежно восстановлены без соответствующего материала древней ДНК, 3) вычислительные ошибки и несовершенство самих методов биоинформационного моделирования.

Для адекватного и продуктивного использования результатов генетических исследований представителями других наук важно понимать, как интересующий нас аспект прошлого выглядит с точки зрения популяционной генетики. Необходимо сопоставление данных генетики с данными других наук, изучающих прошлое, каждая из которых создает свои модели миграции. Выявление несовпадений между генетическими реконструкциями и реконструкциями других наук полезно вовсе не для опровержения каких-либо моделей. Обнаружение таких расхождений позволяет выявлять неявные и сложные причины в различиях между биологической и социально-культурной историей, и может многое объяснить в том, менялась или нет популяция при смене культуры, и, наоборот, меняла ли смена культуры популяционную структуру, и в какой степени эти процессы были синхронны.

Данный обзор посвящен проблеме популяционных контактов между населением Индостана и Среднеазиатского Междуречья в харапский и кушанский периоды. Выбор данного направления связей обоснован активными культурными, политическими контактами двух регионов. Выбор данных исторических периодов связан с тем, что по ним имеются наиболее полные и достоверные генетические данные.

В настоящее время на основе полногеномных данных описана общая популяционная структура населения Индостана и реконструированы основные события ее формирования (Narasimhan et al. 2019, Metspalu 2018, Basu 2016, Reich 2009). Первыми обитателями Южной Азии стали представители компонента индийских автохтонов AASI (Ancient Ancestral South Asians), которые были связаны с потомками первых представителей нашего вида, заселивших территорию Южной Азии. Носители этого компонента связаны отдаленным родством с коренным населением Австралии, Меланезии и особенно с так называемыми негритосскими популяциями Сундаленда, такими как андаманцы, сенои Малакки, аэта Филиппин (Narasimhan et al. 2019, Metspalu 2018).

На эту субстратную основу индийских автохтонов AASI в северной Индии наложился компонент выходцев из Ирана. Первоначально его появление на Индостане связывалось с неолитической революцией и фронтом земледельцев (Metspalu 2018), но специальное биоинформационное моделирование в работе Shinde, установило, что появление этой примеси относится к эпохе, предшествующей возникновению производящего хозяйства. Верхняя хронологическая оценка проникновения носителей иранского компонента датируется периодом 10 тысяч лет назад, но возможно ее распространение и в более раннее время (Shinde 2019, p. 4–6, см. схему смешения и разделения популяций). Ряд косвенных данных говорит о сохранении популяций с преобладающим вкладом индийских автохтонов AASI в других областях Индии (Narasimhan et al. 2019, p. 11, 13).

От смешения позднепалеолитических охотников-собирателей из Ирана с местными исходными индийскими автохтонами в северных районах Индии возникла группа населения, которая стала прародителями населения Хараппской цивилизации (Narasimhan et al. 2019, Shinde 2019). Видимо, сходные группы населяли на рубеже III и II тыс. до н.э. ареал от восточной окраины хараппского ареала, области Ракхирагхи (Shinde 2019), до территорий современных Средней Азии и Восточного Ирана (Гонур-Тепе, городской центр Бактрийско-Маргианского-Археологического комплекса и Шахр-и-Сохта, городской центр Гильмендской культуры, Narasimhan et al. 2019).

Примечательно, что фронт неолитической революции, охвативший Трансоксиану и восток Ирана, видимо, не затронул Индостан (Narasimhan et al. 2019, Shinde 2019). В ранних работах при исследовании современного населения на полногеномных маркерах (Metspalu 2018) и одноподельных маркерах Y-хромосомы (Singh 2016), наоборот предполагалось, что фронт неолитической революции с Ближнего Востока охватил и Южную Азию. Но сопоставление их с данными древней ДНК (Narasimhan et al. 2019, Shinde 2019) отвергает данную возможность. Следовательно, неолитическая революция, видимо, пришла в Индостан через посредство культурных контактов без сопутствующего активного миграционного вторжения.

Во II тыс. до н.э., в эпоху переселений индоарийских групп, в северной Индии распространяется новый популяционный ком-

понент, принесенный из степей восточной Европы (Narasimhan et al. 2019, Metspalu 2018). Группы, включившие в свой состав этот новый компонент, сформировали комплексный компонент ANI (Ancestral north Indian), который, таким образом сочетал три компонента индоарийских мигрантов, иранских охотников-собираателей и индийских автохтонов AASI. Группы, не включившие в свой состав индоарийских мигрантов, сформировали другой южноиндийский комплекс ASI (Ancestral south Indian), который включал только компоненты иранских охотников и собирателей и индийских автохтонов AASI. Ряд авторов предполагает, что носители ASI сформировались не на юге, а на севере Южной Азии, как и носители компонента ANI, и лишь в последующем расселились в южных и восточных районах Индостана, где смешались с сохранившимися потомками местных автохтонов, от которых получили увеличение доли AASI в составе комплексного компонента ASI (Narasimhan et al. 2019, Metspalu 2018).

Носители этих двух комплексных гибридных кластеров северо- и южноиндийского ANI и ASI в последующем также вступали между собой во взаимодействие, формируя в некоторых популяциях Индостана уже смешанный генофонд (Narasimhan et al. 2019, Metspalu 2018, Basu 2016). История и процесс этого взаимодействия еще требуют изучения.

Обратимся теперь к популяционной структуре Среднеазиатского междуречья и проблемам его генезиса. Самые ранние данные по древней ДНК для Средней Азии получены для могильника Туткаул-1 из Таджикистана, имеющего возраст 8,4–8 тысяч лет назад. Полученный образец из этого могильника демонстрирует близость к древнему палеолитическому населению северной Евразии, представителей, которых в публикациях по генетике называют древними североевразийцами ANE (Ancient North Eurasian). В число представителей группы ANE входит древнее население, связанное с сибирскими могильниками, Мальта и Афонотова Гора. В образце из Туткаула преобладает популяционно-генетический компонент характерный для населения ANE (Posth 2013, p. 124). Кроме того, образец из Туткаула демонстрирует близость этого населения и неолитических охотников и собирателей Западной Сибири (могильники Сосновый и Мерген в тюменской области (Posth 2013, p. 124)), а известно, что в составе этой группы западносибирских

охотников-собирателей эпохи энеолита также высока доля ANE (Posth 2023, Narasimhan et al. 2019). Примечательно, что в могильнике Таткаул-1 также, как и в Хараппском образце выявляется примесь со стороны иранских охотников и собирателей (Posth 2023). Проникли ли носители иранского компонента в Таджикистан, в составе той же палеолитической волны, что и переселенцы в Индостан, или в составе особой миграции, пока не установлено.

Важно, что в образце Туткаул-1 не обнаружено примеси автонтонного индийского AASI компонента, который был как элементом генофонда южно-азиатских популяций (как с североиндийским и южноиндийским компонентами ASI и ANI), так и древнего населения Хараппской цивилизации. Более того, какие-либо следы присутствия этого компонента не выявляются в Средней Азии, вплоть до периода появления Бактрийско-Маргианского археологического комплекса (Narasimhan et al. 2019, p. 6). В свою очередь северо-евразийский компонент ANE не выявляется ни в ДНК из Ракхигаркхи, ни в более позднем населении Индии (Narasimhan et al. 2019, Metspalu 2019). Это свидетельствует о том, что в обоих этих ареалах, Средней Азии и Индостане, проживало совершенно разное в популяционном отношении население, общей чертой которого было только то, что оно в обоих регионах испытывало влияние палеолитических иранских охотников-собирателей.

Следующая эпоха, для которой сейчас доступны данные по древней ДНК из Средней Азии это эпоха энеолита. Выборки для нее представлены могильниками Саразм в долине Зеравшана в Таджикистане, поселениями анауской культуры Гёксюр, Тепе-Анау, Паркхай 1 и 2 также в Туркмении. Установлено, что именно это население возникло на основе неолитических земледельцев, переселившихся на территорию Средней Азии и Ирана, с восточных окраин Плодородного полумесяца (Narasimhan et al. 2019, p. 6–7). Эти люди несли с собой иранский компонент (доставшийся им от иранских охотников-собирателей), но также включали и компонент анатолийских охотников-собирателей. Вывод авторов о связи данной миграции с неолитической революцией усиливается тем, что смешение иранского и анатолийского компонентов на ближнем Востоке и в Закавказье началось только в эпоху неолита во время начала аграрной революции в этом регионе (Skourtanioti 2020). Примечательно, что в генофонде первых среднеазиатских земледельцев отсутствовал ав-

тохтонный индийский компонент AASI, что исключает популяционные контакты с Индией в этот период (Narasimhan et al. 2019, p. 6–7). При этом выявляется примесь со стороны населения близкого западносибирским-охотникам собирателям, равная 10% (Narasimhan et al. 2019, p. 6–7), которое как уже говорило имеет общий компонент ANE с населением могильником из Таткаула-1 (Posth 2023), но которое отсутствует в древнем и современном населении Индии.

Генофонд энеолитического населения Средней Азии, стал основой для генофонда населения городской цивилизации Бактрийско-Маргианского археологического комплекса и Гильмендской культуры северо-западного Афганистана и восточного Ирана. В распоряжении палеогенетиков существуют образцы ДНК из следующих памятников Бактрийско-Маргианского археологического комплекса (БМАК): Гонур-Тепе в Туркменистане, Джаркатун, Сапшали-Тепе, Бустан и Сумбар в Узбекистане, а для населения Гильмендской культуры из поселения Шахр-и-Сохте из провинции Систан и Белуджистан в восточном Иране. Отличием населения Среднеазиатского Междуречья эпохи БМАК по сравнению с предыдущей эпохой стало появление индивидов с резко отличным обликом, которые имели высокую долю автохтонного индийского компонента AASI (Narasimhan et al. 2019, 6–7, 7–8, p. 11, p. 34), которые к тому же погребены в могильниках с иным инвентарем, характерным для культур долины Инда. Группой Narasimhan et al. — это резко отличное население индской диаспоры, было обозначено как группа IPC (Indus Periphery Cline) (Narasimhan et al. 2019). Хотя представители хараппской диаспоры, резко отличались от основного населения среднеазиатского ареала, между ними с основным населением существовал ограниченный обмен генами, в котором представители коренного населения поселения БМАК через хараппских переселенцев получили небольшую примесь (2–6%) компонента индийских автохтонов AASI (Narasimhan et al. 2019, p. 6).

Во II тыс. до н.э. в зоне Среднеазиатского междуречья и на территории северного Индостана появляются ираноязычные кочевники, которые приносят через степи Центральной Азии из степного Восточной Европы тот же популяционно-генетический компонент, что и индоарийские кочевники на севере Индостана) и во II тыс. до н.э. изменяют генофонд БМАК (Narasimhan et al. 2019, p. 7, p. 12, p. 13–15, Metspalu 2018).

Следующая эпоха изменения генофонда Средней Азии датируется железным веком и I тыс. н.э. Факт новой трансформации населения выявляется при анализе ДНК из могильников кушанской эпохи Рабат, Серхаракат, Декхан в южном Узбекистане (Kumar 2021) и Ксиров в южном Таджикистане (Narasimhan et al. 2019). Она связывается с сакским вторжением (Kumar 2021, p. 4913), хотя (Kumar 2021), также быть связана с миграциями юэчжи.

Дальнейшее распространение на юг возможного сакского или юэчжи-тохарского импульса в Индию не установлено по причине отсутствия данных древней ДНК. Но, в отличие от Средней Азии, где он оставил след и в современном населении (Kumar 2021), в современных популяциях Индостана этот вклад не сохранился (Metspalu 2018).

В Средние века население земледельческой зоны Средней Азии испытало многократную инфильтрацию со стороны новых групп кочевников, которые распространялись из восточной зоны степного пояса из Восточной Евразии (Dai 2022, Damgaard 2018, Yunusbaev 2015). Эта инфильтрация затронула прародителей современного тюркоязычного населения Трансоксианы, однако этого влияния не избежало и ираноязычное население. Популяции современных таджиков также включили некоторую долю этого компонента.

Хараппское время стало первой эпохой достоверных популяционных контактов между Индостаном и Среднеазиатского междуречьем, Трансоксианой. Эти контакты происходили миграционными потоками населения двух речных городских цивилизаций: Индской и Бактрийско-Маргианского археологического комплекса (БМАК). Также они охватывали территорию Гильмендской культуры (Narasimhan et al. 2019), находившейся на периферии Бактрийско-Маргианского археологического комплекса. Формирование населения БМАК и населения Индской цивилизации происходило на разной популяционной основе, в более ранние эпохи, предшествующие эпохи БМАК, в населении Средней Азии отсутствовал какой-либо приток со стороны населения Индостана (Narasimhan et al. 2019, p. 6–7). Кроме того, представители хараппской диаспоры, жившие в городах БМАК и Гильмендской культуры отличались от основного населения этих поселений. Моделирование биоинформационными методами отвергает возможность миграций со стороны Средней Азии из поселений БМАК в Индию (Narasim-

han et al. 2019, p. 6–7). Потому, по-видимому, такое влияние было в хараппскую эпоху односторонним из Индостана в Среднеазиатское междуречье. Возможность существования обратного влияния из Средней Азии требует дополнительных доказательств.

В связи с активными переселенческими процессами из Южной в Среднюю Азию, интересна характеристика обитателей Шортугая, которые были связаны с добычей лазурита, важного товара III тыс. до н.э. Поселение Шортугай было расположено на границе современного Афганистана и Таджикистана и представляло собой самый северный городской центр Хараппской цивилизации. Учитывая важное положение Шортугая в международной торговле, большую долю выходцев из зоны индской цивилизации в городских центрах Средней Азии иных культур, прямая принадлежность этого городского поселения непосредственно зоне Хараппской цивилизации предполагает, что его обитателями было население Индской цивилизации. Однако прямые данные древней ДНК из Шортугая пока отсутствуют, а изучение его населения — перспективное поле будущих палеогенетических исследований.

Хараппская эпоха — время активных не только торговых, но и популяционных контактов между Индской цивилизацией и цивилизацией БМАК. Влияние это было активным в силу большого числа выходцев из Индостана в зоне Среднеазиатского междуречья и на ее периферии. Влияние в обратном направлении из БМАК в зону Хараппской цивилизации в настоящее время не выявляется и маловероятно.

В Кушанскую эпоху начинается новое влияние населения Индостана на население Среднеазиатского междуречья (Kumar 2021, Narasimhan et al. 2019). Для этой эпохи в распоряжении палогенетиков есть данные из могильников Рабат, Серхаракат, Декхан в южном Узбекистане (Kumar 2021) и Ксиров в южном Таджикистане (Narasimhan et al. 2019). К сожалению, пока отсутствуют образцы ДНК из других кушанских могильников в Афганистане, Пакистане и Индии.

Данные из среднеазиатских могильников, указывают на то, что объединение обширных территорий Евразии от Ганги до Аральского моря в рамках единой политики Кушанского царства, привело к перемещению в среднеазиатскую часть этой державы выходцев из Индостана. Оно выявляется опосредованно через присутствие

индивидов компонента характерных для андаманцев онге (Kumar 2021, p. 4911, p. 4913–4914). Хотя компонент андаманцев онге отличен от индийских автохтонов AASI, он наиболее ему близок и потому может быть использован как замена AASI в моделировании, что может вносить и некоторые искажения. При моделировании, установлено, что в поселении Серхарат из юга Узбекистана, примесь компонента онге достоверно выше такой примеси в других городах кушанской эпохи и поселениях эпохи БМАК (Kumar p. 4913–4914). Авторы делают из этого вывод, что это может быть доказательством дополнительного притока мигрантов из Индии, а не просто сохранением его вклада среди населения Трансоксианы со времен эпохи БМАК (Kumar p. 4913–4914).

Инфильтрация индийского населения затронула кроме южных районов Среднеазиатского междуречья также и северные зоны. Так в III–IV вв. н.э. эры в конце кушанской эры и после ее окончания переселенцы из Индии обнаружены в государстве Кангюй, которое существовало в среднем течении Сырдарьи на границе с зоной великих евразийских степей. Индивиды с вкладом индийских популяционных компонентов выявлены двумя независимыми группами исследователей в городе Отраре, столице Кангюй (Gnecchi-Ruscone 2021, Damgaard 2018).

Следы обратного влияния из Трансоксианы в Индию в кушанское время не обнаружены. Можно допустить их существование в прошлом. Однако если они существовали в более ранние эпохи, то в генофонде современных популяций Индии этот вклад исчез (Metspalu 2018). Таким образом, эпоха Кушанского царства стала вторым периодом активного переселения выходцев из Индийского региона в зону Среднеазиатского междуречья.

Активные процессы популяционного взаимодействия между Индостаном и Средней Азией в хараппскую и кушанскую эпохи поднимают вопрос о возможности таких контактов и в другие исторические периоды. Увы, для многих из них отсутствуют данные. Несколько выделяются эпоха эфталитов и более близкие нашему времени эпохи завоеваний Газневидов, Гуридов, Тимуридов, Великих Моголов. В случае эпохи эфталитов возможный след миграции из Индии выявляется при анализе однородительских маркеров Y-хромосомы современных карлуков южного Таджикистана. В генофонде карлуков выявлена клада L1a2aM2398-Y236528 (Zhabagin 2022). По мнению

авторов, время ее формирования равно 1,5 тысячам лет, перекрывается с эфталитской эпохой (Zhabagin 2022, p. 5).

Что касается более поздних эпох, соответствующих временам европейского Средневековья и Нового времени, хотя по ним и отсутствуют целостные данные по древней ДНК, они находятся в том выигрышном положении для исследователя, что след их миграционных событий можно выявить в современном населении. Несмотря на исторические данные о значительном числе выходцев из Средней Азии в исламских султанатах Индии, и большой доле индийских торговцев в городах Средней Азии (которые еще полтора столетия назад во множестве проживали в городах Хивинского, Бухарского и Кокандского ханства), след миграционных потоков в современном населении не выявляется, ни со стороны Индии, ни со стороны Средней Азии. Можно предположить, что либо такие пришельцы были быстро поглощены местным населением, либо они где-то сохраняются в локальных, пока еще не охваченных популяционными исследованиями группах (Dai 2022, Metspalu 2015, Zhabagin 2022).

Итак, все приведенные данные позволяют сделать следующие выводы о популяционном влиянии населения Средней Азии и Индостана. Население Индии и Среднеазиатского междуречья формировалось на разной популяционно-генетической основе, и отличия между ними четко прослеживаются с начала голоцена. Эпохи Хараппской цивилизации и Кушанского царства — два периода активных популяционных контактов между Индостаном и Среднеазиатским междуречьем. В эпоху Хараппской цивилизации они были, как мы полагаем, однонаправлены и происходили со стороны Индостана в Среднюю Азию. Требуется описание популяционного облика населения Шортугая — самого северного поселения Хараппской цивилизации, для более полного описания миграционных потоков из Индии в этот период. В кушанскую эпоху миграции достоверно происходили со стороны Индостана в Среднюю Азию. Возможность обратного влияния не исключается, но требует доказательства. Миграционные потоки переселенцев из Индии в кушанское и посткушанское время достигли территории державы Кангюй на границе Великой Степи. По сравнению с хараппской и кушанской эпохой для других исторических периодов пока нет надежной информации о контактах между этими регионами: данные либо отсутствуют (как в случае индо-сакского времени), либо требуют дополнительного подтверждения (как в случае эпохи эфталитов).

Библиография:

- Массон В.М., Саруаниди В.И.* Каракумы: заря цивилизации / АН СССР. М.: Наука, 1972.
- Alexander D.H., Novembre J., Lange K.* Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals / *Genome Res.* 2009 Sep; 19 (9): 1655–64.
- Allentoft M.E. et al.* Population genomics of Bronze Age Eurasia / *Nature.* 2015. V. 522. № 7555. P. 167–172.
- Basu A., Sarkar-Roy N., Majumder P.P.* Genomic reconstruction of the history of extant populations of India reveals five distinct ancestral components and a complex structure / *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2016 Feb 9; 113 (6):1594–1599.
- Cristafaro et al.* Afghan Hindu Kush: Where Eurasian Sub-Continent Gene Flows Converge/ *PLoS One.* 2013. 8 (10): e76748.
- Crawford H.* The Sumerian World / Routledge; 1st edition. 2013. 684 pages.
- Dai S.S., Sulaiman X., Isakova J. et al.* The Genetic Echo of the Tarim Mummies in Modern Central Asians / *Mol Biol Evol.* 2022 Sep. 1; 39 (9).
- Damgaard de Barros P., Martiniano R., Kamm J., et al.* The first horse herders and the impact of early Bronze Age steppe expansions into Asia / *Science.* 2018. 360 (6396): eaar7711.
- Firasat S., Shagufta Khaliq, Aisha Mohyuddin.* Y-chromosomal evidence for a limited Greek contribution to the Pathan population of Pakistan / *Eur J Hum Genet.* 2007. 15 (1): 121–126.
- Gnecchi-Ruscone G.A., Khussainova E., Kahbatkyzy N., et al.* Ancient genomic time transect from the Central Asian Steppe unravels the history of the Scythians / *Sci Adv.* 2021. 7 (13): eabe4414.
- Gravel S. Henn B.M., Gutenkunst R.N., Indap A.R., Marth G.T., Clark A.G., Yu F., Gibbs R.A.; 1000 Genomes Project; Bustamante CD.* Demographic history and rare allele sharing among human populations / *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2011. 108, 11983–11988.
- Hellenthal G., Busby G.B.J., Band G., Wilson J.F., Capelli C., Falush D., Myers S.* A genetic atlas of human admixture history / *Science.* 2014 Feb 14; 343 (6172): 747–751.
- Joseph T.* Early Indians: The Story of Our Ancestors and Where We Came / Juggernaut Publication. 2018. 256 p.
- Kumar V., Bennett E.A., Zhao D., et al.* Genetic Continuity of Bronze Age Ancestry with Increased Steppe-Related Ancestry in Late Iron Age Uzbekistan / *Mol Biol Evol.* 2021. 38 (11): 4908–4917.
- Lacau H. et al.* Afghanistan from a Y-chromosome perspective/ *Eur J Hum Genet.* 2012. 20 (10). P. 1063–1070.

- Loh P.R., Lipson M., Patterson N., Moorjani P., Pickrell J.K., Reich D., Berger B. Inferring admixture histories of human populations using linkage disequilibrium / *Genetics*. 2013 Apr; 193 (4): 1233–54.
- Mallick S., Li H., Lipson M., Mathieson I. et al. The Simons Genome Diversity Project: 300 genomes from 142 diverse populations. *Nature*. 2016 Oct 13; 538 (7624). P. 201–206.
- Mendizabal I., Lao O., Marigorta U.M. et al. Reconstructing the population history of European Romani from genome-wide data / *Curr Biol*. 2012. 22 (24). P. 2342–2349.
- Metspalu M., Mondal M., Chaubey G. The genetic makings of South Asia / *Curr Opin Genet Dev*. 2018. 53. P.128–133.
- Narasimhan V.M., Patterson N., Moorjani P., et al. The formation of human populations in South and Central Asia / *Science*. 2019. 365 (6457): eaat7487.
- Neelis J. Passages to India: Śaka and Kuṣāṇa Migration Routes in Historical Contexts / *Cusp of an Era: Art in the Pre-Kuṣāṇa World*, edited by Doris M. Srinivasan. Leiden: Brill, 2007. P. 55–93.
- Patterson N., Moorjani P., Luo Y., Mallick S., Rohland N., Zhan Y., Genschoreck T., Webster T., Reich D. Ancient admixture in human history/ *Genetics*. 2012 Nov; 192 (3): 1065–93.
- Patterson N., Price A.L., Reich D. Population structure and eigenanalysis / *PLoS Genet*. 2006. 2, 2074–2093.
- Pickrell J.K., Pritchard J.K. Inference of population splits and mixtures from genome-wide allele frequency data *PLoS Genet*. 2012; 8 (11): e1002967.
- Posth C., Yu H., Ghalichi A., Rougier H., et al. Palaeogenomics of Upper Palaeolithic to Neolithic European hunter-gatherers / *Nature*. 2023. 615 (7950): 117–126.
- Reich D., Thangaraj K., Patterson N., Price A.L., Singh L. Reconstructing Indian population history / *Nature*. 2009. 461 (7263). P. 489–494.
- Sarianidi V.I. «Preface», in Hiebert, F. T.: *Origins of the Bronze Age Oasis Civilization of Central Asia*/ 1994. Cambridge: Harvard University Press. Pages 240.
- Shinde V., Narasimhan V.M., Rohland N., et al. An Ancient Harappan Genome Lacks Ancestry from Steppe Pastoralists or Iranian Farmers / *Cell*. 2019. 179 (3): 729–735. e10.
- Singh S., Singh A., Rajkumar R., et al. Dissecting the influence of Neolithic demic diffusion on Indian Y-chromosome pool through J2-M172 haplogroup / *Sci Rep*. 2016 Jan 12; 6: 19157.
- Skourtanioti E., Erdal Y.S., Frangipane M., et al. Genomic History of Neolithic to Bronze Age Anatolia, Northern Levant, and Southern Caucasus. *Cell*. 2020 May 28; 181 (5): 1158–1175.
- Talageri Shrikant G. *Genetics and the Aryan debate: “Early Indians” Tony Joseph’s latest assault, preface by Koenraad Elst Paperback* / 2019. Voice of India New Delhi. Pages: 220.

Yunusbayev B., Metspalu M., Metspalu E., Valeev A., Litvinov S., Valiev R., Akhmetova V., Balanovska E., Balanovsky O., et al. The genetic legacy of the expansion of Turkic-speaking nomads across Eurasia. *PLoS Genet.* 2015 Apr 21; 11 (4): e1005068.

Zhabagin M., Wei L.H., Sabitov Z., et al. Ancient Components and Recent Expansion in the Eurasian Heartland: Insights into the Revised Phylogeny of Y-Chromosomes from Central Asia / *Genes (Basel)*. 2022. 13 (10): 1776. ■