

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИСТОРИЯ РУССКИХ СТАРОЖИЛОВ АРКТИЧЕСКОГО ПОБЕРЕЖЬЯ ЯКУТИИ ИЗ с. РУССКОЕ УСТЬЕ ПО ДАННЫМ Y-ХРОМОСОМЫ И ШИРОКОГЕНОМНОГО АНАЛИЗА

© 2023 г. А. В. Соловьев¹, Т. В. Борисова¹, Г. П. Романов¹, Ф. М. Терютин^{1, 2}, В. Г. Пшеникова^{1, 2}, С. Е. Никитина³, А. Н. Алексеев^{1, 3}, Н. А. Барашков^{1, 2}, С. А. Федорова^{1, 2, *}

¹Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова, Якутск, 677013 Россия

²Якутский научный центр комплексных медицинских проблем, Якутск, 677018 Россия

³Институт гуманитарных исследований и проблем малочисленных народов Севера Сибирского отделения Российской академии наук, Якутск, 677027 Россия

*e-mail: sardanaafedorova@mail.ru

Поступила в редакцию 27.03.2023 г.

После доработки 14.04.2023 г.

Принята к публикации 28.04.2023 г.

Существуют различные гипотезы относительно происхождения и времени появления русских поселений на Северо-Востоке Арктики. С целью изучения истории формирования северного старожильческого населения Якутии нами проведен анализ линий Y-хромосомы у представителей трех групп жителей с. Русское Устье, расположенного в дельте р. Индигирки (“поморы”, “казаки” и “зашиверцы”), сопоставимых с основными миграционными волнами заселения русскими арктического побережья Восточной Сибири. Впервые описаны характерные особенности генетической структуры популяции русскоустынцев по данным широкогеномного анализа 740 тыс. SNP. Результаты исследования в большей степени свидетельствуют в пользу “поморской” гипотезы происхождения русскоустынцев.

Ключевые слова: русские старожилы, генофонд, Y-хромосома, широкогеномный анализ.

DOI: 10.31857/S0016675823090114, **EDN:** WUXZDA

Для решения вопросов происхождения отдельных этносов помимо общепринятых археологических, лингвистических и этнографических подходов широко применяются методы молекулярной генетики. Среди современных популяций Северо-Востока России все еще остаются “белые пятна”; так, с помощью современных геномных методов исследования недостаточно охарактеризован генофонд русскоустынцев — популяции русских, которая, вероятно, одной из первых освоила арктическое побережье Восточной Сибири и вплоть до настоящего времени, находясь в окружении соседних сибирских народов, сумела сохранить свою этническую общность, самобытную культуру и язык.

Численность жителей с. Русское Устье в 2012–2014 гг. по сведениям архива местной администрации составляла 146 человек, из них коренные местные русские — 85%, остальные 15% — жены и мужья русскоустынцев из приезжих [1]. По данным Всероссийской переписи населения 2020 г. в селе насчитывается всего 99 человек [2]. В сравнении с архивными данными численность русскоустынцев остается примерно на том же уровне,

что и в XVII в. [1, 3]. В отличие от соседних палеоазиатских, уральских и тунгусо-маньчжурских племен (чукчей, юкагиров, эвенов и эвенков), занимающихся кочевым оленеводством, и тюркоязычных якутов, разводящих лошадей и коров, основным трудовым занятием у русскоустынцев на протяжении многих веков оставался промысел белого песка и рыболовство, а также ездовое собаководство.

В антропологическом портрете русскоустынцев отмечают высокую степень метисации [4]. Известно, что численность соседних арктических племен в XVII в. была намного больше числа русских: оленных чукчей по данным ясачных переписей к моменту прихода русских насчитывалось до 2000 человек, юкагиров — от 4500 до 5000 человек [5]. Исследователи отмечают, что отдаленность от Центральной России и географическая изоляция определили взаимодействие и семейнобрачные отношения русских с соседними народами, прежде всего с юкагирами и эвенами, реже с эвенками и крайне редко с якутами [3]. Несмотря на иноязычное окружение русскоустынцы со-

хранили уникальный старорусский язык вплоть до XXI в. [1, 3, 6].

Ранее была опубликована статья Р.И. Суверника и соавт. (2010), касающаяся изучения генетической истории русских старожилов полярного Севера, в которой был проведен анализ линий мтДНК русскоустинцев и показано преобладание в митохондриальном генофонде линий сибирского, преимущественно «юкагирского» происхождения (90.6%) [7]. Позднее был изучен состав линий Y-хромосомы у жителей с. Русское Устье, который выявил в мужском генофонде русскоустинцев доминирование линий европейского происхождения (83.4%) [8]. Анализ фамильного разнообразия свидетельствует о том, что коренные жители с. Русское Устье относят происхождение своих родов по отцовской линии к трем основным группам: «поморы», «казаки» и «зашиверцы», которые сопоставимы с тремя основными миграционными волнами заселения арктического побережья Восточной Сибири [9]. Согласно местной традиции русские старожилы устья р. Индигирки, которые позиционируют себя как поморы и казаки, относятся к «досельным», т.е. потомкам ранних основателей села предположительно в XVI–XVII вв., а «зашиверцы» — к «пришлым», т.е. появившимся позднее.

В связи с этим в настоящей работе впервые проведены анализ линий Y-хромосомы в вышеперечисленных трех группах жителей с. Русское Устье и широкогеномный анализ, с целью сравнения полученных результатов с гипотезами происхождения русских старожилов арктического побережья Якутии.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Для изучения генетической истории русских старожилов в ходе экспедиции 2019 г. было собрано 77 образцов венозной крови жителей с. Русское Устье Аллаиховского улуса Республики Саха (Якутия). Кроме того, на каждого участника заполнены индивидуальная анкета, опросник и составлена родословная. Определены коренные ($n = 30$) и некоренные ($n = 26$) жители с. Русское Устье, а также прямые родственники по отцовским и материнским линиям, исключена вероятность первой и второй степени родства ($n = 21$). Определен фамильный состав жителей с. Русское Устье по отцовской линии ($n = 12$), который распределен по трем основным группам: «поморы» и «казаки» (досельные), «зашиверцы» (пришлые). Все процедуры выполнены при письменном информированном согласии. Исследование было одобрено локальным комитетом по биомедицинской этике Якутского научного центра комплексных медицинских проблем, Якутск, Россия (протокол № 4 от 1 марта 2018 г.).

ДНК выделяли из лейкоцитов крови стандартным методом с использованием протеиназы К и последующей фенол-хлороформной экстракции [10]. Образцы ДНК 12 неродственных мужчин-русскоустинцев были генотипированы по маркерам гаплогрупп Y-хромосомы (C-M130, C-M216, R-M207, N-M231, Q-M242, K-M9, R1a-M420, C1-F3393, C1b-F1370, N2a1-P43, N3a3-VL29, N3a4-Z1936, N3a5*-B202) с помощью метода ПЦР в реальном времени и ПЦР–ПДРФ-анализа с использованием последовательностей праймеров, предложенных ранее в работах [11–16]. При генотипировании маркеров R1b-M343, C2'-B477, C3b-P39, N3-TAT/M46, N3a1-B211, N3a5*-F4205 были использованы оригинальные последовательности праймеров, подобранные с помощью программного обеспечения FastPCR v.6.7.58 (trial) [8]. Маркер C3-M217 [14] идентифицирован с помощью секвенирования по методу Сэнгера. При классификации линий Y-хромосомы использована номенклатура, предложенная в работе [17].

Широкогеномный анализ у 30 представителей русских старожилов арктического побережья Якутии проведен с использованием набора Illumina OmniExpress 24Kit (740 тыс. SNPs). Анализ был выполнен для аутосом 30 индивидов на предгибридизованных микроматрицах Illumina BeadChips (OmniExpress-24) на платформе чипового анализатора iScan (Illumina), согласно спецификации производителя. Для фильтрации данных широкогеномного анализа и построения популяционных сценариев полученные результаты были объединены с результатами по другим популяциям из базы данных Эстонского Биоцентра (г. Тарту, Эстония). Объединенные данные были представлены 5428 индивидами из 342 популяций мира, использованных ранее в работах [18–25], и выполнены на разных платформах: Human1M-Duo и 650k, 610k и 550k Illumina BeadChips. Лица с более чем 1.5% отсутствующих маркеров были исключены из набора данных. Сохранялись только маркеры с коэффициентом генотипа 97% и малой частотой аллелей ((MAF) >1%). Отсутствие родства первой и второй степени в нашем наборе данных было подтверждено с помощью программы King [26]. Набор маркеров был уменьшен за счет исключения SNPs в сильном неравновесии по сцеплению LD (парная генотипическая корреляция $r^2 > 0.4$) с окном в 1000 SNPs и со сдвигом окна на 150 SNPs за раз. Метод кластеризации генетических компонентов реализован на программном обеспечении ADMIXTURE [27], от двух до десяти компонентов ($K = 2$ до $K = 10$), симуляция проводилась на 100 повторях с конвергенцией между индивидами. Для построения рисунка был использован компонент $K = 8$, поскольку он наилучшим образом соответствовал нашим критериям отбора.

РЕЗУЛЬТАТЫ

*Анализ линий Y-хромосомы
в трех группах русскоустыинцев*

Анализ линий Y-хромосомы русских старожилов арктического побережья Якутии проведен у представителей трех групп: “поморы”, “казаки” и “зашиверцы”.

“Поморы”. Среди жителей с. Русское Устье, относящихся себя к потомкам поморов, обнаружены только линии гаплогруппы N3. У подавляющего большинства представителей данной группы идентифицирована линия N3a4-Z1936, которая выявлена с частотой 85.7% ($n = 6$), в то время как сестринская ей линия N3a1-B211 была выявлена с низкой частотой 14.3% ($n = 1$) (табл. 1). Данная субгаплогруппа N3a4-Z1936 распространена преимущественно в Северо-Восточной Европе [28] и отсутствует в генофонде народов Якутии и Чукотки — у юкагиров, эвенов, эвенков, чукчей и якутов [23], а также не является типичной для славянских популяций Русской равнины [29]. В работах Е.В. Балановской и соавт. было отмечено, что субгаплогруппа N3a4-Z1936 условно может быть названа “финской”, поскольку встречается с наибольшими частотами у финно-язычных народов Финляндии и Карелии (у саамов, вепсов, карелов, финнов) [29]. Однако относительно высокие частоты данной субгаплогруппы обнаружены у северных русских Архангельской и Вологодской областей, что позволяет связывать ее с древним дославянским (финно-угорским) компонентом генофонда [29, 30]. Известно, что субгаплогруппа N3a1-B211 в большей степени характерна для финно-угорских популяций удмуртов, марийцев коми-зырян и коми-пермяков [28], соседних с популяциями северных русских.

“Казаки”. У мужчины, относящего себя к потомкам казаков, была идентифицирована линия восточноевразийского происхождения, принадлежащая к гаплогруппе C3-M217 (табл. 1). Данная гаплогруппа встречается с высокими частотами в соседних с русскоустыинцами популяциях юкагиров (46%), эвенов (60%) и эвенков (54%) [23].

“Зашиверцы”. Среди представителей группы русскоустыинцев, относящихся себя к потомкам поздних поселенцев, идентифицировано самое высокое из исследованных групп разнообразие линий Y-хромосомы: R1a-M420 (25%), R1b-M343 (25%), C3-M217 (25%) и N3a4-Z1936 (25%) (табл. 1). Помимо упомянутых линий C3-M217 и N3a4-Z1936 у представителей данной группы выявлены две субгаплогруппы R1a-M420 и R1b-M343, характерные для европейской части континента, в том числе и для славянских популяций русских, украинцев, белорусов и поляков [29, 31]. В соседних с русскоустыинцами популяциях юкагиров, эвенов, эвенков и якутов эти линии выявлены в небольшом количестве, и их происхождение связы-

Таблица 1. Анализ линий Y-хромосомы у представителей трех групп русскоустыинцев

Гаплогруппа	Досельные		Пришлые
	поморы	казаки	зашиверцы
C3-M217	0	1 (100%)	1 (25%)
R1a-M420	0	0	1 (25%)
R1b-M343	0	0	1 (25%)
N3a1-B211	1 (14.3%)	0	0
N3a4-Z1936	6 (85.7%)	0	1 (25%)
Всего	7	1	4

вают с процессами метисации с русскими и, возможно, другими восточно-европейскими этносами, заселившими территорию Якутии начиная со времени вхождения в состав Российской империи в XVII в. [23].

*Реконструкция генетической истории
русскоустыинцев с помощью программного
комплекса ADMIXTURE*

Анализ ADMIXTURE в популяции русскоустыинцев в сравнении с другими популяциями мира показал, что аутосомный генофонд русских старожилов характеризуется специфической картиной, нехарактерной для большинства соседних популяций арктического побережья Якутии (чукчи, эвены, эвенки, якуты и долганы), поскольку в равной степени демонстрирует принадлежность к двум различным кластерам — европейскому и сибирскому (рис. 1). Компоненты европейского происхождения едва присутствуют у эвенков, эвенов, якутов и чукчей, но представлены в большей степени у юкагиров (рис. 1), очевидно вследствие процессов метисации с русскими. По примерно равному соотношению компонентов европейского и сибирского происхождения из соседних популяций наиболее близки к русскоустыинцам — юкагиры.

ОБСУЖДЕНИЕ

Основываясь на совокупности исторических данных, а также сведений о традиционном делении русскоустыинцев на три группы и данных геномных исследований, происхождение русских старожилов арктического побережья Якутии можно связать с несколькими волнами мигрантов.

Первая волна — новгородцы/поморы. Согласно преданиям, с. Русское Устье было основано выходцами из Великого Новгорода, бежавшими от гонений Ивана IV Грозного. Между 1565 и 1572 годами Иван Грозный проводил “опричнину” — государственную политику чрезвычайно репрессивных мер борьбы с предполагаемой изменой среди дво-

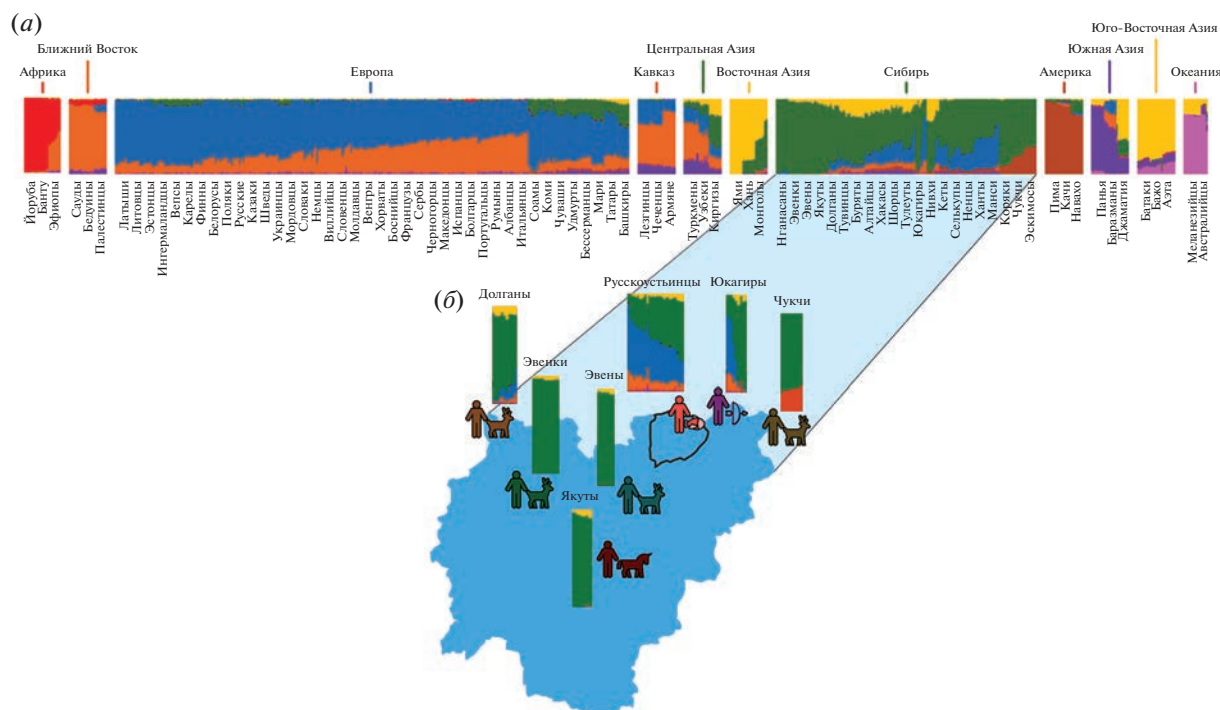


Рис. 1. Оценка генетических компонентов у 30 русскоустыинцев с использованием программы ADMIXTURE при числе предковых популяций $K = 8$. *a* – анализ ADMIXTURE популяции русскоустыинцев в сравнении с другими популяциями мира; *б* – анализ ADMIXTURE популяции русскоустыинцев в сравнении с соседними популяциями Восточной Сибири. Синим цветом выделена территория Республики Саха (Якутия), Аллаиховский район выделен контуром.

рянства. Опричнина включала в себя конфискацию имущества и земель дворянства в пользу государства и печально известные массовые казни. Согласно легендам, предки русскоустыинцев приплыли на Индигирку по Северному Ледовитому океану на 14 парусниках (“кочи”) предположительно около 1570 г. Высказывалось предположение, что предки русскоустыинцев были сосланные на Север бояре [32, 33], но в то время ссылка происходила по суше с конфискацией всего имущества. Однако в преданиях русских старожилов рассказывается о больших семьях, прибывших на кочах со всем домашним скарбом и даже животными. По другой версии предками русскоустыинцев могли быть поморы, проживавшие на территории современной Архангельской области на Севере России. В пользу этой гипотезы свидетельствует обнаружение стоянки полярных моряков на восточном побережье Таймырского полуострова [34]. Известно то, что морской путь был знаком поморам уже с XV в. или даже раньше, по крайней мере еще до распространения с XVI в. типа судна “кочи”, более приспособленного для арктического плавания. Это был более сложный, но гораздо более короткий путь, чем сухопутный, и позволял исследовать не только север Западной Сибири, но даже доплыть до арктического побережья Средней и Восточной Сибири. В XVII в. значение северного морского пути уменьшилось

и о нем почти забыли, а к арктическому и тихоокеанскому побережьям стали проникать южными сухопутными путями – через Сибирь [35]. Причины переселения русских на Индигирку могли быть разными, но датировка их прихода (первая четверть XVII в.) предшествует первому приходу казаков в Восточную Сибирь в 1632 г.

Вторая волна – казаки. По официальным данным, появление первых русских на р. Индигирке связано с походом тобольского казачьего поручика Ивана Реброва, который со своим отрядом прошел морем до устья р. Индигирки “для прииску новых земель” и заложил ясачное зимовье Уяндинское (по имени местного юкагирского князя Уянды), впоследствии ставшее острогом [33]. В августе 1638 г. его отряд построил зимовье, которое впоследствии превратилось в поселение Русское Устье [3, 33, 36]. Русское Устье впервые документально упоминается в морском журнале лейтенанта Дмитрия Лаптева, участника экспедиции Витуса Беринга, в 1739–1740 гг. [37].

Третья волна – “пришлые”. Из рукописных источников известно, что в начале XIX в. население Русского Устья было пополнено жителями небольшого города Зашиверск – административного центра, расположенного выше по течению р. Индигирки [33]. Часть жителей этого города переселилась в Русское Устье из-за жесточайшей

эпидемии оспы. Зашиверск был упразднен в 1805 г. и полностью опустел к 1863 г. [38].

С другой стороны, из письменных источников известно, что с начала XVII в. началось активное освоение русскими бассейна р. Индигирка. В первые годы включения этой территории в границы Российской империи здесь шел довольно массовый приток русского населения, заинтересованного обилием пушного зверя и мамонтовой кости. По данным, собранным из таможенных документов 40-х годов XVII в., охотники-звероловы составляли 90% от общего числа русских людей, переселившихся на север Якутии в низовья рек Лены, Индигирки, Колымы, Оленека [39]. Археолог и этнограф Е.А. Строгова, исследовавшая формирование арктического русского населения по ревизским сказкам и метрическим книгам, пришла к выводу, что основой для образования постоянного русского населения на севере Якутии были не казаки, а охотники-промысловики (промышленные люди). По мнению Е.А. Строговой, подавляющее большинство мигрантов на север Якутии этого времени были выходцами из восточных районов Русского Севера и Предуралья [39]. Больше всего было выходцев из Великого Устюга (24%), остальные районы восточной части Русского Севера представлены по 4–8%, новгородцы – всего 1%. Выходцы из Центральной России составляли 5%, с западных окраин России – 1%, а из других регионов Сибири – 4% [39].

Существование второй и третьей волны заселения Русского Устья не подвергается сомнению, однако первая волна является гипотетической, поскольку не подтверждается официальными документами. Однако в пользу существования первой волны, связанной с поморами, свидетельствуют следующие наблюдения исследователей. Одним из сторонников, поддерживающих версию северного морского пути из Белого моря в море Лаптевых, был Б.О. Долгих, которым опубликована статья, где среди находок на северном острове Фаддея в 1940 г. упоминались шахматные фигурки и по обнаруженным на этом острове монетам все эти находки были отнесены к 1617–1620 годам, до прихода казаков [34, 40].

Весомый аргумент в пользу поморской версии происхождения был недавно получен в силу отличной сохранности уникального древнерусского языка в фольклоре XVI в. русскоустынцами. Язык и фольклор Русского Устья являются историческим памятником древнерусской культуры XVI–XVII вв.; некоторые исследователи относят его даже к XV в. Уникальное явление сохранившегося древнерусского диалекта впервые было освещено в литературе В.М. Зензиновым [6, 41].

Сохранение в течение длительного времени архаизмов старорусского языка и фольклора XVI в. было обусловлено пребыванием “в консервации” из-за отдаленности и глухой изоляции от генерального развития русской культуры.

Результаты анализа линий Y-хромосомы по трем группам: “поморы”, “казаки” и “зашиверцы” также указывают на вероятность существования первой волны мигрантов. Среди жителей с. Русское Устье, относящих происхождение своих родов по отцовской линии к потомкам поморов, выявлены две сестринские линии гаплогруппы N3 – N3a4-Z1936 (85.7%) и N3a1-B211 (14.3%) (табл. 1), которые отсутствуют в генофонде соседних народов Якутии и Чукотки [23], но встречаются в популяциях Русского Севера и у финноязычных народов Финляндии и Карелии [17]. Доминирующая среди потомков поморов субгаплогруппа N3a4-Z1936 считается нехарактерной для славянских популяций в целом, однако с более высокими частотами она встречается у северных русских Архангельской и Вологодской областей. Линия N3a4-Z1936 также была обнаружена у новгородцев, но с намного меньшими частотами [29].

Результаты широкогеномного анализа указывают на примерно равное соотношение европейского и сибирского компонентов в генофонде русскоустынцев (рис. 1). Из соседних популяций по соотношению генетических компонентов наиболее близки к русскоустынцам юкагиры. Ранее было установлено, что большую часть митохондриального генофонда русских старожилов полярного севера (в том числе жителей Русского Устья) составляют гаплотипы мтДНК, характерные для юкагиров [7]. Наибольшим разнообразием в этой выборке характеризовались восточно-евразийские гаплогруппы C и D. Из 14 гаплотипов, относящихся к семи гаплогруппам, были выявлены только две линии (H2a – 6.3%, U4a1 – 3.1%) западно-евразийского происхождения. При более глубоком анализе сиквенсов мтДНК было установлено, что H2a-линия русских старожилов отличалась уникальным набором мутаций в позициях: 73, 4350, 5460, 8709, представляя собой отдельный субкластер гаплогруппы H [7].

Таким образом, содержание европейского компонента русскоустынцев по линиям мтДНК незначительно и составляет 9.4% [7], тогда как по линиям Y-хромосомы – 83.4% [8], что полностью соответствует историческим данным. Этнограф Б.О. Долгих констатировал, что “на всем огромном пространстве юкагирской земли от Лены до Анадыря и у служилых, и у промышленных людей были жены юкагирки” [5]. К середине XVIII в. сформировалось смешанное потомство – особая общность, в жизни которой равнозначными домини-

нантами стали русский язык, православие, русский фольклор, а с другой стороны, свойственные аборигенам края быт охотников-рыболовов, почитание духов-хозяев окружающей природной среды, и унаследованные от предков материнского рода жизненные каноны и мифологические представления [1, 3].

Среди старожилов арктического побережья Якутии, относящих себя к потомкам поморов, зарегистрировано преобладание линии Y-хромосомы — N3a4-Z1936 (85.7%), распространенной преимущественно на северо-востоке Европы (Финляндия, Русский Север), которая отсутствует у соседних народов Восточной Сибири. По данным широкогеномного анализа, генофонд русских старожилов характеризуется специфическими особенностями, отличающими его от соседних популяций Восточной Сибири, и демонстрирует принадлежность в равной степени к двум различным кластерам — европейскому и сибирскому. По соотношению данных компонентов из соседних популяций наиболее близки к русскоустыинцам юкагиры. Результаты исследования свидетельствуют в большей степени в пользу существования первой волны поселенцев, выходцев из Русского Севера, и полностью соответствуют историческим данным, указывающим на частое заключение смешанных браков русских мужчин с женщинами-юкагирками.

Работа выполнена в рамках Государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ (FSRG-2023-0003) “Генетические особенности населения Северо-Востока России: реконструкция генетической истории, механизмы адаптации и старения, возраст-зависимые и наследственные заболевания”, при поддержке гранта РНФ № 22-12-20036: “Русские старожилы Якутии: история и социально-культурная антропология в контексте российской государственности в Арктике”.

Все процедуры, выполненные в исследовании с участием людей, соответствуют этическим стандартам институционального и/или национального комитета по исследовательской этике и Хельсинкской декларации 1964 года и ее последующим изменениям или сопоставимым нормам этики.

От каждого из включенных в исследование участников было получено информированное добровольное согласие.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Никитина С.Е.* Русские арктические старожилы Республики Саха (Якутия): проблемы сохранения уникальной культуры // Русские арктические ста-

рожины Якутии: Сб. науч. статей. Якутск: ИГИИПМНС, 2019. С. 16–33.

2. https://rosstat.gov.ru/vpn_popul, Таблица 5.
3. *Вахтин Н.Б., Головкин Е.В., Швайцлер П.В.* Русские старожилы Сибири: социальные и символические аспекты самосознания. М.: Новое изд-во, 2004. 296 с.
4. *Аксанова Г.А.* Русские старожилы р. Индигирки и р. Колымы: антропологический феномен // Русские арктические старожилы Якутии: Сб. науч. статей. Якутск: ИГИИПМНС, 2019. С. 122–159.
5. *Долгих Б.О.* Родовой и племенной состав народов Сибири в XVII веке. М.: Изд-во АН СССР, 1960. 622 с.
6. *Баширов М.Б., Строгова Е.А.* Русские в Якутии: начало “эпохи этнических контактов” // История Якутии. В 3-х томах. Новосибирск: Наука, 2020. Т. 1. С. 466–474.
7. *Сукерник Р.И., Володько Н.В., Мазунин И.О.* Генетическая история русских старожилов полярного севера Восточной Сибири по результатам анализа изменчивости мтДНК // Генетика. 2010. Т. 46. № 11. С. 1571–1579.
8. *Борисова Т.В., Соловьев А.В., Чердонова А.М. и др.* Анализ линий Y-хромосомы русских старожилов арктического побережья Якутии // Якутский мед. журн. 2022. № 3. С. 71–73. <https://doi.org/10.25789/YMJ.2022.79.19>
9. *Solovyev A.V., Borisova T.V., Cherdonova A.M. et al.* The russian old-settlers in the arctic coast of Eastern Siberia: Family name diversity in the context of their origin // Sustainability. 2021. 13. <https://doi.org/10.3390/su131910895>
10. *Mathew C.G.* The isolation of high molecular weight eukaryotic DNA // Methods Mol. Biol. 1985. V. 2. P. 31–34. <https://doi.org/10.1385/0-89603-064-4:31>
11. *Underhill P.A., Passarino G., Lin A.A. et al.* The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations // Annals Hum. Genet. 2001. V. 65(1). P. 43–62. <https://doi.org/10.1046/j.14691809.2001.6510043.x>
12. *Cinnioğlu C., King R., Kivisild T. et al.* Excavating Y chromosome haplotype strata in Anatolia // Hum. Genet. 2004. V. 114(2). P. 127–148. <https://doi.org/10.1007/s00439>
13. *Karafet T.M., Mendez F.L., Meilerman M.B. et al.* New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree // Genome Res. 2008. V. 18(5). P. 830–838. <https://doi.org/10.1101/gr.7172008>
14. *Hinds D.A., Stuve L.L., Nilsen G.V. et al.* Whole genome patterns of common DNA variation in three human populations // Science. 2005. V. 307. P. 1072–1079. <https://doi.org/10.1126/science.1105436>

15. *Karafet T.M., Osipova L.P., Gubina M.A. et al.* High levels of Y chromosome differentiation among native Siberian populations and the genetic signature of a boreal hunter gatherer way of life // *Hum. Biol.* 2002. V. 74. P. 761–789.
<https://doi.org/10.1353/hub.2003.0006>
16. International Society of Genetic Genealogy. Y DNA Haplogroup Tree 2019, Version: [15.73], Date: [11 July 2020], <http://www.isogg.org/tree/> [Date of access: 10.06.2021].
17. *Karmin M., Saag L., Vicente M. et al.* A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture // *Genome Res.* 2015. V. 25. P. 459–466.
<https://doi.org/10.1101/gr.186684.114>
18. *Li C., Li M., Long J.R. et al.* Evaluating cost efficiency of SNP chips in genome-wide association studies // *Genet Epidemiol.* 2008. V. 32(5). P. 387–395.
<https://doi.org/10.1002/gepi.20312>
19. *Rasmussen M., Li Y., Lindgreen S., Pedersen J.S. et al.* Ancient human genome sequence of an extinct Paleo-Eskimo // *Nature.* 2010. V. 463. P. 757–762.
<https://doi.org/10.1038/nature08835>
20. *Behar D.M., Yunusbayev B., Metspalu M. et al.* The genome-wide structure of the Jewish people // *Nature.* 2010. V. 466(7303). P. 238–242.
<https://doi.org/10.1038/nature09103>
21. *Yunusbayev B., Metspalu M., Metspalu E. et al.* The genetic legacy of the expansion of Turkic-speaking nomads across Eurasia // *PLoS Genet.* 2015. V. 11(4).
<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005068>
22. *Metspalu M., Romero I., Yunusbayev B. et al.* Shared and unique components of human population structure and genome-wide signals of positive selection in South Asia // *Am. J. Hum. Genet.* 2011. V. 89. P. 731–744.
<https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2011.11.010>
23. *Fedorova S.A., Reidla M., Metspalu E. et al.* Autosomal and uniparental portraits of the native populations of Sakha (Yakutia): Implications for the peopling of Northeast Eurasia // *BMC Evol. Biol.* 2013. V. 13.
<https://doi.org/10.1186/1471-2148-13-127>
24. *Raghavan M., Skoglund P., Graf K.E. et al.* Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans // *Nature.* 2014. V. 505(7481). P. 87–91.
<https://doi.org/10.1038/nature12736>
25. *Behar D.M., Metspalu M., Baran Y. et al.* No evidence from genome-wide data of a Khazar origin for the Ashkenazi Jews // *Hum. Biol.* 2013. V. 85(6). P. 859–900.
<https://doi.org/10.3378/027.085.0604>
26. *Manichaikul A., Mychaleckyj J.C., Rich S.S. et al.* Robust relationship inference in genome-wide association studies // *Bioinformatics.* 2010. V. 26(22). P. 2867–2873.
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq559>
27. *Alexander D.H., Novembre J., Lange K.* Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals // *Genome Res.* 2009. V. 19. P. 1655–1664.
<https://doi.org/10.1101/gr.094052.10919648217>
28. *Ilumäe A.M., Reidla M., Chukhryaeva M. et al.* Human Y chromosome haplogroup N: A non-trivial time-resolved phylogeography that cuts across language families // *Am. J. Hum. Genet.* 2016. V. 99. P. 163–173.
<https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>
29. *Балановская Е.В., Агджоян А.Т., Схалыхо Р.А. и др.* Генофонд Новгородцев: между Севером и Югом // *Генетика.* 2017. Т. 53. № 11. С. 1338–1348.
30. *Чухряева М.И., Павлова Е.С., Непольских В.В. и др.* Сохранились ли следы финно-угорского влияния в генофонде русского населения Ярославской области? Свидетельства Y хромосомы // *Генетика.* 2017. Т. 53. № 3. С. 378–389.
31. *Балановский О.П.* Генофонд Европы. М.: Тов-во науч. изд. КМК, 2015. 354 с.
32. *Скворцов Е.Ф.* В прибрежных тундрах Якутии: дневник астронома Ленско-Колымской экспедиции // *Тр. комиссии по изучению Якутии.* Т. 15: Ленско-Колымская экспедиция 1909 года под начальством К.А. Воллосовича. Л., 1930. С. 1–244.
33. *Алексеев А.Н.* Первые русские поселения XVII–XVIII вв. на северо-востоке Якутии. Новосибирск: Изд-во Ин-та археологии и этнографии СО РАН, 1996. 152 с.
34. Сибирь в контексте русской модели колонизации (XVII–начало XX вв.). Сборник научных статей. СПб.: МАЭ РАН, 2014. С. 68–123.
35. *Чикачев А.Г.* Русские на Индигирке: историко-этнографический очерк. Новосибирск, 1990. 196 с.
36. *Васильев В.Л.* К вопросу о связях севернорусских говоров с говором села Русское Устье на северо-востоке Якутии // *Сев. говор.* 2017. Т. 16. С. 63–75.
37. *Никитина С.Е.* Формирование сельского русского населения Якутии в коммуникативном пространстве Российского государства в эпоху Петра I // *Петербургский ист. журн.* 2023. № 1(37). С. 21–32.
38. *Окладников А.П., Гоголев З.В., Ащепков Е.А.* Древний Зашиверск. Древнерусский заполярный город. М.: Наука, 1977. 212 с.
39. *Строгова Е.А.* Формирование постоянного русского населения и образование этнической территории на севере Якутии в XVII–XVIII вв. // *Русские арктические старожилы Якутии: Сб. науч. статей.* Якутск: ИГИИПМНС, 2019. С. 7–15.
40. *Долгих Б.О.* Новые данные о плавании русских северным морским путем в XVII веке // *Проблемы Арктики.* 1943. Т. 2. С. 195–227.
41. *Зензинов В.М.* Старинные люди у холодного океана: Русское Устье Якутской области Верхоянского округа. М.: Типография П.П. Рябушинского, 1914. 122 с.

The Genetic History of the Russian Old Settlers of the Arctic Coast of Yakutia from the Village Russkoye Ust'ye

A. V. Solovyev^a, T. V. Borisova^a, G. P. Romanov^a, F. M. Teryutin^{a, b}, V. G. Pshennikova^{a, b}, S. E. Nikitina^c,
A. N. Alekseev^{a, c}, N. A. Barashkov^{a, b}, and S. A. Fedorova^{a, b, *}

^a*Ammosov North-Eastern Federal University, Yakutsk, 677013 Russia*

^b*Yakut Scientific Center of Complex Medical Problems, Yakutsk, 677018 Russia*

^c*Institute for Humanities Research and Problems of Indigenous Peoples of the North, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Yakutsk, 677027 Russia*

**e-mail: sardanaafedorova@mail.ru*

There are various hypotheses on the origin and time of the appearance of Russian settlements in the Arctic Ocean shores of Eastern Siberia. In order to study the history of the formation of the Russian old-settlers of Yakutia, we analyzed the lineages of the Y-chromosome in three groups of residents of the village of Russkoye Ust'ye, located in the delta of the Indigirka River ("Pomors", "Cossacks" and "Zashivertsy"), comparable with the main migration waves of settlement of Russians on the Arctic coast of Eastern Siberia. For the first time, the characteristic features of the genetic structure of the population of Russkoustinians are described by the data of a genome-wide analysis of 740,000 single nucleotide polymorphisms. The results of the study to a greater extent testify in favor of the "Pomor" hypothesis of the origin of the Russkoustinians.

Keywords: Russian old-settlers, genetic history, Y-chromosome, genome-wide analysis.