

РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК
Музей антропологии и этнографии им. Петра Великого (Кунсткамера)

В ПОИСКАХ НЕСЛУЧАЙНОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ

*Сборник статей в честь 90-летия
Генриэтты Леонидовны Хить*



НЕСТОР-ИСТОРИЯ

Санкт-Петербург

2020

УДК 572.08+572.2
ББК 28.71

В поисках неслучайной изменчивости. Сборник статей в честь 90-летия Генриэтты Леонидовны Хить / Отв. ред. И.Г. Широбоков. – СПб.: Нестор-История, 2020. – 173 с.

ISBN

В сборнике в честь юбилея выдающегося российского антрополога Генриэтты Леонидовны Хить представлены статьи ее коллег и друзей. Тематика исследований отражает основные научные интересы Г.Л. Хить, в числе которых дерматоглифика и популяционные аспекты физической антропологии. Книга рассчитана на антропологов, историков и археологов, а также представителей смежных дисциплин.

*Ответственный редактор
к.и.н. И.Г. Широбоков (МАЭ РАН)*

*Рецензенты
к.и.н. А.В. Громов (МАЭ РАН)
д.и.н. Н.А. Дубова (ИЭА РАН)*

*Книга утверждена к печати
на заседании Ученого совета МАЭ РАН*

В оформлении обложки использована фотография Г.Л. Хить

РОССИЙСКАЯ АНТРОПОЛОГИЯ

СОДРУЖЕСТВО ФИЗИЧЕСКИХ АНТРОПОЛОГОВ РОССИИ



*Издание осуществлено при финансовой поддержке
интернет-портала Rusanthropology.ru*

© Авторы



СОДЕРЖАНИЕ

Предисловие	5
-------------	---

О Генриэтте Леонидовне Хить

<i>Широбоков И.Г.</i> В поисках ключевых признаков	9
--	---

Дерматоглифика

<i>Шпак Л.Ю., Юдина А.М., Славолубова И.А.</i> Папиллярные узоры средних и проксимальных фаланг пальцев в системе дерматоглифических признаков кисти	14
--	----

<i>Евтеев А.А., Сантуш П., Грошева А.Н., Широбоков И.Г.</i> Корреляции генетических и дерматоглифических межгрупповых расстояний в Северной Евразии	34
---	----

<i>Звягин В.Н., Галицкая О.И., Ракитин В.А.</i> Новые подходы к установлению родства по дерматоглифическим узорам дистальных фаланг пальцев рук	53
---	----

<i>Марфина О.В., Полина Н.И., Каспарова Е.Н.</i> Развитие дерматоглифических исследований в Республике Беларусь	81
---	----

Антропология рас и популяций

<i>Батиева Е.Ф., Кашибадзе В.Ф.</i> К антропологии средневекового населения Северо-Западного Кавказа (по материалам могильника Аушедз)	96
--	----

<i>Нечвалода А.И., Куфтерин В.В.</i> Таджики Нижнего Каратегина: индивидуальные графические портреты по черепам из Сичарога	116
---	-----

Люди и языки

<i>Козинцев А.Г.</i> О прародине носителей евразийских языков	142
---	-----

Сведения об авторах	171
---------------------	-----

А.А. Евтеев, П. Сантуш, А.Н. Грошева, И.Г. Ширококов

КОРРЕЛЯЦИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ И ДЕРМАТОГЛИФИЧЕСКИХ МЕЖГРУППОВЫХ РАССТОЯНИЙ В СЕВЕРНОЙ ЕВРАЗИИ

В статье представлены результаты анализа матриц межгрупповых расстояний, полученных по генетическим и дерматоглифическим признакам различных этнических групп населения Северной Евразии. Для расчетов использованы средневыворочные значения пяти ключевых признаков дерматоглифики, независимость и дифференцирующие возможности которых показаны Г.Л. Хить, а также информация об аутомомных SNP маркерах и основном гаплогруппах мтДНК и Y-хромосома. Показано, что вариабельность дерматоглифических признаков в большей степени коррелирует с аутомомными маркерами, нежели однородительскими. Наиболее высокие корреляции характеризуют матрицы, рассчитанные для населения Северной Евразии в целом. На региональном уровне наиболее тесные связи между двумя системами признаков прослежены в Северо-Восточной Европе, наиболее слабые – в Южной Европе и Средиземноморье. Отчасти эта картина может объясняться региональной вариативностью дифференцирующей способности ключевых признаков дерматоглифики. Отчасти на нее повлияли неполное совпадение состава дерматоглифических и генетических выборок, а также возможные межисследовательские расхождения в оценке значений дерматоглифических признаков.

Ключевые слова: генетика, дерматоглифика, Северная Евразия

Введение

Вопрос о соотношении генетических и разного рода морфологических межгрупповых расстояний неизменно вызывает интерес антропологов, начиная с появления первых генетических классификаций человечества [см. Boyd, 1950, 1958; Cavalli-Sforza, Bodmer, 1971]. Одним из возможных путей интеграции данных популяционной генетики и антропологии и анализа филогенетической ценности антропологических признаков является прямое сопоставление генетических и морфологических межгрупповых расстояний с помощью подсчета корреляции между ними.

В 1950-70-х гг. было проведено множество исследований, в которых сопоставлялась изменчивость классических генетических маркеров и различных систем антропологических признаков [см. обзоры в: Relethford, Lees, 1982 и Jorde, 2000]. Большинство этих работ проводилось на локальном уровне, хотя степень разнообразия и изоляции исследуемых популяций отличалась в каждом случае. Как правило, корреляции генетических и антропологических расстояний не превышают среднего уровня, наиболее типичные значения коэффициентов колеблются от 0.2 до 0.5.

После достаточно большого перерыва, в течение которого публикации по рассматриваемой тематике выходили относительно редко, с середины 2000-х годов начинается новый период интереса к сопоставлению генетических и антропологических данных, связанный с появлением в открытом доступе баз данных по однородительским, а затем и по аутосомным маркерам. Подавляющая часть этих исследований связана с изучением черепа и зубной системы [см. Моисеев, де ла Фуенте, 2016; Ricaut et al., 2010; von Cramon-Taubadel, 2014; 2016; Herrera et al., 2014; Hubbard et al., 2015; Smith, von Cramon-Taubadel, 2015; Reyes-Centeno et al., 2016; Smith et al., 2016; Evteev, Movsesian, 2016; New, 2018].

Результаты первых [Roseman, 2004; Harvati, Weaver, 2006] и последующих (см. выше) работ показали, что краниометрические и

генетические расстояния связаны на глобальном уровне довольно высокой корреляцией, порядка 0.6-0.8. Эти результаты были восприняты с большим оптимизмом как подтверждение «работоспособности» краниологических данных [von Cramon-Taubadel, 2014]. Однако последующие исследования показали, что сила корреляции существенно варьирует в зависимости от ряда факторов, важнейшим из которых является уровень сопоставления. Общая закономерность заключается в том, что при понижении этого уровня (с глобального на континентальный, с континентального на локальный) сила связи существенно уменьшается [Евтеев, 2020; Evtееv et al., 2020].

Сопоставление генетических расстояний с дерматоглифическими проводилось в ряде работ [Neel et al., 1974; Friedlaender, 1975; Rothhammer et al., 1977; Lemza, Galaktionov, 1982; Crawford, Duggirala, 1992; Reddy et al., 2000; Siváková et al., 2007], однако использовались только классические серологические маркеры. Кроме этого, коэффициенты корреляций подсчитывались только в некоторых из упомянутых исследований [Neel et al., 1974; Friedlaender, 1975; Rothhammer et al., 1977; Crawford, Duggirala, 1992; Reddy et al., 2000]. Сопоставление картин дифференциации популяций по дерматоглифическим признакам и генетическим маркерам разных типов с использованием современных данных остается актуальной задачей.

В данном исследовании изложены результаты сравнения обобщенных дерматоглифических расстояний (ОДР), рассчитываемых по пяти ключевым признакам [Хить, 1983], с генетическими дистанциями по однородительским (митохондриальная ДНК и Y-хромосома) и аутосомным маркерам. Сопоставление данных осуществлялось на нескольких территориальных уровнях. Корреляции были рассчитаны:

- для населения Северной Евразии в целом;
- отдельно для европеоидных и монголоидных групп;

- для локальных групп Северо-Восточной Европы, Южной Европы и Средиземноморья, Северной Азии.

Материал и методы

Данные о популяциях, использованных в анализе, представлены в табл. 1. Основу дерматоглифических материалов составили данные, опубликованные в монографиях Г.Л. Хить [Хить, 1983; Хить, Долинова, 1990]. Сведения по отдельным этническим группам были дополнены информацией из более поздних публикаций [Долинова, 1999; Хить, Долинова, 2000; Хить, 2008; Широбоков, 2009]. Данные по дерматоглифике итальянцев полностью заимствованы из публикаций Э. Гуальди-Руссо [Gualdi-Russo et al., 1982; Gualdi-Russo, 1987].

Матрица ОДР подсчитывалась по принятой в отечественной дерматоглифике методике, впервые предложенной Г.Л. Хить [Хить, 1983]. При ее расчетах учитываются среднегрупповые значения пяти ключевых признаков: DI_{10} , Ic , t , Hu , DMT . Межгрупповые F_{st} по аутосомным SNP маркерам подсчитывались методом Вейра и Кокерхэма [Weir, Cockerham, 1984] с использованием программы 4P [Benazzo et al., 2015]. Расстояния между 21 популяцией, использованные в проведенных анализах, основаны на 50 786 SNP полногеномной панели Affymetrix [см. Евтеев, 2020; Evteev et al., 2020]. Суммарно было проанализировано 1093 образца, генотипированных по этой панели. Расстояния по Кавалли-Сфорце [Cavalli-Sforza, Edwards, 1967] по данным о частотах 19 основных гаплогрупп Y-хромосомы и 29 основных гаплогрупп митохондриальной ДНК были подсчитаны для 26 и 27 из исследованных популяций, соответственно [см. Евтеев, 2020; Evteev et al., 2017]. Суммарно для расчета генетических расстояний по митохондриальной ДНК было привлечено 6965 образцов, по Y-хромосоме - 6012 образцов.

Таблица 1. Данные по дерматоглифике и разным системам генетических маркеров для исследованных популяций.

Серия	ОДР (27)	SNP (21)	Y-хромосома (26)	мтДНК (27)	Регион
Абхазы	+	+	+	+	"Европа"/"Юж.Европа и Сред."
Адыгейцы	+	+	+	+	"Европа"/"Юж.Европа и Сред."
Армяне	+	+	+	+	"Европа"/"Юж.Европа и Сред."
Болгары	+	+	+	+	"Европа"/"Юж.Европа и Сред."
Итальянцы	+	+	+	+	"Европа"/"Юж.Европа и Сред."
Карелы	+	-	+	+	"Европа"/"Сев.-Вост. Европа"
Коми	+	-	+	+	"Европа"/"Сев.-Вост. Европа"
Латыши	+	-	+	+	"Европа"/"Сев.-Вост. Европа"
Мордва	+	+	+	+	"Европа"/"Сев.-Вост. Европа"
Осетины	+	+	+	+	"Европа"/"Юж.Европа и Сред."
Русские*	+	+	+	+	"Европа"/"Сев.-Вост. Европа"
Саамы	+	-	+	+	"Европа"/"Сев.-Вост. Европа"
Турки	+	+	+	+	"Европа"/"Юж.Европа и Сред."
Украинцы	+	+	+	+	"Европа"/"Сев.-Вост. Европа"
Финны суоми	+	+	+	+	"Европа"/"Сев.-Вост. Европа"
Буряты	+	+	+	+	"Азия"/"Северная Азия"
Китайцы/ дунгане**	+	+	+	+	"Азия"/"Восточная Азия"
Манси	+	+	+	+	"Азия"/"Северная Азия"
Монголы	+	+	+	+	"Азия"/"Северная Азия"
Тувинцы	+	+	+	+	"Азия"/"Северная Азия"
Ульчи	+	+	+	+	"Азия"/"Северная Азия"
Ханты	+	-	+	+	"Азия"/"Северная Азия"
Чукчи	+	+	-	+	"Азия"/"Северная Азия"
Эвенки	+	-	+	+	"Азия"/"Северная Азия"
Эскимосы	+	+	+	+	"Азия"/"Северная Азия"
Якуты	+	+	+	+	"Азия"/"Северная Азия"
Японцы	+	+	+	+	"Азия"/"Восточная Азия"

* - учитывались данные по русскому населению центральных районов Европейской части России; ** дунгане - по данным дерматоглифики, северные китайцы - по всем системам генетических маркеров.

Основным методом, применявшимся для сопоставления матриц генетических и дерматоглифических расстояний, был тест Мантеля [Mantel, 1967; Smouse, Long, 1992]. Он представляет собой линейную корреляцию соответствующих элементов двух матриц, достоверность которой тестируется непараметрически, методом перестановок. Тесты Мантеля подсчитывались в программе PAST [Hammer et al., 2001], где в качестве меры сходства ("similarity measure") всегда использовалась опция "user distance" и проводилось 9999 перестановок для тестирования статистической значимости связи. Анализировались мужские и женские дерматоглифические выборки отдельно, а также выборки без разделения по полу.

Поскольку задачей исследования было изучение взаимосвязи межгрупповых расстояний на разных таксономических уровнях, а также расовой и территориальной вариабельности этой взаимосвязи, общая выборка (27 дерматоглифических серий, "Евразия") была разделена на две подвыборки: "Европа", включающая 14 европеоидных серий с территории Европы, Передней Азии и Кавказа, и "Азия", включающая 12 монголоидных серий с территории Северной и Восточной Азии (табл.1). Далее обе подвыборки были поделены на две части каждая: "Европа" – на "Северо-Восточную Европу" (7 серий) и "Южную Европу и Средиземноморье" (7 серий), "Азия" – на "Северную Азию" (10 серий) и "Восточную Азию" (2 серии) (табл. 1). Подвыборка "Восточная Азия" отдельно не рассматривалась. Учитывая специфику истории формирования антропологического состава саамов и их возможное метисное происхождение [Хартанович, 1980; Хить, 1991], анализы европейских подвыборок ("Европа" и "Северо-Восточная Европа") проводились без привлечения данной группы. В анализе данных по митохондриальной ДНК также исключалась выборка карел, чрезвычайно резко отличающаяся от остальных европейских популяций.

Таблица 2. Корреляции между матрицами обобщенных дерматоглифических и генетических расстояний (аутосомные маркеры).

Регион	Аутосомные маркеры			Y-хромосома			Митохондриальная ДНК		
	♂	♀	♂+♀	♂	♀	♂+♀	♂	♀	♂+♀
Евразия	0.75**	0.74**	0.78**	0.46**	0.43**	0.47**	0.61**	0.64**	0.66**
Европа	0.40**	-0.14	0.15	0.30**	0.12	0.25*	0.12	-0.24	-0.07
Азия	-0.12	0.37	0.12	0.18	0.37*	0.23*	-0.04	0.29	0.12
Южная Европа и Средиземноморье	0.09	-0.42	-0.19	-0.38	0.20	-0.05	-0.16	-0.43	-0.31
Северо-Восточная Европа	0.91	0.85*	0.87	-0.08	-0.16	-0.11	0.23	0.26	0.33
Северная Азия	-0.18	0.44	0.11	-0.10	0.05	-0.16	-0.08	0.38*	0.14

* $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$

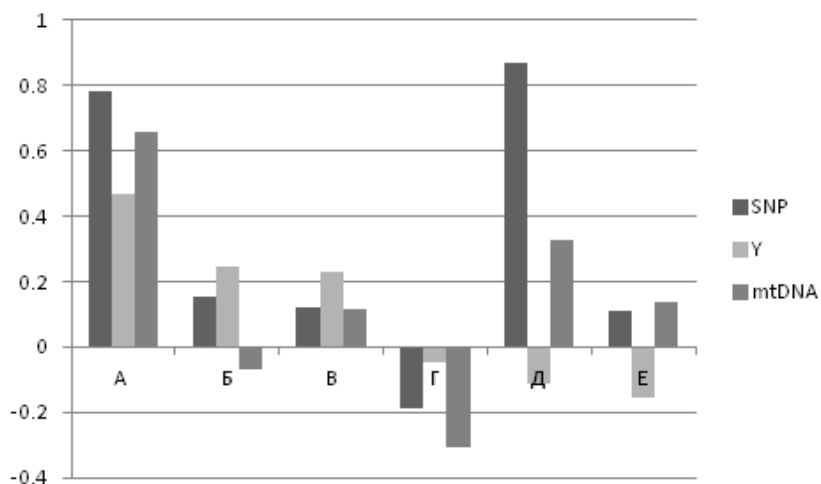


Рисунок 1. Корреляции между матрицами ОДР и генетических расстояний (выборки без разделения по полу).

А – Евразия; Б – Европа; В – Азия; Г – Северо-Восточная Европа;
Д – Южная Европа и Средиземноморье; Е – Северная Азия.

Результаты и обсуждение

Коэффициенты матричной корреляции между ОДР и генетическими расстояниями, подсчитанными для различных систем маркеров, приведены в табл. 2 и представлены графически на рис. 1-3.

При рассмотрении общего набора выборок, представляющих Северную Евразию в целом, связи между дерматоглифическими и генетическими межгрупповыми расстояниями оказались весьма значительными: были получены корреляции среднего уровня – для однородительских маркеров, высокого уровня – для аутосомных маркеров. Такой результат характерен для тех исследований, авторы которых проводили сопоставление данных генетики и фенотипических признаков разного рода на глобальном уровне [см. Моисеев, де ла Фуенте, 2016; Ricaut et al., 2010; von Cramon-Taubadel, 2014; 2016; Herrera et al., 2014; Hubbard et al., 2015; Smith, von Cramon-Taubadel, 2015; Reyes-Centeno et al., 2016; Smith et al., 2016; Evteev, Movsesian, 2016; Rathmann et al., 2017; New, 2018; Evteev et al., 2020]. Похожая закономерность была ранее установлена и для признаков дерматоглифики [Rothhammer et al., 1977]. Возможно, что результаты этих исследований отражают глубину дифференциации основных подразделений человечества, больших рас, которая устойчиво проявляется во всех генотипических и фенотипических признаках. То, что аутосомные маркеры по всем данным сильнее связаны с полигенными антропологическими признаками, нежели однородительские маркеры, вероятно, является следствием сходных механизмов наследования: действия многочисленных локусов, в целом равномерно распределенных по разным частям генома. Интересно, что ни в одном из рассмотренных регионов не наблюдается повышения величины корреляции дерматоглифических расстояний между женскими выборками с дистанциями, рассчитанными по митохондриальной ДНК, а ОДР у мужчин – с расстояниями по Y-хромосоме.

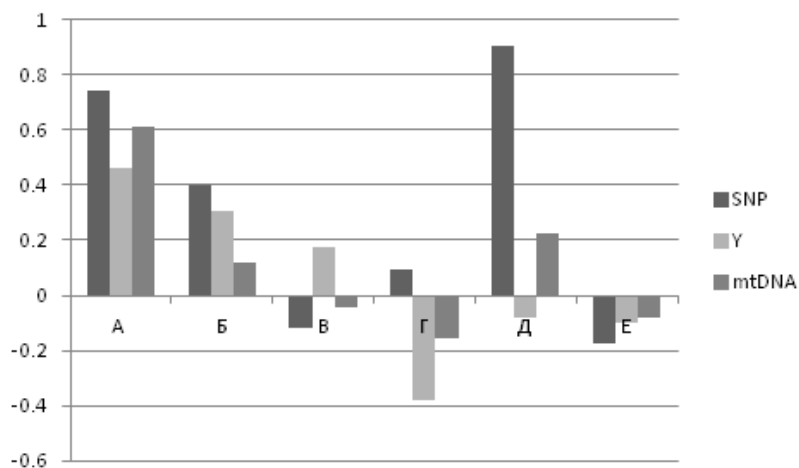


Рисунок 2. Корреляции между матрицами обобщенных дерматоглифических и генетических расстояний (мужчины).
См. обозначения в подписи к рис.1.

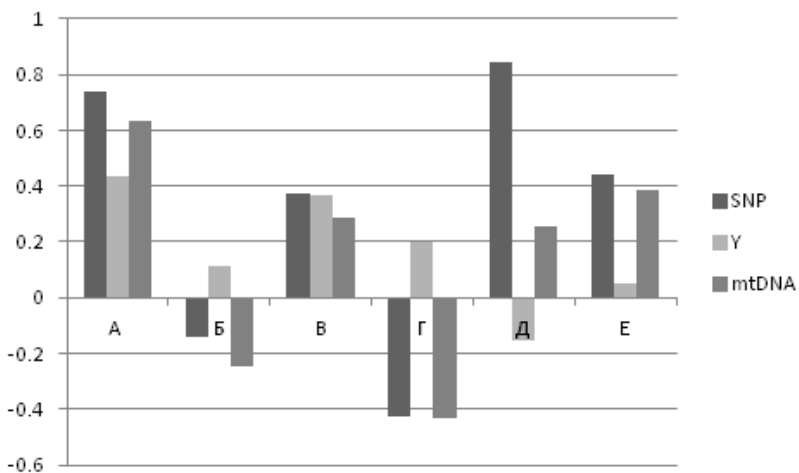


Рисунок 3. Корреляции между матрицами обобщенных дерматоглифических и генетических расстояний (женщины).
См. обозначения в подписи к рис.1.

Однако различия больших рас хорошо известны, не вызывают сомнений и не нуждаются в дальнейших подтверждениях, тогда как вопрос о связи морфологической и генетической дифференциации на более низких уровнях представляет гораздо больший, в т.ч. практический интерес. От решения этого вопроса зависит, насколько оправдано использование тех или иных фенотипических признаков для реконструкции популяционной истории и популяционных взаимосвязей. Как указывалось выше, опубликованные данные показывают, что при переходе с глобального (межрасового) уровня сопоставления на более низкий, сила связи генетических и фенотипических расстояний резко ослабевает [см. обзор краниологических работ в: Евтеев, 2020]. Точнее говоря, сила этой связи пропорциональна общему уровню генетической и фенотипической дифференциации в рассматриваемом регионе: если он низок, то и связи расстояний по двум системам невысоки [см. также Leinonen et al., 2013]. Для признаков дерматоглифики на локальном уровне были получены коэффициенты корреляции в диапазоне от 0.1 до 0.3 при сопоставлении племен и локальных популяций Южной Америки [Neel et al., 1974; Rothhammer et al., 1977], острова Бугенвилль [Friedlaender, 1975], племен Северо-Западной Индии [Reddy et al., 2000]. Более высокие коэффициенты ($r=0.4-0.5$) наблюдались для коренного населения Северной Америки, включая эскимосские популяции (Crawford, Duggirala, 1992), а при сопоставлении женских выборок четырех эскимосских племен был обнаружен высокий уровень связи – $r=0.85$. Последний результат, определенно, является исключительным и недостаточно достоверным в силу малого числа сопоставляемых выборок. В полном соответствии с данными предыдущих исследований, в нашей работе наблюдается падение коэффициентов корреляций при раздельном рассмотрении европеоидных и монголоидных популяций. Интересно, что ассоциации ОДР со всеми типами маркеров несколько выше у мужчин-европеоидов, чем у монголоидов, тогда как при

рассмотрении женских выборок наблюдается противоположная ситуация. Эта тенденция прослеживается и в Северной Азии: корреляции ОДР и генетических дистанций у мужчин по всем маркерам колеблются около нуля, тогда как у женщин сравнительно высоки. В целом, анализ дерматоглифических выборок без разделения по полу приводит не к повышению коэффициентов по сравнению с результатами раздельного сопоставления мужских и женских выборок, а скорее к их «усреднению». Следует отметить, что полученные данные существенно отличаются от результатов для краниометрических признаков, полученных на том же наборе популяций: в Северной Азии коэффициент корреляции между матрицами генетических и морфометрических дистанций очень высок и сопоставим с таковым на евразийском уровне [Евтеев, 2020; Evteev et al., 2020]. Вероятно, это объясняется высоким уровнем как генетической, так и краниометрической дифференциации в данном регионе.

Дальнейшее деление набора европеоидных выборок показывает, что в группах Северо-Восточной Европы, единственного из всех рассмотренных регионов, наблюдаются очень высокие корреляции ОДР с расстояниями по аутосомным маркерам, и повышенные – с митохондриальной ДНК. В то же время, в других регионах Европы и Средиземноморья связи дерматоглифики и генетики особенно низки.

Одно из возможных объяснений заключается в том, что используемый при расчете ОДР набор дерматоглифических признаков обладает неравной разграничительной мощностью при анализе серий разных регионов и разного антропологического состава. Он наилучшим образом подходит для дифференциации популяций Северо-Восточной Европы, отчасти Северной Азии, и хуже – для некоторых других регионов Евразии. Предположение о зависимости разграничительной мощности системы дерматоглифики от круга рассматриваемых популяций находится в полном соответствии с принципом таксономической

неравноценности антропологических признаков [Ярхо, 1934], а также данными ряда исследований, результаты которых продемонстрировали перспективность поиска наиболее «филогенетически значимых» признаков для конкретных регионов и наборов популяций [Евтеев, 2020; Heathcoat, 1994; Evteev et al., 2020]. Примером хорошего соответствия набора дифференцирующих признаков представляют результаты, полученные для Северо-Восточной Европы. Следует также обратить внимание и на половые отличия уровня корреляций в разных регионах. Возможно, расширение программы дерматоглифических маркеров при поиске ассоциаций с генетическими расстояниями окажется перспективным с этой точки зрения.

Необходимо уделить внимание и некоторым методическим аспектам, влияние которых на результаты может быть особенно велико при использованном дизайне исследования. Значительная часть дерматоглифических выборок была обследована Г.Л. Хить, но характеристика части серий опирается также на данные, обработанные ее коллегами. Можно предполагать, что величина ОДР между группами отчасти зависит от величины погрешности, обусловленной межисследовательскими расхождениями. Примечательно, что в составе выборок Северо-Восточной Европы, для которой были получены очень высокие коэффициенты корреляции, доля материалов, обработанных другими авторами, минимальна, тогда как характеристика населения Южной Европы и Средиземноморья, где связи генетики и дерматоглифики оказались низкими, преимущественно опирается на данных разных исследователей. Вполне вероятно, что величина коэффициента корреляции в некоторой степени зависит от «исследовательского фактора».

Разумеется, другим важным фактором, влияние которого необходимо учитывать, является неполное соответствие сравниваемых данных. Данные по разным системам признаков были получены на разных выборках. Если при сопоставлении на

мировом или межконтинентальном уровне этот фактор может и не играть решающей роли, то влияние его должно усиливаться при изучении локальных популяций. Впрочем, данные некоторых работ, где связь генетических маркеров и морфологических признаков проводилась на полностью или частично совпадающих группах индивидов, показывают, что и в этом случае связь на локальном уровне невысока [Spielman, 1973; Neel et al., 1974; Friedlaender, 1975]. Подводя итог необходимо подчеркнуть, что полученные результаты могут рассматриваться лишь как предварительные, и скорее представляют собой минимальную оценку уровня согласованности в межгрупповой изменчивости признаков дерматоглифики и генетики на территории Северной Евразии.

Работа выполнена в рамках темы НИР НИИ и Музея антропологии МГУ АААА-А16-116030210017-0.

Библиография

Долинова Н.А. Дерматоглифика восточных славян // Восточные славяне. Антропология и этническая история. М.: Научный мир, 1999. С.60-79.

Евтеев А.А. Факторы изменчивости черепа человека на территории Северной Евразии. Дисс. ... д.б.н. М., 2020.

Моисеев В.Г., де ла Фуенте К. Популяционная история коренного населения Сибири: опыт интеграции антропологических и генетических данных // Вестник Томского государственного университета. История. 2016. №5. С.158-163.

Хартанович В.И. Новые материалы к краниологии саамов Кольского п-ова // Исследования по палеоантропологии и краниологии СССР (Сборник МАЭ. Т.36). Л., Наука. 1980. С.35-47.

Хить Г.Л. Дерматоглифика народов СССР. М.: Наука, 1983.

Хить Г.Л. Саамы в дерматоглифической систематике финно-угров Евразии // Происхождение саамов. М., Наука, 1991. С.59-82.

Хить Г.Л. Мордва в дерматоглифической систематике населения Восточной Европы // Вестник антропологии. 2008. Вып.16. С.100-108.

Хить Г.Л., Долинова Н.А. Расовая дифференциация человечества. М.: Наука, 1990.

Хить Г.Л., Долинова Н.А. Дерматоглифика и расогенез финно-угров Евразии // Антропология современных финно-угорских народов. М., 2000. С.27-99.

Широбоков И.Г. Антропологический состав карел по данным дерматоглифики // Микроэволюционные процессы в человеческих популяциях. СПб.: МАЭ РАН, 2009. С.268-293.

Ярхо А.И. О некоторых вопросах расового анализа (материалы для обсуждения) // Антропологический журнал. 1934. №3. С.43-71.

Benazzo A., Panziera A., Bertorelle G. 4P: fast computing of population genetics statistics from large DNA polymorphism panels // Ecology and Evolution. 2015. Vol.5. P.172-175.

Boyd W.C. Genetics and the Races of Man: an Introduction to Modern Physical Anthropology. Boston: Little, Brown and Co, 1950.

Boyd W.C. Genetics and the Races of Man. Boston: Boston University Press, 1958.

Cavalli-Sforza L.L., Edwards A.W.F. Analysis of human evolution // Genetics Today. Proceeding of the XI International Congress of Genetics. Vol. 3. The Hague. 1965. P.923-933.

Cavalli-Sforza L.L., Bodmer W.F. The Genetics of Human Populations. San Francisco: W.H. Freeman, 1971.

Crawford M.H., Duggirala R. Digital dermatoglyphic patterns of Eskimo and Amerindian populations: relationships between geographic, dermatoglyphic, genetic, and linguistic distances // Human Biology. 1992. Vol.64(5). P.683-704.

Evteev A.A., Movsesian A.A. Testing the association between human mid-facial morphology and climate using autosomal, mitochondrial, Y chromosomal polymorphisms and cranial non-metrics // American Journal of Physical Anthropology. 2016. Vol.159. P.517-522.

Evteev A.A., Movsesian A.A., Grosheva A.N. The association between mid-facial morphology and climate in Northeast Europe differs from that in North Asia: Implications for understanding the morphology of Late Pleistocene *Homo sapiens* // *Journal of Human Evolution*. 2017. Vol.107. P.36-48.

Evteev A., Santos P., Ghirotto S., Reyes-Centeno H. Associations between genetic differentiation and craniometric interpopulation distances across North Eurasia // *American Journal of Physical Anthropology*. 2020. In press.

Friedlaender J. S. Patterns of human variation: The demography, genetics, and phenetics of Bougainville islanders. Cambridge: Harvard Univ. Press, 1975.

Gualdi-Russo E. Palmar dermatoglyphics in a sample of Italian population // *International Journal of Anthropology*. 1987. Vol.2(2). P.105-116.

Gualdi-Russo E., Zannotti M., Cenni S. Digital dermatoglyphics in Italians // *Human Biology*. 1982. Vol.54(2). P.373-386.

Hammer Ø., Harper D.A.T., Ryan P.D. PAST: PAleaeontological STatistics. Available at: <http://folk.uio.no/ohammer/past/>. 2001. Accessed 16 October 2019.

Harvati K., Weaver T.D. 2006. Human cranial anatomy and the differential preservation of population history and climate signatures // *The Anatomical Record: Advances in Integrative Anatomy and Evolutionary Biology*. 2006. Vol.288. P.1225-1233.

Heathcoat G.M. Population history reconstruction, based on craniometry I. The backtracking approach and initial results // *Human Evolution*. 1994. Vol.9(2). P.97-119.

Herrera B., Hanihara T., Godde K. Comparability of multiple data types from the Bering strait region: cranial and dental metrics and nonmetrics, mtDNA, and Y-chromosome DNA // *American Journal of Physical Anthropology*. 2014. Vol.154. P.334-348.

Hubbard A.R., Guatelli-Steinberg D., Irish J.D. Do nuclear DNA and dental nonmetric data produce similar reconstructions of regional

population history? An example from modern Coastal Kenya // *American Journal of Physical Anthropology*. 2015. Vol.157. P.295-304.

Jorde L.B. The Genetic Structure of Subdivided Human Populations: A Review // *Current Developments in Anthropological Genetics*. Vol.1. Theory and Methods / ed. Crawford MH, Mielke JH (Eds.). New York: Plenum Press, 1980. P.135-208.

Leinonen T., McCairns R.J.S., O'Hara R.B., Merilä J. Qst-Fst comparisons: evolutionary and ecological insights from genomic heterogeneity // *Nature Reviews Genetics*. 2013. Vol. 14. P.179-190.

Lemza S.V., Galaktionov O.K. Sole dermatoglyphics in the Forest Nentsy, Nganasans, and Chukchi: dermatoglyphic distances // *American Journal of Physical Anthropology*. 1982. Vol.57(3). P.245-252.

Mantel N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach // *Cancer Research*. 1967. Vol.27. P.209-220.

New B. Using matched craniometric and genetic data to assess the population structure of Texas-Mexico border migrants. Master of Arts Thesis. Texas State University, 2018.

Neel J.V., Rothhammer F., Lingoes J.C. The genetic structure of a tribal population, the Yanomama Indians. X. Agreement between representations of village distances based on different sets of characteristics // *American Journal of Human Genetics*. 1974. Vol.26. P.281-303.

Rathmann H., Reyes-Centeno H., Ghirotto S., Creanza N., Hanihara T., Harvati K. Reconstructing human population history from dental phenotypes // *Scientific Reports*. 2017. Vol.7: 12495.

Reddy B.M., Chopra V.P., Karmakar B., Malhotra K.C., Mueller H. Quantitative dermatoglyphics and population structure in Northwest India // *American Journal of Human Biology*. 2000. Vol.12(3). P.315-326.

Relethford J.H., Lees F.C. The use of quantitative traits in the study of human population structure // *Yearbook of Physical Anthropology*. 1982. Vol.25. P.113-132.

Reyes-Centeno H., Ghirotto S., Harvati K. Genomic validation of the differential preservation of population history in modern human cranial anatomy // *American Journal of Physical Anthropology*. 2016. Vol.162. P.170-179.

Ricaud F.X., Auriol V., von Cramon-Taubadel N., Keyser C., Murail P., Ludes B., Crubezy E. Comparison between morphological and genetic data to estimate biological relationship: the case of the Egyin Gol necropolis (Mongolia) // *American Journal of Physical Anthropology*. 2010. Vol.143. P.355-364.

Roseman C.C. Detecting interregionally diversifying natural selection on modern human cranial form by using matched molecular and morphometric data // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2004. Vol.101. P.12824-12829.

Rothhammer F., Chakraborty R., Llop E. A collation of marker gene and dermatoglyphic diversity at various levels of population differentiation // *American Journal of Physical Anthropology*. 1977. Vol.46(1). P.51-59.

Siváková D., Scheil H.G., Schmidt H.D., Vulpe C. Population affinities assessed by dermatoglyphic and hemogenetic variables // *Anthropologischer Anzeiger* 2007. Vol.65(2). P.137-146.

Smith H.F., von Cramon-Taubadel N. The relative correspondence of cranial and genetic distances in papionin taxa and the impact of allometric adjustments // *Journal of Human Evolution*. 2015. Vol.85. P.46-64.

Smith H.F., Hulsey B.I., West (Pack) F.L., Cabana G.S. Do biological distances reflect genetic distances? A comparison of craniometric and genetic distances at local and global scales // *Biological Distance Analysis: Forensic and Bioarchaeological Perspectives* / ed. Pilloud M.A., Hefner J.T. Elsevier Science, 2016. P.157-179.

Smouse P.E., Long J.C. Matrix correlation analysis in anthropology and genetics // *Yearbook of Physical Anthropology*. 1992. Vol.35. P.187-213.

Spielman R.S. Differences among Yanomama Indian Villages: Do the Patterns of Allele Frequencies, Anthropometrics and Map Locations Correspond? // American Journal of Physical Anthropology. 1973. Vol.39. P.461-480.

von Cramon-Taubadel N. Evolutionary insights into global patterns of human cranial diversity: population history, climatic and dietary effects // Journal of Anthropological Sciences. 2014. Vol.92. P.43-77.

von Cramon-Taubadel N. Population biodistance in global perspective: Assessing the influence of population history and environmental effects on patterns of craniomandibular variation // Biological Distance Analysis: Forensic and Bioarchaeological Perspectives / ed. Pilloud M.A., Hefner J.T. Elsevier Science, 2016. P.425-446.

Weir B.S., Cockerham C.C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure // Evolution. 1984. Vol.38. P.1358-1370.

A.A. Evteev, P. Santos, A.N. Grosheva, I.G. Shirobokov

ASSOCIATIONS BETWEEN GENETIC DIFFERENTIATION AND DERMATOGLYPHIC INTERPOPULATION DISTANCES ACROSS NORTH EURASIA

The paper outlines the result of a correlation analysis of intergroup biodistance matrices based on genetic and dermatoglyphic markers for a number of North Eurasian groups. Population means of the five key dermatoglyphic variables (according to Heet, 1983) were used for calculating dermatoglyphic distances. Autosomal SNP, Y-chromosome and mtDNA haplogroups were employed as measures of genetic differentiation. Our results show that the matrices based on autosomal SNPs are in general more correlated with the dermatoglyphic matrices than those based on the uniparental markers. The highest level of association was obtained for North Eurasia as a whole while this levels drops dramatically when lower geographic scales are considered. At these local levels, the highest correlations were detected for Northeast Europe (even higher than for North Eurasia in general), and the lowest - for South Europe and the Mediterranean. Such different results for different geographic scales and regions can be explained by various phylogenetic relevance of the studied dermatoglyphic variables, depending on the region. But the differences in the composition of the genetic and dermatoglyphic samples and interobserver error could be very important factors as well.

Keywords: dermatoglyphics, population genetics, North Eurasia