

«Этногеномика народов России»

1. L.Cavalli-Sforza. The genetics of Human Populations (Генетика популяций людей); *Scientific American*, 1974, September, V.271, Issue 3, pp.80-89; <https://doi.org/10.1038/scientificamerican0974-80>
- 2.A.Jacquard & M.Nei. Molecular Population Genetics and Evolution (Молекулярная популяционная генетика и эволюция); *Population*, 1977, January, V.32, Issue 1; <https://doi.org/10.2307/1531600>
- 3.E.Szathmary. Genetic markers in Siberia and Northern North American Populations (Генетические маркеры в популяциях Сибири и севера Северной Америки); *American Journal of Physical Anthropology*, 1981, January, V.24, Issue 2, pp.37-73; <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330240503>
- 4.E.Balanovskaia & I.Rychkov. [Ethnic genetics: ethnogeographic diversity of the gene pool of human populations around the world] (Этническая генетика: этногеографическое разнообразие генофонда популяций человека во всём мире); *Genetika*, 1990, January, V.26, Issue 1, pp.114-121; www.pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1693123/ [In Russian]
- 5.I.Rychkov & E.Balanovskaia. [Ethnic genetics: relation between adaptive and neutral genetic differentiation of an ethnos] (Этническая генетика: соотношение адаптивной и нейтральной генетической дифференциации этноса); *Genetika*, 1990, March, V.26, Issue 3, pp.541-549; www.pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/2354787/ [In Russian]
- 6.E.Balanovskaia & I.Rychkov. [Ethnogenetics: adaptive structure of the gene pool of the mankind from the data of on human polymorphic genetic markers] (Этногенетика: адаптивная структура генофонда человечества по данным о полиморфных генетических маркерах человека); *Genetika*, 1990, April, V.26, Issue 4, pp.739-748; www.pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/2373359/ [In Russian]
- 7.S.Lemza *et al.* Mitochondrial DNA polymorphism in Russians from West Siberia (Полиморфизм митохондриальной ДНК у русских из Западной Сибири); *Human Heredity*, 1992, February, V.42, Issue 2, pp.129-133; <https://doi.org/10.1159/000154053>
- 8.V.Petrishchev & A.Kutueva. [Polymorphism of mitochondrial DNA in the Russian population of Russia] (Полиморфизм митохондриальной ДНК в русской популяции России); *Genetika*, 1993, August, V.29, Issue 8, pp.1382-1390; www.pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8405978/ [In Russian]
- 9.A.Torroni *et al.* mtDNA variation of aboriginal Siberians reveals distinct genetic affinities with Native Americans (Вариации митохондриальной ДНК аборигенов Сибири показывают выраженное генетическое родство с коренными американцами); *American Journal of Human Genetics*, 1993, September, V.53, Issue 3, pp.591-608; www.pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7688933/

10.M.Hammer. A recent insertion of an alu element on the Y chromosome is a useful marker for human population studies (Недавняя вставка Alu элемента в Y-хромосому – полезный маркер для исследования популяций человека); *Molecular Biology and Evolution*, 1994, September, V.11, Issue 5, pp.749-761; <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040155>

11.S.Rychkov *et al.* [Gene pool of residents of northeastern Eurasia in light of data on polymorphism of mitochondrial DNA. New data on polymorphism of restriction sites of the D-loop of mtDNA in aboriginal populations of the Caucasus and Siberia] (Генофонд жителей северо-восточной Евразии в свете данных о полиморфизме митохондриальной ДНК. Новые данные о полиморфизме сайтов рестрикции D-петли мтДНК у коренных народов Кавказа и Сибири); *Genetika*, 1995, January, V.31, Issue 1, pp.118-127; www.pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7896121 [In Russian]

12.V.Kalnin *et al.* Use of DNA fingerprinting for human population genetic studies (Использование ДНК-дактилоскопии для генетических исследований популяций людей); *Molecular Genetics and Genomics*, 1995, 20 May, V.247, Issue 4, pp.488-493; <https://doi.org/10.1007/BF00293151>

13.S.Akhmedova *et al.* CYP2D6 genotyping in a Russian population using a novel approach for identification of CYP2D6A mutation (Генотипирование CYP2D6 в российской популяции с применением нового подхода к идентификации мутации CYP2D6A); *Biochemical and Molecular Medicine*, 1996, August, V.58, Issue 2, pp.234-236; <https://doi.org/10.1006/bmme.1996.0054>

14.T.Zerjal *et al.* Genetic relationship of Asians and Northern Europeans, revealed by Y-chromosomal DNA analysis (Генетические связи азиатских народов – якутов и бурят – с северными европейцами, выявленная путём анализа ДНК Y-хромосомы); *American Journal of Human Genetics*, 1997, May, V.60, Issue 5, pp.1174-1183; www.pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9150165

15.L.Cavalli-Sforza. The DNA revolution in population genetics (Революция ДНК в популяционной генетике); *Trends in Genetics*, 1998, 01 February, V.14, Issue 2, pp.60-65; [https://doi.org/10.1016/S0168-9525\(97\)01327-9](https://doi.org/10.1016/S0168-9525(97)01327-9)

16.J.Heu. Population genetics and human origin – haplotypes are key! (Популяционная генетика и происхождение человека – ключевая роль гаплотипов!); *Trends in Genetics*, 1998, August, V.14, Issue 8, pp.305-303; [https://doi.org/10.1016/s0168-9525\(98\)01521-2](https://doi.org/10.1016/s0168-9525(98)01521-2)

17.V.Saliukov *et al.* [Polymorphism of noncoding regions of the mitochondrial genome in the indigenous population of Southeastern Tuva Republic] (Полиморфизм некодирующих участков митохондриального генома коренного населения юго-восточной Республики Тува); *Genetika*, 1998, October, V.34, Issue 10, pp.1420-1424; www.pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9929831/ [In Russian]

18.Y.Starikovskaya *et al.* mtDNA diversity in Chukchi and Siberian Eskimos: implications for the genetic history of Ancient Beringia and the peopling of the New World (Разнообразие митохондриальной ДНК у чукчей и сибирских эскимосов: значение для генетической

истории Древней Берингии и заселения Нового Света); *American Journal of Human Genetics*, 1998, November, V.63, Issue 5, pp.1473-1491; <https://doi.org/10.1086/302087>

19.V.Lyakhovich *et al.* Genetic polymorphism of CYP1A1 and CYP2D6 in the Tundra Nentsi population in Siberia (Генетический полиморфизм CYP1A1 и CYP2D6 у популяции ненцев сибирской тундры); *International Journal of Circumpolar Health*, 1998, December, V.57, Supplement 1, pp.795-799; www.pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10093378

20.T.Schurr *et al.* Mitochondrial DNA variation in Koryaks and Itel'men: Population replacement in the Okhotsk Sea-Bering Sea region during the neolithic (Изменчивость митохондриальной ДНК у коряков и ительменов: замещение населения в регионе Охотского и Берингова морей в неолите); *American Journal of Biological Anthropology*, 1999, January, V.108, Issue 1, pp.1-39; [https://doi.org/10.1002/\(SIC\)1096-8644\(199901\)108::1<AID-AJPA1>3.0.CO;2-1](https://doi.org/10.1002/(SIC)1096-8644(199901)108::1<AID-AJPA1>3.0.CO;2-1)

21.V.Orekhov *et al.* Mitochondrial DNA sequence diversity in Russians (Разнообразие последовательностей митохондриальной ДНК у русских); *FEBS Letters*, 1999, 19 February, V.445, Issue 1, pp.197-201; [https://doi.org/10.1016/s0014-5793\(99\)00115-5](https://doi.org/10.1016/s0014-5793(99)00115-5)

22.O.Belyaeva *et al.* Fine mapping of a polymorphic CA repeat marker on human chromosome 19 and its use in population studies (Точное картирование полиморфного маркера СА-повтора на хромосоме 19 человека и его использование в исследовании популяций); *Genes*, 1999, 16 April, V.230, Issue 2, pp.259-266; [https://doi.org/10.1016/s0378-1119\(99\)00056-6](https://doi.org/10.1016/s0378-1119(99)00056-6)

23.L.Osipova *et al.* BamHI-SacI RFLP and Gm analysis of the immunoglobulin IGHG genes in the Northern Selkups (West Siberia): new haplotypes with deletion, duplication and triplication (BamHI-SacI RFLP и Gm-анализ генов иммуноглобулинов IGHG у северных селькупов (Западная Сибирь): новые гаплотипы с делецией, дупликацией и трипликацией); *Human Genetics*, 1999, December, V.105, Issue 6, pp.530-541; <https://doi.org/10.1007/s004399900187>

24.V.Spitsyn *et al.* Apolipoprotein B 3'-VNTR polymorphism in the Udmurt population (Полиморфизм аполипопротеина В 3'-VNTR в популяции удмуртов); *Human Heredity*, 2000, July-August, V.50, Issue 4, pp.224-226; <https://doi.org/10.1159/000022919>

25.T.Duzhak *et al.* Genetic polymorphisms of CYP2D6, CYP1A1, GSTM1 and p53 genes in a unique Siberian population of Tundra Nentsi (Генетические полиморфизмы генов CYP2D6, CYP1A1, GSTM1 и p53 в уникальной сибирской популяции ненцев тундры); *Pharmacogenetics*, 2000, August, V.10, Issue 6, pp.531-537; <https://doi.org/10.1097/00008571-200008000-00006>

26.A.Semino *et al.* The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: A Y chromosome perspective (Генетическое наследие палеолитического Homo sapiens sapiens у современных европейцев: перспектива Y-хромосомы); *Science*, 2000, 10 November, V.290, Issue 5494, pp.1155-1159; <https://doi.org/10.1126/science.290.5494.1155>

- 27.N.Kolesnikov *et al.* Characteristics of Genomic Distribution of Runs of Homozygosity in the Indigenous Populations of Northern Eurasia (Характеристика геномного распределения участков гомозиготности в коренных популяциях Северной Евразии); *Russian Journal of Genetics*, 2019, October, V.55, pp.1294-1298; <https://doi.org/10.1134/S1022795419100077>
- 28.H.Pamjav *et al.* A Y-chromosomal study of Mansi population from Konda River Basin in Ural (Исследование Y-хромосомы популяции манси бассейна реки Конда на Урале); *Forensic Science International Genetics Supplement Series*, 2019, October, V.7, Issue 1; <https://doi.org/10.1016/j.fsigss2019.10.106>
- 29.Y.Barbitoff *et al.* Whole-genome sequencing provides insights into monogenic disease prevalence in Northwest Russia (Полногеномное секвенирование проливает свет на распространённость моногенных болезней в северо-западной России); *Molecular Genetics & Genomic Medicine*, 2019, November, V.7, Issue 11; <https://doi.org/10.1002/mgg3.964>
- 30.V.Moiseyev *et al.* Origins of indigenous peoples of Sakhalin and Hokkaido according to new cranial metric and genetic data (Происхождение коренных народов Сахалина и Хоккайдо по новым черепно-метрическим и генетическим данным); *Camera Praehistorica*, 2019, December, V.2, Issue 3, pp.137-146; <https://doi.org/10.31250/2658-3828-2019-2-137-146>
- 31.D.Zhernakova *et al.* (35 authors) Genome-wide sequence analyses of ethnic populations across Russia (Исследования последовательностей полных геномов этнических популяций России); *Genomics*, 2020, January, V.112, Issue 1, pp.442-456; <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2019.03.007>
- 32.A.Khrunin *et al.* Genomic landscape of the signals of positive natural selection in populations of Northern Eurasia: A view from Northern Russia (Геномная картина сигналов позитивной природной селекции в популяциях Северной Евразии: взгляд из севера России); *PLoS One*, 2020, February, V.5, Issue 2; <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0228778>
- 33.A.Kozlov *et al.* The divergence of genetic complexes in anthropologically related populations with different types of management of natural resources (Дивергенция генетических комплексов у антропологически родственных популяций при разных типах хозяйствования на примере коми-пермяков и зырян); *Moscow University Anthropology Bulletin*, 2020, April, V.4, pp.99-110; <https://doi.org/10.32521/2074-8132.2020.4.099-110>
- 34.B.Malyarchuk. Polymorphism of GC gene, encoding vitamin D binding protein, in aboriginal populations of Siberia (Полиморфизм гена GC, кодирующего белок, связывающий витамин D, в коренных популяциях Сибири); *Ecological Genetics*, 2020, April-June, V.18, Issue 2, pp.243-250; <https://doi.org/10.17816/ecogen18634>
- 35.S.Abdullaev *et al.* Clinically relevant pharmacogenetics markers in Tatars and Balkars (Клинически значимые фармакогенетические маркеры у татар и балкарцев); *Molecular Biology Reports*, 2020, May, V.47, Issue 5, pp.3377-3387; <https://doi.org/10.1007/s11033-020-05416-4>

36.G.Barosso *et al.* A Population Genomics Lexicon (Терминология популяционной геномики); *Methods in Molecular Biology*, 2020, June, V.2090, pp.3-17; https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0199-0_1

37.H.Yu *et al.* Paleolithic to Bronze Age Siberians Reveal Connections with First Americans and across Eurasia (Геномная связь жителей Сибири эпохи палеолита и бронзового века с первыми американцами и западными популяциями Евразии); *Cell*, 2020, 11 June, V.181, Issue 6, pp.1232-1245; <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.04.037>

38.M.Zhang & Q.Fu. Human evolutionary history in Eastern Eurasia using insights from ancient DNA (История эволюции человека в Восточной Евразии по данным древней ДНК); *Current Opinion in Genetics & Development*, 2020, June, V.62, pp.78-84; <https://doi.org/10.1016/j.gde.2020.06.009>

39.S.Dryomov *et al.* Genetic legacy of cultures indigenous to the Northeast Asian coast in mitochondrial genomes in nearly extinct maritime tribes (Генетическое наследие культур коренных народов северо-восточного побережья Азии в митохондриальных геномах почти вымерших морских племён - нивхов, орохов Сахалина, оседлых коряков, удэгейцев Приморья); *BMC Ecology and Evolution*, 2020, 13 July, V.20; <https://doi.org/10.1186/s12862-020-01652-1>

40.V.Zvénigorodsky *et al.* The genetic legacy of legendary and historical Siberian chieftains (Генетическое наследие легендарных и исторических сибирских вождей); *Communications Biology*, 2020, 16 October, V.3; <https://doi.org/10.1038/s42003-020-01307-3>

41.R.Tiis *et al.* Studying polymorphic variants of the NAT2 gene (NAT2*5 and NAT2*7) in Nenets populations of Northern Siberia (Исследование полиморфных вариантов гена NAT2 (NAT2*5 and NAT2*7) в популяциях ненцев Северной Сибири); *BMC Genetics*, 2020, 22 October, V.21, Supplement 1; <https://doi.org/10.1186/s12863-020-00909-4>

42.O.Balanovsky *et al.* Interactions between gene pools of Russian and Finnish-speaking populations from Tver region: analysis of 4 million SNP markers (Взаимодействие генофондов популяций русскоязычного и финноязычного населения SNP Тверской области России: анализ четырёх миллионов SNP маркеров); *Bulletin of RSMU*, 2020, November-December, Issue 6; <https://doi.org/10.24075/2020.072>

43.C.Jeong *et al.* (32 authors) A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe (Динамичная 6000-летняя генетическая история восточной степи Евразии); *Cell*, 2020, 12 November, V.183, Issue 4, pp.890-904; <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.015>

44.Z.Pan & S.Xu. Population genomics of East Asian ethnic groups (Популяционная геномика этнических групп Восточной Азии); *Hereditas*, 2020, 08 December, V.157, Issue 1; <https://doi.org/10.1186/s41065-020-00162-w>

- 45.S.Voca *et al.* On the heterozygosity of an admixed population (Гетерозиготность смешанной популяции); *Journal of Mathematical Biology*, 2020, December, V.81, Issues 6-7, pp.1217-1250; <https://doi.org/10.1007/s00285-020-01531-9>
- 46.A.Gracheva *et al.* Territorial Subdivision of the Megalopolis Population by the Ethnic Trait in Relation to the Problem of Creating Genetic Databases: Moscow (Территориальное деление популяции мегаполиса по этническим признакам в отношении проблемы создания баз генетических данных: г. Москва); *Russian Journal of Genetics*, 2020, December, V.56, Issue 12, pp.1520-1529; <https://doi.org/10.1134/S1022795420120078>
- 47.S.Dryomov *et al.* Mitochondrial genome diversity on the Central Siberian Plateau with particular reference to the prehistory of northernmost Eurasia (Разнообразие митохондриального генома на Среднесибирском плоскогорье с особым акцентом на предысторию северной части Евразии); *PLoS One*, 2021, 28 January, V.16, Issue 1; <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0244228>
- 48.M.Olkova *et al.* Analysis of 13 TP53 and WRAP53 polymorphism frequencies in Russian populations (Анализ частот 13-ти полиморфизмов генов TP53 и WRAP53 в российских популяциях); *Bulletin of Russian State Medical University*, 2021, January, V.1; <https://doi.org/10.24075/vrgmu.2021.001>
- 49.N.Tiesler *et al.* The Conceptual History of Ethnogenesis: A Brief Overview (Концептуальная история этногенеза: краткий обзор); *New Diversities*, 2021, January, V.23, Issue 1; <https://doi.org/10.58002/mebw-4j48>
- 50.L.Borrell *et al.* Race and Genetic Ancestry in Medicine – A Time for Reckoning with Racism (Раса и генетическая родословная в медицине – время для оценки расовых предубеждений); *The New England Journal of Medicine*, 2021, 04 February, V.384, Issue 5, pp.474-480; <https://doi.org/10.1056/NEJMms2029562>
- 51.E.Khamaganova *et al.* HLA diversity in the Russian population assessed by next generation sequencing (Разнообразие HLA в российской популяции согласно оценке с помощью секвенирования нового поколения); *Medical Immunology*, 2021, March, V.23, issue 3; <https://doi.org/10.15789/1563-0625-HDI-2182>
- 52.B.-L.Liu *et al.* Paternal origin of Tungusic-speaking populations: Insights from the updated phylogenetic tree of Y-chromosome haplogroup C2a-M86 (Отцовское происхождение тунгусоязычных популяций: выводы из обновлённого филогенетического древа гаплогруппы Y-хромосомы C2a-M86); *American Journal of Human Biology*, 2021, March, V.33, Issue 2; <https://doi.org/10.1002/ajhb.23462>
- 53.C.-C.Wang *et al.* (85 authors) Genomic insights into the formation of human populations in East Asia (Взгляд с точки зрения генома на формирование популяций людей в Восточной Азии); *Nature*, 2021, March, V.591, Issue 4850, pp.413-419; <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03336-2>
- 54.A.Semikhodskii *et al.* Population genetic data and forensic parameters of 27 Y-STR panel Yfilter®Plus in Russian population (Популяционно-генетические данные и параметры

судебной медицины панели Yfilter®Plus из двадцати семи Y-STR в российской популяции); *Zeitschrift für Rechtsmedizin*, 2021, 21 April, V.135, pp.1785-1787; <https://doi.org/10.1007/s00414-021-02599-8>

55.V.Malyarchuk & M.Derenko. Diversity and Structure of Mitochondrial Gene Pools of Slavs in the Ethnogenetic Aspect (Разнообразие и структура митохондриальных генофондов славян в этногенетическом аспекте); *Biology Bulletin Reviews*, 2021, 27 April, V.11, pp.122-133; <https://doi.org/10.1134/S2079086421020067>

56.K.Enea & S.Barsky. Race and Genetic Ancestry in Medicine (Раса и генетическая родословная в медицине); *The New England Journal of Medicine*, 2021, 27 May, V.384, Issue 21; <https://doi.org/10.1056/NEJMmc2c2103786>

57.M.Feldman *et al.* Where Asia meets Europe – recent insights from ancient human genomics (Где Азия встречается с Европой – последние открытия в области геномики древнего человека); *Annals of Human Biology*, 2021, May, V.48, Issue 3, pp.191-202; <https://doi.org/10.1080/03014460/2021.1949039>

58.Yu.Vakhrushev *et al.* Assay of frequency and spectrum of genetic variants in TTN in healthy Russian population (Анализ частоты и спектра генетических вариантов в TTN в популяции здоровых русских); *Translational Medicine*, 2023, September-October, V.8, Issue 5, pp.29-37; <https://doi.org/10.18705/2311-4495-2021-8-5-29-37>

59.N.Petrova *et al.* Ethnic Differences in the Frequency of *CFTR* Gene Mutations in Populations of the European and North Caucasian Part of the Russian Federation (Этнические различия в частоте мутаций гена *CFTR* в популяциях европейской и северокавказской областей Российской Федерации); *Frontiers in Genetics*, 2021, 16 June, V.12; <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.678374>

60.A.Agdzhoyan *et al.* The Chukchi of Kamchatka: A genetic portrait based on the wide array of Y-chromosome markers (Чукчи Камчатки: генетический портрет на основе широкого спектра маркеров Y-хромосомы); *Moscow University Anthropology Bulletin*, 2021, June, Issue 1, pp.80-92; <https://doi.org/10.32521/2074-8132.2021.1.080-092>

61.L.Bezrukov & Y.Razmakhina. Transformation of the Ethnic Population of Eastern Siberia: Post-Soviet Trends (Трансформация этнического состава популяций Восточной Сибири: постсоветские тенденции); *Geography and Natural Resources*, 2021, July, V.42, pp.232-240; <https://doi.org/10.1134/S1875372821030069>

62.H.Matsumae *et al.* Exploring correlations in genetic and cultural variation across language families of northeast Asia (Исследование корреляций в генетических и культурных различиях среди языковых семей Северо-Восточной Азии); *Scientific Advances*, 2021, 18 August, V.7, Issue 34; <https://doi.org/10.1126/sciadv.abd9223>

63.T.Sato *et al.* Whole-Genome Sequencing of a 900-Year-Old Human Skeleton Supports Two Past Migration Events From the Russian Far East to Northern Japan (Полногеномное секвенирование 900-летнего скелета человека подтверждает два миграционных события прошлого с Дальнего Востока России в Северную Японию); *Genome Biology and Evolution*, 2021, August, V.13, Issue 9; <https://doi.org/10.1093/gbe/evab192>

- 64.A.Gavashelishvili *et al.* Landscape genetics and the genetic legacy of Upper Paleolithic and Mesolithic hunter-gatherers in the modern Caucasus (Ландшафтная генетика и генетическое наследие охотников-собирателей верхнего палеолита и мезолита на современном Кавказе); *Scientific Reports*, 2021, 09 September, V.11; <https://doi.org/10.1038/s41598-021-97519-6>
- 65.V.Kharkov. Y-Chromosome Markers in Population Genetics: Fundamental and Applied Results of Ethnogenomic Research (Маркеры Y-хромосомы в популяционной генетике: результаты фундаментальных и прикладных исследований в этногеномике); *Russian Journal of Genetics*, 2021, September, V.57, pp.989-1001; <https://doi.org/10.1134/S1022795421090040>
- 66.A.Movsesian & E.Vagner-Sapukhina. Infracranial versus cranial nonmetric traits and mtDNA data in the study of genetic divergence of human populations (Инфракраниальные и краниальные неметрические признаки и данные мтДНК в изучении генетических расхождений в популяциях человека); *International Journal of Osteoarchaeology*, 2021, September/October, V.31, Issue 5, pp.809-819; <https://doi.org/10.1002/oa.2992>
- 67.V.Ramensky *et al.* Targeted Sequencing of 242 Clinically Important Genes in the Russian Population from the Ivanovo Region (Целевое секвенирование 242-х клинически значимых генов в русской популяции Ивановской области); *Frontiers in Genetics*, 2021, 07 October, V.12; <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.709419>
- 68.M.Dzhaubermezov *et al.* Polymorphism of the cytochrome P450 CYP1A1 (Ile462Val) gene in the populations of Balkars and Karachays (Полиморфизм гена цитохрома P450 CYP1A1 (Ile462Val) в популяциях балкарцев и карачаевцев); *Ecological Genetics*, 2021, October, V.19, Issue 3, pp.273-279; <https://doi.org/10.17816/ecogen71456>
- 69.N.Kolesnikov *et al.* Features of the Genomic Distribution of Runs of Homozygosity in the Indigenous Population of Northern Eurasia at the Individual and Population Levels Based on High Density SNP Analysis (Особенности геномного распределения полос гомозиготности в коренной популяции Северной Евразии на индивидуальном и популяционном уровнях на основе анализа SNP высокой плотности); *Russian Journal of Genetics*, 2021, November, V.57, pp.1271-1284; <https://doi.org/10.1134/S1022795421110053>
- 70.V.Kharkov *et al.* Genetic Diversity of 21 Autosomic STR Markers of the CODIS System in Populations of Eastern Europe (Генетическое разнообразие 21-го аутосомного STR-маркера системы CODIS в популяциях Восточной Европы); *Russian Journal of Genetics*, 2021, 26 December, V.57, pp.1408-1413; <https://doi.org/10.1134/S102279542112005X>
- 71.O.Kurbatova *et al.* Genetic Demography of the Population of Moscow: Migration Processes (Генетическая демография популяции Москвы; миграционные процессы); *Russian Journal of Genetics*, 2021, 26 December, V.57, pp.1443-1453; <https://doi.org/10.1134/S1022795421120085>
- 72.A.Agdzhoyan *et al.* Phylogenetic Analysis of the South Siberian Q-YP1102 Haplogroup Based on the Data on Y-SNP and Y-STR Markers in Tuvans and Surrounding Populations

(Филогенетический анализ южно-сибирской гаплогруппы Q-YP1102 на основе данных о Y-SNP и Y-STR маркерах у тувинцев и окружающих популяциях); *Russian Journal of Genetics*, 2021, December, V.57, pp.1398-1407; <https://doi.org/10.1134/S1022795421120024>

73.A.Kilchevsky & N.Yankovsky. Developing the Innovative Gene Geographical and Genomic Technologies for Identification and Revealing the Personal Features by Studying the Gene Pools of the Regional Populations (Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий для идентификации и выявления индивидуальных особенностей путём исследования генофондов региональных популяций); *Russian Journal of Genetics*, 2021, December, V.57, Issue 12, pp.1361-1369; <https://doi.org/10.1134/S1022795421120073>

74.A.Pakstis et al. The population genetics characteristics of a 90 locus panel of microhaplotypes (Популяционные и генетические характеристики 90-локусной панели микрогаплотипов); *Human Genetics*, 2021, December, V.40, pp.1753-1773; <https://doi.org/10.1007/s00439-021-02382-0>

75.M.Derenko *et al.* Mitogenomics of modern Mongolic-speaking populations (Митогеномика современных монгольязычных популяций); *Molecular Genetics and Genomics*, 2022, January, V.297, Issue 1, pp.47-62; <https://doi.org/10.1007/s00438-021-01830-w>

76.V.Osakovsky *et al.* Genome-wide Sequence Analyses of the Yakut Ethnic Group as a Tool for the Personalized Medicine in the Region (Полногеномный анализ последовательностей в этнической группе якутов как инструмент для персонализированной медицины в регионе); *Proceedings of the Conference on Health and Wellbeing in Modern Society*, 2022, 17 January; <https://doi.org/10.2991/ahsr.k.220103.036>

77.M.Gubina *et al.* Polymorphism of Mitochondrial DNA and Six Nuclear Genes in the Amur Evenk Population (Полиморфизм митохондриальной ДНК и шести ядерных генов у амурских эвенков); *Russian Journal of Genetics*, 2022, 09 February, V.58, pp.42-56; <https://doi.org/10.1134/S1022795422010033>

78.I.Orlov *et al.* Identification of recurrent pathogenic alleles using exome sequencing data: Proof-of-concept study of Russian subjects (Идентификация рецидивирующих патогенных аллелей с использованием данных экзомного секвенирования: анализ доказательства концепции на субъектах популяции России); *European Journal of Medical Genetics*, 2022, February, V.65, Issue 2; <https://doi.org/10.1016/j.ejmg.2022.104426>

79.A.Salmin. Genetic Geography of the Historical Ancestors of the Chuvash (Генетическая география исторических предков чувашей); *Advances in Anthropology*, 2022, February, V.12, Issue 1; <https://doi.org/10.4236/aa.2022.121002>

80.L.Tabikhanova *et al.* TCF7L2 gene polymorphism in populations of five Siberian ethnic groups (Полиморфизм гена TCF7L2 в популяциях пяти этнических групп Сибири); *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2022, March, V.26, Issue 2, pp.188-195; <https://doi.org/10.18699/VJGB-22-23>

81. E. Balanovskaya *et al.* Footprints of interaction among Finnic-speaking, Slavic, and Turkic-speaking populations in modern gene pool and their reflection in pharmacogenetics (Следы взаимодействия финноязычных, славянских и тюркоязычных популяций в современном генофонде и их отражение в фармакогенетике); *Bulletin of Russian State Medical University*, 2022, April, V.2; <https://doi.org/10.24075/brsmu.2022.019>
82. N. Kolesnikov *et al.* Signals of Directed Selection in the Indigenous Populations of Siberia (Сигналы направленного отбора в коренных популяциях Сибири); *Russian Journal of Genetics*, 2022, 04 May, V.58, pp.473-477; <https://doi.org/10.1134/S102279542204007X>
83. M. Allentoft *et al.* (163 authors) Population genomics of Stone Age Eurasia (Популяционная геномика Евразии каменного века); *bioRxiv*, 2022, 05 May; <https://doi.org/10.1101/2022.05.04.490594>
84. D. Kristjansson *et al.* Evolution and dispersal of mitochondrial DNA haplogroup U5 in Northern Europe: insights from an unsupervised learning approach to phylogeography (Эволюция и распространение гаплогруппы U5 митохондриальной ДНК в Северной Европе: выводы из неконтролируемого обучающего подхода к филогеографии); *BMC Genomics*, 2022, 07 May, V.23; <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08572-y>
85. I. Gorin *et al.* Determining the Area of Ancestral Origin for Individuals from North Eurasia Based on 5,229 SNP Markers (Определение области происхождения людей из Северной Евразии на основе 5229 SNP-маркеров); *Frontiers in Genetics*, 2022, 16 May, V.13; <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.902309>
86. P. de Knijff. On the Forensic Use of Y-Chromosome Polymorphisms (Использование полиморфизмов Y-хромосомы в судебно-медицинской практике); *Genes*, 2022, 17 May, V.13, Issue 5; <https://doi.org/10.3390/genes13050898>
87. K. Kidd *et al.* North Asian population relationships in a global context (Взаимосвязи популяций Северной Азии в глобальном контексте); *Scientific Reports*, 2022, May, V.12; <https://doi.org/10.1038/s41598-022-10706-x>
88. V. Okovantsev *et al.* Peculiarity of Pomors of Onega Peninsula and Winter Coast in the genetic context of Northern Europe (Своеобразие поморов Онежского полуострова и Зимнего берега в генетическом контексте Северной Европы); *Bulletin of RSMU*, 2022, May, V.5, pp.5-14; <https://doi.org/10.24075/brsmu.2022.046>
89. S. Gopalan *et al.* Human genetic admixture through the lens of population genomics (Переход генов среди людей в свете популяционной геномики); *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*, 2022, 06 June, V.377, Issue 1852; <https://doi.org/10.1038/rstb.20200410>
90. N. Kolosov *et al.* Genotype imputation and polygenic score estimation in northwestern Russia population (Импутация генотипа и оценка значения полигенности в популяциях северо-западной России); *PLoS One*, 2022, 28 June, V.17, Issue 6; <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0269434>

- 91.L.Fedorova et al. Analysis of Common SNPs across Continents Reveals Major Genomic Differences between Human Populations (Анализ общих однонуклеотидных полиморфизмов на разных континентах показывает главные геномные различия в популяциях человека); *Genes* (Basel), 2022, 18 August, V.13, Issue 8; <https://doi.org/10.3390/genes13081472>
- 92.E.Balanovska et al. In search of the Alan heritage: the genetic history of the North Caucasus according to genome-wide data on the autosomal gene pool (В поисках аланского следа: генетическая история Северного Кавказа по полногеномным данным об аутосомном генофонде); *Moscow University Anthropology Bulletin*, 2022, September, V.3, pp.48-62); <https://doi.org/10.32521/2074-8132.2022.3.048-062>
- 93.T.Oleksyk et al. The Pioneer Advantage: Filling the blank spots on the map of genome diversity in Europe (Первое представление генома россиян в европейском фонде геномов); *Giga Science*, 2022, September, V.11, Issue 1; <https://doi.org/10.1093/gigascience/giac081>
- 94.B.Szeifert et al. Tracing genetic connections of ancient Hungarians to the 6th-14th century populations of the Volga-Ural region (Прослеживание генетических связей древних венгров с населением Волго-Уральского региона VI-XIV веков); *Human Molecular Genetics*, 2022, 01 October, V.31, Issue 19, pp.3266-32-80; <https://doi.org/10.1093/hmg/ddac106>
- 95.L.Valikhova et al. Genetic Interrelation of the Chulym Turks with Khakass and Kets according to Autosomal SNP Data and Y-Chromosome Haplogroups (Генетическая взаимосвязь чулымских турок с хакасами и кетами по данным аутосомных SNP и гаплогрупп Y-хромосомы); *Russian Journal of Genetics*, 2022, October, V.58, Issue 10, pp.1228-1234; <https://doi.org/10.1134/S1022795422100118>
- 96.I.Udina et al. Frequencies of Y-Chromosome Haplogroups and Migration Processes in Three Generations of Moscow Residents (Частотность гаплогрупп Y-хромосомы и миграционные процессы в трёх поколениях жителей Москвы); *Russian Journal of Genetics*, 2022, 11 November, V.28, pp.1365-1372; <https://doi.org/10.1134/S1022795422110114>
- 97.M.Dzhaubermezov et al. Genetic Polymorphisms of Cytochromes P450 in Finno-Permic Populations of Russia (Генетические полиморфизмы цитохромов P450 в популяциях финнов и пермяков в России); *Genes* (Basel), 2022, 13 December, V.13, Issue 12; <https://doi.org/10.3390/genes13122353>
- 98.D.Abeyrama et al. Comparison of genotyping by sequencing procedures to determine population genetic structure (Сравнение генотипирования с процессами секвенирования для определения генетической структуры популяции); *Functional & Integrative Genomics*, 2022, 20 December, V.23; <https://doi.org/10.1007/s10142-022-00929-6>
- 99.D.Adamov. The Yakut Branch of Y Chromosome as a Part of the Haplogroup N-M2016 (Якутская ветвь Y-хромосомы как часть гаплогруппы N-M2016); *Siberian Research*, 2022, December, V.8, Issue 2, pp.29-36; <https://doi.org/10.33384/26587270.2022.08.02>
- 100.M.Dzhaubermezov et al. Genetic Polymorphisms of Cytochromes P450 in Finno-Permic Populations of Russia (Генетические полиморфизмы цитохромов 450 в популяциях коми,

мордвы, удмуртов России); *Genes*, 2022, December, V.13, Issue 12; <https://doi.org/10.3390/genes13122353>

101.S.Fedorova & E.Khusnutdinova. Genetic Structure and Genetic History of the Sakha (Yakuts) Population (Генетическая структура и генетическая история популяции саха (якутов); *Russian Journal of Genetics*, 2022, December, V.58, Issue 12, pp.1409-1426; <https://doi.org/10.1134/S1022795422120031>

102.A.McNeill. The utility of population level genomic research (Польза исследования генома на уровне популяции); *European Journal of Human Genetics*, 2022, December, V.30, pp.1307-1308; <https://doi.org/10.1038/s41431-022-01228-1>

103.S.Peltola *et al.* Genetic admixture and language shift in the medieval Volga-Oka interfluvium (Генетическая примесь и языковой сдвиг в междуречье Волги и Оки в средние века); *Current Biology*, 2023, 9 January, V.33, Issue 1, pp.174-182; <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.11.036>

104.E.Albert *et al.* Transferability of the PRS estimates for height and BMI obtained from the European ethnic groups to the Western Russian populations (Перенос PRS-оценок роста и BMI, полученных от европейских этнических групп, на популяции Западной России); *Frontiers in Genetics*, 2023, 16 January, V.14; <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1086709>

105.M.Stoneking *et al.* Genomic perspectives on human dispersals during the Holocene (Перспективы расселения людей в голоцене с точки зрения генома); *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 2023, 24 January, V.120, Issue 4; <https://doi.org/10.1073/pnas.2209475119>

106.K.Wang *et al.* (20 authors) Middle Holocene Siberian genomes reveal highly connected gene pools throughout North Asia (Геномы Сибири Среднего Голоцена выявили тесно связанные генофонды в Северной Азии); *Current Biology*, 2023, 06 February, V.33, Issue 3, pp.423-433; <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.11.062>

107.E.Kuzminova *et al.* Allele and eight-locus haplotype frequencies in population of Belgorod Region, Russia (Частоты аллелей и восьмилокусных гаплотипов в популяции Белгородской области России); *Human Immunology*, 2023, February, V.84, Issue 2, pp.65-66; <https://doi.org/10.1016/j.humimm.2022.10.003>

108.E.ñ-Bolaños *et al.* An HLA map of the world: A comparison of HLA frequencies in 200 worldwide populations reveals different patterns for class I and class II (Карта распространения HLA в мире: сравнение частотности HLA в двухстах популяциях мира показывают различные модели для класса I и класса II); *Frontiers in Genetics*, 2023, 23 March, V.14; <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.866407>

110.D.Usoltsev *et al.* (35 authors) Understanding Complex Trait Susceptibilities and Ethnical Diversity in a Sample of 4,145 Russians through Analysis of Clinical and Genetic Data (Понимание комплексных черт предрасположенности и этнического разнообразия

в выборке из 4145 россиян, исходя из анализа клинических и генетических данных); *bioRxiv*, 2023, 23 March; <https://doi.org/10.1101/2023.03.23.534000> [Preprint]

111.А.Найеж *et al.* HLA allele and haplotype frequencies in Kazakhstani Russians and their relationship with other populations (Частоты аллелей и гаплотипов HLA у казахстанских русских и их связь с другими популяциями); *HLA*, 2023, March, V.101, Issue 3, pp.249-261; <https://doi.org/10.1111/tan.14937>

112.В.Харков *et al.* Relationship of the gene pool of the Khants with the peoples of Western Siberia, Cis-Urals and the Altai-Sayan Region according to the data on the polymorphism of autosomic locus and the Y-chromosome (Связь генофонда хантов с народами Западной Сибири, Предуралья и Алтае-Саянского региона согласно данным о полиморфизме аутомомных локусов и Y-хромосомы); *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2023, March, V.27, Issue 1, pp.46-54; <https://doi.org/10.18699/VJGB-23-07>

113.Н.Колесников *et al.* Blocks identical by descent in the genomes of indigenous populations of Siberia demonstrate genetic links between populations (Идентичные согласно происхождению блоки в геномах коренных популяций Сибири демонстрируют генетические взаимосвязи популяций); *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2023, March, V.27, Issue 1, pp.55-62; <https://doi.org/10.18699/VJGB-23-08>

114.С.Постх *et al.* (122 authors) Palaeogenomics of Upper Palaeolithic to Neolithic European hunter-gatherers (Палеогеномика европейских охотников-собирателей эпохи верхнего палеолита и неолита); *Nature*, 2023, March, V.615, Issue 7950, pp.117-126; <https://doi.org/10.1038/s41586-023-05726-0>

115.В.Степанов *et al.* Structure and origin of Tuvan gene pool according to autosome SNP and Y-chromosome haplogroups (Структура и происхождение генофонда тувинцев согласно аутомомным SNP и гаплогруппам Y-хромосомы); *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2023, March, V.27, Issue 1, pp.36-45; <https://doi.org/10.18699/VJGB-23-06>

116.В.-J.Ким *et al.* On whole-genome demography of world's ethnic groups and individual ethnic identity (О полногеномной демографии этнических групп мира и индивидуальной геномной идентичности); *Scientific Reports*, 2023, 18 April, V.13; <https://doi.org/10.1038/s41598-023-32325-w>

117.В.Малыарчук *et al.* Polymorphism of the rs1815739 Locus of the *ACTN3* Gene and rs11227639 *cis*-eQTL Affecting Its Expression in Siberian Populations (Полиморфизм локуса rs1815739 и *cis*-eQTL rs11227639, влияющий на его экспрессию в популяциях Сибири); *Russian Journal of Genetics*, 2023, April, V.59, pp.408-413; <https://doi.org/10.1134/S10227954230487>

118.Л.Табикханова *et al.* Increased frequencies of the -174G and -572C IL6 Alleles in Populations of Indigenous Peoples of Siberia Compared to Russians (Повышение частоты аллелей -174G and -572C IL6 гена IL6 в популяциях коренных народов Сибири по сравнению с русскими); *Molecular Biology*, 2023, April, V.57, pp.329-337; <https://doi.org/10.1134/S002689332302019X>

119.E.Balanovska et al. The role of Caucasian, Iranian and Steppe populations in shaping the diversity of autosomal gene pool of the Eastern Caucasus (Роль кавказского, иранского населения и популяций Степи в формировании разнообразия аутосомного генофонда Восточного Кавказа); *Bulletin of RSMU*, 2023, May, Issue 3, pp.32-41; <https://doi.org/10.24075/brsmu.2023.017>

120.N.Makretskaya et al. High carrier frequency of a nonsense p.Trp230* variant in HSD3B2 gene in Ossetians (Высокая частота носительства нонсенс варианта p.Trp230* гена HSD3B2 у осетин); *Frontiers in Endocrinology*, 2023, May, V.14; <https://doi.org/10.3389/fendo.2023.1146768>

121.G.El'chinova et al. Population-Genetic Characteristics of Ingush in North Ossetia-Alania (Генетические характеристики популяции ингушей в Северной Осетии-Алании); *Russian Journal of Genetics*, 2023, June, V.59, pp.840-845; <https://doi.org/10.1134/S10227954233070049>

122.I.Kolesnikov et al. National Genomic Information Database (Российская Национальная База данных геномной информации: вычислительная и цифровая инфраструктура, программное обеспечение, хранение данных, аналитические возможности); *Nanobiotechnology Reports*, 2023, June, V.18, pp.329-336; <https://doi.org/10.1134/S2635167623700209>

123.V.Malyarchuk & M.Derenko. Evaluating the role of selection in the evolution of mitochondrial genomes of aboriginal peoples of Siberia (Оценка роли отбора в эволюции митохондриальных геномов коренных народов Сибири); *Vavilovskii Zhurnal Genetiki I Seleksii*, 2023, June, V.27, Issue 3, pp.218-223; <https://doi.org/10.18699/VJGB-23-28>

124.H.-X.Yu et al. Unveiling 2,000 years of differentiation among Tungusic-speaking populations: a revised phylogeny of the paternal founder lineage C2a-M48-SK1061 (Раскрытие 2000-летней дифференциации среди тунгусоязычных популяций: исправленная филогения отцовской основополагающей линии C2a-M48-SK1061); *Frontiers in Genetics*, 2023, 24 July, V.14; <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1243730>

125.V.Malyarchuk. The role of Beringia in human adaptation to Arctic conditions based on results of genomic studies of modern and ancient populations (Роль Берингии в адаптации человека к арктическим условиям по результатам геномных исследований современных и древних популяций); *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2023, July V.27, Issue 4, pp.373-382; <https://doi.org/10.18699/VJGB-23-45>

126.A.Agdzhoyan et al. Origins of East Caucasus Gene Pool: Contributions of Autochthonous Bronze Age Populations and Migrations from West Asia Estimated from Y-Chromosome Data (Происхождение генофонда Восточного Кавказа: вклад популяций автохтонного населения бронзового века и миграций из Западной Азии, оцениваемый по данным Y-хромосомы); *Genes (Basel)*, 2023, 09 September, V.14, Issue 9; <https://doi.org/10.3390/genes14091780>

127.A.Solovyov et al. Genetic history of Russian old-settlers of the Arctic Coast of Yakutia from the settlement of Russkoye Ust'ye inferred from Y chromosome data and genome-wide analysis (Генетическая история русских старожилов арктического побережья Якутии из поселения Русское Устье по данным Y-хромосомы и полногеномного анализа); *Russian Journal of Genetics*, 2023, September, V. 59, Issue 9, pp.949-955; <https://doi.org/10.1134/S1022795423090119>

128.F.Mrazek. Population genetics and external proficiency testing for HLA disease associations (Популяционная генетика и наружное тестирование на наличие ассоциаций с HLA-заболеваниями); *Frontiers in Genetics*, 2023, 23 October, V.14; <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1268705>

129.E.Balanovska et al. Gene geography of pharmacogenetically significant CYP2C19 cytochrome superfamily DNA markers in the populations of Russia and neighboring countries (Геногеография фармакогенетически значимых ДНК-маркеров суперсемейства CYP2C19 в популяциях России и соседних стран); *Bulletin of Russian State Medical University*, 2023, October, V.10, Issue 5; <https://doi.org/10.24075/brsmu.2023.039>

130.M.Derenko et al. Mitogenomics of the Koryaks and Evens of the Northern Coast of the Sea of Okhotsk (Митогеномика коряков и эвенов северного побережья Охотского моря); *Journal of Human Genetics*, 2023, October, V.68, Issue 10, pp.705-712; <https://doi.org/10.1038/s10038-023-01173-x>

131.S.Makarov et al. Study of nuclear genome polymorphism of the modern group of Italians of Crimea (Исследование полиморфизма ядерного генома современной группы потомков итальянских мигрантов в Крыму); *Medical Genetics*, 2023, October, V.22, Issue 10, pp.48-62; <https://doi.org/10.25557/2073-7998.2023.10.48-62>

132.I.Udina et al. Distribution Peculiarities of Y-Chromosome Haplogroups in the Population of St. Petersburg in Connection with the Problem of Creation of Reference Databases (Особенности распределения гаплогрупп Y-хромосомы среди популяции Санкт-Петербурга в связи с задачей создания референтных баз данных); *Russian Journal of Genetics*, 2023, November, V.59, pp.1216-1221; <https://doi.org/10.1134/S1022795423110169>

133.A.Glotov et al. Russian Regional Differences in Allele Frequencies of CFTR Gene Variants: Genetic Monitoring of Infertile Couples (Российские региональные различия в частотах аллелей вариантов гена CFTR: генетический мониторинг бесплодных пар популяций Санкт-Петербурга и Югры); *Genes (Basel)*, 2023, 27 December, V.15, Issue 1; <https://doi.org/10.3390/genes15010045>

134.E.Irving-Pease et al. (34 authors) The selection landscape and genetic legacy of ancient Eurasians (Картина отбора и генетическое наследие древних евразийцев); *Nature*, 2024, 11 January, V.625, pp.312-320; <https://doi.org/11.1038/s41586-023-06705-1>

135.M.Allentoft et al. (157 authors) Population genomics of post-glacial western Eurasia (Популяционная геномика пост-ледниковой Западной Евразии); *Nature*, 2024, January, V.625, Issue 7994, pp.301-311; <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06865-0>

- 136.L.Damba *et al.* Association of the structure of the gene pool of the Tuvan tribal group Mongush according to data on Y-chromosome polymorphism (Связь структуры генофонда родоплеменной группы монгушей с данными о полиморфизме Y-хромосомы); *Medical Genetics*, 2024, January, V.23, Issue 1, pp.40-51; <https://doi.org/10.25557/2073-7988.2024.01.40-51>
- 137.A.Glotov *et al.* Russian Regional Differences in Allele Frequencies of CTFR Gene Variants: Genetic Monitoring of Infertile Couples (Российские региональные различия в частотах аллелей вариантов гена CTFR: генетический мониторинг бесплодных пар); *Genes*, 2024, January, V.15, Issue 1; <https://doi.org/10.3390/genes15010045>
- 138.B.Malyarchuk & M.Derenko. Genetic history of the Koryaks and Evens of the Magadan region based on Y-chromosome polymorphism data (Генетическая история коряков и эвенков Магаданской области на основе полиморфизма Y-хромосомы); *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii*, 2024, February, V.28, Issue 1, pp.90-97; <https://doi.org/10.18699/vjgb-24-11>
- 139.B.Malyarchuk *et al.* *FADS* Gene Polymorphism and the History of the Formation of the Indigenous Populations of Siberia (Полиморфизм гена *FADS* и история формирования коренных народов Сибири); *Russian Journal of Genetics*, 2024, March, V.60, Issue 2, pp.199-209; <https://doi.org/10.1134/S1022795424020091>
- 140.A.Semikhodskii *et al.* Genetic diversity and forensic parameters of autosomal STR markers included Investigator® HDplex panel in the general population of the Russian Federation (Генетическое разнообразие и судебно-медицинские параметры аутосомных STR-маркеров, включённых в панель Investigator® HDplex, в общей популяции Российской Федерации); *Gene Reports*, 2024, March, V.24; <https://doi.org/10.1016/j.genrep.2023.101870>
- 141.H.Gill *et al.* Reconstructing the Genetic Relationship between Ancient and Present-Day Siberian Populations (Реконструкция генетических связей между древними и современными популяциями Сибири); *Genome Biology and Evolution*, 2024, April, V.16, Issue 4; <https://doi.org/10.1093/gbe/evae063>
- 142.N.Farbehi *et al.* Integrating population genetics, stem cell biology and cellular genomics to study complex human diseases (Интеграция популяционной генетики, биологии стволовых клеток и геномики клеток для исследования сложных болезней человека); *Nature Genetics*, 2024, May, V.56, pp.758-766; <https://doi.org/10.1038/s41588-024-01731-9>
- 143.K.Vagaitseva *et al.* Identification Information Value of Standard Autosomal STR in Populations of Indigenous Peoples of Russia in Determination of First Degree Relationship (Информативность идентификации стандартных аутосомных STR-аллелей в популяции коренных народов России при определении родства первой степени); *Russian Journal of Genetics*, 2024, May, V.60, pp.676-681; <https://doi.org/10.1134/S102279542470011X>
- 144.Y.He *et al.* A comprehensive whole genome database of ethnic minority populations (Комплексная база данных по полным геномам популяций этнических меньшинств); *Scientific Reports*, 2024, 17 June, V.14; <https://doi.org/10.1038/s41598-024-63892-1>

145.V.Kharkov *et al.* Paleo-Siberian Substrate in the Gene Pool of Koryaks according to Data on Autosomal SNP Polymorphism and Y-Chromosome Haplogroups (Палеосибирский субстрат в генофонде коряков по данным об аутомсомном SNP-полиморфизме и гаплогруппах Y-хромосомы); *Russian Journal of Genetics*, 2024, 19 June, V.60, pp.787-796; <https://doi.org/10.1134/S1022795424700236>

146.T.Borisova *et al.* High prevalence of m1555A>G in patients with hearing loss in the Baikal Lake region of Russia as a result of founder effect (Высокая распространённость m1555A>G у пациентов с потерей слуха в регионе озера Байкал в России как результат «эффекта основателя»); *Scientific Reports*, 2024, 03 July, V.14, Issue 1; <https://doi.org/10.1038/s41598-024-66254-z>

147.D.Usoltsev *et al.* (37 authors) Complex trait susceptibilities and population diversity in a sample of 4,145 Russians (Комплексные черты восприимчивости и популяционное разнообразие в выборке из 4145-ти русских); *Nature Communications*, 2024, 23 July, V.15; <https://doi.org/10.1038/s41467-024-50304-1>

148.G.Yanus *et al.* The Spectrum of Disease-Associated Alleles in Countries with a Predominantly Slavic Population (Спектр аллелей, связанных с заболеваниями, в странах с преобладанием славянского населения); *International Journal of Molecular Sciences*, 2024, 28 August, V.25, Issue 17; <https://doi.org/10.3390/ijms25179335>

149.Y.Barbitoff *et al.* Expanding the Russian allele frequency reference via cross-laboratory data integration: insights from 7,452 exome samples (Расширение референса частоты российских аллелей путём кросс-лабораторной интеграции данных: выводы на основе 7452-х образцов экзома в Москве и Санкт-Петербурге); *National Science Review*, 2024, 14 September, V.11, Issue 10; <https://doi.org/10.1093/nsr/nwae326>

150.N.Balinova *et al.* Gene-pool preservation across time and space in Mongolian-speaking Oirats (Сохранение генофонда во времени и пространстве у монголоязычных ойратов России); *European Journal of Human Genetics*, 2024, September, V.32, Issue 9, pp.1150-1158; <https://doi.org/10.1038/s41431-024-01588-w>

151.K.Sergeeva *et al.* The change in the population structure of the Kursk and Voronezh Guberniya in the first half of the 20th century: Malecot's isolation by distance (Изменения в структуре популяции Курской и Воронежской областей в первой половине двадцатого века: изоляция Малекота по расстоянию); *Russian Journal of Genetics*, 2024, September, V.60, Issue 9, pp.1247-1253; <https://doi.org/10.1134/S1022795424700789>

152.L.Damba *et al.* The structure of the gene pool of the southern tribal groups of Tuvans (Структура генофонда южных родоплеменных групп тувинцев); *Moscow University Anthropology Bulletin*, 2024, October, V.3, pp.91-101; <https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-24-3-8>

153.V.Kharkov *et al.* Traces of Paleolithic expansion in the Nivkh gene pool based on data on autosomal SNP and Y-chromosome polymorphism (Следы экспансии палеолита в генофонде нивхов по данным аутомсомных SNP и полиморфизмов Y-хромосомы); *Vavilov*

Journal of Genetics and Breeding, 2024, October, V.28, Issue 6, pp.659-666;
<https://doi.org/10.18699/vjgb-24-73>

154.B.Malyarchuk & A.Litvinov. Uneven Influx of European-Specific Alleles of SLC45A2, SLC24A5, TYRP1, DRD2, EDAR, and OCA2 Genes into the Gene Pool of the Koryaks (Неравномерный приток европеоидных аллелей генов SLC45A2, SLC24A5, TYRP1, DRD2, EDAR и OCA2 в генофонд коряков); *Russian Journal of Genetics*, 2024, October, V.60, Issue 10, pp.1393-1398;

155.G.Ponomarev *et al.* Genetic portraits of Khanty and Mansi based on the Y-chromosome haplogroups in the context of gene pools of Russia (Генетические портреты хантов и манси на основе анализа гаплогрупп Y-хромосомы в контексте генофондов России); *Bulletin of the Russian State Medical University*, 2024, October;
<https://doi.org/10.24075/brsmu.2024.044>

156.T.Borisova *et al.* Analysis of the Mitochondrial Gene Pool Structure of Russian Old-Settlers of the Arctic Coast of Yakutia from the Village of Russkoye Ust'ye (Анализ структуры митохондриального генофонда русских старожилов арктического побережья Якутии из села Русское Устье); *Russian Journal of Genetics*, 2024, November, V.60, Issue 11, pp.1538-1547; <https://doi.org/10.1134/S1022792454701096>

157.G.He *et al.* Population genomics of Central Asian peoples unveil ancient Trans-Eurasian genetic admixture and cultural exchanges (Популяционная геномика народов Центральной Азии раскрывает древнюю евразийскую примесь и культурный обмен); *hLife*, 2024, November, V.2, Issue 11, pp.554-562; <https://doi.org/10.1016/j.hlife.2024.06.006>

158.F.Sharko *et al.* Koban culture genome-wide and archeological data open the bridge between Bronze and Iron Ages in the North Caucasus (Полногеномные и археологические данные кобанской культуры открывают мост между бронзовым и железным веками на Северном Кавказе); *European Journal of Human Genetics*, 2024, November, V.32, Issue 11, pp.1483-1491; <https://doi.org/10.1038/s41431-023-01524-4>

159.D.Subbotin *et al.* The frequent variant of A57F in the *GNE* gene in patients from Russia has Finno-Ugric Mari origin (Часто встречающийся вариант A57F гена *GNE* у пациентов из России имеет финно-угорское марийское происхождение); *Frontiers in Genetics*, 2024, 11 December, V.15; <https://doi.org/10.3389/fgene.2024.1511304>

160.A.Agdzhoyan *et al.* Gene pool of the Ural-Volga region: genetic history of Mordovia's population based on the Y-chromosomal haplogroup N3a1-Y23475 phylogeography (Генофонд Урало-Поволжья: генетическая история популяций Мордовии на основе филогеографии Y-хромосомной гаплогруппы N3a1-Y23475); *Bulletin of Russian State Medical University*, 2024, December; <https://doi.org/10.24075/brsmu.2024.066>

161.A.Agdzhoyan *et al.* The Finnic Peoples of Russia: Genetic Structure Inferred from Genome-Wide and Y-Chromosome Data (Прибалтийские народы России: генетическая структура, выведенная из данных полногеномных исследований и изучения Y-хромосомы); *Genes*, 2024, December, V.15, Issue 12; <https://doi.org/10.3390/genes15121610>

162.E.Balanovskaia *et al.* Assessment of the frequency and association with morbidity of DNA markers in multinational administrative divisions based on indigenous population data (based on cardiovascular diseases) (Оценка частоты и связи с заболеваемостью ДНК-маркеров в многонациональных административных единицах на основе данных о коренном населении (на основе сердечно-сосудистых заболеваний)); *Cardiovascular Therapy and Prevention*, 2024, December, V.23, Issue 11; <https://doi.org/10.15829/1728-8800-2024-4204>

163.J.Kim *et al.* Highly accurate Korean draft genomes reveal structural variation highlighting human telomere evolution (Высокоточные версии корейских геномов выявляют структурные вариации, подчёркивающие эволюцию теломер человека); *Nucleic Acids Research*, 2025, 07 January, V.53, Issue 1; <https://doi.org/10.1093/nar/gkae1294>

164.A.Buzdin *et al.* EndoGene database: reported genetic variants for 5,926 Russian patients diagnosed with endocrine disorders (База данных EndoGene: зарегистрированные генетические варианты 5926-ти русских пациентов с диагнозом «эндокринные заболевания»); *Frontiers in Endocrinology*, 2025, 18 February, V.18; <https://doi.org/10.3389/fendo.2025.1472754>

165.A.Nedoluzhko *et al.* Ancient DNA analysis of elite nomadic warrior from Chinge-Tey I funerary complex in the “Valley of the Kings”, Tuva (Анализ древней ДНК элитного воина-кочевника из погребально-поминального комплекса Чинге-Тей I в «Долине Царей» Тувы); *BMC Genomics*, 2025, 05 March, V.26; <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11361-y>

166.E.Andreeva *et al.* Study of the association between HIF1A and VEGFA gene polymorphisms and ovarian cancer risk in women from Bashkortostan (Исследование связи полиморфизмов генов HIF1A и VEGFA с риском рака яичников у женского населения Башкортостана); *Siberian Journal of Oncology*, 2025, March, V.24, Issue 1, pp.79-91; <https://doi.org/10.21294/1814-4861-2025-24-1-79-91>

167.I.Lazaridis *et al.* (95 authors) The Genetic Origin of the Indo-Europeans (Генетическое происхождение индо-европейцев); *Nature*, 2025, March, V.639, Issue 8053, pp.132-142; <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08531-5>

168.T.Rausch *et al.* The impact of long-read sequencing on human population-scale genomics (Влияние длительного секвенирования на геномику популяций человека); *Genome Research*, 2025, 14 April, V.35, Issue 4, pp.593-598; <https://doi.org/10.1101/gr.280120.124>

169.B.Malyarchuk & A.Litvinov. Polymorphism of the rs1421085 Locus of the *FTO* Gene in Human Populations: Genogeographic Aspect (Полиморфизм локуса rs1421085 гена *FTO* в популяциях человека: генетический и географический аспекты); *Russian Journal of Genetics*, 2025, April, V.61, pp.453-459; <https://doi.org/10.1134/S1022795424701850>

170.E.Gusareva *et al.* From North Asia to South America: Tracing the longest human migration through genomic sequencing (Из Северной Азии в Южную Америку: отслеживание самого длинного миграционного пути с помощью секвенирования генома); *Science*, 2025, May, V.388, Issue 6748; <https://doi.org/10.1126/science.adk5081>

171.A.Gracheva *et al.* Genetic Demography of the Population of Moscow. Marriage Structure of the Population (Генетическая демография московской популяции. Структура браков популяции); *Russian Journal of Genetics*, 2025, May, V.61, pp.555-563; <https://doi.org/10.1134/S1022795425700073>

172.A.Sokolenko *et al.* 5'UTR gene regions in germline DNA sequencing panels: lessons from the analysis of breast and ovarian cancer patients of Tatar and Bashkir ethnic origin (Генные участки 5'UTR в панелях секвенирования ДНК зародышевой линии: выводы из анализа пациентов с раком молочной железы и яичников – этнических татар и башкир); *Familial Cancer*, 2025, 26 May, V.24, Issue 2; <https://doi.org/10.1007/s10689-025-00477-5>

173.E.Kuzmich *et al.* Genetic distances between Russians from different country regions and other populations of Russia (Генетические дистанции между русскими из разных регионов страны и другими популяциями России); *Medical Immunology*, 2025, June, V.27, Issue 3, pp.519-530; <https://doi.org/10.15789/1563-0625-GDB-2886>

174.A.Khan *et al.* (26 authors) A data model for population descriptors in genomic research (Модель данных для описания популяций в геномных исследованиях); *AJHG*, 2025, 03 July, V.112, Issue 7, pp.1504-1514; <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2025.05.011>

175.K.Ravn *et al.* Tracing the evolutionary history of the CCR5delta32 deletion via ancient and modern genomes (Прослеживание эволюционной истории делеции CCR5delta32 в древних и современных геномах популяций степи Западной Евразии); *Cell*, 2025, 10 July, V.188, Issue 14, pp.3679-3695; <https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.04.015>

176.T.Andreeva *et al.* (21 authors) Genetic history of Scythia (Генетическая история Скифии – региона от северного побережья Черного моря до Среднего Дона); *Scientific Advances*, 2025, 25 July, V.11, Issue 30; <https://doi.org/10.1126/sciadv.ads8179>

177.D.Adamov *et al.* Genetic Portraits of the Yakut Regional Populations Based on Y-Chromosome Polymorphism Data (Генетические портреты якутских региональных популяций, созданные на основе данных о полиморфизме Y-хромосомы); *Archaeology, Ethnology and Anthropology of Eurasia*, 2025, July, V.53, Issue 2, pp.144-154; <https://doi.org/10.17746/1563-0110.2025.53.2.144-154>

178.A.Ralf *et al.* UYSD: a novel data repository accessible via public website for worldwide population frequencies of Y-SNP haplogroups (Универсальная база данных Y-SNP (UYSD): новое хранилище данных, доступное через универсальный веб-сайт, для сбора частот гаплогрупп Y-SNP популяций мира); *European Journal of Human Genetics*, 2025, July, V.33, pp.904-912; <https://doi.org/10.1038/s41431-025-01854-5>

179.S.Khan *et al.* Genetic Diversity and Mutation Frequency Databases in Ethnic Populations: Systematic Review (Генетическое разнообразие и базы данных частоты мутаций в этнических популяциях: систематический обзор); *JMIR Bioinformatics and Biotechnology*, 2025, 11 August, V.6; <https://doi.org/10.2196/69454>

180.E.Balanovska *et al.* Diversity of gene pools in twelve Tuvan tribal groups (based on Y-chromosome haplogroup data (Разнообразие генофондов двенадцати тувинских

родоплеменных групп на основе данных гаплогрупп Y-хромосомы); *Moscow University Anthropology Bulletin*, 2025, August, Issue 3, pp.61-71; <https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-25-3-5>

181.T.Zeng *et al.* (71 authors) Ancient DNA reveals the prehistory of the Uralic and Yeniseian peoples (Древняя ДНК раскрывает предысторию уральских и енисейских народов); *Nature*, 2025, August, V.644, Issue 8075, pp.122-132; <https://doi.org/10.1038/s41586-025-09189-3>

182.J.Gretzinger *et al.* (42 authors) Ancient DNA connects large-scale migration with the spread of Slavs (Древняя ДНК связывает широкомасштабную миграцию с распространением славян); *Nature*, 2025, 03 September; <https://doi.org/10.1038/s41586-025-09437-6>

183.S.Patzold. Ancient DNA clarifies the early history of the Slavs (Древняя ДНК проясняет раннюю историю славян); *Nature*, 2025, 03 September; <https://doi.org/10.1038/d41586-025-02525-7>

184.D.Adamov *et al.* Pre-Slavic and Slavic Interaction at Eastern Periphery of Slavic Expansion in Northeastern Europe (Y-Gene Pools of Volga-Oka Region) (Дославянское и славянское взаимодействие на восточной периферии славянской экспансии в Северо-Восточной Европе – Y-генофонды Волго-Окского региона); *Genes*, 2025, September, V.16, Issue 10; <https://doi.org/10.3390/genes16101149>

185.G.Dagasso *et al.* Accounting for population structure in deep learning models for genomic analysis (Учёт структуры популяции в моделях глубокого обучения для анализа геномов); *Journal of Biomedical Informatics*, 2025, September, V.169; <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2025.104873>

186.B.Malyarchuk *et al.* Mitochondrial genome polymorphism in the East Slavic population of Northeastern Siberia (Полиморфизм митохондриального генома у восточнославянской популяции Северо-Восточной Сибири); *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2025, September, V.29, Issue 5, pp.704-710; <https://doi.org/10.18699/vjgb-25-77>

187.J.Gretzinger *et al.* Ancient DNA connects large-scale migration with the spread of Slavs (Древняя ДНК связывает широкомасштабную миграцию с распространением славян); *Nature*, 2025, 09 October, V.646, pp.384-393; <https://doi.org/10.1038/s41586-025-09437-6>