Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. 2026. № 3. С. 52–70
Lomonosov Journal of Anthropology. 2026. No 3, pp. 52–70

БИОЛОГИЧЕСКАЯ АНТРОПОЛОГИЯ / BIOLOGICAL ANTHROPOLOGY
Научная статья / Research Article
https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-26-3-04
УДК/UDC 572.575; 03.61.21

Археогенетические данные об индивидах из массового захоронения античного времени поселения Чекупс-2 с территории Краснодарского края

М.С. Гашева [1] ✉, С.С. Кунижева [1, 2], В.В. Ларина [3], А.Д. Манахов [1, 2], Т.В. Андреева [1, 2, 3], Е.В. Рождественских [1], Н.Я. Березина [3], Е.И. Рогаев [1, 4] ✉

[1] Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация

[2] Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, г. Москва, Российская Федерация

[3] Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, г. Москва, Российская Федерация

[4] Медицинская школа Чан Массачусетского университета, г. Шрусбери, США

✉ sleepyalaska@mail.ru, evivrecc@gmail.com

РЕЗЮМЕ

Введение. В результате археологических раскопок в Крымском районе Краснодарского края многослойного поселения Чекупс-2, датированного широким временным диапазоном от эпохи античности до средневековья, была найдена хозяйственная яма, содержащая 34 черепа со следами предсмертных травм и признаками скальпирования. Датировка находки археологическими методами оказалась затруднительна, так же, как и вероятная культурная принадлежность погибших людей.

Материалы и методы. Для исследования использовали черепа 16 индивидов с наилучшей сохранностью. На основе геномной ДНК, выделенной из каменистой части височных костей, были приготовлены фрагментные библиотеки и проведено геномное секвенирование с последующим биоинформатическим анализом.

Результаты. В соответствии с прямой радиоуглеродной датировкой был определен возраст погребения, соответствующий периоду античности (I –IV вв. н.э.). На основе результатов геномного секвенирования было показано, что все исследованные черепа принадлежали индивидам мужского пола. В результате анализа аутосомных генетических маркеров, а также гаплогрупп митохондриальной ДНК и Y-хромосомы было показано отсутствие близких родственных связей (1–3 степени родства) между исследуемыми индивидами, а также родства по мужской и женской линиям. Для десяти образцов были определены гаплогруппы Y-хромосомы, из них Y-хромосомы семи индивидов принадлежат гаплогруппе J2a1, еще у трех индивидов определена гаплогруппа G2a2, показана автохтонность происхождения индивидов по Y-хромосоме для всех определенных глубоких субкладов. Выявлена гетерогенность материнских линий, митохондриальные последовательности всех индивидов принадлежат различным гаплогруппам (U1b2d, U1b2d1, U1a1a1b, U5a1b1, T2d2a1a, T2l, W1i2, N1b1b, I1, X4a3a, X4a3, H, H4, H80, H55, HV4b1).

Заключение. Впервые получены данные, уточняющие исторический период совершения данного захоронения. Генетические данные по однородительским маркерам демонстрируют как автохтонное происхождение отдельных индивидов, так и преемственность исследованных индивидов с населением скифского времени, что открывает новые перспективы для дальнейшей проверки гипотез о происхождении этих людей и исторических причинах их гибели.

Ключевые слова: археогенетика; палеоантропология; античное время; полногеномное секвенирование; митохондриальная ДНК; Y-гаплогруппа; Прикубанье

Финансирование. Результаты получены при финансовой поддержке исследования, реализуемого в рамках государственной программы федеральной территории «Сириус» «Научно-технологическое развитие федеральной территории «Сириус», Соглашение № 18–03 от 10.09.2024, код проекта GEN-BFT-2407 (Г.М.С., М.А.Д., Р.Е.В.).

Для цитирования: *Гашева М.С., Кунижева С.С., Ларина В.В., Манахов А.Д., Андреева Т.В., Рождественских Е.В., Березина Н.Я., Рогаев Е.И.* Археогенетические данные об индивидах из массового захоронения античного времени поселения Чекупс-2 с территории Краснодарского края // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. 2026. № 3. С. 52-70. https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-26-3-04

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

Archaeogenetic data on individuals from an ancient mass burial at Chekups-2 (Krasnodar Krai)

Marina S. Gasheva [1] ✉, Svelana S. Kunizheva [1, 2, 3], Valeriya V. Larina [3], Andrey D. Manakhov [1,2], Tatyana V. Andreeva [1, 2, 3], Elizaveta V. Rozdestvenskih [1], Nataliya Y. Berezina [3], Evgeny I. Rogaev [1, 4] ✉

[1] Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Russian Federation

[2] Vavilov Institute of General Genetics of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation

[3] Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russian Federation

[4] UMass Chan Medical School, Shrewsbury, United States

✉ sleepyalaska@mail.ru, evivrecc@gmail.com

ABSTRACT

Introduction. During archaeological excavations at the multilayered settlement Chekups-2 in the Krymsky District of Krasnodar Krai, which spans a broad chronological range from the Bronze Age to the Middle Ages, a storage pit was discovered containing 34 skulls exhibiting trauma and signs of scalping. Archaeological dating of the find proved difficult, as did attribution of the deceased to any archeological culture.

Materials and Methods. The best-preserved skulls from sixteen individuals were selected for analysis. Ancient DNA (aDNA) was extracted from the petrous part of the temporal bones, fragment libraries were prepared, and whole-genome sequencing was performed followed by bioinformatic analysis.

Results. Direct radiocarbon dating established that the burial dates to the Classical/Antiquity period. Genome sequencing showed that all analyzed skulls belonged to male individuals. Analysis of autosomal genetic markers as well as mitochondrial DNA and Y-chromosome haplogroups revealed no close kinship (1st–3rd degree) among the examined individuals, nor kinship along exclusively paternal or maternal lines. The mitochondrial sequences of the individuals belong to different haplogroups (U1b2d, U1b2d1, U1a1a1b, U5a1b1, T2d2a1a, T2l, W1i2, N1b1b, I1, X4a3a, X4a3, H, H4, H80, H55, HV4b1). Y-chromosome haplogroups were determined for ten samples: seven individuals belong to haplogroup J2a1 and three to haplogroup G2a2.

Conclusion. For the first time, data have been obtained that clarify the historical period of this burial. Uniparental marker results demonstrate continuity between the studied individuals and populations of the Scythian period, opening new prospects for further testing hypotheses about the origin of these people and the historical reasons for their death.

Keywords: archaeogenetics; paleoanthropology; Classical Antiquity; whole-genome sequencing; mitochondrial DNA; Y-haplogroup; Prikubanye

Funding. This work was supported by a grant from the state program "Sirius" Federal Territory "Scientific and Technological Development of the Sirius; Federal Territory", Agreement № 18-03 dated September 10th, 2024 (G.M.S., M.A.D., R.E.V.)

For citation: Gasheva M.S., Kunizheva S.S., Larina V.V., Manakhov A.D., Andreeva T.V., Rozdestvenskih E.V., Berezina N.Y., Rogaev E.I. Archaeogenetic data on individuals from an ancient mass burial at Chekups-2 (Krasnodar Krai). *Lomonosov Journal of Anthropology.* 2026 (3), pp. 52-70. https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-26-3-04

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

Введение

В период греческой колонизации Северного Причерноморья (с VII в. до н. э.) происходило взаимодействие эллинов с местным населением, сформировав «греко-варварскую культуру». На Таманском полуострове и в Прикубанье греки контактировали с синдами, меотами, скифами и сарматами (Мовсесян, 2010; Каменецкий, 2011, Бутягин, 2022; Абрамова, 2025). Археологические памятники, расположенные на границе Боспорского царства и варварского мира, представляют собой перспективные объекты для исследования характера контактов. Одним из таких памятников является массовое погребение, обнаруженное в ходе раскопок поселения Чекупс-2.

В 2018-2019 гг. автономной научно-исследовательской организацией «Центр краеведения» под руководством Д.Г. Баринова были проведены раскопки многослойного поселения Чекупс-2, расположенного на территории Крымского района Краснодарского края (Баринов, Булкин, 2019). Согласно археологическим данным, поселение существовало с VI века до н. э. по III век н. э. Основная хронология памятника охватывает V век до н. э. – III век н. э., а отдельные находки датируются концом VI века до н. э. (Абрамзон с соавт., 2023). Укреплённое поселение Чекупс-2 относят к греко-варварскому культурному кругу. Данный статус подтверждается находками как местной раннемеотской лепной посуды, так и импортной греческой керамикой (Абрамзон с соавт., 2023).

В хозяйственной яме найдено массовое захоронение 34 индивидов (Абрамова, 2021): черепа без нижних челюстей и посткраниального скелета: 24 взрослых мужчины, также подростки и дети. Выявлены следы предсмертных травм и скальпирования (Абрамова, 2021). По керамике захоронение датировано II–III вв. н. э. (Баринов, Булкин, 2019). Цель данного исследования – реконструировать генетический портрет индивидов из массового захоронения на поселении Чекупс-2 для определения их происхождения и установления статуса погребенной группы: являлись ли они представителями местного населения или пришлыми мигрантами. Для достижения поставленной цели решались задачи по определению отцовского и материнского происхождения индивидов, а также оценке их генетического сходства с древними, синхронными и современными популяциями Евразии. Исследование выполнено на основе данных полногеномного секвенирования с последующим углубленным филогенетическим анализом последовательностей Y-хромосомы и полных митохондриальных геномов (мтДНК) исследуемых образцов.

Материалы и методы

Для проведения анализа были использованы образцы височных костей от 16 индивидов с наилучшей сохранностью антропологического материала. Для уточнения манипуляций, проведенных с индивидами перед смертью и/или посмертно, коллекция была изучена заново морфоскопическим методом с использованием оптического увеличения, а именно – увеличительных стёкол. При повторном исследовании не было обнаружено насечек в области основания черепа, оставленных рубящим оружием, что указывало бы на отсечение голов от тел. При этом отмечается высокая частота разрушения мыщелков черепа и части сосцевидных отростков, что, вместе с контекстом захоронения, все же говорит о декапитации погребенных. Для всех индивидов были отмечены предсмертные травмы и/или следы посмертных манипуляций, таких как скальпирование. На серии черепов зафиксированы следы насечек, произведенные по окружности на костях свода черепа (лобной, затылочной, теменных), на многих черепах насечки отмечаются на височных костях в основании скулового отростка, что, по всей видимости, связано с отчленением нижней челюсти. На многих мужских черепах отмечаются следы старых заживших травм, что, вероятно, можно интерпретировать как их принадлежность к воинской категории.

Для двух образцов из массового захоронения было проведено радиоуглеродное датирование на базе лаборатории изотопных исследований ЦКП «Геохронология кайнозоя» ИАЭТ СО РАН и ЦКП «Ускорительная масс-спектрометрия» НГУ.

Все экспериментальные работы проводили в специальных помещениях, предназначенных для работы с древней ДНК, согласно разработанной ранее методике (Andreeva et al., 2022). Фрагментные геномные библиотеки готовили по протоколу с использованием одноцепочечной ДНК (Gansauge et al., 2013) и секвенировали на платформе Illumina NovaSeq 6000 в режиме одноконцевых прочтений 121+8+8 нт. или 56+8+8 нт.

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

Анализ полученных в результате секвенирования данных проводили в среде Nextflow (Di Tommaso et al., 2017) с использованием разработанного раннее биоинформатического конвейера. С помощью программы AdapterRemoval v2 (Schubert, Lindgreen, Orlando, 2016) удаляли адаптерные последовательности и последовательности с низким качеством. С помощью программы BWA (Li, Durbin, 2009) с параметрами, адаптированными для дДНК (Schubert et al., 2012), проводили картирование полученных прочтений относительно референсного (GRCh37) и митохондриального (rCRS) геномов человека. С помощью функции MarkDuplicates (Available at: http://broadinstitute.github.io/picard/. Accessed 10.01.2026) из пакета программ Picard маркировали дубликаты. Оценку эндогенного содержания ДНК человека проводили путем подсчёта доли прочтений, картирующихся на референсный геном человека.

Определение генетического пола исследуемых образцов проводили с помощью программы karyo_RxRy (Anastasiadou et al., 2024). Оценку аутентичности дДНК по наличию характерного увеличения частоты замен цитозина на тимин на 5'-концах фрагментов проводили с помощью программы MapDamage2 (Jónsson et al., 2013). Оценку уровня контаминации образцов проводили по гетерозиготности мтДНК с помощью программы Schmutzi (Renaud et al., 2015). Для образцов мужского пола дополнительно проводили анализ уровня контаминации по гетерозиготности X-хромосомы с помощью программного пакета ANGSD (Korneliussen, Albrechtsen, Nielsen, 2014). С помощью программы pileupCaller из пакета SequenceTools (Available at: https://github.com/stschiff/sequenceTools. Accessed 10.01.2026) были получены псевдогаплоидные (параметр – randomHaploid) геномные профили исследуемых индивидов по 1240 тыс. генетическим маркерам, соответствующим панели AADR (Mallick et al., 2024). При этом для анализа использовали прочтения с качеством выравнивания (MQ) и качеством прочтения (BQ) не менее 30. Анализ генетического родства проводили с использованием программы READv2 (Alaçamlı et al., 2024), позволяющей определять родство вплоть до третьей степени.

Реконструкцию последовательности мтДНК производили путем определения в ней полиморфизмов с помощью программы BCFtools (Danecek et al., 2021). Выявленные полиморфизмы фильтровали по качеству (BQ > 30) и проверяли визуально с использованием программы IGV (Integrative Genomics Viewer) (Thorvaldsdottir, Robinson, Mesirov, 2013). Определение гаплогрупп мтДНК проводили с использованием программы Haplogrep3 (версия PhyloTree 17 – Forensic Update 1.2) (Schönherr et al., 2023), с дополнительной проверкой обнаруженных вариантов по базе данных Yfull MTree 1.02 (Van Oven, Kayser, 2009). Реконструкцию филогенетического дерева последовательностей мтДНК проводили с помощью программы mtPhyl (Eltsov N. mtPhyl: Software tool for human mtDNA analysis and phylogeny reconstruction, version v.5.003. 2016. (Available at: http://www.eltsov.org, accessed 10.02.2026). Для филогенетического анализа формировали выборку последовательностей мтДНК, принадлежащих к выявленным у исследуемых индивидов гаплогруппам. Последовательности мтДНК отбирали из баз данных, содержащих как древние, так и современные образцы: HaploTree (Available at: https://haplotree.info/home/. Accessed 10.02.2026), AADR (Mallick et al., 2024), NCBI BLAST (Available at: https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi. Accessed 10.02.2026), Yfull MTree 1.02 (Van Oven, Kayser, 2009) и AmtDB (Ehler et al., 2019).

Для филогеографического анализа гаплогруппы Y-хромосомы использовали образцы с покрытием Y-хромосомы более x0,06 (табл. 1). Для определения Y-гаплогруппы использовали пакет yHaplo (Poznik, 2016). Для подтверждения Y-гаплогруппы проводилась перекрёстная проверка выявленных однонуклеотидных вариантов (SNV) с использованием маркеров из базы данных ISOGG Y-DNA Haplogroup Tree 2019–2020 (Available at: https://isogg.org/tree/. Accessed 10.02.2026) и YTree (Available at: https://www.yfull.com/tree/. Accessed 10.02.2026). Анализ распространения Y-хромосомных линий среди современных популяций проводили с помощью портала FamilyTreeDNA (Available at: https://www.familytreedna.com/. Accessed 10.02.2026). Дополнительно были использованы данные из собственной базы (НТУ «Сириус» и лаборатории эволюционной геномики ИОГен РАН), которая охватывает около 1000 древних геномов с территории России (от палеолита до XX века).

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

Таблица 1. Общая информация о результатах секвенирования ДНК исследуемых индивидов*
Table 1. General information on the DNA sequencing results of the studied individuals*

№ индивида Individual No.	% прочтений, картированных на геном % reads mapped to the genome	% замен C > T на 5'-концах прочтений % C>T substitutions at the 5'-ends of reads	Среднее покрытие мтДНК Mean coverage mtDNA	Среднее покрытие Y-хромосомы Mean Y-chromosome coverage	MT-гаплогруппа mt-haplogroup	Y-гаплогруппа Y- haplogroup
MB05	64.13	29.8	22.3	0.13	N1b1b	J2a1a1b1a1a
MB06	70.32	32.0	37.06	0.16	U1b2d1	G2a2b2a1a1a1b1
MB11	38.68	35.2	8.07	0.04	X4a3	н.д. / n.d.
MB12	59.90	40.7	12.39	0.04	I1	н.д. / n.d.
MB15	79.20	36.4	12.62	0.08	U5a1b1	N2~
MB16	86.27	29.0	8.71	0.06	T2l	н.д. / n.d.
MB17	77.42	29.6	80.10	0.75	U1b2d	J2a1~
MB18	70.95	36.8	72.95	0.75	T2d2a1a	G2a2b2a1a1a1b1
MB19	79.24	32.6	18.43	0.75	HV4b1	J2a~
MB20	64.73	40.4	13.41	0.75	H80	J2a~
MB24	10.42	9.0	5.40	0.01	H55	н.д. / n.d.
MB25	67.31	34.0	90.98	0.80	X4a3a	J2a1~
MB26	80.37	31.0	92.03	0.77	H	J2a1a1b1a1a
MB27	83.52	28.4	83.54	0.71	U1a1a1b	J2a1~
MB28	76.61	23.4	74.48	0.52	H4	G2a2b2a1a1a1b1
MB30	34.52	33.9	12.22	0.04	W1i2	н.д. / n.d.

Примечание: * – данные приведены после удаления адаптерных последовательностей.
Сокращение: нд. – нет данных.
Note: *– data are presented after adapter sequence trimming. Abbreviation: n.d. – no data.

Результаты

Геномная ДНК, полученная из каменистой части височных костей 16 индивидов, была использована для приготовления фрагментных геномных библиотек и их секвенирования. Результаты биоинформатического анализа подтвердили аутентичность древней ДНК каждого образца. (см. таблица 1; рисунок S1, Приложения). Процент прочтений, картированных на референсный геном человека, составил от 34 до 83%, что свидетельствует о хорошем качестве полученной ДНК и ее пригодности для анализа, статистика по результатам секвенирования представлена в таблице 1. Соотношения среднего покрытия половых хромосом к среднему покрытию аутосом показали, что все исследуемые образцы мужского пола.

Прямое радиоуглеродное датирование костных фрагментов от двух черепов из захоронения подтвердило ранее предложенную на основе анализа керамического материала археологическую датировку: 1875±42 BP (31-305 гг. н.э.), 1853±42 BP (78-324 гг. н.э.).

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

Анализ полной последовательности мтДНК

В результате секвенирования были реконструированы полные митохондриальные последовательности всех индивидов со средней глубиной покрытия от x5,4 до x92,0, что позволило определить их митохондриальные гаплогруппы (таблица 1). Были определены 16 различных МТ-гаплогрупп, что исключает их прямое родство по материнской линии.

Четыре исследуемых индивида принадлежат к западно-евразийской базальной гаплогруппе *U*. Для MB15 выявлена гаплогруппа *U5a1b1*, принадлежащая к древней линии *U5*, которая является преимущественно европейской по своему происхождению и распространению. Три других индивида: MB17, MB06 и MB27, относятся к различным кладам гаплогруппы *U1* (*U1b2d*, *U1b2d1* и *U1a1a1b* соответственно). Макрогаплогруппа *U1* представляет собой одну из древнейших митохондриальных линий в Евразии (Fu et al., 2016). Считается, что эта митохондриальная линия возникла примерно 26–37 тысяч лет назад в Западной Азии, а ее распространение на территорию Европы и Центральную Азию связывают с миграционными процессами эпохи неолита и бронзового века (Sequeira et al, 2024). В настоящее время различные линии гаплогруппы *U1* более распространены среди населения Ближнего Востока, Анатолии и Кавказа, чем в Европе (Derenko et al., 2013) (рисунок S2, рисунок S3, Приложения).

Для проведения сравнительного анализа в указанных базах данных нами были найдены четыре древние митохондриальные последовательности, относящиеся к кладе *U1b2d*, к которой принадлежит мтДНК индивида MB17, а также к ее дочерней гаплогруппе *U1b2d2* (рисунок S2, Приложения). Максимальное сходство последовательности мтДНК индивида MB17 обнаружено с образцом BRE006 из элитного кургана сакской культуры (Берельский некрополь, Восточный Казахстан, III–II вв. до н. э.) (Gnecchi-Ruscone et al, 2021). Кроме того, митохондриальная последовательность индивида MB17 имеет пять нуклеотидных замен по сравнению с двумя индивидами (B22-1 и B33-1) из могильника Неплюевский (Челябинская область, Южный Урал). Данные образцы датируются эпохой бронзы (около 3800 лет назад) и относятся к срубно-алакульской культурной традиции (Blöcher et al., 2023). Для индивида MB06 определена галпогруппа *U1b2d1*, характеризующаяся мутацией 11794 и формирующая более глубокую ветвь внутри гаплогруппы *U1b2d* мтДНК, отличную от ветви, представленной индивидом MB17. Интересно, что в настоящее время субклады *U1b2d* и *U1b2d1* распространены среди современного населения северо-кавказского региона (Карачаево-Черкессия, Кабардино-Балкария, Ингушетия) по данным YFull и FamilyTreeDNA, а частота встречаемости материнской гаплогруппы *U1b2* у них варьирует от от 3,4–11,4% (Dzhaubermezov et al., 2019).

У образца MB27 выявлена митохондриальная гаплогруппа *U1a1a1b* (возраст ок. 7200 лет). Проведенный нами филогенетический анализ показал преемственность этой митохондриальной линии в Кавказско-Черноморском регионе на протяжении почти трех тысячелетий. На сегодняшний день наиболее ранним свидетельством присутствия данной клады в регионе является образец I13031 из урартского памятника Кармир-Блур (Армения, VIII–IX вв. до н. э.) (Lazaridis et al., 2022a). Следует отметить, что мтДНК индивида MB27 полностью идентична образцу урартской культуры (I13031), а также отличается всего на одну нуклеотидную замену от средневекового образца из Грузии (BBD001, XII в. н. э.) (Skourtanioti et al., 2025).). В то же время дистанция до современного носителя из Грузии значительно выше и составляет 5 нуклеотидных замен (рисунок 1). Примечательно, что идентичная материнская линия *U1a1a1b* была обнаружена у индивида Fan25 (II в. до н. э.), происходящего из античного полиса Фанагория в Северном Причерноморье (собственные неопубликованные данные).

У индивида MB15 была выявлена гаплогруппа *U5a1b1*. Субкластер U5a1 распространился по Евразийскому континенту вскоре после последнего ледникового максимума (Malyarchuk et al., 2010), В настоящее время клада *U5a1b1* наиболее часто встречается в Северной и Восточной Европе (YFull, FamilyTreeDNA), При построении филогенетического дерева для последовательности мтДНК образца MB15 было обнаружено сходство (с разницей в 2-3 замены) с древними индивидами эпохи бронзы I6476, I1546 и I2568, относящимися к культуре колоколовидных кубков с

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

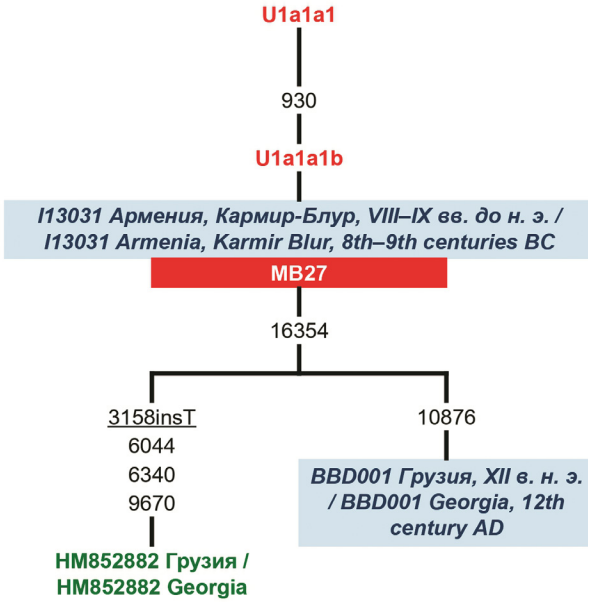


Рисунок 1. Фрагмент филогенетического дерева митохондриальной гаплогруппы U для MB27, построенный с использованием программы mtPhyl. Указаны позиции и нуклеотидные замены относительно референсной последовательности мтДНК. Зеленым шрифтом выделены современные образцы. Голубым шрифтом с заливкой выделены древние образцы

Figure 1. Fragments of phylogenetic trees of mitochondrial haplogroup U for sample MB27, constructed using the mtPhyl software. Positions and nucleotide substitutions relative to the mtDNA reference sequence are indicated. Modern samples are highlighted in green. Ancient samples are highlighted in blue with shading

территории Германии, Чехии и Шотландии. (Mathieson et al., 2015; Olalde et al., 2018). Обнаружен также близкий митогеном (разница в 3 замены) у древнего индивида I3866 из раннесредневекового некрополя Лескеда (Каталония, Испания), датируемого VII в. н. э. (600–700 гг.) и представляющего население вестготского периода. Ближайшее совпадение митогеномов выявлено для современных образцов из Дании и Испании (3 замены) (рисунок S3, Приложения).

Пять исследованных индивидов (MB19, MB20, MB24, MB26, MB28) принадлежат к предковой линии одной из самых древних западноевразийских гаплогрупп – *HV*, но при этом относятся к разным её ветвям. Считается, что макрогаплогруппа *HV* связана с ранним расселением человека в эпоху палеолита. В настоящее время её производные клады широко распространены в Европе и Западной Азии (De Fanti et al., 2015).

У индивида MB19 идентифицирована редкая митохондриальная гаплогруппа *HV4* (субклад *HV4b1,* определяемый мутацией C1715T) (рисунок S5, Приложения), возникшей около 18 тыс. лет назад (YFull). Предполагается, что ее распространение связано с миграциями неолитических фермеров из Передней Азии на Европейский континент (De Fanti et al., 2015). На сегодняшний день наиболее ранним носителем линии HV4 является индивид I13838 из пещеры Трен (Албания), ассоциируемый с балканскими группами ранней и средней бронзы (5000–3500 л. н.) (Lazaridis et al., 2022a). Древних образцов, принадлежащих непосредственно кладе *HV4b1*, пока не обнаружено. Среди современных популяций наиболее близкие к мтДНК MB19 последовательности выявлены у жителей Северного Кавказа, Передней Азии (Ирак, Турция) и Южной Европы. Филогенетический анализ обнаружил сходство мтДНК MB19 с образцом из Армении, относящимся к более глубокой кладе HV4b1b (дистанция в три нуклеотидные замены), а также с образцом из Греции (шесть замен). Современный образец из Дагестана (даргинский этнос) оказался наиболее удаленным, имея семь отличий.

Другие четыре индивида из могильника Чекупс-2 принадлежат к макрогаплогруппе *H* – наиболее распространенной в Европе митохондриальной линии, являющейся дочерней ветвью *HV* (Roostalu et al., 2007). В современных европейских популяциях гаплогруппа *H* охватывает более 40% общего разнообразия мтДНК, при этом её частота снижается в восточном и южном направлениях. В современных российских популяциях средняя частота данной макрогаплогруппы составляет 40,1%, а на юге и Северном Кавказе она заметно ниже и варьирует в пределах 10–25%, что сопоставимо с частотой этой гаплогруппы на Ближнем Востоке (Richards et al., 2000; Achilli et al., 2004; Roostalu et al., 2007). В исследованной выборке образец MB26 относится к базальной линии гаплогруппы *H*, тогда как у остальных индивидов определены ее дочерние субклады: *H4* (MB28), *H80* (MB20) и *H55* (MB24). По двум нуклеотидным заменам образец MB26 отличается от мтДНК представителя скифской культуры из Крыма (курган «Чайка», II–I вв. до н. э.)

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

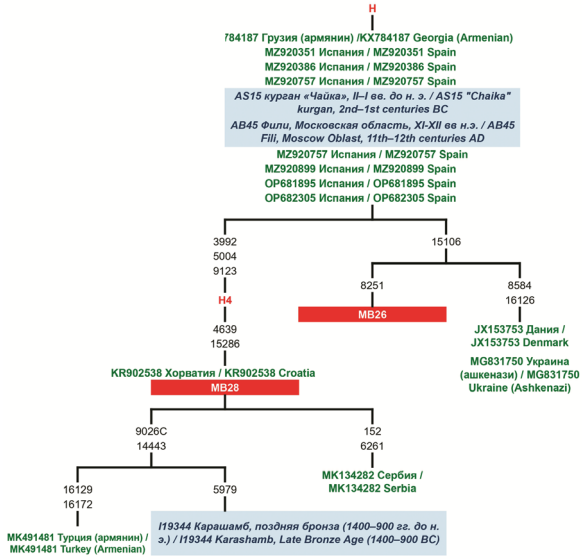


Рисунок 2. Фрагменты филогенетических деревьев гаплогрупп для образцов MB26 и MB28, построенные с использованием программы mtPhyl
Figure 2. Fragments of phylogenetic trees of haplogroups for samples MB26 and MB28 constructed using the mtPhyl software

(Andreeva et al., 2025), индивида из древнерусского кургана XI–XII веков (Фили, Московская область) (Andreeva et al., 2025) и современных жителей Испании и Грузии. Кроме того, обнаружено сходство в пределах трёх нуклеотидных замен с современными жителями Дании и представителем субэтноса ашкенази с территории Украины.

Субклад *H4*, выявленный у индивида MB28, в современных популяциях встречается с низкой частотой. Его частота среди российских популяций максимальна среди народов Поволжья (Bermisheva et al., 2002) и Северного Кавказа (Nasidze et al., 2001) и составляет всего 0,1%. Нами было выявлено присутствие митохондриальной линии *H4* в Кавказском регионе, начиная с эпохи поздней бронзы – у образца I19344 из могильника Карашамб (Котайкская область, Разданский район, Армения), датируемого периодом поздней бронзы (1400–900 гг. до н. э.), последовательность мтДНК которого отличается на три нуклеотидных замены от образца MB28 (Lazaridis et al., 2022a) (рис. 2). Филогенетический анализ полной последовательности митохондриальной ДНК образца MB28 показал его идентичность митогеному современного жителя Хорватии и минимальное генетическое расстояние (2 замены) от индивида из Сербии. (рисунок 2).

Индивид MB20 принадлежит к митохондриальной гаплогруппе *H80*, которая практически не встречается в современных российских выборках. В популяциях Южной и Центральной Европы (Германия, Австрия, Румыния, Италия, Греция) её частота крайне низка и составляет менее 0,5% (FamilyTreeDNA). На филогенетическом дереве образец MB20 образует обособленную ветвь, которая характеризуется специфическими нуклеотидными заменами в позициях 6932 и 7761. Филогенетический анализ выявил, что последовательность мтДНК MB20 отличается на семь нуклеотидных замен от наиболее раннего известного носителя данной линии – образца MOK32 (культура Марош эпохи ранней бронзы, Сербия, 2100–1800 гг. до н. э.) (Žegarac et al., 2021) (рисунок S4, Приложения). На четыре нуклеотидные замены MB20 отличается от индивида SK104A, населявшего территорию Южный Тироля в эпоху Великого переселения народов (Австрия V–XI вв. н.э.) (Coia et al., 2022), на 4 замены выявлено отличие от трех индивидов из древнерусского некрополя XIII–XIV вв. Патриарший сад (г. Владимир, собственные неопубликованные данные). Дистанция в шесть и семь замен обнаружена с индивидом I25512 латенской культуры железного века (Венгрия, III–II вв. до н. э.) (Patterson et al., 2022) и индивидом I8373 византийского периода (Турция, VI–VIII вв. н. э.) (Lazaridis et al., 2022b), соответственно.

Для образца MB24 была определена гаплогруппа *H55*. Среди опубликованных данных был найден образец Log02 с субкладой *H55a*, принадлежащий к элладской археологической культуре с территории современной Греции (некрополь Элати, Западная Македония), датируемый 2300 гг. до н.э. (Clemente et al., 2021) Примечательно, что анализ происхождения носителей данной культуры показал значительную генетическую примесь популяций понтийско-каспийской степи (ямная культура и ее потомки) (Clemente et al., 2021).

Для индивидов MB11 и MB25 были определены митохондриальные гаплогруппы с субкладами *X4a3* и *X4a3a* соответственно. Эти субклады относятся к редкой в настоящее время митохондрильной гаплогруппе *X4* (Juras et al., 2018). Самые ранние на сегодня выявленные древние индивиды, принадлежащие к митохон-

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

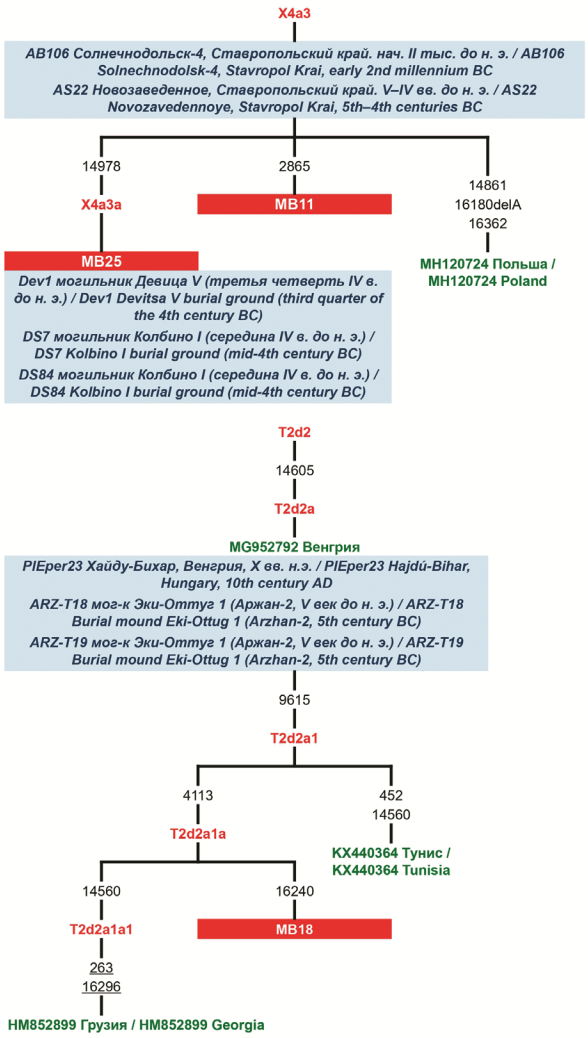


Рисунок 3. Фрагменты филогенетических деревьев гаплогрупп для образцов MB18, MB25 и MB11, построенные с использованием программы mtPhyl
Figure 3. Fragments of phylogenetic trees of haplogroups for samples MB18, MB25, and MB11, constructed using the mtPhyl software

дриальной линии *X4*, были обнаружены среди представителей катакомбной культуры Приднестровья, это образцы poz220 (2834–2499 гг. до н. э.) и poz221 (2548–2348 гг. до н. э.), из погребений в курганах у села Приднестрянское (Винницкой обл.). Данные находки датируются III тысячелетием до н. э. (2834–2499 гг. до н. э. и 2548–2348 гг. до н. э., соответственно) (Juras et al., 2018).

Особое значение имеет полное совпадение последовательностей мтДНК индивида MB25 и разница в одну замену для индивида MB11 с представителями скифской элиты Среднего Подонья (рисунок 3). Идентичные митогеномы выявлены у трех представителей одного скифского клана – DS7 и DS84 из могильника Колбино I (середина IV в. до н. э.) и у женщины (Dev1) из «амазонского» погребения могильника Девица V (третья четверть IV в. до н. э.) (Andreeva et al., 2025). Было обнаружено, что последовательности мтДНК MB11 и MB25 отличаются всего на одну нуклеотидную замену от митогенома образца AB106 эпохи рубежа средней-поздней бронзы (Солнечнодольск-4, Ставропольский край. нач. II тыс. до н. э.) и представителя кобанской культуры эпохи раннего железного века AS22 (Новозаведенное, Ставропольский край. V–IV вв. до н. э.) (Andreeva et al., 2025). В современных популяциях из открытой базы данных YFull выявлены единичные образцы носителей этой материнской линии в Центральной и Восточной Европе, на Балканах, в Анатолии и Армении (Röck et al., 2013). Наш анализ показал, что наиболее близкий современный митогеном с гаплогруппой *X4a3a* обнаружен на территории Польши. Генетическая дистанция между польским образцом и исследуемыми индивидами MB11 и MB25 составляет четыре нуклеотидные замены (рисунок 3).

У двух индивидов MB16 и MB18 обнаружены различные клады западноевразийской гаплогруппы *T2* (*T2l* и *T2d2a1a* соответственно). На сегодняшний день наиболее древним представителем макрогаплогруппы *T2* является индивид CCH163 из неолитического поселения Чатал-Хююк (Турция), датируемого примерно 6816–6597 гг. до н. э. (Yaka et al., 2021). У индивида MB16 выявлена редкая субклада *T2l*, формирующаяся в результате мутации T11383C. Ветви клады *T2l* распространены среди современных жителей России (Кабардино-Балкария), Абхазии, Сербии и Польши (YFull). Более глубокий филогенетический анализ для данного образца не проводился в связи с недостаточным покрытием. У индивида MB18 выявлена митохондриальная гаплогруппа *T2d2a1a*, которая является дочерней ветвью гаплогруппы *T2d*. Филогенетический анализ последовательности мтДНК MB18 продемонстрировал преемственность этой линии в составе древних кочевых и оседлых сообществ Евразии. В частности, было установлено, что к предковой ветви *T2d2a* принадлежали представители элиты скифо-

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

сибирского мира Тувы – индивиды ARZ-T18 и ARZ-T19 (курган 6 могильника Эки-Оттуг 1, Аржан-2, V в. до н. э.). Эти индивиды относятся к саглынской культуре и представляют правящую верхушку ранних кочевников Саяно-Алтая (Mary et al., 2019). Также было выявлено генетическое сходство митогенома MB18 с образцом PlEper23 из венгерского могильника Пюшпёкладань-Эперьешвёльдь (X в. н. э.). Данный индивид принадлежал к группе рядового населения Карпатского бассейна периода венгерских завоеваний, а не к элите венгерских завоевателей ((Maár et al., 2021). Примечательно, что все указанные древние образцы отличаются от последовательности мтДНК MB18 на три нуклеотидные замены. В современных популяциях также были обнаружены индивиды с близкими митогеномами с образцом MB18. Ближайшее совпадение найдено современным индивидом из Венгрии (3 нуклеотидных замены), а более удаленное (4 замены) с жителями Грузии и Туниса (рисунок 3).

У индивида MB05 был выявлен субклад *N1b1a2f* гаплогруппы *N1b*, которая считается одной из древних митохондриальных линий, распространившихся из Ближнего Востока в Европу и на Кавказ в эпоху неолита вместе с первыми земледельцами (Sokolov et al., 2016). Наиболее древние представители дочерней клады *N1b1* обнаружены в захоронениях эпохи ранней бронзы на Северном Кавказе и относятся к майкопской культуре (3700–3000 гг. до н. э.) (Sokolov et al., 2016). Хотя прямых совпадений для глубокой клады *N1b1a2f* среди древних индивидов не было обнаружено, наш филогенетический анализ выявил наиболее близкую линию у образца AID008 из микенского некрополя Айдония (Греция), датируемый позднеэлладским периодом (ок. 1375-1200 гг. до н. э.) (Skourtanioti et al, 2023). Данный образец относится к материнской кладе *N1b1a2* и отличается от MB05 всего на две замены. Среди современных митогеномов совпадение (отличие 2 замены) было обнаружено с жителями Италии и Турции (этнический армянин), а также с современными жителями Армении (отличие на пять замен) (рисунок 4).

Филогенетический анализ мтДНК для MB12 выявил субклад *I1i* гаплогруппы *I1*. Гаплогруппа *I1* одна из широко распространенных в Евразии, предположительно, возникла на Ближнем Востоке около 16 тыс. лет назад, в период

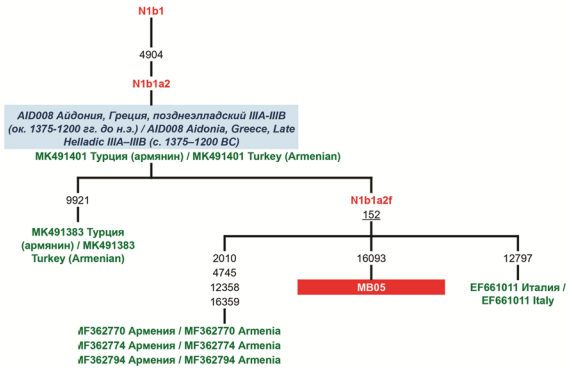


Рисунок 4. Фрагмент филогенетического дерева гаплогруппы N для образца MB05, построенный с использованием программы mtPhyl

Figure 4. Fragment of the phylogenetic tree of haplogroup N for sample MB05, constructed using the mtPhyl software

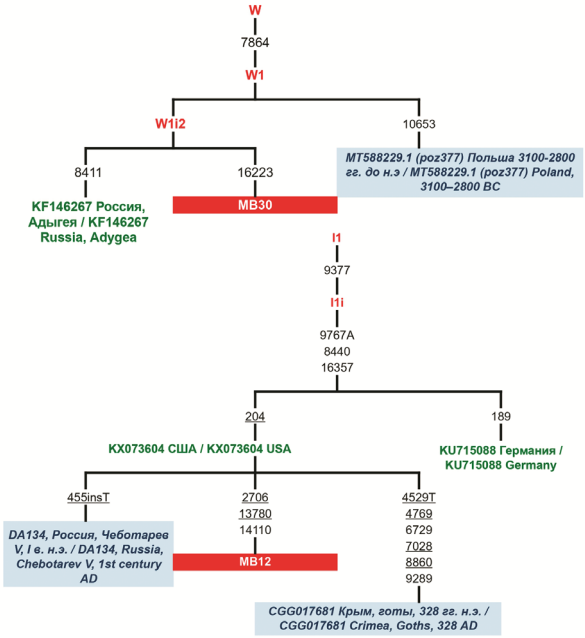


Рисунок 5. Фрагменты филогенетических деревьев гаплогрупп для образцов MB12 и MB30, построенные с использованием программы mtPhyl

Figure 5. Fragments of phylogenetic trees of haplogroups for samples MB12 and MB30, constructed using the mtPhyl software

последнего ледникового максимума. (Olivieri et al., 2013) Один из древних образцов с гаплогруппой I1 на Северном Кавказе – это представитель кобанской культуры с памятника Заюково-3, Кабардино-Балкария (VI-V вв. до н. э.) (Boulygina et al., 2020). Ближайшим совпадением

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

(4 замены) для образца MB12 по результатам филогенетического анализа оказался индивид DA134 из погребения Чеботарев V, датируемый I вв. н. э. и относящийся к сарматской культуре. (Damgaard et al., 2018) Также эту гаплогруппу (с разницей в 9 замен от MB12) имеет образец CGG017681, представитель готской культуры из Крыма, 328 гг.н.э. (McColl et al., 2024) Ближайший представитель среди современных популяций оказался жителем США (3 замены) (рисунок 5).

У исследуемого индивида MB30 обнаружена гаплогруппа мтДНК *W1i2*, являющаяся субкладой макрогаплогруппы *W*. Предполагается, что западно-евразийская гаплогруппа *W* возникла на Ближнем Востоке или в Передней Азии, откуда распространилась в Европу, на Кавказ и в Южную Азию в эпохи неолита и бронзы (Olivieri et al., 2013). Наиболее близким по последовательности мтДНК к образцу MB30 является представитель культуры воронковидных кубков (poz377) с гаплогруппой *W1i*, обнаруженный на территории современной Польши (конец IV тыс. до н. э.) (Juras et al., 2021). Различие между образцами составляет всего две мутации, что может указывать на возможное существование общих материнских линий в рамках макрогаплогруппы W среди населения Центральной Европы и Кавказа в эпоху энеолита и ранней бронзы. Это согласуется с концепцией «Южной Дуги» (от Балкан и Анатолии до Кавказа) как единого миграционного пространства в эпохи неолита и бронзы (Lazaridis et al. 2022). Современный ареал гаплогруппы *W1i2*, согласно базе данных Yfull, ограничен центральной и западной частями Северного Кавказа. Она обнаружена у чеченцев, ингушей, адыгов (черкесов) и абхазов согласно электронной базе данных YFull. Длительное сохранение этой специфической мтДНК линии *W1i2* на юге России и Северном Кавказе с античности до современности предполагает автохтонность данной линии на этой территории (рисунок 5).

Анализ Y-хромосомы

Для десяти из шестнадцати исследуемых образцов удалось реконструировать последовательность Y-хромосомы и определить соответствующие гаплогруппы.

У семи образцов была определена гаплогруппа Y-хромосомы *J2a1* (субклады *J-Y27964/J-Z35831*). Эта гаплогруппа, возникновение которой датируется периодом около 8 тыс. лет до н. э. (YFull), в настоящее время широко распространена на территории Кавказа (включая Республику Адыгея), Краснодарского края и Малой Азии (Турция). При этом максимальная частота её встречаемости зафиксирована именно в Адыгее и составляет 17,39% (FamilyTreeDNA). Среди древних образцов с этой гаплогруппой особый интерес представляет обнаруженный образец SUS014 постдольменной культуры (из могильника Шушук, Майкопский район, Адыгея), датируемый 1556 годом до нашей эры (эпоха средней/поздней бронзы), у которого также определена гаплогруппа *J2a-Z35831* (Ghalichi et al., 2024).

У других трех индивидов (MB06, MB18 и MB28) была определена гаплогруппа Y-хромосомы *G2a2b2a1a1a1b1* (маркеры *G-Y12277 / G-FT34*). Согласно данным YFull, эта гаплогруппа сформировалась около 4700 лет назад, а время жизни последнего общего предка (TMRCA) современных носителей составляет примерно 3300–3500 лет (YFull). Эта гаплогруппа считается специфическим маркером древнего населения Северо-Западного Кавказа. В современном генофонде она наиболее широко представлена у абхазо-адыгских народов (адыгов, абхазов, абазин) (Теучеж с соавт., 2013), достигая пиковых значений на территории Адыгеи (28%) по данным FamilyTreeDNA. Распространение линии *G-Y12277* на Западном Кавказе связывают с дольменной культурой и последующими культурами эпохи поздней бронзы. Это подтверждается находкой данной гаплогруппы у образца SUS005 из погребения могильника Шушук (Майкопский р-н., Адыгея), датируемого концом II тыс. до н. э (Ghalichi et al., 2024). Примечательно, что для этих индивидов (MB06, MB18 и MB28) обнаружена общая предковая линия Y-хромосомы со скифским индивидом DS36 с территории Среднего Дона (Колбино I, Воронежская обл, IV в. до н. э.). (Andreeva et al., 2025). Детальный филогенетический анализ выявил у скифского образца замену в позиции Y-хромосомы 6 745 793 (A->G), определяющую принадлежность к более глубокой дочерней ветви *G2a2b2a1a1a1b1b1~*. Наличие данной замены у индивида MB18 не подтверждено в связи с низким покрытием генома.

Кроме того, гаплогруппа *G-Y12277/G-FT34* была обнаружена на обширной территории Евразии, включая Австрию (образцы Goldenen Stiege 192, 194, 427 из крупного аварского могильника Мёдлинг-ан-дер-Гольденен-Штиге,

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

VII–IX вв. н. э.), Румынию (образец I10495 из средневекового захоронения Плоешьти-Триаж, X в. н. э.), а также Южный Урал (индивид Uyelgi4, кушнаренковская культура, могильник Уелги, около 1000 г. н. э.).

Обсуждение

Результаты комплексного археогенетического анализа 16 индивидов из поселения Чекупс-2 позволяют реконструировать этнокультурные процессы, происходившие на северо-западной периферии Северного Причерноморья в античную эпоху.

Результаты радиоуглеродного датирования (1875 ± 42 BP и 1853 ± 42 BP) позволяют отнести это захоронение к античному периоду (примерно I–IV вв. н. э.), что соответствует датировке по керамическому материалу, обнаруженному в верхних слоях погребения на поселении Чекупс-2.

Особый интерес представляют полученные результаты определения генетического пола погребенных: все 16 изученных индивидов из массового захоронения (в котором всего обнаружены останки 34 человек) оказались мужчинами. Столь выраженный гендерный дисбаланс позволяет предположить, что в данном коллективном погребении была захоронена специфическая социально-профессиональная группа, вероятно, воинское подразделение или участники военного конфликта.

Анализ Y-хромосомных гаплогрупп показал, что все изученные индивиды из Чекупс-2 принадлежали всего к двум генетическим линиям, демонстрирующим глубокую преемственность на территории Северо-Западного Кавказа от эпохи бронзы (дольменная культура) до античного периода. Установлено, что 7 индивидов относятся к гаплогруппе *J2a1 (субклады J-Y27964 / J-Z35831)*, а 3 индивида – к гаплогруппе *G2a2b2a1a1a1b1* (маркеры *G-Y12277 / G-FT34*).

Установленное генетическое сходство по отцовским линиям (гаплогруппы *J2a1* и *G2a2b2a1a1a1b1*) между изученными мужскими индивидами из Чекупс-2 и носителями постдольменной культуры из могильника Шушук (Предкавказье, Республика Адыгея) позволяет предположить, что погребённые в массовом захоронении люди были представителями местного автохтонного населения. Полученные данные служат подтверждением одной из археологических гипотез о том, что в яме были захоронены местные жители, представители автохтонных общностей Кавказского Причерноморья античного периода. Также, примечательно, что данные отцовские линии, представленные гаплогруппами *J2a1* и *G2a2*, до сих пор преобладают в генофонде современных народов Северного Кавказа и Причерноморья (абхазо-адыгских групп).

Выявление общего Y-хромосомного глубокого субклада *G-FT34* у индивидов из Чекупса-2, с представителем скифского населения Подонья, а также аварских и протовенгерских групп, указывает на вовлеченность носителей данной Y-хромосомной гаплогруппы в масштабные миграционные процессы на обширных территориях Евразии (от Южного Урала до Центральной Европы). Полученный результат позволяет предположить, что носители этой отцовской линии *G-FT34* могли быть интегрированы в состав различных евразийских кочевых союзов в период Великого переселения народов и раннего Средневековья.

В отличие от гомогенных отцовских линий Y-хромосомы, анализ митохондриальной ДНК (мтДНК) выявил гетерогенную структуру материнских маркеров у индивидов из массового захоронения Чекупс-2 (I–IV вв. н. э.). Обнаружение 16 различных митохондриальных линий свидетельствует о высоком уровне генетического разнообразия внутри данной группы индивидов, что позволяет сделать заключение, что исследуемая группа не является близкородственной по материнской линии. Все выявленные митохондриальные линии (*H*, *HV*, *U*, *T*, *I*, *W*, *X*) имеют западно-евразийское происхождение, и, несмотря на генетическое разнообразие гаплогрупп мтДНК (16 гаплогрупп), в захоронении Чекупс-2 полностью отсутствует вклад восточноазиатских материнских линий. На основании детального филогенетического анализа полных митохондриальных геномов и анализа глубоких кладов мтДНК было выделено три основных кластера материнских линий, различающихся по своему происхождению, и показано, что формирование материнских линий в исследуемой группе происходило при участии как локальных генетических линий, так и в результате активных внешних миграционных процессов.

Местный (Кавказско-Переднеазиатский/ Южный Причерноморский) кластер мтДНК представлен в изученной выборке митохондриальными

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

линиями *U1* (*U1a1a1b*, *U1b2d*, *U1b2d1*, *W1i2*, *N1b1b*, *HV4b1*). Эти гаплогруппы мтДНК демонстрируют древнюю преемственность этих материнских линий в обширном регионе Кавказа, Передней Азии и Средиземноморья и продолжают присутствовать в современных популяциях Юга России. Связь этих митохондриальных линий с представителями майкопской, катакомбной и кобанской культур подтверждает их автохтонное происхождение в данном регионе. Наличие данных мтДНК маркеров у этих индивидов из Чекупс-2 свидетельствует об их прямом происхождении по материнской линии от древнего населения Кавказа и Причерноморья.

Значительную часть выборки составляют так называемые «степные» евразийские линии мтДНК, которые включают такие гаплогруппы, как *T2* (*T2d2a1a*, *T2l*), *X4a3*/*X4a3a*. Особый интерес представляет обнаруженное полное совпадение последовательностей митохондриальной ДНК в глубоких кладах *X4a3a* у индивидов из поселения Чекупса-2 с представителями скифской элиты Подонья (Колбино I и Девица V, IV в. до н. э.), а также выявленное близкое сходство митогеномов по гаплогруппе *T2d2a1a* с кочевниками, относящимися к «царским» скифам Алтая и сакам Казахстана. (табл. 3). Эти результаты позволяют предположить происхождение материнских линий части исследованных индивидов из степных районов Евразии и подчеркивают роль миграций носителей евразийских кочевнических традиций в формировании генетического состава античного населения Прикубанья.

Некоторые выявленные клады, относящиеся к макрогаплогруппе *H,* не могут быть однозначно отнесены к местному или «степному» кластеру, так как они широко распространены в Западной Евразии и появление этих линий у индивидов из Чекупс-2 связаны с различными миграционными процессами.

Выявленные у индивидов из Чекупса-2 специфические однородительские маркеры, автохтонные для Кавказско-Причерноморского региона (Y-ДНК: *J2a1*, *G2a2*; мтДНК: *U1a1a1b*, *U1b2d*, *U1b2d1*), свидетельствуют о генетической преемственности между античным населением территории Краснодарского края и современными народами Северного Кавказа (в частности, с популяциями абхазо-адыгской группы). Полученные данные подтверждают значительный вклад местных автохтонных общностей Кавказского Причерноморья периода античности в формирование современного генофонда этого региона, а также указывают на вероятное преимущественно местное происхождение индивидов в исследованном массовом захоронении.

Заключение

На основании полученных археогенетических данных можно сделать предварительное предположение о генетическом происхождении изученной группы из шестнадцати индивидов, чьи останки были обнаружены в массовом захоронении в Чекупс-2. По отцовской линии эти индивиды могут принадлежать к автохтонным общностям Кавказского Причерноморья периода античности. По материнской линии изученная группа распределилась в основном между мтДНК линиями местного кавказского происхождения и линиями, происходящими из степных кочевых популяций, включая элитные скифские кланы. Дальнейшее расширение выборки и привлечение данных аутосомных маркеров позволило бы уточнить генетическое происхождение индивидов, а также, изучить вклад различных древних групп в формирование состава популяции, реконструировать популяционные процессы в регионе, а также, возможно, восстановить исторические события, происходящие на данной территории в античном периоде.

Список литературы

Абрамзон М.Г., Баринов Д.Г., Колесников А.Б. Монеты из раскопок античного поселения Чекупс-2 (2018–2019 гг.) // Проблемы истории, филологии, культуры. 2023. № 3. С. 197–217. https://doi.org/10.18503/1992-0431-2023-3-81-197–217

Абрамова А.Н. Предварительное сообщение о черепах с поселения Чекупс-2 // Археология Евразийских степей. 2021. № 5. С. 228-236. https://doi.org/10.24852/2587-6112.2021.5.228.236

Абрамова А.Н. Население Северного Причерноморья и Прикубанья раннего железного века в свете краниофенетических признаков // Археология Евразийских степей. 2025. № 1. С. 214–225.

Баринов Д.Г., Булкин И.Ю. Массовое захоронение человеческих черепов на поселении Чекупс-2: предварительное сообщение // Археологическое наследие Саратовского края / под ред. А.И. Юдина. Саратов: Научная книга, 2019. Вып. 17. С. 147–170.

Бутягин А.М. *Боспорское царство: экономика, политика, культура*. СПб.: Изд-во СПбГУ. 2005. 280 с.

Бутягин А.М. Стратегии греко-варварских взаимоотношений в основных античных центрах Северного Причерноморья: причины формирования / А. М. Бутягин // Археологические вести2022. № 35. С. 245-251. https://doi.org/10.31600/1817-6976-2022-35-245-251

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

Каменецкий И.С. *История изучения меотов*. Москва: ТАУС. 2011. 382 с.

Марченко И.И. *Культура Прикубанья в античную эпоху*. Краснодар: Традиция. 2010. 320 с.

Мовсесян А.А. Поздние скифы и сарматы в свете данных палеофенетики // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. 2010. № 4. С. 43–48.

Теучеж И.Э., Почешхова Э.А., Схаляхо Р.А., Дибирова Х.Д., Агджоян А.Т. и др. Генофонды абхазо-адыгских народов, грузин и армян в евразийском контексте // Вестник Московского университета. Серия 23. Антропология. 2013. № 2. С. 49-62

Achilli A., Rengo C., Magri C., Battaglia V., Olivieri A., et al. The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *The American Journal of Human Genetics*, 2004, 75 (5), pp. 910–918. https://doi.org/10.1086/425590

Alaçamlı E., Naidoo T., Güler M.N., Sağlıcan E., Aktürk Ş., et al. READv2: advanced and user-friendly detection of biological relatedness in archaeogenomics. *Genome Biology*, 2024, 25 (1), p. 216. https://doi.org/10.1186/s13059-024-03350-3

Anastasiadou K., Silva M., Booth T., Speidel L., Audsley T., et al. Detection of chromosomal aneuploidy in ancient genomes. *Communications Biology*, 2024, 7 (1), p. 14. https://doi.org/10.1038/s42003-023-05642-z

Andreeva T.V., Manakhov A.D., Gusev F.E., Patrikeev A.D., Golovanova L.V., et al. Genomic analysis of a novel Neanderthal from Mezmaiskaya Cave provides insights into the genetic relationships of Middle Palaeolithic populations. *Scientific Reports*, 2022, 12 (1), p. 13016. https://doi.org/ 10.1038/s41598-022-16164-9

Andreeva T.V., Soshkina A.D., Gusev F.E., Malyarchuk A.B., Dotsenko G.S., et al. Genetic history of Scythia. *Science Advances*, 2025, 11 (30), eads8179. https://doi.org/10.1126/sciadv.ads8179

Bermisheva M.A., Tambets K., Villems R., Khusnutdinova E.K. Diversity of Mitochondrial DNA Haplogroups in Ethnic Populations of the Volga–Ural Region. *Molecular Biology*, 2002, 36 (6), pp. 802–812. https://doi.org/10.1023/A:1021677708482

Blöcher J., Brami M., Feinauer I.S., Stolarczyk E., Diekmann Y., et al. Descent, marriage, and residence practices of a 3,800-year-old pastoral community in Central Eurasia. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 2023, 120 (36), pp. e2303574120. https://doi.org/ 10.1073/pnas.2303574120

Boulygina E., Tsygankova S., Sharko F., Slobodova N., Gruzdeva N., et al. Mitochondrial and Y-chromosome diversity of the prehistoric Koban culture of the North Caucasus. *Journal of Archaeological Science: Reports*, 2020, 31, p. 102357. https://doi.org/ 10.1016/j.jasrep.2020.102357

Clemente F., Unterländer M., Dolgova O., Amorim C.E.G., Coroado-Santos F., et al. The genomic history of the Aegean palatial civilizations. *Cell*, 2021, 184 (10), pp. 2565-2586.e21. https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.03.039

Coia V., Paladin A., Zingale S., Croze M., Cavada E., et al. Mitogenomic diversity and stable isotopes provide insights into the maternal genetic history, mobility patterns, and diet of early medieval individuals from the Eastern Italian Alps. *Archaeological and Anthropological Sciences*, 2022, 14 (12), p. 233. https://doi.org/ 10.1007/s12520-022-01679-z

Csáky V., Gerber D., Szeifert B., Egyed B., Stégmár B., et al. Early medieval genetic data from Ural region evaluated in the light of archaeological evidence of ancient Hungarians. *Sci. Rep.*, 2020 10, pp. 19137. https://doi.org/10.1038/s41598-020-75910-z

Damgaard P.D.B., Marchi N., Rasmussen S., Peyrot M., Renaud G. et al. 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature*, 2018, 557 (7705), pp. 369–374. https://doi.org/10.1038/s41586-018-0094-2

Danecek P., Bonfield J.K., Liddle J., Marshall J., Ohan V., et al. Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*, 2021, 10 (2), pp. giab008. https://doi.org/10.1093/gigascience/giab008

De Fanti S., Barbieri C., Sarno S., Serventi P., Boattini A., et al. Fine Dissection of Human Mitochondrial DNA Haplogroup HV Lineages Reveals Paleolithic Signatures from European Glacial Refugia. *PLoS ONE*, 2015, 10 (12), pp. e0144391. https://doi.org/ 10.1371/journal.pone.0144391.

Derenko M., Malyarchuk B., Bahmanimehr A., Denisova G., Perkova M., et al. Complete Mitochondrial DNA Diversity in Iranians. *PLoS ONE*, 2013, 8 (11), pp. e80673. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0080673

Di Tommaso P., Chatzou M., Floden E.W., Barja P.P., Palumbo E., Notredame C. Nextflow enables reproducible computational workflows. *Nature Biotechnology*, 2017, 35 (4), pp. 316–319. https://doi.org/ 10.1038/nbt.3820

Dzhaubermezov M.A., Ekomasova N.V., Reidla M., Litvinov S.S., Gabidullina L.R., et al. Genetic Characterization of Balkars and Karachays Using mtDNA Data. *Russ. J. Genet.*, 2019, 55pp. 114–123. https://doi.org/ 10.1134/S1022795419010058

Ehler E., Novotný J., Juras A., Chyleński M., Moravčík O., Pačes J. AmtDB: a database of ancient human mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 2019,47 (D1),pp. D29–D32. https://doi.org/10.1093/nar/gky843

Fu Q., Posth C., Hajdinjak M., Petr M., Mallick S., et al. The genetic history of Ice Age Europe. *Nature*, 2016, 534 (7606), pp. 200–205. https://doi.org/ 10.1038/nature17993

Gansauge M.-T., Meyer M. Single-stranded DNA library preparation for the sequencing of ancient or damaged DNA. *Nature Protocols*, 2013, 8 (4), pp. 737–748. https://doi.org/10.1038/nprot.2013.038

Ghalichi A., Reinhold S., Rohrlach A.B., Kalmykov A.A., Childebayeva A., et al. The rise and transformation of Bronze Age pastoralists in the Caucasus. *Nature*, 2024, 635 (8040), pp. 917–925. https://doi.org/10.1038/s41586-024-08113-5

Gnecchi-Ruscone G.A., Khussainova E., Kahbatkyzy N., Musralina L., Spyrou M.A., et al. Ancient genomic time transect from the Central Asian Steppe unravels the history of the Scythians. *Science Advances*, 2021, 7 (13), pp. eabe4414. https://doi.org/10.1126/sciadv.abe4414

Jónsson H., Ginolhac A., Schubert M., Johnson P.L.F., Orlando L. mapDamage2.0: fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters. *Bioinformatics*, 2013, 29 (13), pp. 1682–1684. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt193

Juras A., Chyleński M., Ehler E., Malmström H., Żurkiewicz D., et al. Mitochondrial genomes reveal an east to west cline of steppe ancestry in Corded Ware populations. *Scientific Reports*, 2018, 8 (1), pp. 11603. https://doi.org/ 10.1038/s41598-018-29914-5

Juras A., Ehler E., Chyleński M., Pospieszny Ł., Spinek A.E., et al. Maternal genetic origin of the late and final Neolithic human populations from present-day Po-

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

land. American Journal of Physical Anthropology, 2021, 176 (2), pp. 223–236. https://doi.org/10.1002/ajpa.24372

Korneliussen T.S., Albrechtsen A., Nielsen R. ANGSD: Analysis of Next Generation Sequencing Data. *BMC Bioinformatics*, 2014, 15 (1), pp. 356. https://doi.org/10.1186/s12859-014-0356-4

Lazaridis I., Alpaslan-Roodenberg S., Acar A., Açıkkol A., Agelarakis A., et al. The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe. *Science*, 2022, 377 (6609), pp. eabm4247. https://doi.org/10.1126/science.abm4247

Li H., Durbin R. Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics*, 2009, 25 (14), pp. 1754–1760. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324

Maár K., Varga G.I.B., Kovács B., Schütz O., Maróti Z., et al. Maternal Lineages from 10–11th Century Commoner Cemeteries of the Carpathian Basin. *Genes*, 2021, 12 (3), pp. 460. https://doi.org/10.3390/genes12030460

Mallick S., Micco A., Mah M., Ringbauer H., Lazaridis I., et al. The Allen Ancient DNA Resource (AADR) a curated compendium of ancient human genomes. *Scientific Data*, 2024, 11 (1), pp. 182. https://doi.org/10.1038/s41597-024-03031-7

Malyarchuk B., Derenko M., Grzybowski T., Perkova M., Rogalla U., et al. The Peopling of Europe from the Mitochondrial Haplogroup U5 Perspective. *PLoS ONE*, 2010, 5 (4), pp. e10285. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0010285

Mary L., Zvénigorosky V., Kovalev A., Gonzalez A., Fausser J.-L., et al. Genetic kinship and admixture in Iron Age Scytho-Siberians. *Human Genetics*, 2019, 138 (4), pp. 411–423. https://doi.org/10.1007/s00439-019-02002-y

Mathieson I., Lazaridis I., Rohland N., Mallick S., Patterson N., et al. Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians. *Nature*, 2015, 528 (7583), pp. 499–503. https://doi.org/10.1038/nature16152

McColl H., Kroonen G., Víctor Moreno-Mayar J., Seersholm F.V., Scorrano G., et al. Steppe Ancestry in Western Eurasia and the Spread of the Germanic Languages. *bioRxiv*, 2024. Preprint. https://doi.org/10.1101/2024.03.13.584607

Nasidze I., Risch G.M., Robichaux M., Sherry S.T., Batzer M.A., Stoneking M. Mitochondrial DNA and Y-chromosome variation in the Caucasus. *Annals of Human Genetics*, 2001, 65 (4), pp. 205–221. https://doi.org/10.1046/j.1529-8817.2004.00092.x

Olalde I., Brace S., Allentoft M.E., Armit I., Kristiansen K., et al. The Beaker phenomenon and the genomic transformation of northwest Europe. *Nature*, 2018, 555 (7695), pp. 190–196. https://doi.org/10.1038/nature25738

Olivieri A., Pala M., Gandini F., Kashani B.H., Perego U.A., et al. Mitogenomes from Two Uncommon Haplogroups Mark Late Glacial/Postglacial Expansions from the Near East and Neolithic Dispersals within Europe. *PLoS ONE*, 2013, 8 (7), pp. e70492. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0070492

Patterson N., Isakov M., Booth T., Büster L., Fischer C.-E., et al. Large-scale migration into Britain during the Middle to Late Bronze Age. *Nature*, 2022, 601 (7894), pp. 588–594. https://doi.org/10.1038/s41586-021-04287-4

Poznik G.D. Identifying Y-chromosome haplogroups in arbitrarily large samples of sequenced or genotyped men. *bioRxiv*, 2016. Preprint. https://doi.org/10.1101/088716

Renaud G., Slon V., Duggan A.T., Kelso J. Schmutzi: estimation of contamination and endogenous mitochondrial consensus calling for ancient DNA. *Genome Biology*, 2015, 16 (1), pp. 224. https://doi.org/10.1186/s13059-015-0776-0

Richards M., Macaulay V., Hickey E., Vega E., Sykes B., et al. Tracing European Founder Lineages in the Near Eastern mtDNA Pool. *The American Journal of Human Genetics*, 2000, 67 (5), pp. 1251–1276. https://doi.org/10.1016/S0002-9297(07)62954-1

Röck A.W., Dür A., Van Oven M., Parson W. Concept for estimating mitochondrial DNA haplogroups using a maximum likelihood approach (EMMA). *Forensic Science International: Genetics*, 2013, 7 (6), pp. 601–609. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.07.005

Roostalu U., Kutuev I., Loogväli E.-L., Metspalu E., Tambets K., et al. Origin and expansion of haplogroup H, the dominant human mitochondrial DNA lineage in West Eurasia: the Near Eastern and Caucasian perspective. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24 (2), pp. 436–448. https://doi.org/10.1093/molbev/msl173

Schönherr S., Weissensteiner H., Kronenberg F., Forer L. Haplogrep 3 - an interactive haplogroup classification and analysis platform. *Nucleic Acids Research*, 2023, 51 (W1), pp. W263–W268. https://doi.org/10.1093/nar/gkad284

Schubert M., Ginolhac A., Lindgreen S., Thompson J.F., AL-Rasheid K.A., et al. Improving ancient DNA read mapping against modern reference genomes. *BMC Genomics*, 2012, 13 (1), pp. 178. https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-178

Schubert M., Lindgreen S., Orlando L. AdapterRemoval v2: rapid adapter trimming, identification, and read merging. *BMC Research Notes*, 2016, 9 (1), pp. 88. https://doi.org/10.1186/s13104-016-1900-2

Skourtanioti E., Jia X., Tavartkiladze N., Bitadze L., Shengelia R., et al. The genetic history of the Southern Caucasus from the Bronze Age to the Early Middle Ages: 5,000 years of genetic continuity despite high mobility. *Cell*, 2025, 188 (19), pp. 5278-5294.e21. https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.07.013

Skourtanioti E., Ringbauer H., Gnecchi Ruscone G.A., Bianco R.A., Burri M., et al. Ancient DNA reveals admixture history and endogamy in the prehistoric Aegean. *Nature Ecology & Evolution*, 2023, 7 (2), pp. 290–303. https://doi.org/10.1038/s41559-022-01952-3

Sokolov A.S., Nedoluzhko A.V., Boulygina E.S., Tsygankova S.V., Sharko F.S., et al. Six complete mitochondrial genomes from Early Bronze Age humans in the North Caucasus. *Journal of Archaeological Science*, 2016, 73, pp. 138–144. https://doi.org/10.1016/j.jas.2016.07.017

Thorvaldsdottir H., Robinson J.T., Mesirov J.P. Integrative Genomics Viewer (IGV): high-performance genomics data visualization and exploration. *Briefings in Bioinformatics*, 2013, 14 (2), pp. 178–192. https://doi.org/10.1093/bib/bbs017

Van Oven M., Kayser M. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*, 2009, 30 (2), pp. E386–E394. https://doi.org/ 10.1002/humu.20921

Yaka R., Mapelli I., Kaptan D., Doğu A., Chyleński M., et al. Variable kinship patterns in Neolithic Anatolia revealed by ancient genomes. *Current Biology*, 2021, 31 (11), pp. 2455-2468.e18. https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.03.050

Žegarac A., Winkelbach L., Blöcher J., Diekmann Y., Krečković Gavrilović M., et al. Ancient genomes provide insights into family structure and the heredity of social status in the early Bronze Age of southeastern Europe. *Scientific Reports*, 2021, 11 (1), pp. 10072. https://doi.org/10.1038/s41598-021-89090-x

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

References

Abramzon M.G., Barinov D.G., Kolesnikov A.B. Coins from 2018-2019 excavations at the Settlement of Chekups 2 (the Krasnodar Territory). *Problems of History, Philology, Culture*, 2023, 3, pp. 197–217. (In Russ.). https://doi.org/10.18503/1992-0431-2023-3-81-197–217

Abramova A.N. Preliminary report about turtles from Chekups-2. *AEC*, 2021, 5, pp. 228–236. (In Russ.). https://doi.org/10.24852/2587-6112.2021.5.228.236

Abramova A.N. The population of the Northern Black Sea region and the Kuban region of the early Iron Age in the light of craniophenetic signs. *AEC*, 2025, 1, pp. 214–225. (In Russ.).

Achilli A., Rengo C., Magri C., Battaglia V., Olivieri A., et al. The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *The American Journal of Human Genetics*, 2004, 75 (5), pp. 910–918. https://doi.org/10.1086/425590

Alaçamlı E., Naidoo T., Güler M.N., Sağlıcan E., Aktürk Ş., et al. READv2: advanced and user-friendly detection of biological relatedness in archaeogenomics. *Genome Biology*, 2024, 25 (1), p. 216. https://doi.org/10.1186/s13059-024-03350-3

Anastasiadou K., Silva M., Booth T., Speidel L., Audsley T., et al. Detection of chromosomal aneuploidy in ancient genomes. *Communications Biology*, 2024, 7 (1), p. 14. https://doi.org/10.1038/s42003-023-05642-z

Andreeva T.V., Manakhov A.D., Gusev F.E., Patrikeev A.D., Golovanova L.V., et al. Genomic analysis of a novel Neanderthal from Mezmaiskaya Cave provides insights into the genetic relationships of Middle Palaeolithic populations. *Scientific Reports*, 2022, 12 (1), p. 13016. https://doi.org/ 10.1038/s41598-022-16164-9

Andreeva T.V., Soshkina A.D., Gusev F.E., Malyarchuk A.B., Dotsenko G.S., et al. Genetic history of Scythia. *Science Advances*, 2025, 11 (30), eads8179. https://doi.org/10.1126/sciadv.ads8179

Barinov D.G., Bulkin I.Yu. Mass burial of human skulls at the Chekups-2 settlement: a preliminary report. *In: Archaeological Heritage of the Saratov Region*. Saratov, Nauchnaya kniga Publ., 2019, 17, pp. 147–170. (In Russ.).

Bermisheva M.A., Tambets K., Villems R., Khusnutdinova E.K. Diversity of Mitochondrial DNA Haplogroups in Ethnic Populations of the Volga–Ural Region. *Molecular Biology*, 2002, 36 (6), pp. 802–812. https://doi.org/10.1023/A:1021677708482

Blöcher J., Brami M., Feinauer I.S., Stolarczyk E., Diekmann Y., et al. Descent, marriage, and residence practices of a 3,800-year-old pastoral community in Central Eurasia. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 2023, 120 (36), pp. e2303574120. https://doi.org/ 10.1073/pnas.2303574120

Boulygina E., Tsygankova S., Sharko F., Slobodova N., Gruzdeva N., et al. Mitochondrial and Y-chromosome diversity of the prehistoric Koban culture of the North Caucasus. *Journal of Archaeological Science: Reports*, 2020, 31, p. 102357. https://doi.org/ 10.1016/j.jasrep.2020.102357

Butyagin A.M. The Bosporan Kingdom: Economy, Politics, Culture. Saint Petersburg, *St. Petersburg University Press*, 2005. 280 p. (In Russ.).

Butyagin A.M. Strategies of the Graeco-Barbarian Interrelations in the Major Classical Centres of the Northern Black Sea Littoral: The Causes of Their Formation. *Archaeological News*, 2022, 35, pp. 245–251. https://doi.org/10.31600/1817-6976-2022-35-245-2515

Clemente F., Unterländer M., Dolgova O., Amorim C.E.G., Coroado-Santos F., et al. The genomic history of the Aegean palatial civilizations. *Cell*, 2021, 184 (10), pp. 2565-2586.e21. https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.03.039

Coia V., Paladin A., Zingale S., Croze M., Cavada E., et al. Mitogenomic diversity and stable isotopes provide insights into the maternal genetic history, mobility patterns, and diet of early medieval individuals from the Eastern Italian Alps. *Archaeological and Anthropological Sciences*, 2022, 14 (12), p. 233. https://doi.org/ 10.1007/s12520-022-01679-z

Csáky V., Gerber D., Szeifert B., Egyed B., Stégmár B., et al. Early medieval genetic data from Ural region evaluated in the light of archaeological evidence of ancient Hungarians. *Sci. Rep.*, 2020 10, pp. 19137. https://doi.org/10.1038/s41598-020-75910-z

Damgaard P.D.B., Marchi N., Rasmussen S., Peyrot M., Renaud G. et al. 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature*, 2018, 557 (7705), pp. 369–374. https://doi.org/10.1038/s41586-018-0094-2

Danecek P., Bonfield J.K., Liddle J., Marshall J., Ohan V., et al. Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*, 2021, 10 (2), pp. giab008. https://doi.org/10.1093/gigascience/giab008

De Fanti S., Barbieri C., Sarno S., Serventi P., Boattini A., et al. Fine Dissection of Human Mitochondrial DNA Haplogroup HV Lineages Reveals Paleolithic Signatures from European Glacial Refugia. *PLoS ONE*, 2015, 10 (12), pp. e0144391. https://doi.org/ 10.1371/journal.pone.0144391.

Derenko M., Malyarchuk B., Bahmanimehr A., Denisova G., Perkova M., et al. Complete Mitochondrial DNA Diversity in Iranians. *PLoS ONE*, 2013, 8 (11), pp. e80673. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0080673

Di Tommaso P., Chatzou M., Floden E.W., Barja P.P., Palumbo E., Notredame C. Nextflow enables reproducible computational workflows. *Nature Biotechnology*, 2017, 35 (4), pp. 316–319. https://doi.org/ 10.1038/nbt.3820

Dzhaubermezov M.A., Ekomasova N.V., Reidla M., Litvinov S.S., Gabidullina L.R., et al. Genetic Characterization of Balkars and Karachays Using mtDNA Data. *Russ. J. Genet.*, 2019, 55pp. 114–123. https://doi.org/ 10.1134/S1022795419010058

Ehler E., Novotný J., Juras A., Chyleński M., Moravčík O., Pačes J. AmtDB: a database of ancient human mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 2019,47 (D1),pp. D29–D32. https://doi.org/10.1093/nar/gky843

Fu Q., Posth C., Hajdinjak M., Petr M., Mallick S., et al. The genetic history of Ice Age Europe. *Nature*, 2016, 534 (7606), pp. 200–205. https://doi.org/ 10.1038/nature17993

Gansauge M.-T., Meyer M. Single-stranded DNA library preparation for the sequencing of ancient or damaged DNA. *Nature Protocols*, 2013, 8 (4), pp. 737–748. https://doi.org/10.1038/nprot.2013.038

Ghalichi A., Reinhold S., Rohrlach A.B., Kalmykov A.A., Childebayeva A., et al. The rise and transformation of Bronze Age pastoralists in the Caucasus. *Nature*, 2024, 635 (8040), pp. 917–925. https://doi.org/10.1038/s41586-024-08113-5

Gnecchi-Ruscone G.A., Khussainova E., Kahbatkyzy N., Musralina L., Spyrou M.A., et al. Ancient genomic time transect from the Central Asian Steppe unravels the his-

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

tory of the Scythians. *Science Advances*, 2021, 7 (13), pp. eabe4414. https://doi.org/10.1126/sciadv.abe4414

Jónsson H., Ginolhac A., Schubert M., Johnson P.L.F., Orlando L. mapDamage2.0: fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters. *Bioinformatics*, 2013, 29 (13), pp. 1682–1684. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt193

Juras A., Chyleński M., Ehler E., Malmström H., Żurkiewicz D., et al. Mitochondrial genomes reveal an east to west cline of steppe ancestry in Corded Ware populations. *Scientific Reports*, 2018, 8 (1), pp. 11603. https://doi.org/ 10.1038/s41598-018-29914-5

Juras A., Ehler E., Chyleński M., Pospieszny Ł., Spinek A.E., et al. Maternal genetic origin of the late and final Neolithic human populations from present-day Poland. American Journal of Physical Anthropology, 2021, 176 (2), pp. 223–236. https://doi.org/10.1002/ajpa.24372

Kamenetsky I.S. History of the Study of the Maeotians. Moscow, TAUS Publ., 2011. 382 p. (In Russ.).

Korneliussen T.S., Albrechtsen A., Nielsen R. ANGSD: Analysis of Next Generation Sequencing Data. *BMC Bioinformatics*, 2014, 15 (1), pp. 356. https://doi.org/10.1186/s12859-014-0356-4

Lazaridis I., Alpaslan-Roodenberg S., Acar A., Açıkkol A., Agelarakis A., et al. The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe. *Science*, 2022, 377 (6609), pp. eabm4247. https://doi.org/10.1126/science.abm4247

Li H., Durbin R. Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics*, 2009, 25 (14), pp. 1754–1760. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324

Maár K., Varga G.I.B., Kovács B., Schütz O., Maróti Z., et al. Maternal Lineages from 10–11th Century Commoner Cemeteries of the Carpathian Basin. *Genes*, 2021, 12 (3), pp. 460. https://doi.org/10.3390/genes12030460

Mallick S., Micco A., Mah M., Ringbauer H., Lazaridis I., et al. The Allen Ancient DNA Resource (AADR) a curated compendium of ancient human genomes. *Scientific Data*, 2024, 11 (1), pp. 182. https://doi.org/10.1038/s41597-024-03031-7

Malyarchuk B., Derenko M., Grzybowski T., Perkova M., Rogalla U., et al. The Peopling of Europe from the Mitochondrial Haplogroup U5 Perspective. *PLoS ONE*, 2010, 5 (4), pp. e10285. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0010285

Marchenko I.I. Culture of the Kuban Region in the Classical Antiquity. Krasnodar, Traditsiya Publ., 2010. 320 p. (In Russ.).

Mary L., Zvénigorosky V., Kovalev A., Gonzalez A., Fausser J.-L., et al. Genetic kinship and admixture in Iron Age Scytho-Siberians. *Human Genetics*, 2019, 138 (4), pp. 411–423. https://doi.org/10.1007/s00439-019-02002-y

Mathieson I., Lazaridis I., Rohland N., Mallick S., Patterson N., et al. Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians. *Nature*, 2015, 528 (7583), pp. 499–503. https://doi.org/10.1038/nature16152

McColl H., Kroonen G., Víctor Moreno-Mayar J., Seersholm F.V., Scorrano G., et al. Steppe Ancestry in Western Eurasia and the Spread of the Germanic Languages. *bioRxiv*, 2024. Preprint. https://doi.org/10.1101/2024.03.13.584607

Movsesyan A.A. Late Scythians and Sarmatians in the light of paleophenetic data. *Vestnik Moskovskogo Universiteta. Seriya XXIII. Antropologia*, 2010, 4, pp. 43–48. (In Russ.).

Nasidze I., Risch G.M., Robichaux M., Sherry S.T., Batzer M.A., Stoneking M. Mitochondrial DNA and Y-chromosome variation in the Caucasus. *Annals of Human Genetics*, 2001, 65 (4), pp. 205–221. https://doi.org/10.1046/j.1529-8817.2004.00092.x

Olalde I., Brace S., Allentoft M.E., Armit I., Kristiansen K., et al. The Beaker phenomenon and the genomic transformation of northwest Europe. *Nature*, 2018, 555 (7695), pp. 190–196. https://doi.org/10.1038/nature25738

Olivieri A., Pala M., Gandini F., Kashani B.H., Perego U.A., et al. Mitogenomes from Two Uncommon Haplogroups Mark Late Glacial/Postglacial Expansions from the Near East and Neolithic Dispersals within Europe. *PLoS ONE*, 2013, 8 (7), pp. e70492. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0070492

Patterson N., Isakov M., Booth T., Büster L., Fischer C.-E., et al. Large-scale migration into Britain during the Middle to Late Bronze Age. *Nature*, 2022, 601 (7894), pp. 588–594. https://doi.org/10.1038/s41586-021-04287-4

Poznik G.D. Identifying Y-chromosome haplogroups in arbitrarily large samples of sequenced or genotyped men. *bioRxiv*, 2016. Preprint. https://doi.org/10.1101/088716

Renaud G., Slon V., Duggan A.T., Kelso J. Schmutzi: estimation of contamination and endogenous mitochondrial consensus calling for ancient DNA. *Genome Biology*, 2015, 16 (1), pp. 224. https://doi.org/10.1186/s13059-015-0776-0

Richards M., Macaulay V., Hickey E., Vega E., Sykes B., et al. Tracing European Founder Lineages in the Near Eastern mtDNA Pool. *The American Journal of Human Genetics*, 2000, 67 (5), pp. 1251–1276. https://doi.org/10.1016/S0002-9297(07)62954-1

Röck A.W., Dür A., Van Oven M., Parson W. Concept for estimating mitochondrial DNA haplogroups using a maximum likelihood approach (EMMA). *Forensic Science International: Genetics*, 2013, 7 (6), pp. 601–609. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.07.005

Roostalu U., Kutuev I., Loogväli E.-L., Metspalu E., Tambets K., et al. Origin and expansion of haplogroup H, the dominant human mitochondrial DNA lineage in West Eurasia: the Near Eastern and Caucasian perspective. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24 (2), pp. 436–448. https://doi.org/10.1093/molbev/msl173

Schönherr S., Weissensteiner H., Kronenberg F., Forer L. Haplogrep 3 - an interactive haplogroup classification and analysis platform. *Nucleic Acids Research*, 2023, 51 (W1), pp. W263–W268. https://doi.org/10.1093/nar/gkad284

Schubert M., Ginolhac A., Lindgreen S., Thompson J.F., AL-Rasheid K.A., et al. Improving ancient DNA read mapping against modern reference genomes. *BMC Genomics*, 2012, 13 (1), pp. 178. https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-178

Schubert M., Lindgreen S., Orlando L. AdapterRemoval v2: rapid adapter trimming, identification, and read merging. *BMC Research Notes*, 2016, 9 (1), pp. 88. https://doi.org/10.1186/s13104-016-1900-2

Skourtanioti E., Jia X., Tavartkiladze N., Bitadze L., Shengelia R., et al. The genetic history of the Southern Caucasus from the Bronze Age to the Early Middle Ages: 5,000 years of genetic continuity despite high mobility. *Cell*, 2025, 188 (19), pp. 5278-5294.e21. https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.07.013

Skourtanioti E., Ringbauer H., Gnecchi Ruscone G.A., Bianco R.A., Burri M., et al. Ancient DNA reveals admixture history and endogamy in the prehistoric Aegean. *Nature Ecology & Evolution*, 2023, 7 (2), pp. 290–303. https://doi.org/10.1038/s41559-022-01952-3

Sokolov A.S., Nedoluzhko A.V., Boulygina E.S., Tsygankova S.V., Sharko F.S., et al. Six complete mitochondrial

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

genomes from Early Bronze Age humans in the North Caucasus. *Journal of Archaeological Science*, 2016, 73, pp. 138–144. https://doi.org/10.1016/j.jas.2016.07.017

Teuchezh I.E., Pocheshkhova E.A., Skhalyakho R.A., Dibirova K.D., Agdzhoyan A.T., et al. Gene pools of the Abkhaz-Adyghe peoples, Georgians and Armenians in the Eurasian context. *Vestnik Moskovskogo Universiteta. Seriya 23. Antropologiya*, 2013, 2. pp. 49-62. (In Russ.).

Thorvaldsdottir H., Robinson J.T., Mesirov J.P. Integrative Genomics Viewer (IGV): high-performance genomics data visualization and exploration. *Briefings in Bioinformatics*, 2013, 14 (2), pp. 178–192. https://doi.org/10.1093/bib/bbs017

Van Oven M., Kayser M. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*, 2009, 30 (2), pp. E386–E394. https://doi.org/ 10.1002/humu.20921

Yaka R., Mapelli I., Kaptan D., Doğu A., Chyleński M., et al. Variable kinship patterns in Neolithic Anatolia revealed by ancient genomes. *Current Biology*, 2021, 31 (11), pp. 2455-2468.e18. https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.03.050

Žegarac A., Winkelbach L., Blöcher J., Diekmann Y., Krečković Gavrilović M., et al. Ancient genomes provide insights into family structure and the heredity of social status in the early Bronze Age of southeastern Europe. *Scientific Reports*, 2021, 11 (1), pp. 10072. https://doi.org/10.1038/s41598-021-89090-x

Приложение / Supplementary material

Приложение размещено по ссылке

Таблица S1. Характеристика исследуемых индивидов из Чекупс-2 по данным антропологии и палеогенетики
Table S1. Characteristics of the studied individuals from Chekups-2 according to anthropological and paleogenetic data

Примечания. * – Жирным шрифтом выделены древние образцы, последовательности мтДНК, которые полностью идентичны последовательностям мтДНК исследуемых индивидов. Прочерк («–») указывает на образцы с недостаточным покрытием мтДНК для проведения филогенетического анализа. ** – В скобках указано количество нуклеотидных замен, отличающих последовательности мтДНК сравниваемых древних образцов от последовательностей мтДНК исследуемых индивидов. Возраст: J = Juvenilis – 14-18/20 лет; A = Adultus – 20-40 лет; M = Maturus – 40-60 лет. Пол: M - мужской, F - женский, M=F - пол определить не удалось. *** Р.Д. – радиоуглеродное датирование, К.д. — календарная дата с вероятностью 95,4%. Калибровка радиоуглеродного возраста в календарный проведена на основе калибровочной кривой Intcal20 в программе OxCal 4.4.

Note: * –Ancient samples whose mtDNA sequences are completely identical to the mtDNA sequences of the studied individuals are highlighted in bold. An em dash («–») indicates samples with insufficient mtDNA coverage for phylogenetic analysis. ** – The number of nucleotide substitutions differentiating the mtDNA sequences of the compared ancient samples from the mtDNA sequences of the studied individuals is indicated in parentheses. Age: J = Juvenilis – 14–18/20 years; A = Adultus – 20–40 years; M = Maturus – 40–60 years. Sex: M — male, F — female, M=F — sex could not be determined. *** R.D. – radiocarbon date; Calibrated date with 95.4% probability obtained with OxCal 4.4 software and based on Intcal20 database.

Рисунок S1. Пример результатов анализа профиля нуклеотидных замен прочтений (образец MB17), картированных на референсную последовательность мтДНК человека, полученного с использованием программы MapDamage2, подтверждающий аутентичность выделенной ДНК. Замены C > T обозначены красной линией.
Figure S1. Example of the analysis results of the nucleotide substitution profile of reads (sample MB17) mapped to the human mtDNA reference sequence, obtained using the MapDamage2 software, confirming the authenticity of the extracted DNA. C > T substitutions are indicated by a red line.

Рисунок S2. Фрагменты филогенетических деревьев гаплогруппы U для образцов MB17 и MB06, построенные с использованием программы mtPhyl. Указаны позиции и нуклеотидные замены относительно референсной последовательности мтДНК. Зеленым шрифтом выделены современные образцы. Голубым шрифтом с заливкой выделены древние образцы
Figure S2. Fragments of phylogenetic trees of haplogroup U for samples MB17 and MB06, constructed using the mtPhyl software. Positions and nucleotide substitutions relative to the mtDNA reference sequence are indicated. Modern samples are highlighted in green. Ancient samples are highlighted in blue with shading.

Рисунок S3. Фрагмент филогенетического дерева гаплогруппы U для образца MB15, построенный с использованием программы mtPhyl.
Figure S3. Fragment of phylogenetic tree of haplogroup U for sample MB15, constructed using the mtPhyl software.

Рисунок S4. Фрагмент филогенетического дерева гаплогруппы U для образца MB20, построенный с использованием программы mtPhyl
Figure S4. Fragment of phylogenetic tree of haplogroup U for sample MB20, constructed using the mtPhyl software

Рисунок S5. Фрагмент филогенетического дерева гаплогруппы U для образца MB19, построенный с использованием программы mtPhyl
Figure S5. Fragment of phylogenetic tree of haplogroup U for sample MB19, constructed using the mtPhyl software

Информация об авторах/ Information about the authors

Гашева Марина Сергеевна; Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация
sleepyalaska@mail.ru,
https://orcid.org/0009-0001-5269-4038

Кунижева Светлана Станиславовна, к.б.н. Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация; Институт

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026

общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, г. Москва, Российская Федерация
kunizheva@gmail.com
https://orcid.org/0000-0003-1882-0667

Ларина Валерия Вячеславовна, инженер 2-й категории, биологический факультет, Центр генетики и генетических технологий, Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, г. Москва, Российская Федерация
leralarinaa@gmail.com
https://orcid.org/0009-0008-9686-2436

Манахов Андрей Дмитриевич, к.б.н., Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация; Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, г. Москва, Российская Федерация
manakhov@rogaevlab.ru
https://orcid.org/0000-0002-1192-006X

Андреева Татьяна Владимировна, к.б.н., Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация; Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, г. Москва, Российская Федерация; Центр генетики и генетических технологий, Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, г. Москва, Российская Федерация
andreeva@rogaevlab.ru
https://orcid.org/0000-0001-7625-0063

Рождественских Елизавета Вадимовна, Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация
rozhdestvenskih.ev@talantiuspeh.ru
https://orcid.org/0000-0003-0273-203X

Березина Наталия Яковлевна, к.б.н., Научно-исследовательский институт и Музей антропологии, Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, г. Москва, Российская Федерация
berezina.natalia@gmail.com
https://orcid.org/0000-0001-5704-9153

Рогаев Евгений Иванович, академик РАН, д.б.н., Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация; Медицинская школа Чан Массачусетского университета, департамент психиатрии, Шрусбери, США
evivrecc@gmail.com
https://orcid.org/0000-0002-0351-8783

Gasheva Marina Sergeevna, Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Russian Federation
sleepyalaska@mail.ru
https://orcid.org/0009-0001-5269-4038

Kunizheva Svetlana Stanislavovna, Ph.D., Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Russian Federation; Vavilov Institute of General Genetics of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation
kunizheva@gmail.com
https://orcid.org/0000-0003-1882-0667

Larina Valeriya Vyacheslavovna, Engineer, Faculty of Biology, Center for Genetics and Genetic Technologies, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia
leralarinaa@gmail.com
https://orcid.org/0009-0008-9686-2436

Manakhov Andrey Dmitrievich, Ph.D., Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Russian Federation; Vavilov Institute of General Genetics of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation
manakhov@rogaevlab.ru
https://orcid.org/0000-0002-1192-006X

Andreeva Tatiana Vladimirovna, Ph.D., Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Russian Federation; Vavilov Institute of General Genetics of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation; Centre of Genetics and Genetic Technologies, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russian Federation
andreeva@rogaevlab.ru
https://orcid.org/0000-0001-7625-0063

Rozhdestvenskikh Elizaveta Vadimovna, Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Russian Federation
rozhdestvenskih.ev@talantiuspeh.ru
https://orcid.org/0000-0003-0273-203X

Berezina Nataliya Yakovlevna, Ph.D., Laboratory of Anthropogenesis, Research Institute and Museum of Anthropology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russian Federation
berezina.natalia@gmail.com
https://orcid.org/0000-0001-5704-9153

Rogaev Evgeny Ivanovich, Academician RAS, Ph.D., D.Sc., Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Russian Federation; UMass Chan Medical School, Department of Psychiatry, Shrewsbury, United States
evivrecc@gmail.com
https://orcid.org/0000-0002-0351-8783

Поступила в редакцию 19.12.2025.
Получена после доработки 25.12.2025.
Принята к публикации 25.12.2025.

Received 19.12.2025.
Revised 25.12.2025.
Accepted 25.12.2025.

© Гашева, М.С., Кунижева, С.С., Ларина , В.В., Манахов, А.Д., Андреева, Т.В., Рождественских, Е.В., Березина, Н.Я., Рогаев, Е.И., 2026
© Gasheva, M.S., Kunizheva, S.S., Larina, V.V., Manakhov A.D., Andreeva, T.V., Rozdestvenskih, E.V., Berezina, N.Y., Rogaev, E.I., 2026