

Научная статья

УДК 572, 575

DOI 10.25205/1818-7919-2026-25-5-127-147

Разнообразие Y-хромосомы сибирских татар из позднесредневекового могильника Абрамово-10 (Барабинская лесостепь)

Ростислав Олегович Трапезов¹, Ирина Викторовна Пилипенко²
Евгения Игоревна Федосеева³, Степан Викторович Черданцев⁴
Антон Александрович Журавлев⁵, Дмитрий Владимирович Поздняков⁶
Матвей Алексеевич Томилин⁷, Марина Петровна Рыкун⁸
Марина Сергеевна Нестерова⁹, Вячеслав Иванович Молодин¹⁰
Александр Сергеевич Пилипенко¹¹

^{1-5, 7, 11} Институт цитологии и генетики
Сибирского отделения Российской академии наук
Новосибирск, Россия

^{6, 9, 10} Институт археологии и этнографии
Сибирского отделения Российской академии наук
Новосибирск, Россия

⁸ Томский государственный университет
Томск, Россия

¹ rtrapezov@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0483-530X>

² lis-@list.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8325-6719>

³ e.fedosееva@g.nsu.ru

⁴ stephancherd@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4384-3468>

⁵ tos3550@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6169-0912>

⁶ dimolka@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-7984-0912>

⁷ matveytomilin97@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2616-8712>

⁸ m_rykun@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4262-8731>

⁹ msnesterova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-4024-6753>

¹⁰ molodin@archaeology.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3151-8457>

¹¹ alexpil@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1009-2554>

Аннотация

Представлены первые данные о мужском генофонде позднесредневекового населения западносибирской лесостепи. Исследована структура 18 образцов Y-хромосомы из могильника сибирских татар Абрамово-10 (XVI–XVIII вв. н. э.). В составе серии выявлено три филогенетических кластера: N-VL67/N1a2CTS6380>> VL67 ($N = 13$), Q-L56/Q-M346/Q1a2 ($N = 4$) и R-M198/R1a-M198 ($N = 1$). Основу мужского генофонда исследуемой группы составляют варианты, проникшие в регион в процессе тюркизации на протяжении эпохи Средневековья, и более древние для региона компоненты, общие для этнокультурно контрастных групп населения Западной Сибири. Близкая к современной филогеографическая структура мужского населения сформировалась раньше, чем особенности генофонда мтДНК. В период миграции в регион европеоидного населения основные особенности мужского генофонда сибирских татар Барабы сохранились.

© Трапезов Р. О., Пилипенко И. В., Федосеева Е. И., Черданцев С. В.,
Журавлев А. А., Поздняков Д. В., Томилин М. А., Рыкун М. П.,
Нестерова М. С., Молодин В. И., Пилипенко А. С., 2026

ISSN 1818-7919

Вестник НГУ. Серия: История, филология. 2026. Т. 25, № 5: Археология и этнография. С. 127–147
Vestnik NSU. Series: History and Philology, 2026, vol. 25, no. 5: Archaeology and Ethnography, pp. 127–147

Ключевые слова

сибирские татары, Барабинская лесостепь, позднее Средневековье, палеогенетика, Y-хромосома, этногенетические реконструкции

Благодарности

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ № 23-18-00834

Для цитирования

Трапезов Р. О., Пилипенко И. В., Федосеева Е. И., Черданцев С. В., Журавлев А. А., Поздняков Д. В., Томиллин М. А., Рыкун М. П., Нестерова М. С., Молодин В. И., Пилипенко А. С. Разнообразие Y-хромосомы сибирских татар из позднесредневекового могильника Абрамово-10 (Барабинская лесостепь) // Вестник НГУ. Серия: История, филология. 2026. Т. 25, № 5: Археология и этнография. С. 127–147. DOI 10.25205/1818-7919-2026-25-5-127-147

Y-Chromosome Diversity within Siberian Tatars from the Late Medieval Burial Ground Abramovo-10 (Baraba Forest-Steppe)

Rostislav O. Trapezov¹, Irina V. Pilipenko², Evgenia I. Fedoseeva³
Stepan V. Cherdantsev⁴, Anton A. Zhuravlev⁵, Dmitry V. Pozdnyakov⁶
Matvey A. Tomilin⁷, Marina P. Rykun⁸, Marina S. Nesterova⁹
Vyacheslav I. Molodin¹⁰, Alexander S. Pilipenko¹¹

^{1–5,11} Institute of Cytology and Genetics
of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences
Novosibirsk, Russian Federation

^{6,9,10} Institute of Archaeology and Ethnography
of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences
Novosibirsk, Russian Federation

⁸ Tomsk State University
Tomsk, Russian Federation

¹ rtrapezov@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0483-530X>

² lis-@list.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8325-6719>

³ e.fedoseeva@g.nsu.ru

⁴ stephancherd@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4384-3468>

⁵ tos3550@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6169-0912>

⁶ dimolka@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-7984-0912>

⁷ matveytomilin97@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2616-8712>

⁸ m_rykun@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4262-8731>

⁹ msnesterova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-4024-6753>

¹⁰ molodin@archaeology.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3151-8457>

¹¹ alexpil@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1009-2554>

Abstract

Purpose. The paper continues a series of articles devoted to the paleogenetic study of the Late Medieval population from the West Siberian forest-steppe zone. The aim of the study is to obtain and analyze the first data on the Y-chromosome lineage diversity of the population that formed the Abramovo-10 burial ground in the central part of the Baraba forest-steppe (16th – 18th centuries AD).

Results. Data on the structure of 18 Y-chromosome samples (male individuals) from the burial ground of the Siberian Tatars Abramovo-10 were obtained. Phylogenetic and phylogeographic analysis of the studied lineages was carried out. Three phylogenetic clusters were identified in the studied series: N-VL67/N1a2CTS6380>>VL67 ($N = 13$, or ~ 72 % of the sample), Q-L56/Q-M346/Q1a2 ($N = 4$, or ~ 22 %) и R-M198/R1a-M198 ($N = 1$, or 5.5 %).

Conclusion. The obtained results suggest that the basis of the male gene pool in the studied group consists of Y-chromosome lineages that spread across the region during the Turkification in the Middle Ages, as well as older components common to ethno-culturally contrasting populations of the Western Siberia. The phylogeographic structure of the Y-chromosome pool, which is close to the modern one, was formed earlier than the features of the mtDNA gene pool, apparently due to the patrilocality of the studied group. During the period of the intensive Caucasian population migration to the region, the main features of the male gene pool remained almost unchanged for significant part of the Baraba Siberian Tatars.

Keywords

Siberian Tatars, Baraba forest-steppe, The Late Middle Ages, paleogenetics, Y-chromosome, ethnogenetic reconstructions

Acknowledgements

This work was funded by RSF project no. 23-18-00834

For citation

Trapezov R. O., Pilipenko I. V., Fedoseeva E. I., Cherdantsev S. V., Zhuravlev A. A., Pozdnyakov D. V., Tomilin M. A., Rykun M. P., Nesterova M. S., Molodin V. I., Pilipenko A. S. Y-Chromosome Diversity within Siberian Tatars from the Late Medieval Burial Ground Abramovo-10 (Baraba Forest-Steppe). *Vestnik NSU. Series: History and Philology*, 2026, vol. 25, no. 5: Archaeology and Ethnography, pp. 127–147. (in Russ.) DOI 10.25205/1818-7919-2026-25-5-127-147

Введение

В лесостепной зоне Западной Сибири и в прилегающей полосе южной тайги в эпоху Средневековья происходят интенсивные этногенетические процессы при участии автохтонных для данного региона групп угорского и самодийского происхождения, подвергавшихся воздействию мигрировавших на эту территорию тюркских популяций [Молодин и др., 1990]. В результате взаимодействия этих популяций в регионе формируется сложная структура современного коренного населения, относящегося к нескольким этническим образованиям. Очевидно, что формируемые популяции отличаются составом и относительным вкладом различных этнокультурных компонентов, что проявляется в наличии многочисленных локально-территориальных групп населения со своей спецификой на уровне материальной культуры и структуры генофонда.

Непосредственно в лесостепной зоне происходит сложение групп тюркоязычного населения, в совокупности рассматриваемого специалистами под названием «сибирские татары» [Валеев, 1993]. Большинство специалистов считает, что основные этапы формирования этнических групп в регионе завершаются к XIII–XIV вв. [Соболев, 1984]. Для более ранних археологических материалов этническая атрибуция, как правило, затруднительна. Исследование многочисленных погребальных памятников, связанных с различными группами сибирских татар, позволяет проводить их анализ методами физической антропологии, а в последнее время и палеогенетическими инструментами.

Крупные могильники исследованы на территории современного ареала тоболо-иртышских, томских и барабинских сибирских татар [Валеев, 1993; Валеев, Томилов, 1996; Томилов, 1992; История Сибири, 2019]. Традиционно большинство из них ассоциируется с группой, проживающей в настоящее время на территории расположения могильника. Центральная часть Барабинской лесостепи, в которой расположен могильник Абрамово-10, входит в состав ареала современных барабинских татар.

В антропологических исследованиях [Багашёв, 2017] серия из Абрамово-10 традиционно используется в качестве позднесредневековой выборки этой группы сибирских татар (хотя не все исследователи согласны с включением барабинцев в общность сибирских татар [Токарев, 1958; Селезнёв, 1994]). Могильник, являясь самым крупным позднесредневековым погребальным памятником тюрков для рассматриваемого региона (всего раскопано 118 погребений), представляет несомненный интерес и для популяционно-палеогенетических исследований.

Авторами данной статьи ранее был проведен анализ репрезентативной серии из 72 образцов митохондриальной ДНК (мтДНК) из Абрамово-10 [Черданцев и др., 2025]. Данная работа продолжает серию статей, посвященных палеогенетическому анализу материалов могильника и генофонда сибирских татар в целом. Представлены результаты анализа серии ($N = 20$) образцов Y-хромосомы из могильника Абрамово-10. Отметим, что это первая работа, посвященная анализу разнообразия Y-хромосомы в генофонде средневекового населения лесостепной полосы Западной Сибири.

Материалы и методы

Палеоантропологические материалы, исследованные в работе. Для ранее опубликованной нами работы по анализу разнообразия мтДНК сибирских татар из могильника Абрамово-10 [Черданцев и др., 2025] нами были использованы образцы от 74 индивидов различного пола и возраста (предварительные половозрастные определения были выполнены методами физической антропологии по морфологическим критериям черепов). Материалы были получены из краниологической коллекции кабинета антропологии ТГУ (73 образца) и ИАЭТ СО РАН (1 образец) [Там же]. Во всех случаях в качестве образцов были отобраны зубы высокой степени макроскопической сохранности.

Предварительную обработку палеоантропологического материала и получение образцов суммарной ДНК осуществляли с помощью методов, детально описанных в наших предшествующих работах [Pіlipenko et al., 2015; 2018]. Поверхность зуба механически очищали от загрязнений, выдерживали зуб в растворе гипохлорита натрия, облучали ультрафиолетом и размалывали с помощью шаровой мельницы Retsch Mixer Mill MM200 (Германия). Материал зубов декальцинировали с помощью 0,5М ЭДТА с последующим лизисом протеиназой К (Сибэнзим, Россия). ДНК выделяли методом фенол-хлороформной экстракции.

Для анализа маркеров Y-хромосомы использовали только те образцы, для которых: 1) ранее были получены результаты по мтДНК (72 из 74 индивидов) [Черданцев и др., 2025]; 2) методами физической антропологии был предварительно установлен мужской пол. Таких образцов в серии оказалось 24. Для них проводили анализ маркеров половой принадлежности и аллельного профиля аутосомных STR с целью подтверждения корректности палеоантропологических данных о половой принадлежности останков и оценки степени сохранности ядерной ДНК. Для этого использовали набор COrDIS Expert26 (Гордиз, Россия). Процедуру проводили согласно инструкции производителя. Из 24 индивидов мужской пол и относительно высокая сохранность ядерной ДНК были подтверждены для 20 (см. табл. 1).

Таблица 1

Выборка палеоантропологических образцов
из позднесредневекового могильника Абрамово-10,
использованная для исследования разнообразия Y-хромосомы

Table 1

Description of paleoanthropological samples
from the Late Medieval burial ground Abramovo-10,
used to study the diversity of the Y chromosome

№ п/п	Инвентарный номер	Лабораторный шифр индивида	№ п/п	Инвентарный номер	Лабораторный шифр индивида
1	3932	Abr3	11	4001	Abr41
2	3973	Abr6	12	3958	Abr42
3	4000	Abr13	13	3970	Abr43
4	3992	Abr18	14	3960	Abr44
5	3994	Abr20	15	3936	Abr56
6	3937	Abr21	16	4004	Abr60
7	3949	Abr25	17	4003	Abr62
8	3959	Abr27	18	3939	Abr67
9	4002	Abr35	19	3047	Abr70
10	3975	Abr38	20	32/18Б	Abr74

Анализ аллельного профиля YSTR проводили с помощью набора COrDIS Ystr (Гордиз, Россия) согласно инструкции производителя. Фрагментный анализ результатов мультиплексной ПЦР проводили на приборах НАНОФОР05 в ЦКП Генетического анализа ИЦиГ СО РАН.

Анализ аллельного профиля осуществляли с помощью программы GeneMarker (Soft-Genetics). Определение филогенетического положения исследованных структурных вариантов Y-хромосомы осуществляли с помощью программы-предиктора на сайте компании NEVGEN (nevgen.org), находящейся в открытом доступе. При филогенетическом / филогеографическом анализе результатов в качестве базовой использовали классификацию кластеров Y-хромосомы, реализованную в рамках открытого онлайн-ресурса «The Universal Y-SNP Database» (UYSD v. 1.1) [Ralf et al., 2025], в рамках которой предложено унифицированное филогенетическое дерево вариантов Y-хромосомы человека с соответствующей единой номенклатурой кластеров (www.ysnp.erasmusmc.nl). При изложении полученных результатов также приводили варианты названий филогенетических кластеров, предлагаемые программой-предиктором, и ранее использовавшиеся варианты их наименования.

Все работы с древним материалом выполнены на базе специализированной палеогенетической инфраструктуры межинститутской лаборатории молекулярной палеогенетики и палеогеномики ИЦиГ СО РАН (Новосибирск, Россия), которая отвечает всем современным требованиям, предъявляемым к палеогенетическим лабораториям. Меры против контаминации и процедуры верификации результатов описаны в наших предшествующих статьях [Piliipenko et al., 2015; 2018]. Условия проведения исследования, используемые протоколы работы и особенности полученных результатов однозначно свидетельствуют об их высокой достоверности.

Результаты исследования

Проведенное нами ранее исследование серии образцов мтДНК из могильника Абрамово-10 [Черданцев и др., 2025] продемонстрировало очень высокий уровень сохранности мтДНК в антропологическом материале, что позволило получить достоверные данные для 72 из 74 индивидов, первоначально задействованных в исследовании. Сохранность ядерной ДНК в останках обычно уступает сохранности мтДНК, что в очередной раз подтвердилось в нашем исследовании. Из 24 индивидов потенциально мужского пола (по антропологическим данным) в четырех образцах сохранность ядерной ДНК не позволила выполнить анализ аллельного профиля STR-локусов (аутосомных и Y-хромосомы). Эти образцы были исключены из дальнейшего исследования. Для оставшихся 20 индивидов были получены полные или частичные аллельные профили 18 STR-локусов Y-хромосомы (табл. 2).

Для всех 20 индивидов программа-предиктор с высокой вероятностью определяет филогенетическое положение вариантов Y-хромосомы. Тем не менее, мы исключили из дальнейшего рассмотрения два образца, характеризующихся наименее полными аллельными профилями: образец Abr3, для которого был определен статус 10 из 18 YSTR, и Abr70 (успешный анализ лишь 7 из 18 YSTR). Реконструированные для данных индивидов варианты Y-хромосомы были отнесены программой-предиктором к определенным филогенетическим кластерам (см. табл. 2), но вероятность корректности предсказания гаплогруппы для них была ниже, чем для остальных образцов.

Для 18 образцов численность успешно генотипированных YSTR варьировала от 14 до 18. Для 8 из 18 индивидов нам удалось определить полный аллельный профиль всего набора из 18 YSTR, анализируемого используемым нами набором реактивов. Необходимо отметить, что для палеогенетического исследования серия из 18 образцов Y-хромосомы, полученных от индивидов из одного археологического памятника, является высоко репрезентативной. На данный момент намного чаще в литературе встречается ситуация, когда из конкретного археологического памятника происходят лишь единичные успешно исследованные образцы Y-хромосомы.

Таблица 2

Результаты генотипирования Y-STR локусов в образцах из могильника Абрамово-10

Table 2

Results of genotyping of Y-STR loci in samples from the Abramovo-10 burial ground

STR-локус	DYS391	DYS389 I	DYS19	DYS437	DYS389 II	DYS393	DYS392	DYS447	DYS576	DYS438	DYS390	DYS449	DYS448	DYS456	DYS439	DYS385a/b	DYS635	Гаплогруппа (согласно NEVGEN)
Abr3	10					13		28		10	23	26		15	10	12/13		N1a2CTS6380>>VL67
Abr6	10	13	14	13	28	13	14	28	17	10	23	26	19	15	10	12/13	24	N1a2CTS6380>>VL67
Abr13	10	13	14	14		13	14	27	17	10	23	26	19	15	10	12/13		N1a2CTS6380>>VL67
Abr18	11	13	13	13		13	14	25	21	11	23	29			13	15/17		Q-M346
Abr20	10	13		14		13	14	28		10	23	26	19	15	10	12/	21	N1a2CTS6380>>VL67
Abr21	10	13	13	13	31	13	14	25		11	23	29			13	15/17	23	Q-M346
Abr25	10	14	13	14		14	14	25	17	11	24	31		17	12	13/17	22	Q-M346
Abr27	10	13	14	14	33	13	14	27	17	10	23	26	19	15	10	12/13	24	N1a2CTS6380>>VL67
Abr35	10	13	14	14	28	13	14	28	17	10	23	26	19	15	10	12/15	24	N1a2CTS6380>>VL67
Abr38	10	14	16	14	31	13	11	24	19	11	25	32	20	16	11	11/14	23	R1a-M198
Abr41	10	13	14	14	33	13	14	28	17	10	23	26	19	15	10	12/13	24	N1a2CTS6380>>VL67
Abr42	10	13	14	14	28	13	14		17	10	23	26		15	10	12/13		N1a2CTS6380>>VL67
Abr43	10	13	14	14	28	13	14	28	17	10	23	26	19	15	10	12/13	24	N1a2CTS6380>>VL67
Abr44	10	13	16	14		13	14	28	17	10	23	26	20		10	12/13	24	N1a2CTS6380>>VL67
Abr56	10	13	14	14	28	13	14	28	17	10	23	26	19	15	10	12/13	24	N1a2CTS6380>>VL67
Abr60	10	15		14		14	14	25		11	24	31	19	17	12	11/17	22	Q-M346
Abr62	10	13	14	14		13	14	28	17	10	23	26	19	15	10	12/13	24	N1a2CTS6380>>VL67
Abr67	10	13	14	14	28	13	14	28	17	10	23	26	19	15	10	12/13	24	N1a2CTS6380>>VL67
Abr70	10					14				11	24	32			12	/17		Q-M346
Abr74	10	13	14		28	13	14	28		10	23	26	19	15	10	12/13		N1a2CTS6380>>VL67

Среди 18 образцов выявлено три филогенетических кластера (в порядке убывания частоты встречаемости): N1a2CTS6380 (по NEVGEN) или N-Y3037 (по UYSD) – 13 из 18 индивидов или ~ 72 % выборки; Q-M346 (по NEVGEN и UYSD, ранее – кластер Q1a2(Q1a2)) – 4 носителя, ~ 22 % выборки; R1a-M198 (по NEVGEN) или R-M198 (по UYSD) – 1 носитель, ~ 5,5 % выборки (см. табл. 2, рис. 1). При численности выборки $N = 18$ мы, безусловно, не можем утверждать, что зафиксированы все компоненты мужского генофонда популяции, сформировавшей могильник Абрамово-10. Однако состав серии уверенно свидетельствует о высокой роли двух кластеров – N-Y3037 и Q-M346, первый из которых, с высокой вероятностью, является доминирующим в генофонде рассматриваемой группы позднесредневекового населения.

При рассмотрении серии образцов, происходящих из одной локальной группы или могильника, всегда стоит вопрос, не являются ли обнаруженные особенности выборки, такие как повышенная частота одного или нескольких компонентов генофонда, следствием попадания в выборку большого числа близких или даже прямых родственников. Палеогенетическое исследование более уязвимо в данном отношении по сравнению с исследованиями современных выборок, из которых близкие родственники исключаются по результатам анкетирования доноров образцов. В нашей выборке были выявлены носители идентичных аллельных профилей YSTR: например, среди носителей наиболее представленного кластера (N-Y3037) идентичные профили имели 3 из 7 индивидов, для которых был установлен статус всех 18 STR-локусов (рис. 2). Этот факт увеличивает вероятность влияния близкого родства индивидов на полученную картину разнообразия вариантов Y-хромосомы, в частности представленность кластера N-Y3037, оцененная на основе нашей выборки из Абрамово-10 на уровне ~ 72 %, может быть несколько завышенной по сравнению с генофондом популяции в целом. Следует учитывать, что присутствие в локальных популяциях большого числа индивидов с идентичными YSTR-профилями, по-видимому, является характерной чертой многих коренных популяций южных районов Сибири, включая современные тюркоязычные популяции региона, например хакасов и шорцев [Харьков и др., 2020].

Также мы можем провести параллели с результатами, полученными при исследовании разнообразия мтДНК в серии из могильника Абрамово-10 [Черданцев и др., 2025]. В исследованной нами ранее выборке мтДНК также с высокой частотой присутствовали отдельные

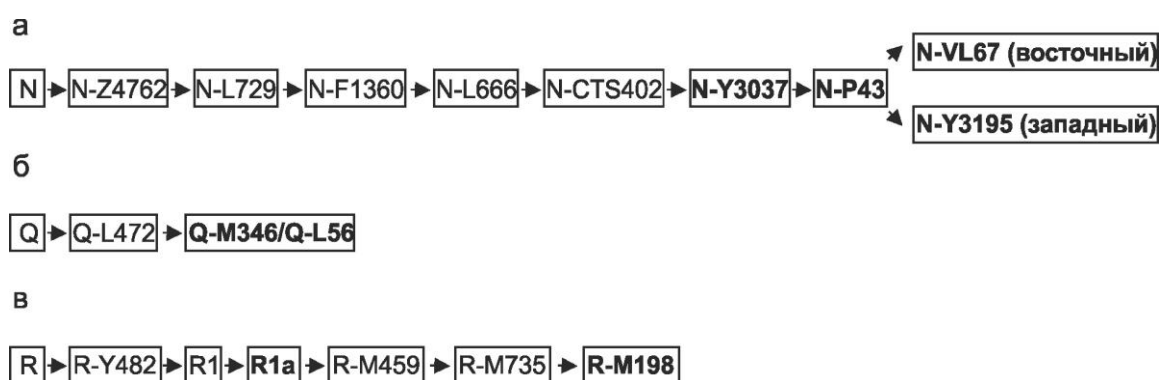


Рис. 1. Филогенетическое положение вариантов Y-хромосомы, выявленных в составе серии образцов из позднесредневекового могильника Абрамово-10 (в соответствии с классификацией кластеров Y-хромосомы, реализованной в рамках «The Universal Y-SNP Database» (UYSD v. 1.1))

Fig. 1. The phylogenetic position of Y-chromosome lineages identified in a series of samples from the Late Medieval Abramovo-10 burial ground (in accordance with the classification of Y-chromosome clusters implemented in the framework of The Universal Y-SNP Database (UYSD v. 1.1))

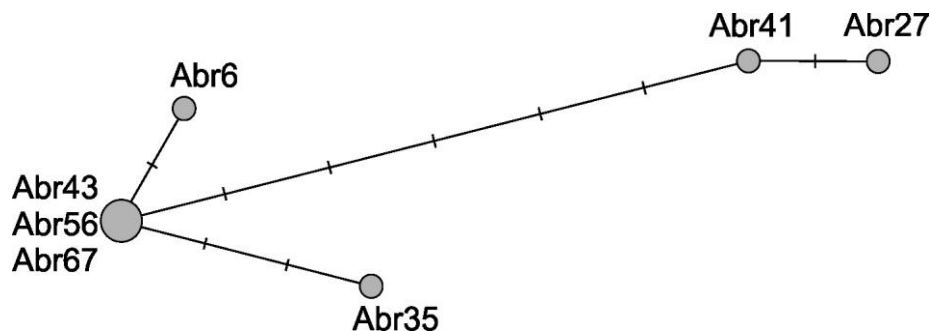


Рис. 2. Медианная сеть вариантов гаплогруппы N-VL67, выявленных в серии образцов Y-хромосомы из позднесредневекового могильника Абрамово-10 (представлены только образцы, для которых получен полный аллельный профиль 18 YSTR-маркеров)

Fig. 2. The median network of haplogroup N-VL67 variants identified in a series of Y chromosome samples from the Late Medieval Abramovo-10 burial ground (only samples with a complete profile of 18 YSTR markers are presented)

варианты гаплогрупп H, U4, C5b1. Однако наличие таких доминирующих вариантов было характерно для средневековых популяций в целом (что устанавливается при анализе сборных серий из ряда могильников, неопубликованные данные авторов), как и для современных популяционных выборок сибирских татар, из которых близкие родственники исключены [Naumova et al., 2008; Gubina et al., 2018]. Мы считаем, что присутствие идентичных вариантов мтДНК и Y-хромосомы является распространенной чертой генофонда мтДНК и Y-хромосомы позднесредневековых популяций региона.

Рассмотрим подробнее филогению и филогеографию кластеров, выявленных в составе исследованной серии из Абрамово-10. Данные о составе мужского генофонда барабинских татар пока не были полноценно опубликованы в научной печати. Однако сибирские татары Барабы были использованы в качестве сравнительной серии в работе, посвященной генофонду Y-хромосомы западносибирских угров (хантов и манси) [Пономарев и др., 2024, рис. 2]. Это позволяет приблизительно оценить параметры мужского генофонда современных барабинцев и предварительно сравнить их с серией из Абрамово-10. Так, в генофонде современных барабинских татар присутствуют все три кластера, выявленные нами в данной работе: N-Y3037, Q-M346/Q-L56, R-M198. Как и в серии из Абрамово-10 кластеры N-Y3037, Q-M346 составляют основу современного генофонда. Однако их соотношение иное: N-Y3037, составляющая ~ 72 % нашей серии, у современных барабинских татар представлена с частотой всего около 20 %, а общая частота вариантов гаплогруппы Q-M346/Q-L56, напротив, выше у современных барабинцев (~ 45 %), чем в Абрамово-10 (22 %). В современной выборке присутствует и кластер R-M198 (~ 6,5 %), т. е. он представляет собой минорный компонент генофонда, имеющий частоту, сопоставимую со средневековой выборкой (~ 5,5 %). Отсутствие в нашей серии ряда других минорных компонентов, выявленных в современной популяции (R1b, E и др.), отчасти может быть связано с эффектом малой выборки либо объясняется их более поздним проникновением в генофонд населения региона. Таким образом, можно констатировать, что некоторые основные черты мужского генофонда сибирских татар Барабинской лесостепи (по крайней мере состав важнейших кластеров) в значительной степени были сформированы уже ко времени функционирования могильника Абрамово-10 (XVI–XVIII вв.). По-видимому, основные изменения впоследствии касались в первую очередь соотношения различных кластеров: в частности, мы фиксируем увеличение роли вариантов гаплогруппы Q-M346 за счет снижения доли вариантов гаплогруппы N-Y3037.

Все выявленные в Абрамово-10 варианты гаплогруппы N-Y3037/N1a2CTS6380 относятся к субкластеру N-P43, а точнее – к одной из двух основных ветвей N-P43 – гаплогруппе N-VL67 (см. табл. 2, рис. 1, a). Этот кластер, наряду с N-Y3195, характеризуется хорошо вы-

раженной филогеографической спецификой, ранее уже отмеченной другими авторами [Пономарев и др., 2024]. Гаплогруппа N-P43 присутствует в мужском генофонде всех основных тюркоязычных и финно-угорских популяций Приуралья, Зауралья и Западной Сибири, но соотношение субкластеров N-VL67 и N-Y3195 меняется: по направлению с запада на восток уменьшается частота «западного» субкластера N-Y3195 и растет частота «восточного» N-VL67. Условной границей распространения этих двух кластеров является бассейн Иртыша на юге и Оби севернее устья Иртыша. Западнее этой границы доминирует N-Y3195, а восточнее преобладает N-VL67. Значительно западнее обозначенной границы варианты N-VL67 присутствуют с небольшой частотой в генофондах основных тюркоязычных групп, вплоть до Волго-Уральского региона [Пономарев и др., 2024], в то время как восточнее этой границы присутствуют только варианты кластера N-VL67 (т. е. N-Y3195 полностью отсутствует). В целом среди современных тюркоязычных и финно-угорских популяций наибольшей частоты интересующая нас гаплогруппа N-VL67 достигает в популяции хакасов [Харьков и др., 2020] и некоторых локальных группах хантов (наиболее восточных и южных) [Пономарев и др., 2024].

Отдельного внимания заслуживают самодийские народы Западной Сибири: в генофонде северных самодийцев отмечена наибольшая суммарная частота кластера N-P43, значительная часть которого представлена именно вариантами N-VL67 [Харьков и др., 2021; 2025; Roots et al., 2007]. Из-за столь высоких частот у северных самодийцев кластер N-P43 (и N-VL67, в частности) часто рассматривают как генетический компонент, связанный с самодийским вкладом в генофонд населения Западной и Южной Сибири (см., например, [Харьков и др., 2020]). На наш взгляд, его распространение в лесостепной и южно-таежной зонах Западной Сибири можно связывать с процессами тюркизации региона – распространения тюркоязычных групп населения в регионе, которое по археологическим данным наблюдается в различных районах Западной Сибири на протяжении большинства периодов эпохи Средневековья (с середины I тыс. н. э. до второй половины II тыс. н. э.).

Потенциальными источниками проникновения тюркоязычных групп в регион являются территория Алтае-Саянской горной системы и степные пространства, расположенные на территории современного Казахстана: в генофонде современного тюркоязычного населения Алтая и Саяна [Харьков и др., 2020], а также у части родовых групп современных казахов Казахстана [Zhunussova et al., 2025] со значительной частотой представлен кластер N-VL67. О распространении с тюркоязычными группами свидетельствует и отмеченное выше наличие N-VL67 у тюркоязычных (но не у финно-угорских) популяций вплоть до Волго-Уральского региона на западе. Наиболее ранним из установленных в палеогенетических исследованиях носителей гаплогруппы N-VL67 является представитель пазырыкской культуры раннего железного века с территории Горного Алтая [Пилипенко и др., 2015]. Таким образом, данный кластер присутствовал в популяции Алтая за почти 1000 лет до начала процессов тюркизации населения Западной Сибири. Следует отметить, что с территорией северной части Алтае-Саянского нагорья часто связывают и прародину некоторых протосамодийских племен [Этногенез..., 1980; Народы Западной Сибири..., 2005]. Возможно, в процессе тюркизации происходило распространение тюркскими популяциями на север и северо-запад компонентов, имеющих в том числе протосамодийское происхождение.

Альтернативным сценарием могло бы быть проникновение вариантов N-VL67 в генофонд тюркоязычных популяций Западной Сибири (сибирских татар) в результате непосредственного контакта со средневековыми самодийскими группами. Однако, по нашим данным, в генофонде позднесредневековых южных самодийцев, которые, наиболее вероятно, контактировали с тюркоязычными группами – южных (нарымских) селькупов, варианты N-VL67 представлены с очень низкой частотой и только в могильниках, отражающих наибольшую интенсивность этнокультурных контактов с позднесредневековыми тюрками (сибирскими татарами, чулымцами и хакасами) (неопубликованные данные авторов).

Таким образом, мы считаем высокую частоту N-VL67, выявленную в генофонде группы сибирских татар, сформировавшей могильник Абрамово-10, следствием процессов тюркиза-

ции региона в предшествующие формированию могильника периоды развитого и начала позднего Средневековья, а также вероятными контактами непосредственно в период формирования могильника с тюркоязычным населением Саяно-Алтайского региона, для которого характерна высокая представленность N-VL67 [Харьков и др., 2020]. В данном отношении результаты по мужскому генофонду хорошо коррелируют с результатами по мтДНК, фило-географический анализ которых свидетельствует об интенсивных контактах популяции из Абрамово-10 с тюркоязычными группами Алтая и Саян [Черданцев и др., 2025].

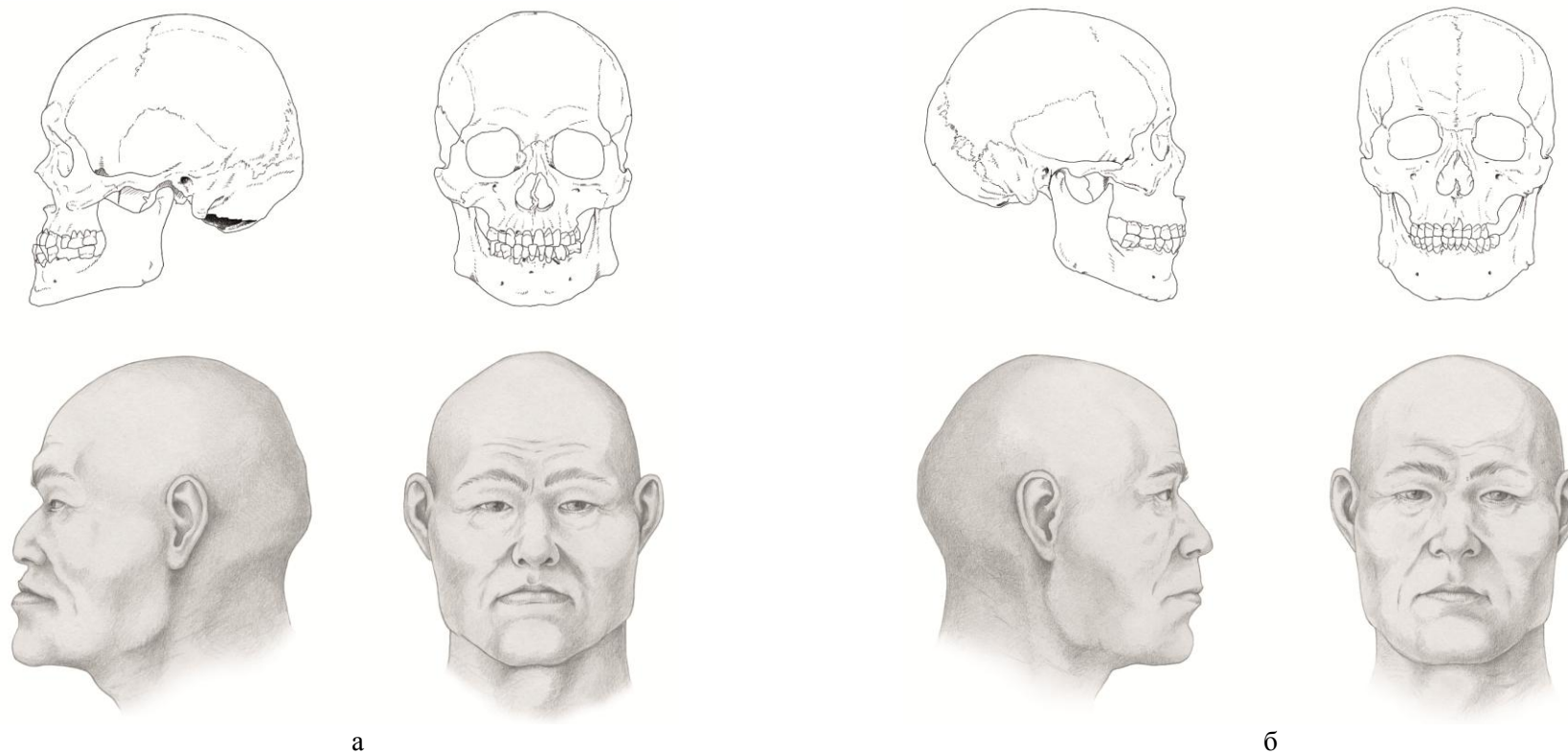
В то же время не все выводы, сделанные нами по мтДНК из Абрамово-10, коррелируют с данными по мужскому генофонду. Это касается результатов сравнения серии с другими группами современных сибирских татар, прежде всего тоболо-иртышскими [Агджоян и др., 2016], а также томскими [Валихова и др., 2022]. В генофонде томских татар линии гаплогруппы N-Y3037 представлены крайне слабо: они были выявлены лишь в 4 из 167 исследованных образцов (в пос. Эушта и Черная речка) [Там же]. В контексте данной работы представляет интерес очень высокая частота вариантов гаплогруппы N-Y3037 в некоторых группах тоболо-иртышских татар, в частности у заболотных (ясколбинских) татар, в генофонде которых ее линии представлены с частотой более 80 % (т. е. сопоставимо или даже больше, чем в серии из Абрамово-10), хотя в других локальных группах частота намного ниже [Агджоян и др., 2016]. Ранее при анализе серии из Абрамово-10 на уровне мтДНК мы установили, что по структуре генофонда мтДНК эта группа ближе к сводной серии тоболо-иртышских татар [Naumova et al., 2008], чем к барабинским [Gubina et al., 2018]. Таким образом, и в данном случае можно было бы видеть определенную корреляцию между результатами анализа генофонда мтДНК и Y-хромосомы. Однако рассмотрение на уровне субкластеров гаплогруппы N-Y3037 опровергает такой вывод: высокая доля линий N-Y3037 в генофонде ясколбинских тоболо-иртышских татар полностью сформирована за счет вклада «западного» субкластера N-Y3195, отсутствующего в серии из Абрамово-10. В качестве минорного компонента «восточный» субкластер N-VL67, доминирующий в Абрамово-10, выявлен лишь у искеро-тобольской группы тоболо-иртышских татар, ареал которой вплотную примыкает к Барабе с запада [Пономарев и др., 2024]. Таким образом, мужская часть популяции, сформировавшей могильник Абрамово-10, демонстрирует явное сходство с барабинскими, а не с тоболо-иртышскими татарами.

Вторым по значимости в исследованной серии образцов из Абрамово-10 является гаплогруппа Q-M346/Q-L56/Q1a2 (ранее Q1a2; рис. 1, б). Этот кластер является одним из наиболее распространенных компонентов мужского генофонда центральноазиатских популяций, включая современные популяции, населяющие Алтае-Саянский регион, а также Западной Сибири, где он широко представлен как в популяциях тюркоязычных групп (современные сибирские татары), так и у угров (ханты), а особенно кетов и ряда самодийцев. По-видимому, первичное распространение этого кластера по обширным территориям Южной и Западной Сибири происходило в результате древних миграций задолго до формирования современных этнокультурных групп региона. В результате присутствие данного компонента в той или иной степени было характерно для предковых групп всех основных этнокультурных образований региона. В современных популяциях различной этнической принадлежности выявляются субкластеры Q-M346/Q-L56, демонстрирующие этноспецифичность [Харьков и др., 2013; 2020; 2023]. Для прояснения вопросов происхождения вариантов гаплогруппы Q-M346/Q-L56, обнаруженных в составе серии из Абрамово-10, необходимо проверить их близость к этноспецифическим субкластерам. Для этого необходим анализ статуса ряда ОНП Y-хромосомы и / или расширение анализируемого набора YSTR (эти задачи в настоящее время выполняются авторами). На данном этапе можно отметить, что присутствие значительной доли вариантов гаплогруппы Q-M346/Q-L56 характерно также и для современных сибирских татар лесостепной зоны Западной Сибири, включая как барабинские, так и тоболо-иртышские локальные группы [Агджоян и др., 2016; Пономарев и др., 2024].

Линии гаплогруппы R-M198/R1a-M198 (рис. 1, в) распространены на территории лесостепной зоны Западной Сибири начиная с эпохи бронзы. Их первое появление в южных районах Западной и Южной Сибири, включая Барабинскую лесостепь, связано с миграционными волнами носителей андроновской (федоровской) культуры, происходившими в первой половине – середине II тысячелетия до н. э. [Keyser et al., 2009; Трапезов и др., 2020; 2022]. Впоследствии этот компонент сохранился в генофонде мужского населения южных районов Сибири. Непосредственно на территории Барабы он играет значимую роль в мужском генофонде носителей саргатской культуры раннего железного века [Пилипенко и др., 2017]. Таким образом, данный компонент мужского генофонда может быть связан с сохранением в структуре генофонда древних линий Y-хромосомы, присутствовавших в популяциях Барабинской лесостепи в периоды, предшествующие тюркизации населения. С другой стороны, распространенность вариантов R-M198/R1a-M198 в макрорегионе Западной и Южной Сибири к концу раннего железного века – начальным этапам Средневековья была очень широка. Поэтому нельзя исключить и более поздние повторные миграции его носителей из сопредельных с Барабой территорий. Установить время и механизм проникновения этого компонента в генофонд сибирских татар, сформировавших могильник Абрамово-10, потенциально позволит проводимый нами в настоящее время углубленный анализ данного образца Y-хромосомы по расширенному набору YSTR.

При рассмотрении этногенетических процессов, протекавших на юге Западной Сибири в период формирования могильника Абрамово-10 (XVI–XVIII вв. н. э.) и в последующее время, вплоть до современности, важным с точки зрения динамики генетического состава популяций становится фактор влияния на коренное население пришлых европеоидных групп. Состав исследованной нами мужской серии из Абрамово-10 свидетельствует, что проникавшее в регион пришлое европеоидное население в период функционирования погребального памятника не оказывало значимого влияния на генофонд Y-хромосомы: потенциально с такого рода влиянием можно связать лишь единственный вариант R-M198/R1a-M198 гаплогруппы, которая является доминирующей в русском (восточнославянском) мужском генофонде [Balanovsky et al., 2008]. Как отмечено выше, мы пока не можем исключить связь обнаруженного варианта с предшествующими популяциями Сибири, но, даже если этот компонент связан с пришедшим европеоидным населением, он представляет собой лишь минорный компонент в генофонде популяции, оставившей могильник Абрамово-10. Что касается современных популяций сибирских татар из Барабинской лесостепи, то их генофонд содержит помимо R-M198/R1a-M198 еще ряд минорных кластеров (R1b-M73, I2a1-P37), однако даже суммарная частота кластеров, потенциально имеющих недавнее западно-евразийское происхождение, не превышает четвертой части всего состава мужского генофонда барабинцев [Пономарев и др., 2024]. Таким образом, можно констатировать, что, несмотря на некоторое увеличение разнообразия и доли западно-евразийских вариантов Y-хромосомы, барабинские татары сохранили основные черты структуры мужского генофонда, включая состав и общую долю доминирующих филогенетических кластеров (N-VL67 и Q-M346/Q-L56). Этот вывод хорошо коррелирует с полученным нами ранее заключением о сохранении значительной частью современных барабинских татар основных черт генофонда мтДНК [Черданцев и др., 2025]. При этом, как и в случае с мтДНК, необходимо учитывать, что при формировании выборок для популяционно-генетического исследования современного населения из их состава были исключены индивиды, являющиеся потомками недавних смешанных браков, что не позволяет распространить вывод о сохранении основных исконных черт структуры генофонда на всю современную популяцию барабинцев.

В рамках междисциплинарного исследования материалов могильника Абрамово-10 помимо палеогенетического анализа также выполнены графические портретные реконструкции ряда индивидов мужского пола из исследуемого памятника, которые входят в состав формируемой нами портретной галереи представителей разновременных групп средневекового населения Западной Сибири (рис. 3).



*Рис. 3. Портретная реконструкция индивидов из могильника Абрамово-10:
 а – мужчина, возраст 40–45 лет, погр. 2; б – мужчина, возраст 40–45 лет, погр. 3
 Автор реконструкции канд. ист. наук Д. В. Поздняков*

*Fig. 3. Portrait reconstruction of individuals from the Abramovo-10 burial ground:
 а – male, 40–45 years old (burial 2); б – male, 40–45 years old (burial 3)
 The author of the reconstruction is Candidate of Historical Sciences D. V. Pozdnyakov*

Заключение

Лесостепная и южно-таежная зоны Западной Сибири в эпоху Средневековья были охвачены сложными этногенетическими процессами, лежащими в основе формирования многокомпонентного современного коренного населения, включающего представителей нескольких культурно, лингвистически и генетически контрастных популяций – тюркских, угорских и самодийских. Объективная реконструкция этих процессов требует реализации комплексного междисциплинарного исследования всего корпуса источников, касающихся истории населения региона. Одним из наиболее перспективных подходов является популяционно-палеогенетическое исследование накопленных палеоантропологических материалов из разновременных могильников, ассоциированных с конкретными локальными популяциями. Сопоставление репрезентативных палеогенетических результатов с накопленными археологическими и палеоантропологическими данными о древнем населении, а также данными этногеномики о современных популяциях позволяют рассчитывать на объективную реконструкцию поздних этапов истории формирования населения Западной Сибири в ее этнокультурных и популяционно-генетических аспектах. К настоящему моменту препятствием для реализации такого рода исследовательской программы является слабый уровень исследованности средневековых популяций методами палеогенетики. Данная работа продолжила серию статей коллектива авторов, посвященную введению в научный оборот первых палеогенетических данных о средневековых популяциях лесостепной и южно-таежной зон Западной Сибири. Статья служит развитием опубликованной нами ранее работы о разнообразии мтДНК сибирских татар из позднесредневекового могильника Абрамово-10 – наиболее крупного исследованного археологами погребального памятника этого периода в западно-сибирской лесостепи. Полученные результаты – это первые в научной литературе данные о составе мужского генофонда позднесредневекового населения лесостепной зоны Западной Сибири.

Исследованная выборка ($N = 18$) позволила определить состав основных компонентов мужского генофонда средневековых сибирских татар Барабы. Результаты свидетельствуют о возможном вкладе нескольких источников в формирование состава мужской части популяции. При этом, на наш взгляд, определяющую роль могли играть компоненты, связанные с многостадийными процессами тюркизации населения региона (т. е. компоненты, расселение которых связано с одновременными миграционными волнами тюркоязычных групп), а также сохранившиеся в составе генофонда древние компоненты, распространявшиеся в Западной Сибири в эпохи, предшествующие Средневековью, и присутствующие в качестве общих составляющих в предковых генофондах этнокультурно контрастных групп населения региона. В период формирования могильника Абрамово-10 (XVI–XVIII вв.) состав основных компонентов мужского генофонда сибирских татар уже сложился, и далее происходило в основном лишь изменение их соотношения. Оба генетических маркера с однородительским наследованием (мтДНК и Y-хромосома) свидетельствуют, что значительная часть популяции сибирских татар Барабинской лесостепи сохранила специфику своего генофонда в период массовой миграции в регион европеоидного населения в последние несколько веков. Вместе с тем выявлены и расхождения в выводах, полученных для материнского и мужского генофонда популяции, сформировавшей могильник Абрамово-10: в отличие от генофонда мтДНК, структура которого отражает большее сходство серии из могильника с современными тоболо-иртышскими татарами, серия Y-хромосомы однозначно сближается с барабинской группой сибирских татар и отличается от основных тоболо-иртышских локальных групп. На наш взгляд, этот результат не является противоречием, а скорее отражает особенности формирования женского и мужского генофонда, в частности выраженную патрилокальность населения, благодаря которой близкая к современной филогеографическая структура мужского населения формировалась раньше, чем особенности состава материнского генофонда (мтДНК), продолжавшие меняться на протяжении Нового времени.

Очевидно, что для более детальной интерпретации подобных результатов остро не хватает репрезентативных данных по генофонду других разновременных локально-территориальных групп средневекового населения Западной Сибири. Такие данные предполагается получить в рамках анализа обширной диахронной модели (выборки) населения лесостепной и южно-таежной зон Западной Сибири, выполняемого нами в настоящее время. Учитывая полученный нами объем первичных лабораторных результатов в этом направлении, мы полагаем, что в ближайшие годы западносибирская лесостепная и южно-таежная зоны могут стать одним из наиболее хорошо исследованных регионов в отношении вариативности Y-хромосомы в разновременных популяциях. Другим перспективным направлением является углубленный анализ структуры мтДНК и Y-хромосомы, а также расширение спектра анализируемых ядерных маркеров.

Список литературы

- Агджоян А. Т., Балановская Е. В., Падюкова А. Д., Долинина Д. О., Кузнецова М. А., Запорожченко В. В., Схаляхо Р. А., Кошель С. М., Жабалин М. К., Юсупов Ю. М., Мустафин Х. Х., Ульянова М. В., Тычинских З. А., Лавряшина М. Б., Балановский О. П. Генофонд сибирских татар: пять субэтносов – пять путей этногенеза // Молекулярная биология. 2016. Т. 50, № 6. С. 978–991. DOI 10.7868/S0026898416060021
- Багашёв А. Н. Антропология Западной Сибири. Новосибирск: Наука, 2017. 408 с.
- Валеев Ф. Т. Сибирские татары. Культура и быт. Казань: Татар. кн. изд-во, 1993. 208 с.
- Валеев Ф. Т., Томиллов Н. А. Татары Западной Сибири: история и культура. Новосибирск: Наука, 1996. 224 с.
- Валихова Л. В., Харьков В. Н., Волков В. Г., Хитринская И. Ю., Степанов В. А. Структура генофонда томских татар по маркерам Y-хромосомы // Медицинская генетика. 2022. Т. 21, № 12. С. 33–35. DOI 10.25557/2073-7998.2022.12.33-35
- История Сибири: В 4 т. / Отв. ред. В. И. Молодин. Новосибирск: Изд-во ИАЭТ СО РАН, 2019. Т. 2: Железный век и Средневековье. 643 с.
- Молодин В. И., Соболев В. И., Соловьев А. И. Бараба в эпоху позднего Средневековья. Новосибирск: Наука, 1990. 262 с.
- Народы Западной Сибири: Ханты. Манси. Селькупы. Ненцы. Энты. Нганасаны. Кеты. М.: Наука, 2005. 805 с.
- Пилипенко А. С., Трапезов Р. О., Полосьмак Н. В. Палеогенетическое исследование носителей пазырыкской культуры из могильника Ак-Алаха-1 (Горный Алтай) // Археология, этнография и антропология Евразии. 2015. Т. 43, № 4. С. 144–150.
- Пилипенко А. С., Черданцев С. В., Трапезов Р. О., Молодин В. И., Кобелева Л. С., Поздняков Д. В., Полосьмак Н. В. Палеогенетическое исследование родства погребенных из курганов саргатской культуры в Барабинской лесостепи (Западная Сибирь) // Археология, этнография и антропология Евразии. 2017. Т. 45, № 4. С. 132–142.
- Пономарёв Г. Ю., Агджоян А. Т., Потанина А. Ю., Адамов Д. С., Балановская Е. В. Генетические портреты хантов и манси по гаплогруппам Y-хромосомы в контексте генофондов России // Вестник РГМУ. 2024. № 5. С. 32–41. DOI 10.24075/vrgmu.2024.044
- Селезнёв А. Г. Барабинские татары: истоки этноса и культуры. Новосибирск: Наука, 1994. 175 с.
- Соболев В. И. К вопросу об этническом формировании барабинских татар // Этническая история тюркоязычных народов Сибири и сопредельных территорий. Омск, 1984. С. 129–131.
- Токарев С. А. Этнография народов СССР. М.: Изд-во МГУ, 1958. 615 с.
- Томилов Н. А. Этническая история тюркоязычного населения Западно-Сибирской равнины конца XVI – начала XX в. Новосибирск: НГУ, 1992. 271 с.
- Трапезов Р. О., Черданцев С. В., Томилин М. А., Папин Д. В., Пилипенко А. С. Новые данные о генетическом составе андроновского населения юга Сибири (Верхнее Приобье и Кулунда) // Проблемы археологии, этнографии, антропологии Сибири и сопредельных

территорий. Новосибирск: Изд-во ИАЭТ СО РАН, 2020. Т. 26. С. 671–677. DOI 10.17746/2658-6193.2020.26.671-67

- Трапезов Р. О., Пилипенко А. С., Черданцев С. В., Томилин М. А., Пилипенко И. В., Журавлев А. А., Пристяжнюк М. С., Демин М. А., Савко И. А., Папин Д. В.** Первые результаты палеогенетического исследования носителей андроновской (федоровской) культуры из могильников Чекановский лог-2, -10 // Народы и религии Евразии. 2022. Т. 27, № 2. С. 87–104. DOI 10.14258/nreur(2022)2-05
- Харьков В. Н., Хамина К. В., Медведева О. Ф., Симонова К. В., Хитринская И. Ю., Степанов В. А.** Структура генофонда тувинцев по маркерам Y-хромосомы // Генетика. 2013. Т. 49, № 12. С. 1416–1425. DOI 10.7868/S0016675813120035
- Харьков В. Н., Новикова Л. М., Штыгашева О. В., Лузина Ф. А., Хитринская И. Ю., Волков В. Г., Степанов В. А.** Генофонд хакасов и шорцев по маркерам Y-хромосомы: общие компоненты и генетическая структура родов // Генетика. 2020. Т. 56, № 7. С. 826–833. DOI 10.31857/S0016675820070073
- Харьков В. Н., Валихова Л. В., Яковлева Е. Л., Сереброва В. Н., Колесников Н. А., Петелина Т. И., Хитринская И. Ю., Степанов В. А.** Реконструкция происхождения гыданских ненцев на основе генетического анализа их родовой структуры с помощью нового набора YSTR-маркеров // Генетика. 2021. Т. 57, № 12. С. 1403–1414. DOI 10.31857/S0016675821120067
- Харьков В. Н., Колесников Н. А., Валихова Л. В., Зарубин А. А., Сваровская М. Г., Марусин А. В., Хитринская И. Ю., Степанов В. А.** Связь генофонда хантов с народами Западной Сибири, Предуралья и Алтае-Саян по данным о полиморфизме аутомсомных локусов и Y-хромосомы // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2023. Т. 27, № 1. С. 46–54. DOI 10.18699/VJGB-23-07
- Харьков В. Н., Валихова Л. В., Адамов Д. С., Зарубин А. А., Хитринская И. Ю., Степанов В. А.** Особенности генофондов лесных и тундровых ненцев по гаплогруппам Y-хромосомы // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2025 Т. 29, № 5. С. 711–721. DOI 10.18699/vjgb-25-78
- Черданцев С. В., Трапезов Р. О., Томилин М. А., Федосеева Е. И., Журавлев А. А., Пилипенко И. В., Рыкун М. П., Молодин В. И., Пилипенко А. С.** Разнообразие митохондриальной ДНК сибирских татар из позднесредневекового могильника Абрамово-10 (Барабинская лесостепь) // Вестник НГУ. Серия: История, филология. 2025. Т. 24, № 7: Археология и этнография. С. 132–149. DOI 10.25205/1818-7919-2025-24-7-132-149
- Этногенез народов Севера. М.: Наука, 1980. 278 с.
- Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A., Kivisild T., Churnosov M., Evseeva I., Pocheshkhova E., Boldyreva M., Yankovsky N., Balanovska E., Villems R.** Two Sources of the Russian Patrilineal Heritage in their Eurasian Context // American Journal of Human Genetics. 2008. Vol. 82, no. 1. P. 236–250. DOI 10.1016/j.ajhg.2007.09.019
- Gubina M. A., Babenko V. N., Voevoda M. I.** Polymorphism of Mitochondrial DNA in Population of Siberian Tatars from Barabinsk Forest Steppe // Russian Journal of Genetics. 2018. Vol. 54, no. 6. P. 717–731. DOI 10.1134/S1022795418060066
- Keyser C., Bouakaze C., Crubézy E., Nikolaev V., Montagnon D., Reis T., Ludes B.** Ancient DNA Provides New Insights into the History of South Siberian Kurgan People // Human Genetics. 2009. Vol. 126, no. 3. P. 395–410. DOI 10.1007/s00439-009-0683-0
- Naumova O. Yu., Rychkov S. Yu., Morozova I. Yu., Khaiat S. Sh., Semikov A. V., Zhukova O. V.** Mitochondrial DNA Diversity in Siberian Tatars of the Tobol-Irtysh Basin // Genetika. 2008. No. 44 (2). P. 257–268.
- Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Zhuravlev A. A., Molodin V. I., Romaschenko A. G.** MtDNA Haplogroup A10 Lineages in Bronze Age Samples Suggest That Ancient Autochthonous Human Groups Contributed to the Specificity of the Indigenous West Siberian Population // PLoS ONE. 2015. Vol. 10 (5): e0127182. DOI 10.1371/journal.pone.0127182

- Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Cherdantsev S. V., Babenko V. N., Nesterova M. S., Pozdnyakov D. V., Molodin V. I., Polosmak N. V.** Maternal Genetic Features of the Iron Age Tagar Population from Southern Siberia (1st Millennium BC) // *PLoS ONE*. 2018. Vol. 13 (9): e0204062. DOI 10.1371/journal.pone.0204062
- Ralf A., Zandstra D., Wersch B. van, Köksal Z., Larmuseau M. H. D., Rosa A., Jobling M. A., D'Amato M. E., Courts C., Gysi M., Haas C., Flores R., Neis M., Wetton J. H., Kiesler K., Ameer A., Azonbakin S., Bőžiková A., Choma A., De Ungria M. C., Corradini B., Cruz C., Dunkelmann B., Ferri G., Fleckhaus J., Fragou D., Gaens N., Gonçalves R., Havaš Auguštin D., Helm K., Hözl-Müller P., Kaliszan M., Kasu M., Kovatsi L., Lesaoana M., Mizuno N., Neuhuber F., Nováčková J., Nuňuková A., Pamjav H., Parson W., Ramankulov Y., Rangel Villalobos H., Rebała K., Rootsi S., Salvador J., Šarac J., Steffen C. R., Stenzl V., Török T., Villems R., Watahiki H., Zhabagin M., Schneider P. M., Kayser M.** UYSD: A Novel Data Repository Accessible via Public Website for Worldwide Population Frequencies of Y-SNP Haplogroups // *American Journal of Human Genetics*. 2025. Vol. 33, no. 7. P. 904–912. DOI 10.1038/s41431-025-01854-5
- Rootsi S., Zhiotovskiy L. A., Baldovic M., Kayser M., Kutuev I. A., Khusainova R., Bermisheva M. A., Gubina M., Fedorova S. A., Ilumae A. M., Khusnutdinova E. K., Voevodina M. I., Osipova L. P., Stoneking M., Lin A. A., Ferak V., Parik J., Kivisild T., Underhill P. A., Villems R.** A Counter-Clockwise Northern Route of the Y-Chromosome Haplogroup N from Southeast Asia towards Europe // *European Journal of Human Genetics*. 2007. Vol. 15 (2). P. 204–211. DOI 10.1038/sj.ejhg.5201748
- Zhunosova A., Tayshanova S., Bukaev A., Bukaeva A., Aidarov B., Temirgaliev R., Sabitov Z., Zhabagin M.** Genetic Genealogy of Y-Chromosome in the Zhetiru Tribe of the Kazakh Population from Kazakhstan // *Frontiers in Genetics*. 2025. Vol. 16: 1516130. DOI 10.3389/fgene.2025.1516130

References

- Agdzhoyan A. T., Balanovskaya E. V., Padyukova A. D., Dolinina D. O., Kuznetsova M. A., Zaporozhchenko V. V., Skhalyakho R. A., Koshel S. M., Zhabagin M. K., Yusupov Yu. M., Mustafin Kh. Kh., Ulyanova M. V., Tychinskikh Z. A., Lavryashina M. B., Balanovsky O. P.** Genofond sibirskikh tatar: pyat' subetnosov – pyat' putei etnogeneza [Gene Pool of Siberian Tatars: Five Ways of Origin for Five Subethnic Groups]. *Molekulyarnaya biologiya* [Molecular Biology], 2016, vol. 50 (6), pp. 978–991. (in Russ.) DOI 10.7868/S0026898416060021
- Bagashev A. N.** Antropologiya Zapadnoi Sibiri [Anthropology of Western Siberia]. Novosibirsk, Nauka, 2017, 408 p. (in Russ.)
- Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A., Kivisild T., Churnosov M., Evseeva I., Pocheshkova E., Boldyreva M., Yankovsky N., Balanovska E., Villems R.** Two Sources of the Russian Patrilineal Heritage in their Eurasian context. *American Journal of Human Genetics*, 2008, vol. 82, no. 1, pp. 236–250. DOI 10.1016/j.ajhg.2007.09.019
- Cherdantsev S. V., Trapezov R. O., Tomilin M. A., Fedoseeva E. I., Zhuravlev A. A., Pilipenko I. V., Rykun M. P., Molodin V. I., Pilipenko A. S.** Raznoobrazie mitokhondrial'noi DNK sibirskikh tatar iz pozdnes-rednevekovogo mogil'nika Abramovo-10 (Barabinskaya lesostep') [Mitochondrial DNA Diversity in Siberian Tatars from the Late Medieval Burial Ground Abramovo-10 (Baraba Forest-Steppe)]. *Vestnik NSU. Series: History and Philology*, 2025, vol. 24, no. 7: Archaeology and Ethnography, pp. 132–149. (in Russ.) DOI 10.25205/1818-7919-2025-24-7-132-149
- Ehtnogenez narodov Severa** [Ethnogenesis of the peoples of the North]. Moscow Nauka, 1980, 278 p. (in Russ.)

- Gubina M. A., Babenko V. N., Voevoda M. I.** Polymorphism of Mitochondrial DNA in Population of Siberian Tatars from Barabinsk Forest Steppe. *Russian Journal of Genetics*, 2018, vol. 54, no. 6, pp. 717–731. DOI 10.1134/S1022795418060066
- Keyser C., Bouakaze C., Crubézy E., Nikolaev V., Montagnon D., Reis T., Ludes B.** Ancient DNA Provides New Insights into the History of South Siberian Kurgan People. *Human Genetics*, 2009, vol. 126 (3), pp. 395–410. DOI 10.1007/s00439-009-0683-0
- Kharkov V. N., Khamina K. V., Medvedeva O. F., Simonova K. V., Khitrinskaya I. Yu., Stepanov V. A.** Struktura genofonda tuvintsev po markeram Y-khromosomy [Gene-Pool Structure of Tuvinians Inferred from Y-Chromosome Marker Data]. *Genetika [Genetics]*, 2013, vol. 49, no 12, pp. 1416–1425. (in Russ.) DOI 10.7868/S0016675813120035
- Kharkov V. N., Kolesnikov N. A., Valikhova L. V., Zarubin A. A., Svarovskaya M. G., Marusin A. V., Khitrinskaya I. Yu., Stepanov V. A.** Svyaz' genofonda khantov s narodami Zapadnoi Sibiri, Predural'ya i Altaya-Sayan po dannym o polimorfizme autosomnykh lokusov i Y-khromosomy [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]. *Vavilovskii zhurnal genetiki i seleksii [Vavilov Journal of Genetics and Breeding]*, 2023, vol. 27 (1), pp. 46–54. (in Russ.) DOI 10.18699/VJGB-23-07
- Kharkov V. N., Novikova L. M., Shtygasheva O. V., Luzina F. A., Khitrinskaya I. Yu., Volkov V. G., Stepanov V. A.** Genofond khakasov i shortsev po markeram Y-khromosomy: obshchie komponenty i geneticheskaya struktura rodov [Gene Pool of Khakass and Shors for Y Chromosome Markers: Common Components and Tribal Genetic Structure]. *Genetika [Genetics]*, 2020, vol. 56, no 7, pp. 826–833. (in Russ.) DOI 10.31857/S0016675820070073
- Kharkov V. N., Valikhova L. V., Adamov D. S., Zarubin A. A., Khitrinskaya I. Yu., Stepanov V. A.** Osobennosti genofondov lesnykh i tundrovnykh nentsev po gaplogruppam Y-khromosomy [The Forest and Tundra Nenets: Differences in Y-Chromosome Haplogroups]. *Vavilovskii zhurnal genetiki i seleksii [Vavilov Journal of Genetics and Breeding]*, 2025, vol. 29 (5), pp. 711–721. (in Russ.) DOI 10.18699/vjgb-25-78
- Kharkov V. N., Valikhova L. V., Yakovleva E. L., Serebrova V. N., Kolesnikov N. A., Petelina T. I., Khitrinskaya I. Yu., Stepanov V. A.** Rekonstruktsiya proiskhozhdeniya gydanskikh nentsev na osnove geneticheskogo analiza ikh rodovoi struktury s pomoshch'yu novogo nabora YSTR-markerov [Reconstruction of the Origin of the Gydan Nenets Based on Genetic Analysis of Their Tribal Structure Using a New Set of YSTR Markers]. *Genetika [Genetics]*, 2021, vol. 57, no. 12, pp. 1403–1414. (in Russ.) DOI 10.31857/S0016675821120067
- Molodin V. I.** (ed.). *Istoriya Sibiri [The History of Siberia]*. In 4 vols. Novosibirsk, IAET SB RAS Publ., 2019, vol. 2: The Iron Age and the Middle Age, 643 p. (in Russ.)
- Molodin V. I., Sobolev V. I., Soloviev A. I.** Baraba v epokhu pozdnego srednevekov'ya [Baraba in the Late Middle Ages]. Novosibirsk, Nauka, 1990, 262 p. (in Russ.)
- Narody Zapadnoi Sibiri: Khanty. Mansi. Sel'kupy. Nentsy. Ehntsy. Nganasany. Kety [Peoples of Western Siberia: Khanty. Mansi. Selkups. Nenets. Enets. Nganasans. Keti]. Moscow, Nauka, 2005, 805 p. (in Russ.)
- Naumova O. Yu., Rychkov S. Yu., Morozova I. Yu., Khaiat S. Sh., Semikov A. V., Zhukova O. V.** Mitochondrial DNA Diversity in Siberian Tatars of the Tobol-Irtysh Basin. *Genetika [Genetics]*, 2008, no. 44 (2), pp. 257–268.
- Pilipenko A. S., Cherdantsev S. V., Trapezov R. O., Molodin V. I., Kobeleva L. S., Pozdnyakov D. V., Polosmak N. V.** Paleogeneticheskoe issledovanie rodstva pogrebennykh iz kurganov sargatskoi kul'tury v Barabinskoi lesostepi (Zapadnaya Sibir') [Kinship Analysis of Human Remains from the Sargat Mounds, Baraba Forest-Steppe, Western Siberia]. *Archaeology, Ethnography and Anthropology of Eurasia*, 2017, vol. 45, no. 4, pp. 132–142. (in Russ.)
- Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Polosmak N. V.** Paleogeneticheskoe issledovanie nositelei pazyrykskoi kul'tury iz mogil'nika Ak-Alakha-1 (Gornyi Altai) [A Paleogenetic Study of Pazyryk

- People Buried at Ak-Alakha-1, the Altai Mountains]. *Arkheologiya, etnografiya i antropologiya Evrazii* [Archaeology, Ethnography and Anthropology of Eurasia], 2015, vol. 43, no. 4, pp. 144–150. (in Russ.)
- Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Cherdantsev S. V., Babenko V. N., Nesterova M. S., Pozdnyakov D. V., Molodin V. I., Polosmak N. V.** Maternal Genetic Features of the Iron Age Tagar Population from Southern Siberia (1st Millennium BC). *PLoS ONE*, 2018, vol. 13 (9): e0204062. DOI 10.1371/journal.pone.0204062
- Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Zhuravlev A. A., Molodin V. I., Romaschenko A. G.** MtDNA Haplogroup A10 Lineages in Bronze Age Samples Suggest That Ancient Autochthonous Human Groups Contributed to the Specificity of the Indigenous West Siberian Population. *PLoS ONE*, 2015, vol. 10 (5): e0127182. DOI 10.1371/journal.pone.0127182
- Ponomarev G. Yu., Agdzhoyan A. T., Potanina A. Yu., Adamov D. S., Balanovskaya E. V.** Geneticheskie portrety khantov i mansi po gaplogruppam Y-khromosomy v kontekste genofondov Rossii [Genetic Portraits of the Khanty and Mansi Based on the Y Chromosome Haplogroups in the Context of Gene Pools of Russia]. *Vestnik RGMU* [Herald of the Russian State Medical University], 2024, no. 5, pp. 32–41. (in Russ.) DOI 10.24075/vrgmu.2024.044
- Ralf A., Zandstra D., Wersch B. van, Köksal Z., Larmuseau M. H. D., Rosa A., Jobling M. A., D'Amato M. E., Courts C., Gysi M., Haas C., Flores R., Neis M., Wetton J. H., Kiesler K., Ameer A., Azonbakin S., Bôžiková A., Choma A., De Ungria M. C., Corradini B., Cruz C., Dunkelmann B., Ferri G., Fleckhaus J., Fragou D., Gaens N., Gonçalves R., Havaš Auguštin D., Helm K., Hölzl-Müller P., Kaliszan M., Kasu M., Kovatsi L., Lesaoana M., Mizuno N., Neuhuber F., Nováčková J., Nuňuková A., Pamjav H., Parson W., Ramankulov Y., Rangel Villalobos H., Režala K., Rootsi S., Salvador J., Šarac J., Steffen C. R., Stenzl V., Török T., Villems R., Watahiki H., Zhabagin M., Schneider P. M., Kayser M.** UYSD: A Novel Data Repository Accessible via Public Website for Worldwide Population Frequencies of Y-SNP Haplogroups. *American Journal of Human Genetics*, 2025, vol. 33, no. 7, pp. 904–912. DOI 10.1038/s41431-025-01854-5
- Rootsi S., Zhitovskiy L. A., Baldovic M., Kayser M., Kutuev I. A., Khusainova R., Bermisheva M. A., Gubina M., Fedorova S. A., Ilumae A. M., Khusnutdinova E. K., Voevoda M. I., Osipova L. P., Stoneking M., Lin A. A., Ferak V., Parik J., Kivisild T., Underhill P. A., Villems R.** A Counter-Clockwise Northern Route of the Y-Chromosome Haplogroup N from Southeast Asia towards Europe. *European Journal of Human Genetics*, 2007, vol. 15 (2), pp. 204–211. DOI 10.1038/sj.ejhg.5201748
- Seleznev A. G.** Barabinskije tatary: istoki etnosa i kul'tury [Baraba Tatars: The Origins of Ethnicity and Culture]. Novosibirsk, Nauka, 1994, 175 p. (in Russ.)
- Sobolev V. I.** K voprosu ob etnicheskom formirovanii barabinskikh tatar [On the Question of the Ethnic Formation of the Baraba Tatars]. In: Ehtnicheskaya istoriya tyurkoyazychnykh narodov Sibiri i sopredel'nykh territorii [Ethnic History of the Turkic-Speaking Peoples of Siberia and Adjacent Territories]. Omsk, 1984, pp. 129–131. (in Russ.)
- Tokarev S. A.** Etnografiya narodov SSSR [Ethnography of the Peoples of the USSR]. Moscow, Moscow State Uni. Press, 1958, 615 p. (in Russ.)
- Tomilov N. A.** Etnicheskaya istoriya tyurkoyazychnogo naseleniya Zapadno-Sibirskoi ravniny kontsa XVI – nachala XX v [Ethnic History of the Turkic-Speaking Population of the West Siberian Plain in the Late 16th – Early 20th Centuries]. Novosibirsk, NSU Press, 1992, 271 p. (in Russ.)
- Trapezov R. O., Cherdantsev S. V., Tomilin M. A., Papin D. V., Pilipenko A. S.** New Data on the Genetic Composition of the Andronovo Populations from Southern Siberia (the Upper Ob Region and Kulunda Steppe). In: Problemy arkheologii, etnografii, antropologii Sibiri i sopredel'nykh territorii [Problems of Archaeology, Ethnography, Anthropology of Siberia and Neighboring Territories], 2020, vol. 26, pp. 671–677. (in Russ.) DOI 10.17746/2658-6193.2020.26.671-67

- Trapezov R. O., Pilipenko A. S., Cherdantsev S. V., Tomilin M. A., Pilipenko I. V., Zhuravlev A. A., Priestyazhnyuk M. S., Demin M. A., Savko I. A., Papin D. V.** Pervye rezultaty paleogeneticheskogo issledovaniya nositelei andronovskoi (fedorovskoi) kul'tury iz mogil'nikov Chekanovskii log-2, -10 [The First Results of the Paleogenetic Investigation of Andronovskaya (fedorovskaya) Culture Burials from Site Chekanovskiy Log-2, 10]. In: *Narody i religii Evrazii* [Nations and Religions of Eurasia], 2022, vol. 27 (2), pp. 87–104. (in Russ.) DOI 10.14258/nreur(2022)2-05
- Valeev F. T.** Sibirskie tatory. Kul'tura i byt [Siberian Tatars. Culture and Everyday Life]. Kazan, Tatar Publishing House, 1993, 208 p. (in Russ.)
- Valeev F. T., Tomilov N. A.** Tatory Zapadnoi Sibiri: istoriya i kul'tura [Tatars of Western Siberia: History and Culture]. Novosibirsk, Nauka, 1996, 224 p. (in Russ.)
- Valikhova L. V., Kharkov V. N., Volkov V. G., Khitrinskaya I. Yu., Stepanov V. A.** Struktura genofonda tomskikh tatar po markeram Y-khromosomy [Structure of the Tomsk Tatar Gene Pool Based on Y-Chromosome Markers]. *Meditsinskaya genetika* [Medical Genetics], 2022, vol. 21, no. 12, pp. 33–35. (in Russ.) DOI 10.25557/2073-7998.2022.12.33-35
- Zhurussova A., Tayshanova S., Bukaev A., Bukaeva A., Aidarov B., Temirgaliev R., Sabitov Z., Zhabagin M.** Genetic Genealogy of Y-Chromosome in the Zhetiru Tribe of the Kazakh Population from Kazakhstan. *Frontiers in Genetics*, 2025, vol. 16: 1516130. DOI 10.3389/fgene.2025.1516130

Информация об авторах

Ростислав Олегович Трапезов, кандидат биологических наук

Scopus Author ID 55760001300

SPIN 7422-9523

Ирина Викторовна Пилипенко

Scopus Author ID 57223393358

SPIN 7387-2463

Евгения Игоревна Федосеева

Степан Викторович Черданцев

Scopus Author ID 57198813478

SPIN 1978-3655

Антон Александрович Журавлев

Scopus Author ID 55759584700

SPIN 3761-0872

Дмитрий Владимирович Поздняков, кандидат исторических наук

Scopus Author ID 36839618000

Матвей Алексеевич Томилин

Scopus Author ID 57219838333

SPIN 9670-0895

Марина Петровна Рыкун, кандидат исторических наук

Scopus Author ID 57194378381

SPIN 6660-3992

Марина Сергеевна Нестерова, кандидат исторических наук

Scopus Author ID 57191256001

WoS Researcher ID Q-3214-2016

SPIN 2111-7845

Вячеслав Иванович Молодин, академик РАН, доктор исторических наук

Scopus Author ID 6506558021

WoS Researcher ID Q-3253-2016

SPIN 9764-0369

Александр Сергеевич Пилипенко, кандидат биологических наук
Scopus Author ID 36843047800
WoS Researcher ID S-4435-2016
SPIN 7045-7463

Information about the Authors

Rostislav O. Trapezov, Candidate of Sciences (Biology)
Scopus Author ID 55760001300
SPIN 7422-9523

Irina V. Pilipenko
Scopus Author ID 56676168000
SPIN 7387-2463

Evgenia I. Fedoseeva

Stepan V. Cherdantsev
Scopus Author ID 57198813478
SPIN 1978-3655

Anton A. Zhuravlev
Scopus Author ID 55759584700
SPIN 3761-0872

Dmitry V. Pozdnyakov, Candidate of Sciences (History)
Scopus Author ID 36839618000

Matvey A. Tomilin
Scopus Author ID 57219838333
SPIN 9670-0895

Marina P. Rykun, Candidate of Sciences (History)
Scopus Author ID 57194378381
SPIN 6660-3992

Marina S. Nesterova, Candidate of Sciences (History)
Scopus Author ID 57191256001
WoS Researcher ID Q-3214-2016
SPIN 2111-7845

Vyacheslav I. Molodin, Academician, Doctor of Sciences (History)
Scopus Author ID 6506558021
WoS Researcher ID Q-3253-2016
SPIN 9764-0369

Alexander S. Pilipenko, Candidate of Sciences (Biology)
Scopus Author ID 36843047800
WoS Researcher ID S-4435-2016
SPIN 7045-7463

Вклад авторов

- Р. О. Трапезов – участие в палеогенетическом эксперименте, участие в анализе экспериментальных данных, участие в подготовке рукописи.
- И. В. Пилипенко – участие в палеогенетическом эксперименте, анализ полученных экспериментальных данных, участие в подготовке рукописи.
- Е. И. Федосеева – участие в палеогенетическом эксперименте.
- С. В. Черданцев – участие в палеогенетическом эксперименте, участие в анализе экспериментальных данных, участие в подготовке рукописи.
- А. А. Журавлев – участие в отборе образцов, участие в палеогенетическом эксперименте, участие в анализе экспериментальных данных, участие в подготовке рукописи.

- Д. В. Поздняков – графические портретные реконструкции индивидов, участие в интерпретации палеогенетических результатов в антропологическом контексте, участие в подготовке рукописи.
- М. А. Томилин – участие в палеогенетическом эксперименте, участие в анализе экспериментальных данных, участие в подготовке рукописи.
- М. П. Рыкун – участие в отборе образцов, интерпретация палеогенетических данных с учетом палеоантропологического контекста исследуемых материалов.
- М. С. Нестерова – интерпретация палеогенетических данных в археологическом контексте, подготовка рукописи.
- В. И. Молодин – разработка концепции исследования, интерпретация палеогенетических данных в археологическом контексте, подготовка рукописи.
- А. С. Пилипенко – разработка концепции исследования, планирование эксперимента и аналитической части исследования, участие в отборе образцов, участие в палеогенетическом эксперименте, анализ и интерпретация палеогенетических результатов, подготовка рукописи.

Contribution of the Authors

- Rostislav O. Trapezov – participation in a paleogenetic experiment, participation in the analysis of experimental data, participation in the writing of a manuscript.
- Irina V. Pilipenko – participation in a paleogenetic experiment, participation in the analysis of obtained experimental data.
- Evgenia I. Fedoseeva – participated in a paleogenetic experiment.
- Stepan V. Cherdantsev – participated in a paleogenetic experiment, participated in the analysis of experimental data, participated in the writing of a manuscript.
- Anton A. Zhuravlev – participated in sampling, participated in a paleogenetic experiment, participation in the analysis of experimental data, participation in the writing of a manuscript.
- Dmitry V. Pozdnyakov – portrait reconstructions, interpretation of paleogenetic data in an anthropological context, participated in the writing of a manuscript.
- Matvey A. Tomilin – participation in a paleogenetic experiment, participation in the analysis of experimental data, participated in the writing of a manuscript.
- Marina P. Rykun – participation in the selection of samples, interpretation of paleogenetic data taking into account the paleoanthropological context of the studied materials.
- Marina S. Nesterova – interpretation of paleogenetic data in an archaeological context, participated in the writing of a manuscript
- Vyacheslav I. Molodin – development of the research concept, interpretation of paleogenetic data in an archaeological context, participated in the writing of a manuscript.
- Alexander S. Pilipenko – development of the research concept, planning of the experiment and the analytical part of the study, participation in sampling, participation in the paleogenetic experiment, analysis and interpretation of paleogenetic results, participated in the writing of a manuscript.

*Статья поступила в редакцию 20.10.2025;
одобрена после рецензирования 21.11.2025; принята к публикации 21.11.2025
The article was submitted on 20.10.2025;
approved after reviewing on 21.11.2025; accepted for publication on 21.11.2025*