

БИОЛОГИЧЕСКАЯ АНТРОПОЛОГИЯ / BIOLOGICAL ANTHROPOLOGY

Научная статья / Research Article

<https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-26-2-08>

УДК/UDC 572.575; 03.61.21

Геномный анализ индивида из половецкого погребения курганного могильника «Красный IV» (Ростовская область)

С.Е. Храпов¹, А.Р. Зарипова¹, Т.В. Андреева^{1,2,3}, С.С. Кунижева^{1,2}, Е.В. Рождественских¹,
А.Д. Манахов^{1,2}, А.Н. Абрамова⁴, А.С. Деняева⁵, А.А. Ликсутов⁵, Е.И. Рогаев^{1,6} ✉

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 Краснодарский государственный историко-археологический музей-заповедник имени Е.Д. Фелицына, г. Краснодар, Российская Федерация

⁵ ООО «ОКН-проект», г. Ростов-на-Дону, Российская Федерация

⁶ Медицинская школа Чан Массачусетского университета, г. Шрусбери, США

✉ evivrecc@gmail.com

РЕЗЮМЕ

Введение. Формирование исторического ландшафта евразийских степей в домонгольский период Древней Руси происходило при определяющей роли половцев, обусловленной их демографическим доминированием на этой территории. Несмотря на историческую и археологическую изученность этой эпохи, вопросы, связанные с происхождением половцев, остаются нерешенными. Их прояснение является принципиально важным для реконструкции таких процессов, как происхождение половецких групп, их миграций, а также характера и степени их взаимодействия с другими народами. В данной работе представлены результаты геномного анализа и краниометрическая характеристика женщины, которая, судя по погребальному инвентарю, принадлежала к верхушке половецкого сообщества.

Материалы и методы. Материалом для настоящего исследования послужили скелетные останки женщины, происходящие из погребения, обнаруженного при раскопках курганного могильника «Красный IV» и датированного XII–XIII вв. н.э. ДНК, выделенная из фрагмента каменистой части височной кости, была использована для полногеномного секвенирования и последующего генетического анализа.

Результаты. В результате проведенного исследования было установлено, что скелетные останки в погребении 3 кургана 16 могильника «Красный IV» принадлежат женщине 25–35 лет. Целостность черепной коробки позволила провести краниометрическое исследование, в результате которого было установлено смешанное европеоидно-монголоидное происхождение изучаемой женщины. Анализ данных полногеномного секвенирования ДНК и применение популяционно-генетических методов показали генетическое сходство исследуемого индивида с кочевыми средневековыми степными группами, включая ранних авар (VI–VIII вв.) и средневековое население с территории Монголии. Кроме того, было обнаружено, что митохондриальная ДНК женщины принадлежит западно-евразийской гаплогруппе T1a5.

Заключение. Нами получены результаты полногеномного анализа представительницы элитной группы половецкого общества с территории Нижнего Дона XII–XIII вв. Новые данные свидетельствуют о генетических связях половцев с популяциями Центральной Азии, а также демонстрируют значительную долю восточного генетического субстрата у исследованной женщины из элитного половецкого погребения Нижнего Дона XII–XIII вв. Даже единичное, но комплексно изученное погребение существенно дополняет картину генетического ландшафта степного региона Западной Евразии накануне монгольского нашествия. Данная работа вносит вклад в реконструкцию генофонда местного населения и подтверждает тесные исторические связи европейских степей с глубинными регионами Азии в домонгольский период.

Ключевые слова: древняя ДНК; полногеномное секвенирование; половцы; кипчаки; средневековые кочевники; палеогенетика; краниометрия; могильник «Красный IV»

Финансирование. Работа была поддержана грантом по государственной программе федеральной территории «Сириус» «Палеогенетика Краснодарского края», соглашение № 18-03 от 10.09.2024, код проекта GEN-BFT-2407 (Х.С.Е., З.А.Р., Р.Е.В., М.А.Д., А.Т.В.).

Для цитирования: Храпов С.Е., Зарипова А.Р., Андреева Т.В., Кунижева С.С., Рождественских Е.В., Манахов А.Д., Абрамова А.Н., Деняева А.С., Ликсутов А.А., Рогаев Е.И. Геномный анализ индивида из половецкого погребения курганного могильника «Красный IV» (Ростовская область) // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. 2026. № 2. С. 102–116. <https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-26-2-08>



Genomic analysis of an individual from a Polovtsian burial in the "Krasny IV" burial mound cemetery (Rostov region)

Semen E. Khrapov¹, Aliya R. Zaripova¹, Tatiana V. Andreeva^{1,2,3}, Svetlana S. Kunizheva^{1,2}, Elizaveta V. Rozhdestvenskikh¹, Andrey D. Manakhov^{1,2}, Alexandra N. Abramova⁴, Alla S. Denyaeva⁵, Andrey A. Liksutov⁵, Evgeny I. Rogaev^{1,6} ✉

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 Krasnodar State Historical and Archaeological Museum-Reserve named after E.D. Felitsyn, Krasnodar, Russian Federation

⁵ OKN-Project LLC, Rostov-on-Don, Russian Federation

⁶ UMass Chan Medical School, Shrewsbury, United States

✉ evivrecc@gmail.com

ABSTRACT

Introduction. The formation of the historical landscape of the Eurasian steppes during the pre-Mongol period of Ancient Rus' took place under the determining role of the Polovtsians, owing to their demographic dominance in this territory. Despite the historical and archeological study of this era, questions concerning the origins of the Polovtsians remain unresolved. Clarifying these issues is fundamentally important for reconstructing such demographic processes as the origins of Polovtsian groups, their migrations, as well as the nature and extent of their interactions with other peoples. This article presents the results of genomic analysis and the craniometric characteristics of a woman who, based on the funerary inventory, belonged to the elite of Polovtsians society.

Materials and methods. The material for this study consisted of skeletal remains of a woman from a burial discovered excavations of the kurgan cemetery "Krasny IV" and dated to the 12th-13th centuries CE. DNA extracted from a petrous part of the temporal bone was used for whole-genome sequencing and subsequent genetic analysis.

Results. The study established that the skeletal remains in burial 3 kurgan 16 of the "Krasny IV" cemetery belong to a woman aged 25-35 years old. The integrity of the cranial vault allowed for a craniometric study, which revealed a mixed European-Mongoloid ancestry of the examined woman. Analysis of whole-genome sequencing data and the application of population genetics methods demonstrated genetic similarity between the studied individual and nomadic medieval steppe groups, including the early Avars (6th-8th centuries) and medieval populations from the territory of Mongolia. Additionally, the woman's mitochondrial DNA was found to belong to the West Eurasian haplogroup T1A5.

Conclusion. We obtained the results of a whole-genome analysis of a Polovtsians woman from the Lower Don region dated to the 12th-13th centuries. The new data indicated genetic links between the Polovtsians and populations of Central Asia and also demonstrated a significant proportion of Eastern genetic substrate in the examined woman from the elite Polovtsians burial in the Lower Don region of the 12th-13th centuries. Even a single burial substantially enriches our understanding of the genetic landscape of the steppe region of Western Eurasia on the eve of the Mongol invasion. This work contributes to the reconstruction of the local population's gene pool and confirms the close historical ties between the European steppes and the deep interior regions of Asia during the pre-Mongol period.

Keywords: ancient DNA; whole-genome sequencing (WGS); Polovtsians; Kipchaks; medieval nomads; paleogenetics; craniometry; Krasny IV Burial Ground

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, project code GEN-BFT-2407 (H.S.E., Z.A.R., R.E.V., M.A.D., A.T.V.).

For citation: Khrapov S.E., Zaripova A.R., Andreeva T.V., Kunizheva S.S., Rozhdestvenskikh E.V., Manakhov A.D., Abramova A.N., Denyaeva A.S., Liksutov A.A., Rogaev E.I. Genomic analysis of an individual from a Polovtsian burial in the "Krasny IV" burial mound cemetery (Rostov region). *Lomonosov Journal of Anthropology*. 2026 (2), pp. 102-116. <https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-26-2-08>

Введение

Курганный могильник «Красный IV» расположен в Аксайском районе Ростовской области на водоразделе рек Аксай и Тузлов. В состав могильника входят 16 курганов (16 курган выявлен в 2020 году), относящихся к разным временным периодам: от эпохи ранней бронзы (III тыс. лет до н.э.) до средневековья (XIV вв.) (Науменко, Власкин, 2010).

Из трех погребений кургана 16, только одно (последнее) погребение имеет те же признаки археологической культуры, что и половецкие захоронения XII–XIII вв., расположенные в бассейне Дона и Волго-Донского междуречья (Потемкина, 2012). Народ, известный в русских летописях как половцы, в арабо-персидских источниках как кипчаки, а в византийских и западноевропейских текстах как куманы, представлял собой преимущественно тюркские кочевые племена, господствовавшие в евразийских степях в XI–XIII вв. (Плетнева, 1990). Тогда зоной активной кочевнической экспансии половцев была и территория Нижнего Дона.

В ходе раскопок погребения 3 была вскрыта могильная яма подпрямоугольной формы, с южной стороны которой выявлена ступенька, тянущаяся вдоль всей погребальной конструкции. Погребенный индивид был уложен на спину, руки и ноги вытянуты вдоль тела, голова повернута влево, по направлению северо-востока. В состав погребального инвентаря входят ножны очень плохой сохранности, фрагменты лезвия ножа, бронзовые кольца для крепления наконсника, фрагмент ткани наконсника, позолоченные бронзовые части пластин наконсника с орнаментальным оттиском, две янтарные бусины, кусок мела и распрямленная серебряная гривна (без гладкой части с застежкой). Распрямление шейных гривен и их обрубание являлось частью погребального обряда (Евглевский, 1998; Потемкина, 2012) и характерно для аристократических половецких захоронений (Шалобудов, 1990) (рис. S1, S2 Приложения). Кроме того, в районе грудной клетки погребенной обнаружены 4 фрагмента конской грудины. Совокупность всех этих признаков позволяет соотнести погребение 3 кургана 16 могильник «Красный IV» с половецкими захоронениями XII–XIII веков.

В настоящее время отсутствует единая шкала для определения прижизненного социального статуса на основе инвентаря и сложно-

сти архитектуры археологического памятника. В рамках классификации, предложенной Т.М. Потемкиной (Потемкина, 2010; Потемкина, 2012) и основанной на исследовании «статусных» предметов в половецких погребениях, можно предположить высокий социальный статус индивида, похороненного в погребении 3 с распрямленной гривной, который, однако, уступал положению тех лиц, в чьих захоронениях присутствовал полный набор «статусных» предметов (котел, шейная и распрямленная гривны) (Потемкина, 2012). Кроме того, на статусность захоронения указывают обнаруженные в погребении фрагменты конской грудины (так называемое «всадническое захоронение»), которые характерны только для погребений статусных членов общества (Губриенко, 2019).

Таким образом, характер погребального инвентаря и обряда позволяют квалифицировать погребение 3 кургана 16 могильника «Красный IV» как захоронение, принадлежавшее представителю элиты половецкого общества.

В ходе раскопок был обнаружен лишь один скелет, отнесенный к половецкому сообществу. В данной статье представлены результаты археогенетического исследования этого индивида из курганного могильника «Красный IV».

Материалы и методы

В процессе палеоантропологического исследования скелета из погребения 3 кургана 16 могильника «Красный IV» были определены пол и возраст погребенного индивида, при этом использовались традиционные для российской науки методы (Алексеев, Дебец, 1964). Методика краниометрического исследования соответствует принятым в отечественной биологической антропологии подходам (Дебец, 1935; Алексеев, Дебец, 1964; Алексеев, 1966; Martin, 1928).

Выделение древней ДНК (дДНК) из фрагмента пирамиды височной кости проводили в специальных помещениях, предназначенных для работы с древней ДНК, в соответствии с ранее описанной методикой (Андреева с соавт., 2022; Andreeva et al., 2022). Геномные библиотеки готовили по протоколу, основанному на использовании одноцепочечной ДНК (Gansauge et al., 2017), при этом библиотеки готовили как из нативного препарата дДНК, так и из подвергнутого репарации с использованием смеси ферментов PreCR Repair Mix (NEB) (Moutham et al.,

2015). Секвенирование проводили на базе Университета “Сириус” на платформе Illumina NovaSeq 6000 в режиме одноконцевых прочтений длиной 121 или 56 нуклеотидов.

Полученные данные секвенирования обрабатывали с целью удаления адаптерных последовательностей и последовательностей с низким качеством с помощью программы AdapterRemoval v2 (Schubert et al., 2016), затем картировали, с использованием программы BWA (Li, Durbin, 2009) относительно референсного генома человека (hg19/GRCh37) и последовательности митохондриальной ДНК человека (NC_012920.1) (Andrews et al., 1999). Маркировали прочтения-дубликаты с помощью функции MarkDuplicates из пакета программ Picard (Picard Tools, 2025). Картирование проводили с использованием параметров, оптимизированных для дДНК (Schubert et al., 2012).

Оценку аутентичности дДНК проводили с помощью программы MapDamage2 (Jónsson et al., 2013), оценку уровня контаминации – по гетерозиготности мтДНК с помощью программы Schmutzi (Renaud et al., 2015). Генетический пол определяли путем оценки соотношения количества прочтений, картированных на X и Y хромосомы, и количества прочтений, картированных на аутосомы. Определение гаплогруппы мтДНК проводили с использованием программы Haplogrep3 (Schönherr et al., 2023) и баз данных YFull MTre (YFull, 2025) и PhyloTree (van Oven, Kayser, 2009).

Для филогеографического анализа мтДНК сформировали выборку полных последовательностей мтДНК древних и современных образцов, относящихся к той же гаплогруппе, что и у исследованного образца, а также близких по последовательности, на основе баз данных (NCBI, AmtDB (Ehler et al., 2019), HaploTree (HaploTree, 2025), AADR (Mallick et al., 2024)). Филогенетическое дерево строили с помощью программы mtPhyl (Eltsov, Volodko, 2016).

Псевдогаплоидный геномный профиль (параметр --randomHaploid) исследуемого индивида реконструировали помощью программы pileupCaller, для чего использовали набор из 1240 тыс. генетических маркеров панели AADR (version v62.0) (Mallick et al., 2024). При этом для анализа использовали прочтения с качеством выравнивания (MQ) и качеством прочтения (BQ) не менее 30.

Популяционный анализ проводили с использованием метода главных компонент (PCA). При помощи функции smartpca из пакета программ EIGENSOFT (Patterson et al., 2006) геномные профили исследуемых индивидов проецировали в пространство главных компонент, сформированное на основе генетических профилей представителей современных евразийских популяций из панели Human Origin (Lazaridis et al., 2016), включающей в себя 600 тыс. генетических маркеров. В качестве групп сравнения на полученное пространство главных компонент наносили средневековые образцы с территорий Европы, Кавказа, Центральной, Западной и Восточной Азии. При этом из анализа были исключены транзиции (C ↔ T и G ↔ A), которые могут быть следствием постмортальных модификаций, характерных для древней ДНК.

Анализ ADMIXTURE проводили, используя геномные профили из 600 тыс. генетических маркеров древних образцов с территории Европы, Кавказа, Центральной, Западной и Восточной Азии средних веков, а также образцов, представляющих древние предковые компоненты, сформировавшие население Евразии, из базы данных AADR v.62 и статей (Lazaridis et al., 2014; Flegontov et al., 2019; Nikitin et al., 2025; Saag et al., 2025). Для данного анализа были исключены транзиции, генетические варианты, встречающиеся менее, чем у трех индивидов, имеющие частоту в исследованной выборке менее 0.002 (--maf 0.002); а также сцепленные варианты (--indep-pairwise 200 5 0.5). Образцы, для которых по итогам фильтрации осталось менее 10 тыс. генетических маркеров, и родственники также были исключены из анализа.

Анализ f3-статистики проводили с использованием программ AdmixTools v.7.0.1 (Patterson et al., 2012) и admixr v.0.9.1 (Petr et al., 2019) на основе генетических профилей по 1240 тыс. генетических маркеров древних образцов из базы данных AADR v.62. Расчеты f3-статистики проводили по форме f3 (Mbuti, Test; Pol01), где Test – одна из тестируемых древних популяций; Mbuti – представители африканской группы Мбути, использованные в качестве внешней группы. В качестве тестируемых групп были взяты древние популяции Европы, Кавказа, Центральной, Западной и Восточной Азии средних веков. В анализ были включены группы, представленные не менее чем двумя индивидами. Родственники были исключе-

ны из анализа, также были исключены группы, имевшие менее 20 тыс. генетических маркеров, пересекающихся с исследуемым образцом.

Во всех популяционных анализах (PCA, ADMIXTURE и f3-статистика) для сравнения использовали группы древнего населения (см. табл. S1, S2, S3 Приложения).

Результаты

По результатам антропологического анализа было установлено, что исследуемый индивид – женщина 25–35 лет.

Краниометрический анализ. Хорошая сохранность черепа позволила дать его краниометрическую характеристику. Нейрокраниум женщины очень широкий и непротяженный, что отразилось на величине черепного указателя, который соответствует очень большим величинам (брахикрания) (табл. S4 Приложения). В основании мозговая капсула широкая и средней высоты. Значения наименьшей ширины лба невысокие, при этом, наибольшая ширина соответствует очень большим величинам, как и высота лобной кости. При малой ширине лица как на верхнем, так и на среднем этажах, скуловой диаметр очень большой. Нос у обсуждаемой женщины невысокий, средней ширины и средневыступающий, глазницы средневысокие и узкие. Надпереносье узкое и низкое. Что касается углов горизонтальной профилировки лица, то на верхнем этаже оно уплощено, а на среднем выступающее. Морфологический комплекс, включающий в себя большие значения скулового диаметра, уплощение лица на верхнем этаже, брахикранный нейрокраниум и невысокие глазницы может быть расценен как признак ослабленности европеоидных черт под влиянием монголоидной примеси.

Палеогенетический анализ. Геномная ДНК (идентификационный номер PoI01) была выделена из фрагмента височной кости и использована для приготовления геномной библиотеки и последующего секвенирования. Доля полученных прочтений, картированных на референсный геном человека, составила 88,6%. Наличие характерного увеличения частоты замен C>T на концах прочтений подтверждает аутентичность исследуемого препарата дДНК (рис. S3 Приложения). Отношение покрытия половых хромосом к аутосомам показала, что ис-

следуемый образец принадлежит женщине, что соответствует антропологическому определению.

На основе данных секвенирования была реконструирована полная последовательность митохондриальной ДНК (мтДНК) индивида, и определена его гаплогруппа T1a5. Данная линия является субкладом западно-евразийской ветви T1a, которая, в свою очередь, относится к макрогаплогруппе T. Предполагается, что макрогаплогруппа T возникла на Ближнем Востоке в период между первоначальным заселением региона людьми современного типа и последним ледниковым максимумом (Pala et al., 2012). В настоящее время предковая гаплогруппа T1a встречается практически на всех континентах, однако ее общая частота невелика, наибольшие значения частот зафиксированы в Румынии (около 9%), Тунисе (8%), на северо-востоке Ирана (6%), а также на Южном Кавказе и в Египте (около 5%) (Pala et al., 2012; FamilyTreeDNA, 2025). Выявленная у индивида более глубокая клада T1a5 является редкой, её частота не превышает 1% на обширной территории от Северной Африки до Северной Европы. В России частота распространения этой клады составляет менее 0,1% (FamilyTreeDNA, 2025). В открытых генетических базах данных гаплогруппу T1a5 на сегодняшний день удалось обнаружить лишь у трех древнеегипетских мумий (JK2884, JK2972, JK2982) из археологического памятника Абусир-эль-Мелек (Египет, 158–1 г. до н. э.) (Schuenemann et al., 2017), а также у индивида (ARK-24) из позднеаварского погребения с территории Венгрии (VII–IX вв. н. э.) (Maróti et al., 2022). Наиболее близким по последовательности мтДНК (отличие в три нуклеотидные замены) к женщине из половецкого кургана оказался образец египетской мумии JK2982, относящейся к позднему этапу эллинистического времени в Египте (92–1 г. до н. э.). Следует отметить, что древние египтяне этого периода имели общее происхождение с населением Леванта и Ближнего Востока (Schuenemann et al., 2017), что объясняет возможную удаленную связь материнских линий индивида из Египта конца первого столетия до нашей эры с женщиной из половецкого погребения. Митогеном представителя авар из Венгрии (Maróti et al., 2022) отличается от исследуемого образца на 4 нуклеотидной позиции. Среди современного населения идентичных или близких последовательностей мтДНК

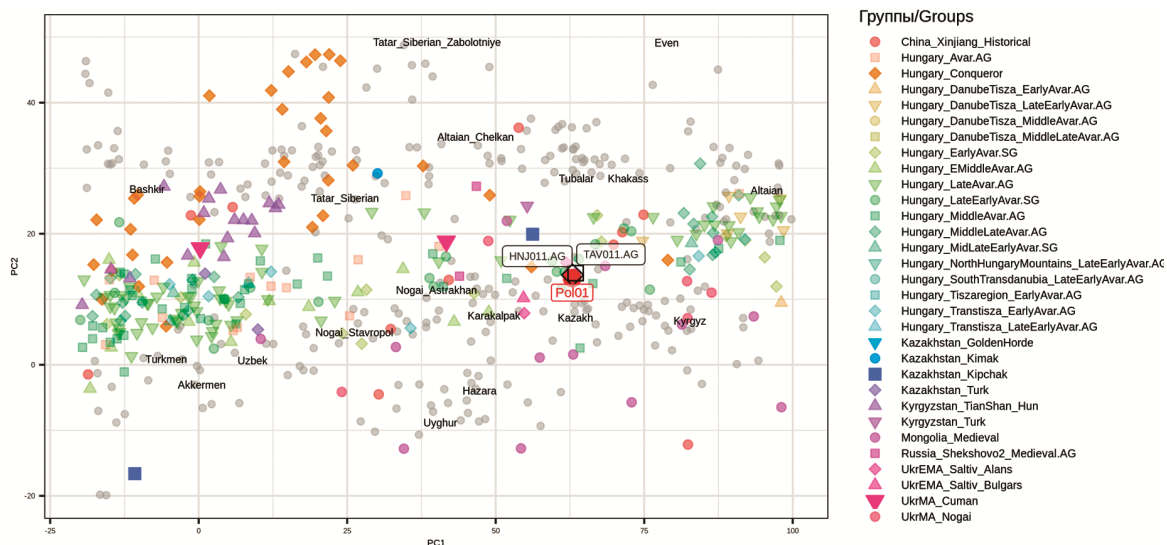


Рисунок 1. Увеличенный участок проекции исследуемого индивида (большая красная точка) на первые две главные компоненты (PC1 и PC2) генетической варибельности современных популяций Евразии. Также на проекцию нанесены древние популяции, близко расположенные на графике к исследуемому индивиду PoI01

Figure 1. Zoomed-in section of the projection of the studied individual (large red dot) onto the first two principal components (PC1 and PC2) of genetic variability in modern Eurasian populations. Ancient populations located close to the studied individual PoI01 on the plot are also shown

обнаружено не было. Наиболее близкие последовательности (3 замены) выявлены у жителей Польши и этнических армян из Турции. Более отдаленное сходство (4 замены) обнаружено с митогенами жителя европейской части России и еврея-ашкенази из Польши.

Полученные результаты указывают на существование общей по происхождению, но удалённой материнской линии, связывающей средневекового кочевника Нижнего Дона XII–XIII вв. с древним и современным населением Ближнего Востока и Европы, но не Восточной Азии. Примечательно, что на филогенетическом дереве митогеном исследуемой женщины формирует отдельную кладу, не совпадающую ни с одним из исследованных на сегодняшний день древним или современным образцом (см. рис. S4 Приложения). Это может указывать на то, что данная митохондриальная линия не получила широкого распространения в древности и, вероятно, не сохранилась в современных популяциях.

Анализ PCA показал, что индивид PoI01 в плоскости первых двух главных компонент (PC1 и PC2) располагается рядом с современными образцами из Центральной Азии (казахами, каракалпаками, киргизами), а также астраханскими ногайцами (рис. S5 Приложения).

Для анализа PCA геном образца PoI01 сопоставили с геномами древних популяций Евразии широкого временного диапазона (V–XV вв. н. э.). Основной акцент был сделан на сопоставлении с кочевыми группами V–XIV веков, включая средневековые группы кочевников Центральной Азии, авар, носителей салтово-маяцкой культуры, половцев (кипчаков) с разных территорий и группы кочевников Восточной Азии. При сравнении с опубликованными образцами кочевников «половецкого» периода (X–XIV вв.), группами куман/половцев из степной зоны Северного Причерноморья (UkrMA_Cuman, курганы Мамай-Гора, Запорожская область, 990–1430 гг.) и кипчаков с территории Казахстана (Kazakhstan_Kipchak, могильники Лисаковск-1 и Нураталды-2, 1000–1206 гг.) (Damgaard et al., 2018; Saag et al., 2025) (рис. 1), образец PoI01 заметно смещен в сторону азиатских популяций. Показательно, что образец PoI01 формирует единый генетический кластер с разнородными группами кочевников из географически удаленных регионов Евразии в широком временном диапазоне. Среди них, образец TAV011.AG, представитель монгольской элиты позднего средневековья из погребения Таван-Толгой (Tavan Tolgoi) с территории Монголии (Youn et al., 2007; Jeong et al., 2020) и аварский

индивид HNJ011.AG периода Среднеаварско-го каганата с территории Венгрии (662–672 гг.) (Gnecchi-Ruscione et al., 2024). Кроме того, Pol01 демонстрирует близость к группе образцов, принадлежащих носителям салтовомаяцкой культуры VIII–IX вв. с территории Украины (группы UkrEMA_Saltiv_Alans, Верхний Салтов, Харьковской области, 800–900 гг. н.э., и UkrEMA_Saltiv_Bulgars, Бочково, Харьковской области, 671–900 гг. н.э.), которые, как было ранее показано авторами исследования, генетически тяготеют к населению Центральной Азии (Saag et al., 2025). В этот же кластер попадают образцы из группы тюркских кочевников раннего средневековья V–VI вв. с территории Киргизии (Kyrgyzstan_Turk, 413–573 гг.) (Damgaard et al., 2018) и China_Xinjiang_Historical (образцы C789.AG, C4149.AG.SG и C1677.AG с территории Синьцзяна, Китай, 892–1157 гг.) (Kumar et al., 2022). Интересно, что на графике PCA в непосредственной близости от Pol01 располагаются образцы SHK001 и SHK002 (X в.) из средневекового могильника Шекшово-2 (Ивановская обл.). Согласно ранее опубликованным данным (Peltola et al., 2023), данные индивиды представляют собой генетические «аутлаеры» относительно основного средневекового населения этого региона, демонстрируя значительное генетическое сходство с азиатскими популяциями. Таким образом, в результате анализа PCA было установлено, что исследуемый индивид Pol01 генетически связан с современными и историческими популяциями Центральной Азии и степной Евразии. Положение этих популяций на графике PCA указывает на широкое распространение и генетическое единство кочевых групп Евразии средневекового периода от Монголии до Венгрии, к которым относится и исследованный нами образец носительницы половецкой культуры.

Анализ методом ADMIXTURE (K=6) выявил у индивида Pol01 наибольшую долю восточноазиатского и древнего сибирского компонентов (рис. 2, Nan и Nganasan соответственно); в меньших долях присутствуют компоненты анатолийских неолитических фермеров и восточноевропейских охотников-собирателей (рис., 2ANF и ENG соответственно). Наиболее близкими по профилю ADMIXTURE к исследуемому индивиду являются образец TAV011, представитель мон-

гольской элиты позднего средневековья из погребения Таван-Толгой (Tavan Tolgoi) (Mongolia_Sukhbaatar_XiongnuLateEarlyMedieval.AG, Монголия) (Jeong et al., 2020) и представитель аварской элиты ARK-19 (Hungary_LateEarlyAvar_Elite.SG, 660–825 гг., Венгрия) (Maróti et al., 2022), а также HNJ011, представитель рядового аварского населения (группа Hungary_MiddleAvar.AG, 662–672 гг.) (Gnecchi-Ruscione et al., 2024). Стоит также отметить генетическое сходство профиля исследуемого индивида с другими представителями средневековых кочевых групп Евразийской степи половецкого периода. К ним относятся образец DA23 из группы кипчаков (половцев) XI–XIII вв. с территории Северного Казахстана (курган-ный могильник Лисаковск, Казахстан, 1036–1206 гг.) (Damgaard et al., 2018) и образец UKR056 из группы куманов (половцев) X–XII вв. с территории Днепро-Донского междуречья (курган-ный могильник Бочково, Харьковская область, 991–1149 гг.) (Saag et al., 2025). Аналогичный генетический профиль был выявлен у двух мужчин из могильника Шекшово-2 (SHK001 и SHK002, X в., Ивановская область) (Peltola et al., 2023). Согласно данным Пелтола с соавторами (Peltola et al., 2023), оба мужчины – генетические «аутлаеры» относительно славянского населения Волго-Окского региона. Вероятно, они принадлежали к тюркоязычным военизированным группам на службе у древнерусских князей (Peltola et al., 2023). Еще один интересный профиль демонстрирует образец из группы Romania_Medieval.AG (I10495, 991–1025 гг., Румыния) (Lazaridis et al., 2022). Данный индивид предполагается выходцем из популяции степных средневековых кочевников (Lazaridis et al., 2022). Другие схожие с Pol01 профили представлены на рис. 2.

Результаты анализа f3-статистики показывают, что индивид Pol01 имеет наибольшую долю общих аллелей с воином золотоордынского времени с территории южного Казахстана (Kazakhstan_GoldenHordeAsian.SG, 1200–1600 гг.) (Damgaard et al., 2018), представителем одного из племен Мохэ с территории Приморского Края (Russia_EarlyMedieval_Heshui_Mohe_1.AG, 1053–1223 гг.) (Wang et al., 2021), индивидом средневекового периода с территории Восточной Монголии (Mongolia_Mongol.AG, 1283–1442 гг.) (Lee et al., 2024), ранними аvaraми и аварской элитой

более поздних периодов с территории Венгрии (Avar_Asia_Core2) (Maróti et al., 2022). Среди образцов, связанных с половецкой культурой, наибольшую долю общих аллелей с исследуемым индивидом демонстрирует опубликованный ранее кипчак с территории Центральной Азии (Kazakhstan_Kipchak2, Лисаковск-1, 1036-1206 гг.) (Damgaard et al., 2018), причем доля общих аллелей исследуемого индивида с ранее опубликованными образцами кочевников, относящихся к половецкому периоду с территории Северного Причерноморья (UkrMA_Cuman1, Запорожская область, 1100-1430 гг. и UkrMA_Cuman2, Харьковская область, 991–1149 гг.) (Saag et al., 2025) и кипчаком из Центральной Азии

(Kazakhstan_Kipchak1, Нураталды-2, 1000–1200 гг.) (Damgaard et al., 2018) меньше, чем с другими средневековыми группами с территории Центральной Азии (рис. 3; табл. S5 Приложения).

Обсуждение

В настоящей работе рассматривается индивид половецкого происхождения. Антропологический анализ установил половозрастную принадлежность захороненного – женщина 25–35 лет. Краниометрический анализ показал смешение европеоидных и монголоидных черт.

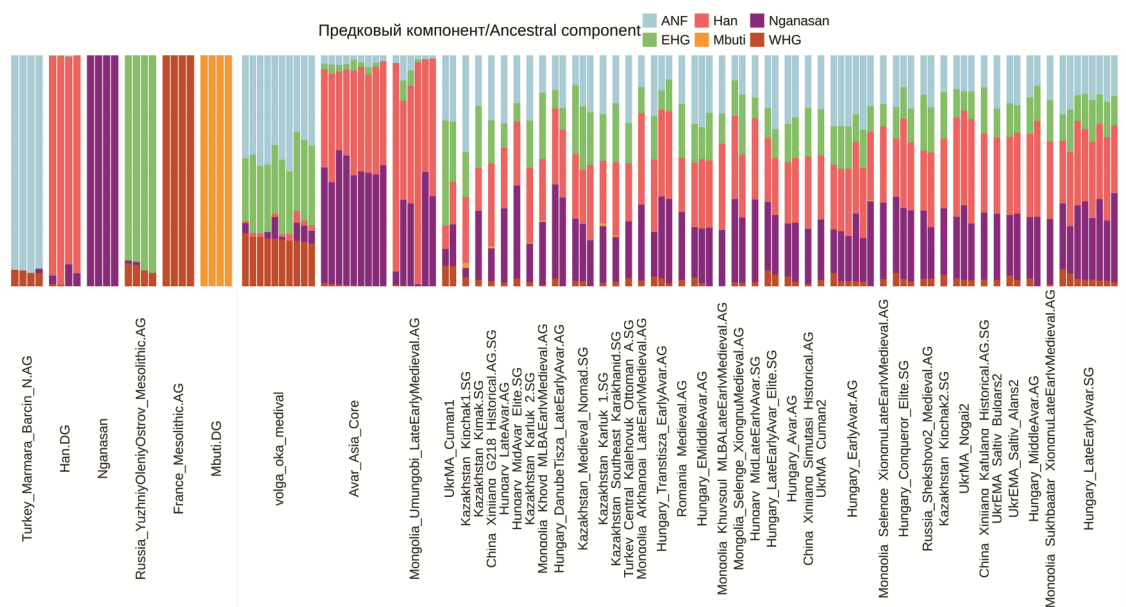


Рисунок 2. Результат анализа ADMIXTURE (K=6). Слева расположены группы, включающие в себя образцы-представители предковых компонентов и группы сравнения для индивида Pol01, выделенного рамкой (население Восточной Европы, Центральной и Восточной Азии средневековья и железного века со схожими с исследуемой половецкой генетическими профилями). В качестве предковых компонент выступают компоненты анатолийских неолитических фермеров (ANF, голубой цвет), восточноазиатский, представленный современными ханьцами (Han, красный цвет), древний сибирский, представленный современными нганасанами (Nganasan, фиолетовый цвет), восточноевропейских охотников-собираателей (EHG, зеленый цвет), западноевропейских охотников-собираателей (WHG, коричневый цвет) и современных мбути (Mbuti, оранжевый цвет).

Figure 2. ADMIXTURE analysis results (K=6). On the left are groups including representative samples of ancestral components and comparison groups for individual Pol01, highlighted by the frame (medieval and Iron Age populations of Eastern Europe, Central and East Asia with genetic profiles similar to the studied Polovtsian woman). Ancestral components are represented by Anatolian Neolithic farmers (ANF, blue), East Asian represented by modern Han Chinese (Han, red), ancient Siberian represented by modern Nganasans (Nganasan, purple), Eastern European hunter-gatherers (EHG, green), Western European hunter-gatherers (WHG, brown), and modern Mbuti (Mbuti, orange)

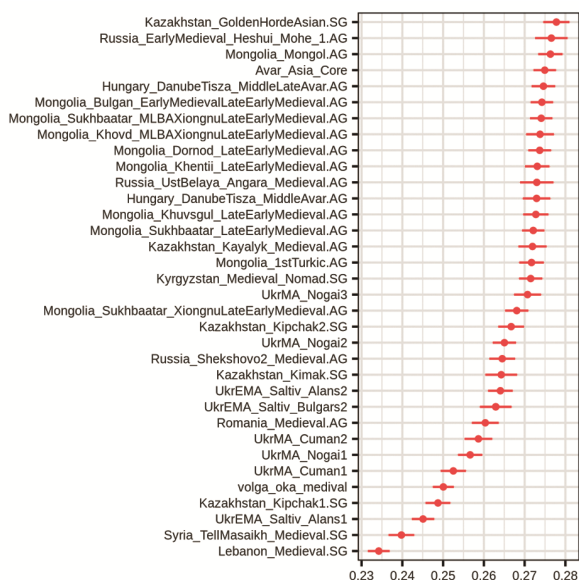


Рисунок 3. Результаты анализа f_3 -статистики, полученного при сравнении исследуемого индивида со средневековыми группами, $Mbuti.DG$ использована в качестве аутгруппы.

Figure 3. Result of f_3 analysis obtained by comparing the studied individual with reference groups using the "Mbuti.DG" outgroup

В результате проведенного генетического анализа было установлено, что исследуемый индивид $Pol01$ генетически связан с современными и историческими популяциями Центральной Азии и евразийского степного пояса. Согласно результатам анализа главных компонент (PCA, рис. S5 Приложения), исследуемый индивид $Pol01$ демонстрирует генетическую близость к современным центральноазиатским популяциям. Это позволяет предположить существование единого генетического субстрата, участвовавшего в формировании как средневековых половецких групп Нижнего Дона, так и современных центральноазиатских популяций. Особый интерес представляет выявленное сходство исследуемой женщины из половецкого погребения с ранее опубликованными геномами кипчаков с территории Казахстана (DA23, Лисаковск-1, 1036–1206 гг., и DA179, Нураталды-2, 1000–1200 гг. (Damgaard et al., 2018) (рис. 1 и 2). Близость на графике PCA и совпадение профилей в анализе ADMIXTURE позволяет говорить о принадлежности индивида $Pol01$ к единому генетическому субстрату, сформировавшемуся в рамках кипчакского/половецкого союза. Выявленные высокие показатели доли общих аллелей (по резуль-

тату анализа f_3 -statistics) указывают на генетическую близость исследуемого индивида к средневековым кочевникам Монголии (группы хунну) и аварам (рис. 3) (Damgaard et al., 2018; Jeong et al., 2020; Wang et al., 2021; Gneccchi-Ruscione et al., 2022; Maróti et al., 2022; Lee et al., 2024; Saag et al., 2025). Данный факт указывает на присутствие восточноазиатского генетического компонента и позволяет предположить существование общих путей миграции и родственных связей между этими кочевническими группами и исследуемым индивидом.

Считается, что половцы выделились в отдельную популяцию на территории Центральной Азии (Плетнева, 1990), что в целом подтверждается полученными нами данными, показывающими связь генетического профиля исследованной нами половецкой женщины со средневековым и современным населением этого региона.

Примечательно, что в отличие от результатов аутосомного анализа половецкой женщины, результаты анализа материнской линии (мтДНК) указывают на ее связь с древним и современным населением Ближнего Востока и Европы, но не Восточной Азии.

Сочетание центральноазиатского аутосомного профиля исследуемой половецкой женщины с ее западноевразийской материнской гаплогруппой может указывать на вероятные процессы метисации в половецком обществе, к которому принадлежала исследуемая женщина. Это находит ближайшие аналогии в генетической истории аварских групп на территории современной Венгрии (Maróti et al., 2022). Исследования аварского генофонда показали похожую модель формирования населения, при которой сочетались индивиды восточноазиатского происхождения и смешанного происхождения, которое в значительной степени формировалось за счет местных европейских линий.

Заключение

В данной работе проведено комплексное краниометрическое и генетическое исследование останков, обнаруженных в элитном половецком погребении курганного могильника «Красный IV», археологически датированном XII–XIII вв. и расположенном в Аксайском районе Ростовской области. Согласно результатам краниометрического и генетического анализа, останки принадлежат женщине 25–35 лет. Геномный анализ выявил

ее выраженную генетическую связь с кочевническими популяциями Центральной Азии и степной Евразии периода Средневековья. По данным PCA и ADMIXTURE, образец близок к средневековым кипчакам Казахстана, кочевникам Монголии и аварам, что свидетельствует о возможном центральноазиатском происхождении данного индивида. Полученные результаты могут служить подтверждением гипотезы о формировании половцев как отдельной общности в Центральной Азии. При этом анализ мтДНК половецкой женщины выявил материнскую линию, характерную для населения Ближнего Востока и Европы, что может свидетельствовать о влиянии миграционных процессов и метисации в данной группе кочевников. Несмотря на единичный характер находки, изученный образец представительницы элитной группы половецкого общества с территории Нижнего Дона XII–XIII вв. представляет научную ценность для реконструкции демографических процессов в Понтийско-Каспийских степях и восполнения «белых пятен» в генетической истории юга России эпохи позднего средневековья.

Список литературы

- Алексеев В.П. Остеометрия: Методика антропологических исследований. М.: Наука. 1966. 252 с.
- Алексеев В., Дебец Г. Краниометрия. Методика антропологических исследований. М.: Наука. 1964. 128 с.
- Андреева Т.В., Малярчук А.Б., Сошкина А.Д., Дудко Н.А., Плотникова М.Ю. с соавт. Методологии выделения древней ДНК из костной ткани для геномного анализа: подходы и практические рекомендации. *Генетика*, 2022, 58 (9), с. 979–998. <https://doi.org/10.31857/S001667582209003X>
- Губриенко П.С. Проблема социальной и имущественной стратификации кочевников IX–XIV вв. по археологическим источникам: историографический аспект. *Вестник Омского университета. Серия «Исторические науки»*, 2019, 1 (21), с. 182–188. <https://doi.org/10.25513/2312-1300.2019.1.182-188>
- Дебец Г.Ф. К унификации краниологических исследований. *Антропологический журнал*, 1935. № 1-2, с. 118–124.
- Евглевский А.В. Семантика распряженных гривен в контексте погребального обряда кочевников Восточной Европы XII–XIV вв. *Археологический альманах*, 1998. Вып. 7, с. 141–156.
- Науменко С.А., Власкин М.В. Исследования курганного могильника Красный IV. *Археологические открытия 2007 года*, 2010. с. 300–302.
- Плетнева С.А. Половцы. М.: Наука. 1990. 208 с. ISBN 5-02-0095112-7.
- Потемкина Т.М. Иерархия половецкой знати (по погребениям со статусными предметами). *Степи Европы в эпоху средневековья*, 2012. Вып. 10, с. 7–36.
- Храпов, С.Е., Зарипова, А.Р., Андреева, Т.В., Кунижева, С.С., Рождественских, Е.В., Манахов, А.Д., Абрамова, А.Н., Деняева, А.С., Ликсутов, А.А., Рogaев, Е.И., 2026
- Khrapov, S.E., Zariipova, A.R., Andreeva T.V., Kunizheva, S.S., Rozhdestvenskikh, E.V., Manakhov, A.D., Abramova, A.N., Denyaeva, A.S., Liksutov, A.A., Rogaev, E.I., 2026
- Потемкина Т.М. Социокультурный аспект женских половецких погребений со статусными предметами. *Донецкий археологический сборник*, 2010. Вып. 14, с. 135–144.
- Шалобудов В.Н. Еще раз о находках распряженных гривен в половецких погребениях. *Исследования по археологии Поднепровья*, 1990, с. 107–119.
- 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, 13016. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-16164-9>
- Andrews R.M., Kubacka I., Chinnery P.F., Lightowlers R.N., Turnbull D.M. et al. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetics*, 1999, 23 (2), p. 147. <https://doi.org/10.1038/13779>
- Damgaard P. de 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>
- Ehler E., Novotný J., Juras A., Chylenski M., Moravčík O. et al. AmtDB: a database of ancient human mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 2019, 47 (D1), pp. 29–32. <https://doi.org/10.1093/nar/gky843>
- Eltsov N., Volodko N. MtPhyl: Software tool for human mtDNA analysis and phylogeny reconstruction. 2016.
- FamilyTreeDNA. <https://www.familytreedna.com/>. Accessed 17.12.2025.
- Flegontov P., Altınışık N.E., Changmai P., Rohland N., Mallick S. et al. Palaeo-Eskimo genetic ancestry and the peopling of Chukotka and North America. *Nature*, 2019, 570 (7760), pp. 236–240. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1251-y>
- Gansauge M.-T., Gerber T., Glocke I., Korlevic P., Lippik L. et al. Single-stranded DNA library preparation from highly degraded DNA using T4 DNA ligase. *Nucleic Acids Research*, 2017, 45 (10), e79. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx033>
- Gnecchi-Ruscione G.A., Rácz Z., Samu L., Szeniczey T., Faragó N. et al. Network of large pedigrees reveals social practices of Avar communities. *Nature*, 2024, 629 (8011), pp. 376–383. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-07312-4>
- Gnecchi-Ruscione G.A., Szécsényi-Nagy A., Koncz I., Csiky G., Rácz Z. et al. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites. *Cell*, 2022, 185 (8), pp. 1402–1413.e21. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007>
- HaploTree. Available at: <https://haplotree.info/home/>. Accessed 17.12.2025.
- Jeong C., Wang K., Wilkin S., Taylor W.T.T., Miller B.K. et al. A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*, 2020, 183 (4), pp. 890–904.e29. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.015>
- 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>
- Kumar V., Wang W., Zhang J., Wang Y., Ruan Q. et al. Bronze and Iron Age population movements underlie Xinjiang population history. *Science*, 2022, 376 (6588), pp. 62–69. <https://doi.org/10.1126/science.abk1534>

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), eabm4247. <https://doi.org/10.1126/science.abm4247>

Lazaridis I., Nadel D., Rollefson G., Merrett D.C., Rohland N. et al. Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. *Nature*, 2016, 536 (7617), pp. 419–424. <https://doi.org/10.1038/nature19310>

Lazaridis I., Patterson N., Mitnik A., Renaud G., Mallick S. et al. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature*, 2014, 513 (7518), pp. 409–413. <https://doi.org/10.1038/nature13673>

Lee J., Sato T., Tajima A., Amgalantugs T., Tsogtbaatar B. et al. Medieval genomes from eastern Mongolia share a stable genetic profile over a millennium. *Human Population Genetics and Genomics*, 2024, 4 (1). <https://doi.org/10.47248/hpgg2404010004>

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>

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), 182. <https://doi.org/10.1038/s41597-024-03031-7>

Maróti Z., Neparáczi E., Schütz O., Maár K., Varga G.I.B. et al. The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*, 2022, 32 (13), pp. 2858–2870.e7. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.04.093>

Martin R. *Lehrbuch der anthropologie in systematischer darstellung mit besonderer berücksichtigung der anthropologischen methoden für studierende ärzte und forschungsreisende*. Bd. 2. Jena, G. Fischer Publ., 1928. 1196 p.

Mouttham N., Klunk J., Kuch M., Fourney R., Poinar H. Surveying the repair of ancient DNA from bones via high-throughput sequencing. *BioTechniques*, 2015, 59 (1), pp. 19–25. <https://doi.org/10.2144/000114307>

Nikitin A.G., Lazaridis I., Patterson N., Ivanova S., Videiko M. et al. A genomic history of the North Pontic Region from the Neolithic to the Bronze Age. *Nature*, 2025, 639 (8053), pp. 124–131. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08372-2>

Pala M., Olivieri A., Achilli A., Accetturo M., Metspalu E. et al. Mitochondrial DNA signals of late glacial recolonization of Europe from near eastern refugia. *American Journal of Human Genetics*, 2012, 90 (5), pp. 915–924. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2012.04.003>

Patterson N., Moorjani P., Luo Y., Mallick S., Rohland N. et al. Ancient admixture in human history. *Genetics*, 2012, 192 (3), pp. 1065–1093. <https://doi.org/10.1534/genetics.112.145037>

Patterson N., Price A.L., Reich D. Population structure and eigenanalysis. *PLoS Genetics*, 2006, 2 (12), e190. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.0020190>

Peltola S., Majander K., Makarov N., Dobrovolskaya M., Nordqvist K. et al. Genetic admixture and language shift in the medieval Volga-Oka interfluve. *Current Biology*, 2023, 33 (1), pp. 174–182.e10. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.11.036>

Petr M., Pääbo S., Kelso J., Vernot B. Limits of long-term selection against Neandertal introgression. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United*

States of America, 2019, 116 (5), pp. 1639–1644. <https://doi.org/10.1073/pnas.1814338116>

Picard Tools Available at: <http://broadinstitute.github.io/picard/> Accessed 12.12.2025.

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), 224. <https://doi.org/10.1186/s13059-015-0776-0>

Saag L., Utevska O., Zadnikov S., Shramko I., Gorbenko K. et al. North Pontic crossroads: Mobility in Ukraine from the Bronze Age to the early modern period. *Science Advances*, 2025, 11 (6), eadr0695. <https://doi.org/10.1126/sciadv.adr0695>

Schönherr S., Weissensteiner H., Kronenberg F., Forer L. Haplogrep 3 – an interactive haplogroup classification and analysis platform. *Nucleic Acids Research*, 2023, 51 (W1), pp. 263–268. <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), 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), 88. <https://doi.org/10.1186/s13104-016-1900-2>

Schuenemann V.J., Peltzer A., Welte B., Van Pelt W.P., Molak M. et al. Ancient Egyptian mummy genomes suggest an increase of Sub-Saharan African ancestry in post-Roman periods. *Nature Communications*, 2017, 8 (1), 15694. <https://doi.org/10.1038/ncomms15694>

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>

Wang C.-C., Yeh H.-Y., Popov A.N., Zhang H.-Q., Matsumura H. et al. Genomic insights into the formation of human populations in East Asia. *Nature*, 2021, 591 (7850), pp. 413–419. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03336-2>

YFull. Available at: <https://www.yfull.com/>. Accessed 05.12.2025.

Youn M., Kim J.C., Kim H.K., Tumen D., Navaan D. et al. Dating the Tavan Tolgoi Site, Mongolia: Burials of the Nobility from Genghis Khan's Era. *Radiocarbon*, 2007, 49 (2), pp. 685–691. <https://doi.org/10.1017/S003822200042570>

References

Alekseev V., Debets G. 1964. *Craniometry. Methods of anthropological research*. Moscow, Nauka Publ. 128 p. (In Russ.).

Alekseev V.P. 1966. *Osteometry: Methods of anthropological research*. Moscow, Nauka Publ. 252 p. (In Russ.).

Andreeva T.V., Malyarchuk A.B., Soshkina A.D., Dudko N.A., Plotnikova M.Yu. et al. Methodologies of ancient DNA extraction from bone tissue for genomic analysis: approaches and practical recommendations. *Russian Journal of Genetics*, 2022, 58 (9), pp. 979–998. (In Russ.). <https://doi.org/10.31857/S001667582209003X>

- 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, 13016. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-16164-9>
- Andrews R.M., Kubacka I., Chinnery P.F., Lightowlers R.N., Turnbull D.M. et al. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetics*, 1999, 23 (2), p. 147. <https://doi.org/10.1038/13779>
- Damgaard P. de 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>
- Debets G.F. On the unification of craniological research. *Anthropologicheskij Zhurnal*, 1935, 1-2, pp. 118–124. (In Russ.)
- Ehler E., Novotný J., Juras A., Chylenski M., Moravčík O. et al. AmtDB: a database of ancient human mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 2019, 47 (D1), pp. 29–32. <https://doi.org/10.1093/nar/gky843>
- Eltsov N., Volodko N. MtPhyl: Software tool for human mtDNA analysis and phylogeny reconstruction. 2016.
- Evglevskiy A.V. Semantics of straightened hryvnias in the context of the funeral rite of nomads in Eastern Europe in the 12th-14th centuries. *Arkheologicheskij Almanakh*, 1998, 7, pp. 141–156. (In Russ.)
- FamilyTreeDNA. Available at: <https://www.familytreedna.com/>. Accessed 17.12.2025.
- Flegontov P., Altınışık N.E., Changmai P., Rohland N., Mallick S. et al. Palaeo-Eskimo genetic ancestry and the peopling of Chukotka and North America. *Nature*, 2019, 570 (7760), pp. 236–240. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1251-y>
- Gansauge M.-T., Gerber T., Glocke I., Korlevic P., Lippik L. et al. Single-stranded DNA library preparation from highly degraded DNA using T4 DNA ligase. *Nucleic Acids Research*, 2017, 45 (10), e79. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx033>
- Gnecchi-Ruscione G.A., Rácz Z., Samu L., Szeniczey T., Faragó N. et al. Network of large pedigrees reveals social practices of Avar communities. *Nature*, 2024, 629 (8011), pp. 376–383. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-07312-4>
- Gnecchi-Ruscione G.A., Szécsényi-Nagy A., Koncz I., Csiky G., Rácz Z. et al. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites. *Cell*, 2022, 185 (8), pp. 1402–1413.e21. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007>
- Gubrienko P.S. The problem of social and property stratification of nomads of the 9th–14th centuries based on archaeological sources: a historiographical aspect. *Herald of Omsk University. Series "Historical Studies"*, 2019, 1 (21), pp. 182–188. (In Russ.) <https://doi.org/10.25513/2312-1300.2019.1.182-188>
- HaploTree. Available at: <https://haplotree.info/home/>. Accessed 17.12.2025.
- Jeong C., Wang K., Wilkin S., Taylor W.T.T., Miller B.K. et al. A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*, 2020, 183 (4), pp. 890–904.e29. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.015>
- 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>
- Kumar V., Wang W., Zhang J., Wang Y., Ruan Q. et al. Bronze and Iron Age population movements underlie Xinjiang population history. *Science*, 2022, 376 (6588), pp. 62–69. <https://doi.org/10.1126/science.abk1534>
- 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), eabm4247. <https://doi.org/10.1126/science.abm4247>
- Lazaridis I., Nadel D., Rollefson G., Merrett D.C., Rohland N. et al. Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. *Nature*, 2016, 536 (7617), pp. 419–424. <https://doi.org/10.1038/nature19310>
- Lazaridis I., Patterson N., Mittnik A., Renaud G., Mallick S. et al. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature*, 2014, 513 (7518), pp. 409–413. <https://doi.org/10.1038/nature13673>
- Lee J., Sato T., Tajima A., Amgalantugs T., Tsogtbaatar B. et al. Medieval genomes from eastern Mongolia share a stable genetic profile over a millennium. *Human Population Genetics and Genomics*, 2024, 4 (1). <https://doi.org/10.47248/hpgg2404010004>
- 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>
- 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), 182. <https://doi.org/10.1038/s41597-024-03031-7>
- Maróti Z., Neparáczki E., Schütz O., Maár K., Varga G.I.B. et al. The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*, 2022, 32 (13), pp. 2858–2870.e7. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.04.093>
- Martin R. *Lehrbuch der anthropologie in systematischer darstellung mit besonderer berücksichtigung der anthropologischen methoden für studierende ärzte und forschungsreisende*. Bd. 2. Jena, G. Fischer Publ., 1928. 1196 p.
- Mouttham N., Klunk J., Kuch M., Fournay R., Poinar H. Surveying the repair of ancient DNA from bones via high-throughput sequencing. *BioTechniques*, 2015, 59 (1), pp. 19–25. <https://doi.org/10.2144/000114307>
- Naumenko S.A., Vlaskin M.V. *Studies of the Krasny IV kurgan burial ground*. *Arkheologicheskije Otkrytiya 2007 Goda*, 2010, pp. 300–302. (In Russ.)
- Nikitin A.G., Lazaridis I., Patterson N., Ivanova S., Videiko M. et al. A genomic history of the North Pontic Region from the Neolithic to the Bronze Age. *Nature*, 2025, 639 (8053), pp. 124–131. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08372-2>
- Pala M., Olivieri A., Achilli A., Accetturo M., Metspalu E. et al. Mitochondrial DNA signals of late glacial recolonization of Europe from near eastern refugia. *American Journal of Human Genetics*, 2012, 90 (5), pp. 915–924. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2012.04.003>
- Patterson N., Moorjani P., Luo Y., Mallick S., Rohland N. et al. Ancient admixture in human history. *Genetics*, 2012, 192 (3), pp. 1065–1093. <https://doi.org/10.1534/genetics.112.145037>
- © Храпов, С.Е., Зарипова, А.Р., Андреева, Т.В., Кунижева, С.С., Рождественских, Е.В., Манахов, А.Д., Абрамова, А.Н., Деняева, А.С., Ликсутов, А.А., Рогаев, Е.И., 2026
© Khrapov, S.E., Zaripova, A.R., Andreeva T.V., Kunizheva, S.S., Rozhdestvenskikh, E.V., Manakhov, A.D., Abramova, A.N., Denyaeva, A.S., Liksutov, A.A., Rogaev, E.I., 2026

Patterson N., Price A.L., Reich D. Population structure and eigenanalysis. *PLoS Genetics*, 2006, 2 (12), e190. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.0020190>

Peltola S., Majander K., Makarov N., Dobrovolskaya M., Nordqvist K. et al. Genetic admixture and language shift in the medieval Volga-Oka interfluvium. *Current Biology*, 2023, 33 (1), pp. 174–182. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.11.036>

Petr M., Pääbo S., Kelso J., Vernot B. Limits of long-term selection against Neandertal introgression. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2019, 116 (5), pp. 1639–1644. <https://doi.org/10.1073/pnas.1814338116>

Picard Tools <http://broadinstitute.github.io/picard/> Accessed 12.12.2025.

Pletneva S.A. 1990. *The Cumans*. Moscow, Nauka Publ. 208 p. (In Russ.). ISBN 5-02-0095112-7.

Potemkina T.M. Hierarchy of the Cuman nobility (based on burials with status items). *Stepi Evropy v Epokhu Srednevekovya*, 2012, 10, pp. 7–36. (In Russ.).

Potemkina T.M. Sociocultural aspect of female Cuman burials with status items. *Donetskiy Arkheologicheskiy Sbornik*, 2010, 14, pp. 135–144. (In Russ.).

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), 224. <https://doi.org/10.1186/s13059-015-0776-0>

Saag L., Utevska O., Zadnikov S., Shramko I., Gorbenco K. et al. North Pontic crossroads: Mobility in Ukraine from the Bronze Age to the early modern period. *Science Advances*, 2025, 11 (6), eadr0695. <https://doi.org/10.1126/sciadv.adr0695>

Schönherr S., Weissensteiner H., Kronenberg F., Forer L. Haplogrep 3 – an interactive haplogroup classification and analysis platform. *Nucleic Acids Research*, 2023, 51 (W1), pp. 263–268. <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), 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), 88. <https://doi.org/10.1186/s13104-016-1900-2>

Schuenemann V.J., Peltzer A., Welte B., Van Pelt W.P., Molak M. et al. Ancient Egyptian mummy genomes suggest an increase of Sub-Saharan African ancestry in post-Roman periods. *Nature Communications*, 2017, 8 (1), 15694. <https://doi.org/10.1038/ncomms15694>

Shalobudov V.N. 1990. Once again about the finds of straightened hrynyias in Cuman burials. *Issledovaniya po Arkheologii Podneprovya*. pp. 107–119. (In Russ.).

van Oven M., Kayser M. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*, 2009, 30 (2), pp. 386–394. <https://doi.org/10.1002/humu.20921>

Wang C.-C., Yeh H.-Y., Popov A.N., Zhang H.-Q., Matsumura H. et al. Genomic insights into the formation of human populations in East Asia. *Nature*, 2021, 591 (7850), pp. 413–419. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03336-2>

YFull. Available at: <https://www.yfull.com/>. Accessed 05.12.2025.

Youn M., Kim J.C., Kim H.K., Tumen D., Navaan D. et al. Dating the Tavan Tolgoi Site, Mongolia: Burials of the Nobility from Genghis Khan's Era. *Radiocarbon*, 2007, 49 (2), pp. 685–691. <https://doi.org/10.1017/S0033822200042570>

Приложение / Supplementary material

Приложение размещено по [ССЫЛКЕ](#)

Рисунок S1. Курганный могильник «Красный IV» (курган 16, погребение 3): а) Вид погребения после расчистки; б) Схема захоронения: 1. кольца «крепежи» (бронза); 2. наконник (бронза, позолота); 3. фрагмент ткани; 4. бусины (янтарь); 5. мел; 6. деревянное изделие (вероятно, ножны); 7. гривна (серебро); 8. лезвие ножа (железо); буквами – разрезы погребения.

Figure S1. The "Krasny IV" kurgan cemetery (kurgan 16, burial 3): a) View of the burial after cleaning; b) Burial diagram: 1. "Fastener" rings (bronze); 2. sickle (bronze, gilding); 3. fabric fragment; 4. beads (amber); 5. chalk; 6. wooden artifact (likely scabbard); 7. torque (silver); 8. knife blade (iron); letters – burial sections.

Рисунок S2. Атрибуты, найденные в погребении 3 кургана 16 могильника «Красный IV»: 1-6 – пластины наконника (бронза, позолота); 7 – кольца «крепежи» бронза; 8 – гривна (серебро); 9 – фрагменты лезвия ножа (железо); 10 – бусины (янтарь).

Figure S2. Artifacts found in Burial 3 of kurgan 16 at the "Krasny IV" cemetery: 1-6 – braid ornament plates (bronze, gilded); 7 – fastening rings (bronze); 8 – neck ring (silver); 9 – fragments of a knife blade (iron); 10 – beads (amber).

Рисунок S3. Профиль нуклеотидных замен цитозина на тимин прочтений нерепарированной геномной библиотеки, картированных на референсный геном человека (hg19/GRCh37), полученный с использованием программы MapDamage2 (Jónsson et al., 2013). Частота замен цитозина на тимин, повышение которой характерно для древней ДНК, представлена красной линией.

Figure S3. Profile of cytosine-to-thymine substitutions in reads from the unrepaired genomic library, mapped to the human reference genome (hg19/GRCh37), obtained using the MapDamage2 program [Jónsson et al., 2013]. The frequency of C-to-T substitutions, an increase in which is characteristic of ancient DNA, is shown by the red line.

Рисунок S4. Фрагмент филогенетического дерева гаплогруппы T1a5, построенный с использованием программы mtPhyl. Указаны позиции, в которых обнаружены нуклеотидные замены относительно последовательности мтДНК, соответствующей родительской гаплогруппе. Митохондриальные гаплогруппы отме-

чены красным шрифтом. Красным цветом выделен исследуемый индивид, желтым – древние образцы.

Figure S4. Fragment of the phylogenetic tree of haplogroup T1a5, constructed using the mtPhyl software. The positions of nucleotide substitutions relative to the mtDNA sequence of the parent haplogroup are indicated. Mitochondrial haplogroups are shown in red. The studied individual is highlighted in red, and ancient samples are highlighted in yellow.

Fragment of the phylogenetic tree of haplogroup T1a5, constructed using the mtPhyl software.

Рисунок S5. Проекция исследуемого индивида (красная точка Pol01) на первые две главные компоненты (PC1 и PC2) генетической вариативности современных популяций Евразии. По географическому распространению и происхождению популяции условно разделены на европейские (бирюзовый), сибирско-дальневосточные (сиреневый), восточноазиатские (голубой), центральноазиатские (золотой), южноазиатские (розовый), ближневосточные (красный) и кавказские (зеленый).

Figure S5. Projection of the studied individual (red point Pol01) onto the first two principal components (PC1 and PC2) of genetic variation in modern Eurasian populations. Populations are conditionally divided by geographic distribution and origin into European (turquoise), Siberian-Far Eastern (lilac), East Asian (blue), Central Asian (gold), South Asian (pink), Near Eastern (red), and Caucasian (green).

Таблица S1. Древние группы сравнения, выведенные на графике PCA на рис. 1.

Table S1. Ancient comparative groups shown on the PCA plot in Fig. 1.

Таблица S2. Группы сравнения, выведенные на графике ADMIXTURE на рис. 2.

Table S2. Comparative groups shown on the ADMIXTURE plot in Fig. 2.

Таблица S3. Группы сравнения для анализа f3.

Table S3. Comparative groups for f3-analysis.

Таблица S4. Результат анализа f3-статистики, полученной при сравнении исследуемого индивида с группами сравнения при аутгруппе «Mbuti.DG».

Table S4. Result of f3 analysis obtained by comparing the studied individual with reference groups using the "Mbuti.DG" outgroup.

Таблица S5. Морфометрическая характеристика черепа из половецкого погребения могильника «Красный IV».

Table S5. Morphometric characteristics of the skull from the Polovtsian burial ground "Krasny IV".

Информация об авторах/ Information about the authors

Храпов Семён Евгеньевич, Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация

hrapov.se@talantiuspeh.ru

<https://orcid.org/0009-0003-4548-1354>

Зарипова Алия Рамилевна, к.б.н., Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация

zaripova.ar@talantiuspeh.ru

<https://orcid.org/0000-0001-6975-5151>

Рождественских Елизавета Вадимовна, Научно-технологический университет «Сириус», пгт. Сириус, Российская Федерация

rozhdstvenskih.ev@talantiuspeh.ru

<https://orcid.org/0000-0003-0273-203X>

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 МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва, Российская Федерация

andreeva@rogaevlab.ru

<https://orcid.org/0000-0001-7625-0063>

Кунижева Светлана Станиславовна, 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

kunizheva@gmail.com

<https://orcid.org/0000-0003-1882-0667>

Абрамова Александра Николаевна, к.и.н., Краснодарский государственный историко-археологический музей-заповедник имени Е.Д. Фелицына, г. Краснодар, Российская Федерация

abratovasacha0902@gmail.com

<https://orcid.org/0000-0002-6390-0845>

Деняева Алла Сергеевна, ООО «ОКН-проект», г. Ростов-на-Дону, Российская Федерация

denalla81@yandex.ru

<https://orcid.org/0009-0009-1814-3089>

Ликсутов Андрей Александрович, ООО «ОКН-проект», г. Ростов-на-Дону, Российская Федерация

afazia.rec@yandex.ru

<https://orcid.org/0009-0003-7075-3649>

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

© Храпов, С.Е., Зарипова, А.Р., Андреева, Т.В., Кунижева, С.С., Рождественских, Е.В., Манахов, А.Д., Абрамова, А.Н., Деняева, А.С., Ликсутов, А.А., Рогаев, Е.И., 2026

© Khrapov, S.E., Zaripova, A.R., Andreeva T.V., Kunizheva, S.S., Rozhdstvenskikh, E.V., Manakhov, A.D., Abramova, A.N., Denyayeva, A.S., Liksutov, A.A., Rogayev, E.I., 2026

evivrecc@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-0351-8783>

Semen Evgenievich Khrapov, Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Russian Federation
hrapov.se@talantiuspeh.ru
<https://orcid.org/0009-0003-4548-1354>

Aliya Ramilevna Zaripova, PhD, Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Russian Federation
zaripova.ar@talantiuspeh.ru
<https://orcid.org/0000-0001-6975-5151>

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

Andrey Dmitrievich Manakhov, PhD, 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>

Tatiana Vladimirovna Andreeva, PhD, 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, 119234, Russian Federation
andreeva@rogaevlab.ru
<https://orcid.org/0000-0001-7625-0063>

Svetlana Stanislavovna Kunizheva, PhD, 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>

Alexandra Nikolaevna Abramova, Cand. Hist. Sci., Krasnodar State Historical and Archaeological Museum-Reserve named after E.D.Felitsyn., Krasnodar, Russian Federation
abramovasacha0902@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-6390-0845>

Alla Sergeevna Denyaeva, OKN-Project LLC, Rostov-on-Don, Russian Federation
denalla81@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0009-1814-3089>

Andrey Alexandrovich Liksutov, OKN-Project LLC, Rostov-on-Don, Russian Federation
afazia.rec@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0003-7075-3649>

Evgeny Ivanovich Rogaeв, 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 14.04.2026.
Принята к публикации 14.04.2026.
Received 19.12.2025.
Revised 14.04.2026.
Accepted 14.04.2026.