

doi 10.18699/vjgb-26-77

Геномные профили жителей Фанагории хазарского времени

В.С. Окованцев , А.Д. Манахов ^{1, 2}, Е.В. Рождественских ¹, С.Е. Храпов ¹, М.В. Добровольская³,
Н.Г. Свирина^{1, 3}, С.Н. Остапенко^{1, 3, 4}, В.Д. Кузнецов^{1, 3, 4}, Т.В. Андреева ^{1, 2, 5}, Е.И. Рогаев ^{1, 6} 

¹ Научно-технологический университет «Сириус», федеральная территория «Сириус», Краснодарский край, Россия

² Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия

³ Институт археологии Российской академии наук, Москва, Россия

⁴ Государственный историко-археологический музей-заповедник «Фанагория», пос. Сенной, Темрюкский район, Краснодарский край, Россия

⁵ Центр генетики и генетических технологий, биологический факультет МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

⁶ Медицинская школа Чан Массачусетского университета, департамент психиатрии, Шрусбери, США

 okovantsev.vs@talantiuspeh.ru; evivrecc@gmail.com

Аннотация. Городище Фанагория, расположенное на территории Таманского полуострова, представляет собой уникальный объект археологического наследия. История древнего города охватывает около 15 веков, что делает Фанагорию свидетелем многих исторических событий, в том числе имеющих отношение к ранней истории древнерусского государства. Раннесредневековый период истории Фанагории представляет особый интерес в связи с ее недостаточной изученностью. Работами Фанагорийской экспедиции Института археологии РАН в содружестве с Музеем-заповедником «Фанагория» были изучены культурные напластования города VII–X вв. Этот период существования урбанистического центра тесно связан с историей Хазарского каганата и завершается гибелью города в результате вражеского нападения. В ходе раскопок обнаружены скелетные останки людей со следами насильственной смерти. Антропологический анализ выявил монголоидные особенности этих индивидов. В данной работе представлены результаты анализа полногеномных последовательностей из останков трех индивидов из культурного слоя хазарского времени с использованием биоинформатических методов. Для двух индивидов проведено радиоуглеродное датирование. Благодаря высокому покрытию митохондриальной ДНК (от 43- до 96-кратного), подтвержден низкий уровень контаминации и определена гаплогруппа митохондриальной хромосомы. Установлена аутентичность древней ДНК и определены пол индивидов и гаплогруппа Y-хромосомы. Популяционный анализ проведен методом PCA, анализ предковых компонентов – методом ADMIXTURE и анализ корреляции частот аллелей – методом *f3*-статистики. Анализ полногеномных данных трех образцов показал генетическую близость исследованных индивидов с современным тюркоязычным населением Центральной Азии, а также с раннесредневековыми группами кочевников Евразийской степи, венгерских авар и монголов. Анализ главных компонент показал присутствие в геномах изученных образцов азиатских и европейских генетических компонентов. Наше исследование позволяет сделать вывод, что генетический профиль изученных индивидов сформировался в результате смешения генофондов выходцев из восточных районов Евразийской степи и населения Западной Евразии. Азиатские компоненты родственны таковым у средневековых групп монголов и авар.

Ключевые слова: древняя ДНК; геном; палеоантропология; Фанагория; параллельное секвенирование; Хазарский каганат

Для цитирования: Окованцев В.С., Манахов А.Д., Рождественских Е.В., Храпов С.Е., Добровольская М.В., Свирина Н.Г., Остапенко С.Н., Кузнецов В.Д., Андреева Т.В., Рогаев Е.И. Геномные профили жителей Фанагории хазарского времени. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2026;30(5):761-774. doi 10.18699/vjgb-26-77

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

Genomic profiles of the Khazar period inhabitants of Phanagoria

V.S. Okovantsev , A.D. Manakhov ^{1, 2}, E.V. Rozhdestvenskikh ¹, S.E. Khrapov ¹, M.V. Dobrovolskaya³,
N.G. Svirina^{1, 3}, S.N. Ostapenko^{1, 3, 4}, V.D. Kuznetsov^{1, 3, 4}, T.V. Andreeva ^{1, 2, 5}, E.I. Rogayev ^{1, 6} 

¹ Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Krasnodar region, Russia

² Vavilov Institute of General Genetics of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

³ Institute of Archaeology of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

⁴ The State Museum-Preserve “Phanagoria”, Sennoy village, Krasnodar region, Russia

⁵ Centre of Genetics and Genetic Technologies, Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia

⁶ UMass Chan Medical School, Department of Psychiatry, Shrewsbury, USA

 okovantsev.vs@talantiuspeh.ru; evivrecc@gmail.com

Abstract. The Phanagoria settlement, located on the Taman Peninsula, is a unique archaeological site. The history of the ancient city spans approximately 15 centuries, making Phanagoria a witness to many historical events, including those related to the early history of the Old Rus' state. The early medieval period of Phanagoria's history is of particular interest due to its insufficient study. The Phanagoria Expedition of the Institute of Archaeology of the Russian Academy of Sciences, in collaboration with the Phanagoria Museum-Reserve, studied the city's cultural strata from the 7th–10th centuries. This period of the urban center's existence is closely linked to the history of the Khazar Khaganate and culminates in the city's destruction as a result of an enemy attack. During excavations, skeletal remains bearing signs of violent death were discovered. Anthropological analysis revealed Mongoloid features of the individuals discovered. This paper presents the results of a bioinformatics-based analysis of whole-genome sequences from the remains of three individuals from a Khazar cultural layer. Radiocarbon dating was performed for two individuals. High mitochondrial DNA coverage (43- to 96-fold) confirmed its low level of contamination, and determined the mitochondrial chromosome haplogroup. High genome coverage confirmed the authenticity of the analyzed ancient DNA and allowed the determination of the individuals' sex and Y-chromosome haplogroup. Population analysis was performed using PCA, ancestral component analysis, using ADMIXTURE, and allele frequency correlation analysis, using the *f3* statistic. Whole-genome data analysis of the three samples demonstrated the genetic proximity of the studied individuals to the modern Turkic-speaking population of Central Asia, as well as to early medieval nomadic groups of the Eurasian steppe, Hungarian Avars, and Mongols. Principal component analysis revealed the presence of Asian and European genetic components in the genomes of the studied samples. Our study suggests that the genetic profile of the individuals studied was formed by the mixing of the gene pools of people from the eastern regions of the Eurasian Steppe and populations of Western Eurasia. The Asian components are related to those of medieval groups of Mongols and Avars.

Key words: ancient DNA; genome; paleoanthropology; Phanagoria; massive parallel sequencing; Khazar Khaganate

For citation: Okovantsev V.S., Manakhov A.D., Rozhdestvenskikh E.V., Khrapov S.E., Dobrovolskaya M.V., Svirkina N.G., Ostapenko S.N., Kuznetsov V.D., Andreeva T.V., Rogaev E.I. Genomic profiles of the Khazar period inhabitants of Phanagoria. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selekcii* = *Vavilov J Genet Breed.* 2026;30(5):761–774. doi 10.18699/vjgb-26-77

Введение

Фанагория – древний город, располагавшийся на восточном берегу Керченского пролива (рис. 1), основанный греческими колонистами предположительно в VI в. до н. э. (Чхаидзе, 2012). В V в. н. э. вместе с другими городами Боспорского царства Фанагория входит в состав Византийской империи, которая сохраняет полную власть над городом до середины VII в. (Чхаидзе, 2012). Отмечается, что в V–VI вв. н. э. в населении города преобладает греческая составляющая (Чхаидзе, 2012).

С распадом Западно-тюркского каганата в прикаспийских степях возникает Хазарский каганат, влияние которого в VII в. н. э. расширяется на запад в Северное Причерноморье и Восточное Приазовье (Артамонов, 1962; Golden, 1980). К концу VII в. н. э. Фанагория становится местом тесных дипломатических контактов Византии и Хазарии. Над городом сохраняется власть Константинополя, но также осуществляют свою деятельность два хазарских чиновника. Формируется так называемый кондоминат двух государств. В VIII в. происходит массовое перемещение населения Хазарии в Крым и Приазовье, вызванное столкновениями хазар и Арабского халифата на Кавказе (Сазанов, Могаричев, 2006). Во второй половине IX в. Византия снова возвращает контроль над Фанагорией вследствие ослабления позиций Хазарии под давлением мадьяр и печенегов. А к началу X в. город оказывается разгромлен кочевниками – мадьярами, печенегами или огузами (Dunlop, 1954; Плетнёва, 1982; Новосельцев, 1990).

Население каганата было очень пестрым и включало булгар, алан, евреев, славян и прочих. Непосредственно о хазарах наши знания ограничены и противоречивы (Артамонов, 1962; Гинзбург, 1963; Балабанова, 2013). По имеющимся лингвистическим данным и сведениям средневековых историков, хазар относят к тюркоязычным народам. Рассматривается родственность их языка языку

булгар (Новосельцев, 1990). Среди советских и российских ученых распространена гипотеза о том, что хазарский этнос сформировался с участием иранского населения Предкавказья и пришлых тюрков, а также выходцев из Сибири (Артамонов, 1962; Новосельцев, 1990; Балабанова, 2013).

В настоящее время начало хазарского периода в Фанагории датируется последней четвертью VII в. (Кузнецов, Остапенко, 2024). Присутствие хазар подтверждается археологическими находками: керамикой, объектами архитектуры. В слоях VIII–IX вв. обнаружена керамика салтово-маяцкой культуры (Чхаидзе, 2012), которая ассоциируется с аланским и болгарским компонентами в населении каганата (Плетнёва, 1967).

Период истории Хазарского каганата с конца VIII в. интересен тем, что в это время высшая знать страны принимает иудаизм, вероятно, под влиянием значительной еврейской диаспоры, существовавшей в городах каганата (Артамонов, 1962; Калинина, 2010). Установить долю иудейского населения каганата не удастся. Многие исследователи считают, что иудейской была только приближенная к кагану элита, но большая часть населения оставалась языческой (Артамонов, 1962; Новосельцев, 1990; Калинина, 2010). Из исторических источников известно, что в Фанагории в I–V вв. н. э. существовала еврейская диаспора, о чем свидетельствуют многочисленные иудейские захоронения (Чхаидзе, 2012). Была обнаружена синагога, просуществовавшая до разрушения пожаром в VI в. н. э. (Кузнецов, 2024). Община существовала на Боспоре и в хазарское время (Чичуров, 1980), однако на сегодняшний день этому найдено только одно археологическое подтверждение в виде амфоры с древнееврейской надписью (Голофаст, 2020).

Согласно антропологическим данным, население Нижнего Дона и Нижнего Поволжья в период Хазарского каганата характеризуется смешением монголоидных и

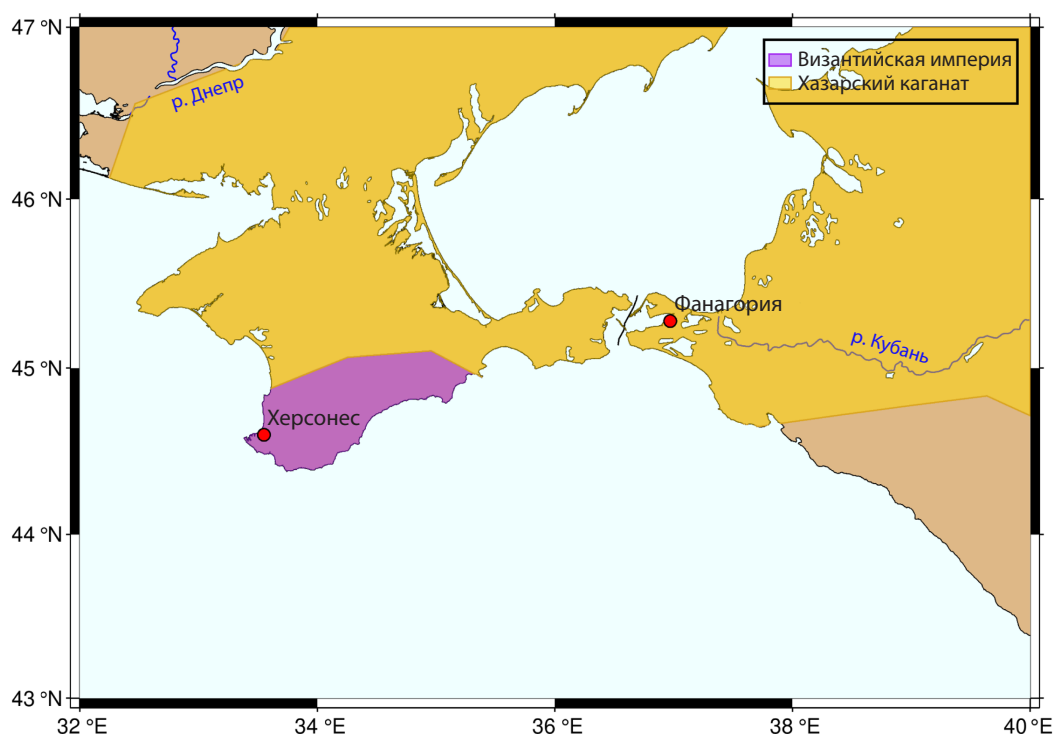


Рис. 1. Расположение памятника Фанагория в Северном Причерноморье (вторая половина VII в. н.э.).
Указаны примерные границы влияния Византии и Хазарии в регионе (по: Новосельцев, 1990; Aibabin, 2013).

европеоидных признаков (Гинзбург, 1963; Батиева, 2002; Балабанова, 2006, 2013). Отмечается, что черепа с монголоидными признаками чаще обнаруживают в более южных памятниках салтово-маяцкой культуры (Балабанова, 2005, 2006). В курганных погребениях с ровиками, которые ассоциируются с хазарским этносом (Семенов, 1983; Новосельцев, 1990; Афанасьев, 2015), находят преимущественно черепа монголоидного типа (Гинзбург, 1946; Батиева, 2002).

Текущие исследования захоронений античной Фанагории (Манахов и др., 2025; Рождественских и др., 2026) отмечают сходство населения эллинистического и римского периодов с современными европейскими популяциями. У индивидов из античной Фанагории выявлены гаплогруппы митохондриальной ДНК и Y-хромосомы, распространенные в современных европейских популяциях. В результате анализа аутосомных маркеров методом главных компонент индивиды античного периода проецируются вблизи современных европейских и кавказских популяций.

Антропологических материалов из погребений Фанагории хазарского периода мы не имеем. Все доступные для изучения останки происходят из культурных слоев города. Повреждения, обнаруженные на костях, свидетельствуют об эпизоде жестокой агрессии, проявившейся в убийстве людей разного пола и возраста. Поскольку комплектность материалов далеко не полная, оценить расовое своеобразие выборки можно было только для нескольких индивидов. Многие характеризуются монголоидными особенностями: уплощенность лица, слабое выступание носовых костей (Добровольская, Свиркина, 2018).

На сегодняшний день палеогенетика населения Хазарского каганата изучена крайне фрагментарно. Немногочисленные полногеномные данные, относящиеся к булгарским и аланским образцам салтово-маяцкой культуры (14 индивидов), представлены в рамках исследований населения Причерноморской степи (Damgaard et al., 2018; Saag et al., 2025).

В настоящей работе впервые использованы методы геномного и популяционного анализа для изучения останков из Фанагории, относящихся к периоду хазарского владычества над регионом.

Материалы и методы

В исследование были включены костные останки четырех индивидов, обнаруженные в раскопе «Нижний город» археологического памятника Фанагория в 2016 г. и относящиеся к периоду владычества Хазарского каганата на территории Северного Причерноморья в VII–X вв. н.э. Антропологическое описание образцов, а также перечисление сопровождающей погребенных атрибутики приведены в статье (Добровольская, Свиркина, 2018). Индивид KhT02 описан как девочка 8–9 лет. Обнаружены травмы черепа, следы хронического заболевания. Краниологически отмечена уплощенность лица. У индивида KhT03 описан хронический воспалительный процесс, который мог стать причиной задержки в развитии. Возраст определен как 6–7 лет, без возможности установить пол. Индивид KhT04 определен как мужчина 45 лет, с зажившей травмой теменной кости и воспалительным процессом. Антропологически описана брахикрания, уплощенность

лица. Индивид KhT05 был исключен из анализа из-за низкого содержания эндогенной ДНК.

Для двух изученных образцов на базе лаборатории изотопных исследований ЦКП «Геохронология кайнозоя» ИАЭТ СО РАН и ЦКП «Ускорительная масс-спектрометрия» Новосибирского государственного университета проведено радиоуглеродное датирование.

Получение препаратов древней ДНК (дДНК) из костных фрагментов проводили на базе Университета «Сириус» в «чистых» помещениях, предназначенных для работы с древней ДНК, согласно разработанной ранее методике (Andreeva et al., 2022). Каждое выделение ДНК сопровождалось негативным контролем. Фрагментные геномные библиотеки готовили по протоколу, основанному на использовании одноцепочечной ДНК (Gansauge, Meyer, 2013). Качественную и количественную оценку ДНК и приготовленных библиотек выполняли методом капиллярного гель-электрофореза на приборе Agilent TapeStation 4150 с помощью набора реагентов High Sensitivity D1000 (Agilent). Для образца KhT03 дополнительно готовили фрагментную библиотеку из препарата дДНК, подвергнутого репарации с использованием набора реагентов PreCR Repair Mix (NEB) (Moutham et al., 2015). Секвенирование проводили на базе Университета «Сириус» на платформе Illumina MiSeq в режиме парно-концевых прочтений длиной 76+76 нуклеотидов (тестовое секвенирование) и Illumina NovaSeq 6000 в режиме одноконцевых прочтений длиной 56 нуклеотидов (глубокое секвенирование).

Из полученных в результате секвенирования прочтений с использованием программы AdapterRemoval v2 (Schubert et al., 2016) удаляли адаптерные последовательности и последовательности с низким качеством. Затем с помощью программы BWA (Li, Durbin, 2009) с параметрами, адаптированными для результатов секвенирования дДНК (Schubert et al., 2012), выполняли картирование полученных прочтений относительно референсного (GRCh37) и митохондриального (мтДНК, NC_012920.1) геномов человека. С применением функции MarkDuplicates из пакета программ Picard (Picard Tools – By Broad Institute, 2019) маркировали дубликаты, чтобы исключить соответствующие прочтения из дальнейшего анализа.

Оценку аутентичности древней ДНК осуществляли с помощью программы MapDamage2 (Jónsson et al., 2013). Определение генетического пола исследуемых образцов проводили с использованием программы karyo_RxRy (Anastasiadou et al., 2024).

Оценку уровня контаминации образцов проводили по гетерозиготности мтДНК с помощью программ Schmutzi (Renaud et al., 2015) и ContamMix (Fu et al., 2013). Для образца мужского пола дополнительно выполняли анализ уровня контаминации по гетерозиготности X-хромосомы (Rasmussen et al., 2011).

Реконструкцию последовательности митохондриальной ДНК производили путем определения в ней полиморфизмов с помощью программы BCFtools (Danecek et al., 2021). Выявленные полиморфизмы фильтровали по качеству (QUAL > 30) и проверяли визуально с использованием про-

граммы IGV (Integrative Genomics Viewer) (Thorvaldsdóttir et al., 2013). Определение гаплогрупп мтДНК проводили с помощью программы Haplogrep3 (версия PhyloTree 17 – Forensic Update 1.2) (Schönherr et al., 2023) с дополнительной проверкой обнаруженных вариантов по базе данных Yfull MTREE 1.02 (Van Oven, Kayser, 2009).

Филогенетический анализ последовательностей мтДНК осуществляли с применением программного пакета mtPhyl (Eltsov, Volodko, 2016). Для филогенетического анализа формировали выборку последовательностей мтДНК, принадлежащих к гаплогруппе, обнаруженной у исследуемого индивида, для чего использовали базы, содержащие как древние, так и современные образцы HaploTree (HaploTree, 2025), AADR (Mallick et al., 2024), NCBI BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), Yfull MTREE 1.02 и AmtDB (Ehler et al., 2019). Кроме того, использовали базы данных древних образцов, ранее составленные в НТУ «Сириус» (Андреева и др., 2022, 2023). Из анализа были исключены участки поли-С трактов, tandemных повторов и позиции с высокой частотой мутаций).

С помощью программы pileupCaller из пакета SequenceTools (Schiffels, 2025) реконструировали псевдо-гаплоидные геномные профили исследуемых индивидов по 1240 тыс. генетическим маркерам, соответствующим панели AADR (параметр --randomHaploid). При этом для анализа использовали прочтения с качеством выравнивания (MQ) и качеством прочтения (BQ) не менее 30.

Установление генетического родства проводили с помощью программы READv2 (Alaçamlı et al., 2024), позволяющей определять родство вплоть до третьей степени.

Популяционный анализ осуществляли с применением метода главных компонент (PCA) при помощи функции smartpca из программного пакета EIGENSOFT (Patterson et al., 2006). Геномные профили исследуемых индивидов были спроецированы в пространство главных компонент, сформированное на основе генетических профилей 2598 представителей 168 современных групп с территории Евразии из панели Human Origin, включающей 600 тыс. генетических маркеров. Анализ выполняли, используя геномные профили, из которых были исключены транзиции (C ↔ T и G ↔ A), которые могут быть следствием пост-мортальных модификаций, характерных для древней ДНК.

Для сравнения исследованных образцов с древними популяциями в анализ было включено 1435 образцов из 90 древних групп периодов раннего железного века – Средневековья с территории Восточной Европы, Передней и Центральной Азии, представленных в базе данных AADR v.62, а также в публикациях (Nikitin et al., 2025; Saag et al., 2025).

Анализ ADMIXTURE проводили с помощью набора из 560 тыс. аутомомных генетических маркеров из базы данных AADR v.62 и материалов из публикаций (Lazaridis et al., 2014; Flegontov et al., 2019; Nikitin et al., 2025; Saag et al., 2025). Была использована программа ADMIXTURE v1.3 (Alexander et al., 2009) с параметрами по умолчанию. Осуществляли по 10 независимых расчетов, изменяя число предполагаемых предковых компонент (K) от 1 до 12.

Оптимальное число компонент было определено на основе сравнения значений CV-error, вычисляемых программой; в результате оптимальным оказалось значение $K = 5$. Из 10 вариантов был выбран расчет с минимальным значением CV-error (Приложение)¹.

Перед анализом выполняли отбор образцов и фильтрацию генетических вариантов. В случае, если образцы происходили из одной семейной группы, в анализ включали только одного индивида с наибольшим числом определенных аутосомных псевдогиплоидных генотипов. С использованием программы PLINK v2.00 (Chang et al., 2015) из анализа исключали генетические варианты, генотипы которых были определены лишь у одного индивида (--geno 0.999); варианты с частотой минорного аллеля менее 0.002 (--maf 0.002); варианты, являющиеся транзигциями, которые могут быть следствием постморальных модификаций, характерных для древней ДНК; а также сцепленные генетические варианты (--indep-pairwise 200 5 0.5). Образцы, для которых по итогам фильтрации осталось менее 10 тыс. псевдогиплоидных маркеров, были исключены из анализа.

В общей сложности в анализ вошел 2521 образец, включая трех представителей населения Фанагории хазарского времени; 2248 древних образцов из базы данных AADR v62 и опубликованных материалов (Flegontov et al., 2019; Lazaridis et al., 2025; Nikitin et al., 2025; Saag et al., 2025) периода с раннего бронзового века до Средневековья с территории Евразии; 188 древних и 85 современных образцов из базы данных AADR v62, представляющие собой группы, в которых максимизированы общепринятые в палеогенетических исследованиях предковые компоненты (WHG (Western European Hunters Gatherers) – компонента, ассоциированная с западноевропейскими мезолитическими охотниками-собираателями; EHГ (Eastern European Hunters Gatherers) – компонента, связанная с восточноевропейскими мезолитическими охотниками-собираателями; ANF (Anatolian Neolithic Farmers) – компонента, ассоциированная с неолитическими земледельцами Анатолии; Han – восточноазиатская компонента, максимизированная у современной популяции китайцев-ханьцев; Nganasan – сибирская компонента, максимизированная в современной популяции нганасан; Mbuti – африканская компонента, представленная африканской популяцией Мбути) (см. далее).

Для оценки генетического сходства с ранее опубликованными древними популяциями выполняли расчет f_3 -статистики. В анализ были включены псевдогиплоидные генотипы по панели из 1240 тыс. генетических маркеров, транзигции были исключены. Расчеты f_3 -статистики проводили с использованием программ AdmixTools v.7.0.1 (Patterson et al., 2012) и admixr v.0.9.1 (Petr et al., 2019) в форме f_3 (Mbuti, Test; KhT02/KhT03/KhT04), где Test – одна из древних групп, относительно которой анализируется исследуемый образец; Mbuti – представители африканской популяции Мбути, использованные как внешняя группа. В качестве теста были взяты древние группы Евро-

пы, Центральной и Восточной Азии со средней датировкой от 1700 до 700 лет назад. В анализ были включены только группы, представленные более чем тремя неродственными индивидами и имевшими не менее 20 тыс. генетических маркеров, пересекающихся с исследованными образцами KhT02/KhT03/KhT04.

Результаты

Радиоуглеродное датирование двух образцов подтвердило их принадлежность к хазарскому времени (табл. 1). Получены две даты с очень широкими датировками. Оба образца, KhT02 и KhT03, относятся к одному эпизоду агрессии, однако радиоуглеродный возраст и калиброванные даты демонстрируют сильное расхождение этих образцов во времени. Одно это требует очень осторожного отношения к полученным датам и расширения количества образцов и спектра датированных материалов (см. табл. 1). Тем не менее мы хотели бы отметить, что более возможным оказывается отнесение нападения на город к VIII в., чем к IX в., поэтому связывать гибель людей с прекращением существования города пока маловероятно.

Из костных образцов всех четырех индивидов успешно получены препараты геномной ДНК, которые были использованы для приготовления фрагментных геномных библиотек и их секвенирования. Для трех образцов была показана высокая доля прочтений, картированных относительно референсного генома человека, и подтверждена аутентичность дДНК, что позволило использовать ДНК этих образцов для полногеномного исследования (табл. 2, рис. 2). Образец KhT05 исключили из дальнейшего анализа из-за низкого содержания эндогенной ДНК.

Для всех трех образцов был определен генетический пол: образцы KhT02 (ребенок 8–9 лет) и KhT04 (индивид старше 45 лет) – женский, образец KhT03 (ребенок 6–7 лет) – мужской. Обращает на себя внимание расхождение диагностики пола для индивида KhT04: по сохранившимся морфологическим признакам на черепе (развитие надглазничного рельефа, внешний край глазницы, размеры сосцевидного отростка, общая массивность черепа), размерам и выраженности рельефа на костях верхней конечности скелет был определен как принадлежащий мужчине. Следует отметить, что антропологические признаки дают вероятностное определение биологического пола, поэтому расхождения в результатах диагностики пола двумя методами возможны. В данном случае вызывает интерес физический габитус индивида, который, согласно результатам генетического анализа, является женщиной.

Проведенная для образца мужского пола оценка уровня контаминации по мтДНК и по X-хромосоме показала, что загрязнение не превышает допустимого для палеогеномных исследований 5 % уровня (см. табл. 2).

Для всех образцов были реконструированы полные последовательности мтДНК и определены их митохондриальные гаплогруппы (KhT02 – C4a1a-a, KhT03 – B4b1a3a, KhT04 – T2d2a) (рис. 3). Так как они оказались различными, можно сделать вывод о том, что исследованные образцы не являются прямыми родственниками по материнской линии.

¹ Приложение см. по адресу:

<https://vavilovj-icg.ru/download/pict-2026-30/appx42.xlsx>

Таблица 1. Археологические и антропологические данные об исследованных образцах из раскопа 2016 г. «Нижнего города» Фанагории

Образец	Локация	Пол (по антропологическим данным)	Возраст, лет	Кость	Радиоуглеродное датирование			
					Шифр образца	Р. в., лет BP*	К. д. с вероятностью 95.4 %**	Распределение вероятностей временных интервалов
KhT02	Квадрат Ж4, Ж штык 12	Ж	8–9	Височная кость	GV-6027	1207 ± 34	687–947 гг. н.э.	687–743 AD 10.6 % 771–894 AD 81.6 % 927–947 AD 2–3 %
KhT03	Объект 10, штык 15	Ребенок	6–7		GV-6028	1288 ± 35	658–821 гг. н.э.	658–777 AD 90.2 % 791–821 AD 5.2 %
KhT04	Квадрат И1, М штык 13	М	Старше 45		–	–	–	–
KhT05	Квадрат Ж4, Ж штык 14	Ж	20–25	Зуб	–	–	–	–

* Р. в. – радиоуглеродный возраст; ** К. д. – календарная дата.

Таблица 2. Статистика ДНК-секвенирования, гаплогруппы мтДНК и Y-хромосомы

ID образца	Тип библиотеки	Прочтения, картированные на геном, %	Среднее покрытие мтДНК	Среднее геномное покрытие	Генетический пол	Контаминация по мтДНК (Shmutzi)	Контаминация по мтДНК (ContaMix [95 % CI])	Контаминация по X-хромосоме	Гаплогруппа мтДНК	Гаплогруппа Y-хромосомы	Количество SNP по панели 1240k
KhT02	Нерепарированная	82.34	x43.5	x0.3	F	1 %	1.23 % [0.32 – 2.68 %]	–	C4a1a-a	–	223 379
KhT03	Нерепарированная	61.55	x96.7	x2.6	M	2 %	0.74 % [0.25 – 1.48 %]	1.75 ± 0.13 %	B4b1a3a	C2a1a1b1b (C-Y10420)	1 082 901
	Репарированная	64.79				–					
KhT04	Нерепарированная	70.23	x48.4	x0.4	F	2 %	3.72 % [2.63 – 5.35 %]	–	T2d2a	–	310 822
KhT05	Нерепарированная	6.13	x0.9	x0.002	F	–	–	–	–	–	–

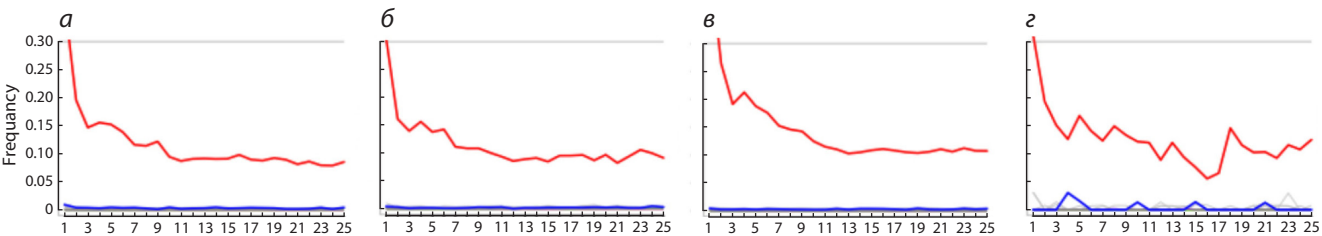


Рис. 2. Профили нуклеотидных замен для прочтений, картированных на референсную последовательность мтДНК, рассчитанные с помощью MapDamage2.

Замены C > T, специфические для дДНК, отображены красной линией. По оси X отмечена позиция нуклеотида от 5'-конца фрагментов ДНК. Образцы: а – KhT02; б – KhT03; в – KhT04; з – KhT05.

Анализ родства, по данным полногеномного секвенирования, проведенный с помощью программы READv2, также показал, что исследованные индивиды – не родственники первой, второй или третьей степени.

Для образца KhT03, принадлежащего индивиду мужского пола, определена гаплогруппа Y-хромосомы C-Y10420 (C2a1a1b1b).

Популяционный анализ, выполненный с использованием метода главных компонент, показал, что исследованные образцы проецируются вблизи современных тюркоязычных популяций Центральной Азии – туркмен, узбеков, каракалпаков и казахов, а также ногайцев юга европейской части России (рис. 4, а). При этом все три образца удалены друг от друга и расположены по оси Кавказ–Монголия.

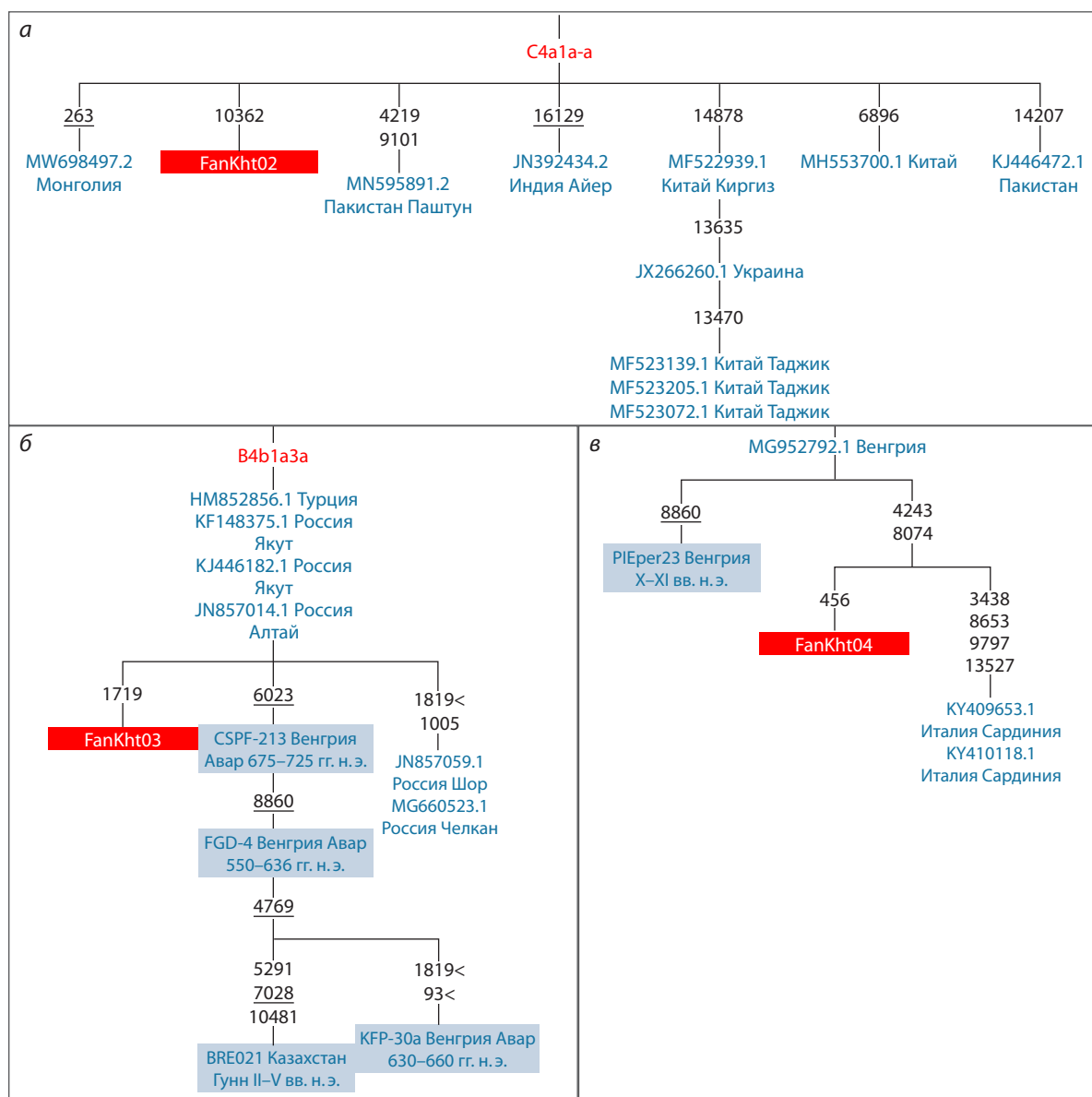


Рис. 3. Филогенетическое дерево гаплогруппы: а – C4a1a-a; б – B4b1a3a и в – T2d2a, построенное с использованием программного пакета mtPhyl.

Мутации на ветвях указаны относительно референсной последовательности мтДНК (rCRS). Для транзиций приведен только номер нуклеотидной позиции, для трансверсий – нуклеотидная замена; символом «<» обозначены позиции повторяющихся мутаций. Неопределенные позиции в последовательностях мтДНК не учитывали при построении дерева. Древние образцы выделены голубым фоном. Для каждого образца указано его географическое происхождение и для древних образцов – возраст (см. табл. 2).

Образец KhT04 располагается ближе других к скоплению европейских групп, в массиве туркмен, узбеков и ставропольских ногайцев. Образец KhT02 кластеризуется с казахами, киргизами и каракалпаками. KhT03 проецируется между ними рядом с астраханскими и ставропольскими ногайцами. Можно отметить, что все три исследованных образца никак не пересекаются с кластером современных еврейских популяций, группирующихся с другими популяциями Ближнего Востока и Леванта.

При сравнении с древними популяциями раннего железного века, раннего и высокого Средневековья (см. рис. 4, б) исследуемые образцы кластеризуются со степны-

ми кочевниками раннего железного века и Средневековья с территории современных Казахстана, Монголии, Китая и Венгрии. Все индивиды проецируются в массив авар с территории Венгрии.

Для определения предковых компонентов, составляющих геномы изученных образцов из Фанагории, проведен анализ методом ADMIXTURE в контексте древних популяций неолита, бронзового, железного и Средних веков (рис. 5). У образцов KhT выделяются четыре компонента, названных в соответствии с группами, в которых каждый преобладает: анатолийские неолитические земледельцы (ANF) (Turkey_Marmara_Barcin_N.AG), европейские охот-

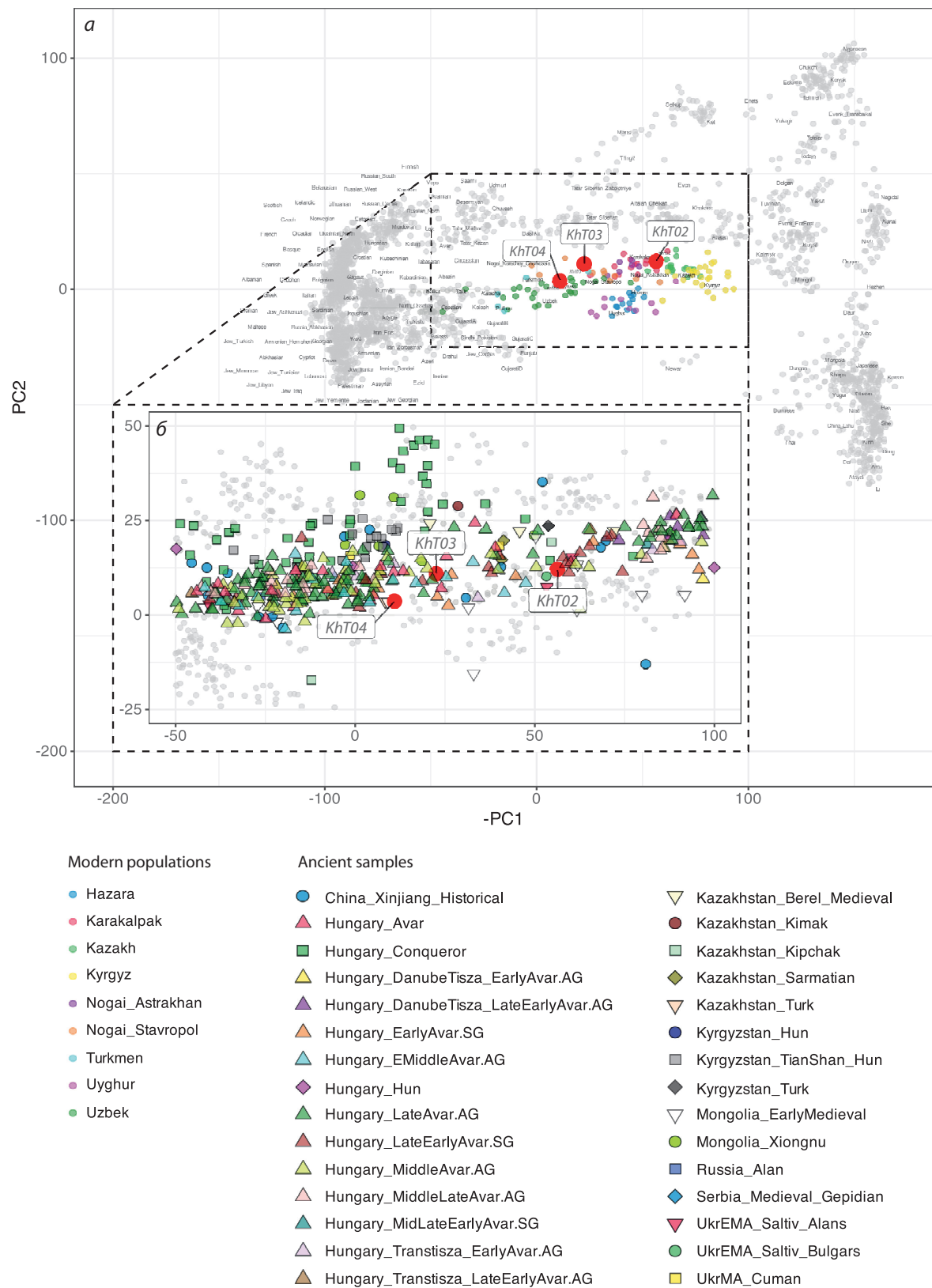


Рис. 4. Проекция геномных профилей исследуемых индивидов из Фанагории хазарского времени (KhT02–KhT04) (отмечено красным цветом) в пространстве главных компонент (PC1 и PC2), сформированная на основе генетических профилей представителей современных евразийских популяций (серые точки), цветными точками отмечены образцы современных хазарейцев, каракалпаков, казахов, ногайцев, туркмен, уйгуров и узбеков (а); проекция геномных профилей исследуемых индивидов с древними группами из открытых источников со средней датировкой от 1700 до 700 лет назад (б).

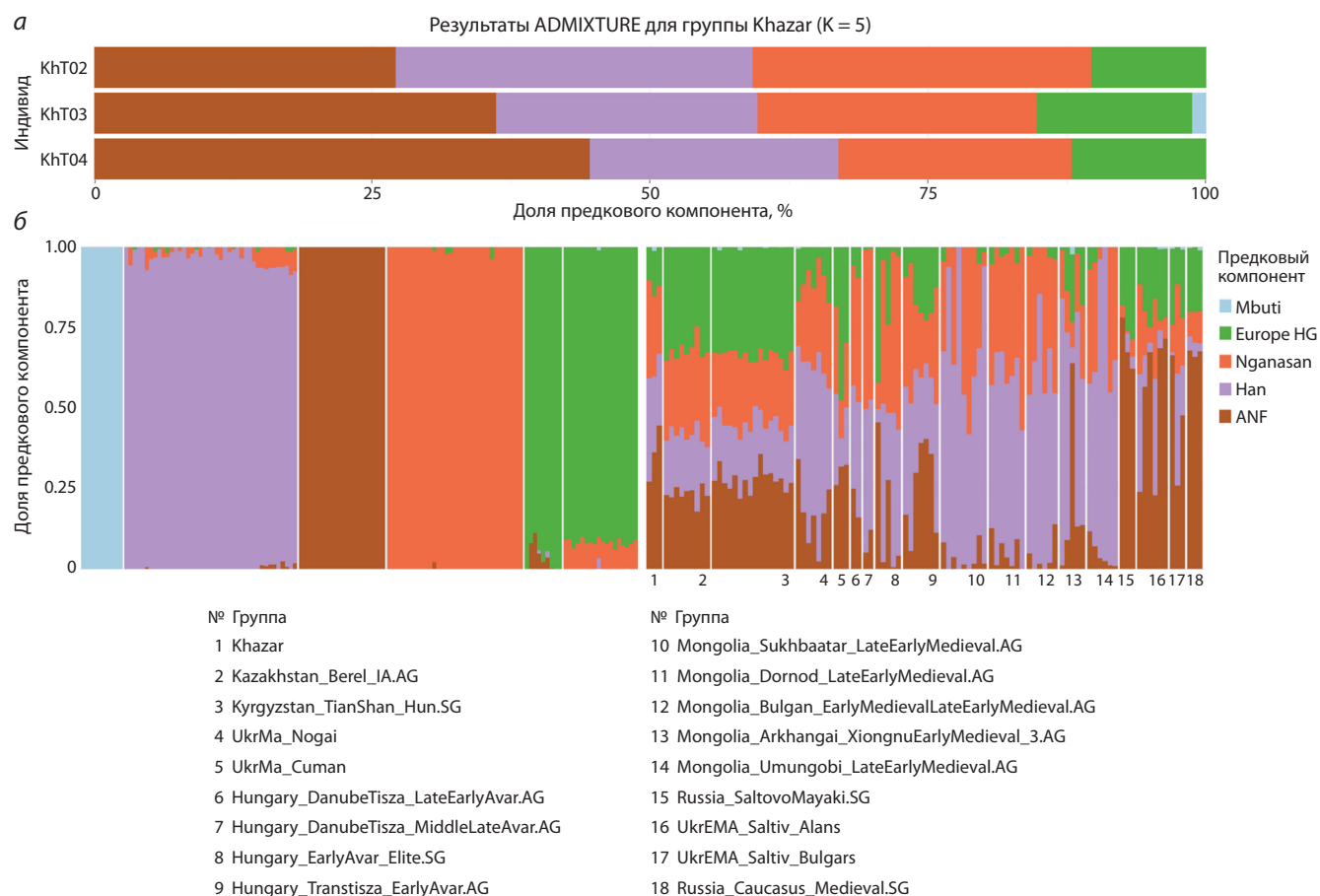


Рис. 5. Результаты анализа ADMIXTURE (K = 5).

а – для исследуемых образцов KhT02–04; **б** – для шести групп, где максимизирован один из предковых компонентов, и для некоторых групп кочевников железного и Средних веков (см. Приложение 1).

ники-собиратели (Europe HG) (France_Mesolithic.AG, Russia_YuzhnyOleniyOstrov_Mesolithic.AG), восточноазиатский (Han) и древнесибирский компоненты (Nganasan).

Анализ с использованием метода f_3 -статистики показал, что образцы KhT02 и KhT03 имеют генетические профили, сходные с профилями авар с территории Венгрии (табл. 3, рис. 6). Для индивида KhT03 обнаруживается сходство с группой Avar_Asia_Core2, представляющей ранних авар VI–VIII вв. из могильников Apátfalva-Nagy-út-dűlő, Budapest-Csepel-Kavicsbánya, Csólyospálos-Felsőpálos, Fajsz-Garadomb, Felgyő-Ürmöstanya, Kiskörös-Vágóhididűlő, Kunpeszér-Felsőpeszériút-Homokbánya, Makó-Mikócsa-halom с территории Венгрии с преобладающим восточноазиатским компонентом (Maróti et al., 2022). Для индивида KhT04 высокое значение f_3 -статистики, помимо авар, наблюдается для группы средневекового населения Южной Монголии из могильников Банзарт-Хайрхан, гора Эрдэнэ, Ганзагад, Гун-Тармагтай, Их-Увгун, Шар-Толгой в аймаке Умнеговь, Монголия (Mongolia_Umungobi_EarlyMedieval), а также половцев из могильников Мамай-Гора и Великая Знаменка в Запорожье и Кумы Харьковской области (UkrMA_Cuman) (Saag et al., 2025).

Обсуждение

Исследования костных останков из малых курганов в районе хазарского города Саркел на месте современного Цимлянского водохранилища отмечали южносибирские черты, характерные для тюрков и половцев (Гинзбург, 1946). В подкурганных погребениях Нижнего Подонья, связываемых с этническими хазарами (Семенов, 1983; Новосельцев, 1990), были погребены преимущественно монголоиды, а «мужские монголоидные черепа и черепа из женских выборок проявляют наибольшее сходство с гуннами Забайкалья и тюрками-кочевниками Сибири, Алтая и Казахстана» (Батиева, 2002, с. 99). Антропологические исследования останков из Фанагории хазарского времени отмечают присутствие монголоидного компонента (Добровольская, Свиркина, 2018).

Результаты PCA изученных образцов из Фанагории хазарского времени в контексте современных и древних популяций подтверждают выводы антропологии и позволяют говорить о присутствии азиатского компонента в геноме исследованных образцов. Генетический профиль образцов хазарского времени из Нижнего города Фанагории схож с профилем современных тюркоязычных народов Центральной Азии и исторического кочевого населения

Таблица 3. Значения *f3*-статистики *f3*(KhT, Test; Mbuti.DG) для образцов хазарского времени и групп сравнения

Исследуемый образец	Группа сравнения	Аут-группа	<i>f3</i>	stderr	Zscore	nsnps
KhT02	Hungary_DanubeTisza_EarlyAvar.AG	Mbuti	0.291885	0.004902	59.538	33322
	Hungary_DanubeTisza_MiddleLateAvar.AG		0.290993	0.005677	51.258	29211
	Avar_Asia_Core2		0.286955	0.004871	58.914	33559
	Mongolia_Umungobi_EarlyMedieval		0.28378	0.005348	53.059	30283
	Mongolia_EarlyMedieval		0.283269	0.00449	63.086	35545
KhT03	Avar_Asia_Core2		0.279129	0.00303	92.117	161020
	Hungary_DanubeTisza_EarlyAvar.AG		0.278325	0.003062	90.908	159674
	Hungary_DanubeTisza_LateEarlyAvar.AG		0.275194	0.00298	92.349	157505
	Mongolia_Selenge_EarlyMedieval		0.274352	0.003178	86.334	145533
	Hungary_DanubeTisza_MiddleLateAvar.AG		0.273691	0.003343	81.872	139562
KhT04	Mongolia_Umungobi_EarlyMedieval		0.278274	0.004533	61.386	41593
	Hungary_DanubeTisza_EarlyAvar.AG		0.277181	0.004095	67.69	46232
	Hungary_DanubeTisza_LateEarlyAvar.AG		0.276548	0.004191	65.987	45588
	UkrMA_Cuman		0.275737	0.004979	55.385	35218
	Avar_Asia_Core2		0.275528	0.004085	67.446	46719

Примечание. stderr (standard error) – стандартная ошибка оценки *f3*-статистики, характеризующая точность ее вычисления; Zscore – отношение значения *f3* к стандартной ошибке (*f3*/stderr), отражающее статистическую надежность оценки; чем выше значение, тем надежнее результат; nsnps – число однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), использованных при расчете *f3*-статистики для данной пары образцов.

Евразийской степи, но не свидетельствует об их схожем происхождении.

Степное население формировалось в результате сложных процессов с участием носителей азиатского и европейского генетических компонентов. Вероятно, положение образцов KhT на графике PCA показывает, что процессы, повлиявшие на формирование геномов образцов KhT, схожи с таковыми у степных народов. При этом следует отметить, что три исследованных образца в пространстве главных компонент располагаются на некотором расстоянии друг от друга. Образец KhT04 ближе других к массиву групп с заведомым присутствием западноевразийских корней, KhT02 – к степным тюркским группам (казахи, киргизы), KhT03 – между ними. Сравнение с древними образцами продемонстрировало, что все три образца попадают в крупный кластер авар с территории Венгрии (550–900 гг. н. э.).

Анализ однородительских маркеров мтДНК (см. рис. 3) выявил, что образец KhT02 принадлежит к гаплогруппе C4a1a-a (выделилась около 3.4 тыс. лет назад в Южной Сибири (Derenko et al., 2010; YFull, 2025)), распространенной среди современного населения Китая, Сибири, Афганистана и Пакистана (Van Oven, Kayser, 2009; YFull, 2025), а также обнаруженной у населения монгольского аймака Ховсогол бронзового века, у гуннов и усуней раннего железного века с территории Казахстана, раннесредневековых вестготов с территории Испании и населения Иркутской области раннего бронзового века. Филогенетический анализ показал, что последовательности, наиболее близкие

к мтДНК данного индивида, встречаются у современных образцов.

Образец KhT03 принадлежит к гаплогруппе B4b1a3a (выделилась около 6.8 тыс. лет назад (YFull, 2025)), распространенной у современного населения Южной и Восточной Сибири, тогда как из древних групп была обнаружена у авар VI–IX вв. из Венгрии, у гуннов раннего Средневековья из могильника Берель, Казахстан, и населения Монголии раннего железного века. Последовательности мтДНК, наиболее близкие к мтДНК индивида KhT03, обнаружены у современных народов Сибири, Турции, а также у авар.

Образец KhT04 принадлежит к гаплогруппе T2d2a (выделилась около 5.4 тыс. лет назад (YFull, 2025)), распространенной в современной Турции, Средиземноморье и на Кавказе. Из древних групп эта линия была обнаружена у индивидов из позднеантичного Рима, из иранских могильников Динха-Тепе и Шахри-Сухте бронзового века и могильника железного века Хасанлу, у индивида культуры Езеро раннего бронзового века из Болгарии, этруска раннего железного века из Италии, мадьяра X–XI вв. из Венгрии. Филогеографический анализ выявил, что последовательность мтДНК образца KhT04 наиболее близка к современным образцам с территории Венгрии и Италии, а также к образцу средних веков (X–XI вв.) с территории Венгрии.

Таким образом, на основе как анализа однородительских маркеров мтДНК, так и анализа аутосомных профилей исследуемых образцов мы наблюдаем связь образцов

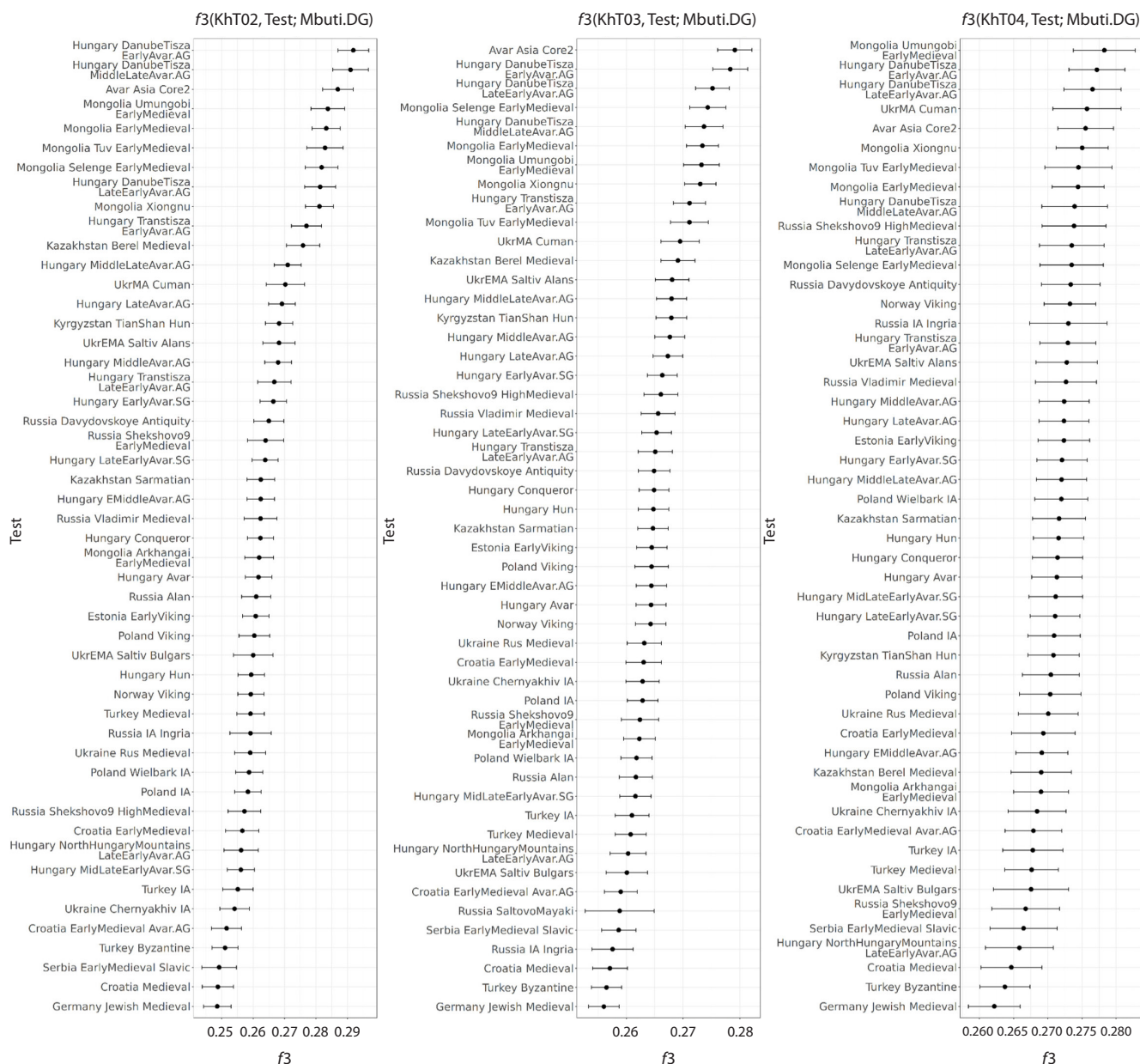


Рис. 6. Графики f_3 -статистики для образцов KhT02, KhT03, KhT04 и древних групп раннего железного века–Средневековья. Чем выше значения f_3 , тем более генетически схожа группа сравнения и исследуемый образец.

KhT02 и KhT03 с центральноазиатскими и сибирскими популяциями, в то время как образец KhT04 имеет корни в западноевропейских популяциях, потомки которых переместились в Европу в результате миграционных процессов в раннем железном веке.

По результатам ADMIXTURE-анализа, у исследованных образцов из Фанагории более половины генома составляют азиатские компоненты: восточноазиатский компонент Han и древнесибирский Nganasan, представленные в равных долях в геномах средневековых образцов с территории Монголии (Mongolia_Sukhbaatar_LateEarlyMedieval.AG, Mongolia_Dornod_LateEarlyMedieval.AG). Кроме того, существенные доли имеют компоненты Europe HG и ANF, распространенные в европейских и ближневосточ-

ных группах, а также встречающиеся у кочевых групп Центральной Азии.

Соотношение компонентов сближает образцы из Фанагории с группами авар VI–IX вв. из могильников в северо-восточной Венгрии Hungary_DanubeTisza_LateEarlyAvar.AG и Hungary_Transtisza_EarlyAvar.AG, что может говорить о схожих процессах в формировании генома. Различие в долях компонента ANF между исследованными индивидами соответствует положению их на проекции PCA: индивид KhT04, кластеризующийся ближе к европейским кластерам, имеет большую долю анатолийского компонента ANF, тогда как у индивида KhT02 доля этого компонента меньше, что согласуется с его положением на графике PCA. Увеличение доли ANF может быть резуль-

татом смешения с группами Причерноморья и Прикавказья, у которых этот компонент преобладает, что видно по изученным группам алан салтово-маяцкой культуры (Russia_SaltovoMayaki.SG) и средневековому населению Анапы (Russia_Caucasus_Medieval.SG).

По результатам f_3 , для всех трех образцов наблюдаются генетические связи с группами авар, относящимися к ранним и элитным группам, у которых сильнее прочих проявляются сибирский и восточноазиатский компоненты. Можно сделать предположение об общем восточноазиатском происхождении авар и предков изученных образцов. Наличие сходства с группой UkrMA_Cuman, имеющей профиль компонентов, характерный для кочевых групп западной части евразийской степи (Saag et al., 2025), у индивида KhT04 говорит о его смешанном происхождении при участии азиатских и европейских компонентов.

Малое количество образцов синхронного времени не позволяет нам однозначно утверждать, является ли генетический профиль индивидов KhT02-04 типичным для представителей непосредственно хазарской общности или другой тюркской группы раннего Средневековья, живших на территории каганата. Наблюдается резкое отличие от исследованных на данный момент индивидов из захоронений античной Фанагории (Манахов и др., 2025; Рождественских и др., 2026), которые проявляют сходство с европейскими популяциями. Можно сказать, что генетические изменения созвучны с культурными и популяционными изменениями в истории города.

В Северном Причерноморье Хазария образовалась после распада Западной части Тюркского каганата, население которого включало генетически различные компоненты. Поэтому исследование генетической структуры Хазарии – крайне сложная задача. Ранее об этом писали краниологи, выделяя разные антропологические компоненты (Гинзбург, 1963). Причем краниологические особенности демонстрируют связь с погребальным обрядом, что указывает на достаточно обособленное существование неких идентичностей внутри хазарского социума. Наши материалы не позволяют судить о том, относили ли себя индивиды, вошедшие в генетический анализ, к различным идентичностям или нет. Поэтому на настоящем уровне исследования мы затрудняемся связывать генетическую неоднородность изученных индивидов с изначальным их разнообразием или с существовавшими различиями между группами внутри Фанагории хазарского времени.

Заключение

Наше исследование подкрепляет антропологические наблюдения о присутствии азиатского компонента в геноме жителей Фанагории в хазарский период. Процессы, стоящие за этим, вероятно, похожи на таковые у авар, имеющих восточноазиатский субстрат, дополненный западноевразийскими компонентами. Ввиду отсутствия доступных полногеномных прочтений этнических хазар нельзя достоверно сказать, принадлежали ли изученные индивиды к хазарам или другим кочевым группам раннего Средневековья.

Список литературы / References

- Андреева Т.В., Патрикеев А.Д., Манахов А.Д., Робаев Е.И. Генетические профили представителей древних популяций Русской равнины эпохи железного века и средневековья. Свидетельство о государственной регистрации базы данных № 2022623562. 2022
[Andreeva T.V., Patrikeev A.D., Manakhov A.D., Rogaev E.I. Genetic profiles of representatives of ancient populations of the Russian plain in the Iron and Middle ages. Database. № 2022623562. 2022 (in Russian)]
- Андреева Т.В., Манахов А.Д., Робаев Е.И. Генетические профили населения средневековой Руси. Свидетельство о государственной регистрации базы данных № 2023624133. 2023
[Andreeva T.V., Manakhov A.D., Rogaev E.I. Genetic profiles of the population of Medieval Rus. Database. № 2023624133. 2023 (in Russian)]
- Артамонов М.И. История хазар. Л.: Изд-во Гос. Эрмитажа, 1962
[Artamonov M.I. History of the Khazars. Leningrad, 1962 (in Russian)]
- Афанасьев Г.Е. О самоидентификации Хазарского каганата в IX в. (по данным системы обороны). *Краткие сообщения Института археологии*. 2015;238:98-114
[Afanasyev G.E. On the self-identification of the Khazar Khaganate in the 9th century (based on data of the defence system). *Kratkie Soobshcheniya Instituta Arkheologii = Brief Commun Inst Archaeol*. 2015;238:98-114 (in Russian)]
- Балабанова М.А. Антропология населения Нижнего Поволжья (кон. V–I в. пол. IX в.). В: Евлевский А.В. (ред.) Степи Европы в эпоху Средневековья. Донецк: ДонГУ, 2005;55-72
[Balabanova M.A. Anthropology of the population of the Lower Volga region (late 5th – first half of the 9th centuries). In: Evglevsky A.V. (Ed.) Steppes of Europe in the Middle Ages. Donetsk: Donetsk National University Publ., 2005;55-72 (in Russian)]
- Балабанова М.А. Особенности антропологического состава погребальных комплексов хазарского времени. В: Гохман И.И., Громов А.В. (ред.) Некоторые актуальные проблемы современной антропологии. СПб.: МАЭ РАН, 2006;59-61
[Balabanova M.A. Features of the anthropological composition of burial complexes of the Khazar period. In: Gokhman I.I., Gromov A.V. (Eds) Some Current Issues of Modern Anthropology. St. Petersburg, 2006;59-61 (in Russian)]
- Балабанова М.А. Антропологическая структура населения хазарского времени восточно-европейских степей. В: Матишов Д.Г. (ред.) Международная научная конференция «Население Юга России с древнейших времен до наших дней» (Донские антропологические чтения). Ростов-на-Дону: ЮНЦ РАН, 2013; 76-78
[Balabanova M.A. Anthropological structure of the population of the Eastern European steppes in the Khazar period. In: Matishov D.G. (Ed.) International Scientific Conference “The Population of Southern Russia Across the Ages” (The Don Readings in Physical Anthropology). Rostov-on-Don, 2013;76-78 (in Russian)]
- Батиева Е.Ф. Антропология населения Нижнего Подонья в хазарское время. *Донская археология*. 2002;(3-4):71-101
[Batieva E.F. Anthropology of Bottom Don’s population in Khazar Studies. *Donskaya Arkheologiya*. 2002;(3-4):71-101 (in Russian)]
- Гинзбург В.В. Антропологические данные по этногенезу хазар. *Советская этнография*. 1946;2:81-86
[Ginzburg V.V. Anthropological data on the ethnogenesis of the Khazars. *Sovetskaya Etnografiya = Soviet Ethnogr*: 1946;2:81-86 (in Russian)]
- Гинзбург В.В. Антропологический состав населения Саркела – Белой Вежи и его происхождение. В: Артамонов М.И. (ред.) Труды Волго-Донской археологической экспедиции. Материалы и исследования по археологии СССР. М.; Л.: Академия наук СССР, 1963;260-281
[Ginzburg V.V. Anthropological composition of the population of Sarkel – Belaya Vezha and its origin. In: Artamonov M.I. (Ed.) Pro-

- ceedings of the Volga-Don Archaeological Expedition. Materials and Research on the Archaeology of the USSR. Moscow; Leningrad, 1963;260-281 (in Russian)]
- Голофаст Л.А. Раннесредневековая амфора с древнееврейской надписью на свинцовой пломбе из Фанагории. *Российская археология*. 2020;3:159-172. doi 10.31857/S086960630010958-2 [Golofast L.A. Early medieval amphora with a Hebrew inscription on the lead seal from Phanagoria. *Rossiyskaya Archaeologiya = Russian Archaeology*. 2020;3:159-172. doi 10.31857/S086960630010958-2 (in Russian)]
- Добровольская М.В., Свирина Н.Г. Антропологические материалы хазарского времени из Фанагории. В: Фанагория. Результаты археологических исследований. Т. 6. Вып. 3. М., 2018;73-87 [Dobrovolskaya M.V., Svirina N.G. Anthropological materials of the Khazar period from Phanagoria. In: Phanagoria. Results of Archaeological Research. Vol. 6. Moscow, 2018;73-87 (in Russian)]
- Калинина Т.М. Три стадии существования и падение Хазарского каганата. В: Хазары: миф и история. М.: Мосты культуры, 2010; 25-41 [Kalinina T.M. Three stages of existence and the fall of the Khazar Khaganate. In: The Khazars: Myth and History. Moscow: Mosty Kultury Publ., 2010;25-41 (in Russian)]
- Кузнецов В.Д. Фанагорийская синагога (предварительное сообщение). *Российская археология*. 2024;3:117-127. doi 10.31857/S0869606324030085 [Kuznetsov V.D. Phanagorian synagogue (preliminary report). *Rossiyskaya Archaeologiya = Russian Archaeology*. 2024;3:117-127. doi 10.31857/S0869606324030085 (in Russian)]
- Кузнецов В.Д., Остапенко С.Н. Средневековая Фанагория: новые открытия. *Вестник древней истории*. 2024;84(2):386-399. doi 10.31857/S0321039124020077 [Kuznetsov V.D., Ostapenko S.N. Medieval Phanagoria: new discoveries. *Vestnik Drevney Istorii = J Ancient Hist*. 2024;84(2):386-399. doi 10.31857/S0321039124020077 (in Russian)]
- Манахов А.Д., Рождественских Е.В., Айтуганова Э.Д., Кунижева С.С., Ворошилов А.Н., Свирина Н.Г., Остапенко С.Н., Кузнецов В.Д., Рогаев Е.И. Генетические исследования погребенных из двух склепов античной эпохи восточного некрополя Фанагории. В: Труды VII (XXIII) Всероссийского археологического съезда. Т. 3. Красноярск, 2025;370-372 [Manakhov A.D., Rozhdestvenskikh E.V., Aituganova E.D., Kunizheva S.S., Voroshilov A.N., Svirina N.G., Ostapenko S.N., Kuznetsov V.D., Rogaev E.I. Genetic study of individuals buried in two tombs of the Classical period from the eastern necropolis of Phanagoria. In: Proceedings of the 7th (23rd) All-Russian Archaeological Congress. Vol. 3. Krasnoyarsk, 2025;370-372 (in Russian)]
- Новосельцев А.П. Хазарское государство и его роль в истории Восточной Европы и Кавказа. М.: Наука, 1990 [Novoseltsev A.P. The Khazar State and its Role in the History of Eastern Europe and the Caucasus. Moscow: Nauka Publ., 1990 (in Russian)]
- Плетнёва С.А. От кочевий к городам. Салтово-маяцкая культура. М.: Наука, 1967 [Pletneva S.A. From Nomadic Camps to Cities. The Saltovo-Mayaki Culture. Moscow: Nauka Publ., 1967 (in Russian)]
- Плетнёва С.А. Кочевники Средневековья. Поиски исторических закономерностей. М.: Наука, 1982 [Pletneva S.A. Nomads of the Middle Ages. In Search of Historical Patterns. Moscow: Nauka Publ., 1982 (in Russian)]
- Рождественских Е.В., Манахов А.Д., Ворошилов А.Н., Свирина Н.Г., Айтуганова Э.Д., Кунижева С.С., Андреева Т.В., Остапенко С.Н., Кузнецов В.Д., Рогаев Е.И. Историческая генетика Фанагории: геномный анализ людей из эллинистического склепа. *Краткие сообщения Института археологии*. 2026;282: 309-324. doi 10.25681/IARAS.0130-2620.282.309-324 [Rozhdestvenskikh E.V., Manakhov A.D., Voroshilov A.N., Svirina N.G., Aituganova E.D., Kunizheva S.S., Andreeva T.V., Ostapenko S.N., Kuznetsov V.D., Rogaev E.I. Historical genetics of Phanagoria: genomic analysis of individuals from a Hellenistic tomb. *Kratkie Soobshcheniya Instituta Arkheologii = Brief Commun Inst Archaeol*. 2026;282:309-324. doi 10.25681/IARAS.0130-2620.282.309-324 (in Russian)]
- Сазанов А.В., Могаричев Ю.М. Боспор и Хазарский каганат в конце VII–начале VIII вв. В: Журавлев Д.В., Ломтадзе Г.А. (ред.) Северное Причерноморье в эпоху античности и средневековья. М.: ГИМ, 2006;117-129 [Sazanov A.V., Mogarichev Yu.M. The Bosphorus and the Khazar Khaganate in the late 7th–early 8th centuries. In: Zhuravlev D.V., Lomtadze G.A. (Eds) Northern Black Sea Region in Antiquity and the Middle Ages. Moscow, 2006;117-129 (in Russian)]
- Семенов И.Г. Романовское погребение и донские памятники предсальтовской культуры хазарского времени. В: Проблемы хронологии археологических памятников степной зоны Северного Кавказа. Ростов-на-Дону, 1983;98-102 [Semenov I.G. The Romanovka burial and Don region sites of the pre-Saltovo culture of the Khazar period. In: Problems of Chronology of Archaeological Sites of the Steppe Zone of the North Caucasus. Rostov-on-Don, 1983;98-102 (in Russian)]
- Чичуров И.С. Византийские исторические сочинения: «Хронография» Феофана, «Бревиарий» Никифора: тексты, перевод, комментарий. М.: Наука, 1980 [Chichurov I.S. Byzantine Historical Works: “Chronographia” by Theophanes, “Breviarium” by Nikephoros: Texts, Translation, Commentary. Moscow: Nauka Publ., 1980 (in Russian)]
- Чхаидзе В.Н. Фанагория в VI–X веках. М.: Триумф принт, 2012 [Chkhaidze V.N. Phanagoria in the 6th–10th Centuries. Moscow, 2012 (in Russian)]
- Aibabin A.I. Written sources on Byzantine ports in the Crimea from the fourth to seventh century. *Uchenye Zapiski Tavricheskogo Natsional'nogo Universiteta imeni V.I. Vernadskogo. Seriya: Istoricheskkiye Nauki*. 2013;26(2):156-166
- Alaçamlı E., Naidoo T., Güler M.N., Sağlıcan E., Aktürk Ş., Mapelli I., Vural K.B., Somel M., Malmström H., Günther T. READv2: advanced and user-friendly detection of biological relatedness in archaeogenomics. *Genome Biol*. 2024;25:216. <https://doi.org/10.1186/s13059-024-03350-3>
- Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Res*. 2009;19(9): 1655-1664. doi 10.1101/gr.094052.109
- Anastasiadou K., Silva M., Booth T., Speidel L., Audsley T., Barrington C., Buckberry J., ... Holst M., Loe L., Armit I., Schulting R., Skoglund P. Detection of chromosomal aneuploidy in ancient genomes. *Commun Biol*. 2024;7(1):14. doi 10.1038/s42003-023-05642-z
- Andreeva T.V., Manakhov A.D., Gusev F.E., Patrikeev A.D., Golovanova L.V., Doronichev V.B., Shirobokov I.G., Rogaev E.I. Genomic analysis of a novel Neanderthal from Mezmaiskaya Cave provides insights into the genetic relationships of Middle Palaeolithic populations. *Sci Rep*. 2022;12(1):13016. doi 10.1038/s41598-022-16164-9
- Chang C.C., Chow C.C., Tellier L.C., Vattikuti S., Purcell S.M., Lee J.J. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *GigaScience*. 2015;4:7. doi 10.1186/s13742-015-0047-8
- Damgaard P. de B., Marchi N., Rasmussen S., Peyrot M., Renaud G., Korneliussen T., Moreno-Mayar J.V., ... Nielsen R., Sikora M., Heyer E., Kristiansen K., Willerslev E. 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature*. 2018;557(7705):369-374. doi 10.1038/s41586-018-0094-2
- Danecek P., Bonfield J.K., Liddle J., Marshall J., Ohan V., Pollard M.O., Whitwham A., Keane T., McCarthy S.A., Davies R.M., Li H. Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*. 2021;10(2):giab008. doi 10.1093/gigascience/giab008
- Derenko M., Malyarchuk B., Grzybowski T., Denisova G., Rogalla U., Perkova M., Dambueva I., Zakharov I. Origin and Post-Glacial dis-

- persal of mitochondrial DNA haplogroups C and D in Northern Asia. *PLoS One*. 2010;5(12):e15214. doi 10.1371/journal.pone.0015214
- Dunlop D.M. The History of the Jewish Khazars. Princeton University Press, 1954
- Ehler E., Novotný J., Juras A., Chyleński M., Moravčík O., Pačes J. AmtDB: a database of ancient human mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Res*. 2019;47(D1):D29-D32. doi 10.1093/nar/gky843
- Eltsov N., Volodko N. MtPhyl: Software tool for human mtDNA analysis and phylogeny reconstruction [WWW Document]. URL: <http://eltsov.org>
- Flegontov P., Altınışık N.E., Changmai P., Rohland N., Mallick S., Adamski N., Bolnick D.A., ... O'Rourke D.H., Krause J., Pinhasi R., Reich D., Schiffels S. Palaeo-Eskimo genetic ancestry and the peopling of Chukotka and North America. *Nature*. 2019;570(7760):236-240. doi 10.1038/s41586-019-1251-y
- Fu Q., Mittnik A., Johnson P.L.F., Bos K., Lari M., Bollongino R., Sun C., ... Caramelli D., Castellano S., Reich D., Pääbo S., Krause J. A revised timescale for human evolution based on ancient mitochondrial genomes. *Curr Biol*. 2013;23(7):553-559. doi 10.1016/j.cub.2013.02.044
- Gansauge M.-T., Meyer M. Single-stranded DNA library preparation for the sequencing of ancient or damaged DNA. *Nat Protoc*. 2013;8(4):737-748. doi 10.1038/nprot.2013.038
- Golden P.B. Khazar Studies. Budapest: Akadémiai kiadó, 1980
- HaploTree. 2025. URL: <https://haplotree.info/home/> (accessed 12.1.25)
- 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):1682-1684. doi 10.1093/bioinformatics/btt193
- Lazaridis I., Patterson N., Mittnik A., Renaud G., Mallick S., Kirsanow K., Sudmant P.H., ... Slatkin M., Pääbo S., Kelso J., Reich D., Krause J. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature*. 2014;513(7518):409-413. doi 10.1038/nature13673
- Lazaridis I., Patterson N., Anthony D., Vyazov L., Fournier R., Ringbauer H., Olalde I., ... Palamara P.F., Mallick S., Rohland N., Pinhasi R., Reich D. The genetic origin of the Indo-Europeans. *Nature*. 2025;639(8053):132-142. doi 10.1038/s41586-024-08531-5
- Li H., Durbin R. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. *Bioinformatics*. 2009;25(14):1754-1760. doi 10.1093/bioinformatics/btp324
- Mallick S., Micco A., Mah M., Ringbauer H., Lazaridis I., Olalde I., Patterson N., Reich D. The Allen Ancient DNA Resource (AADR) a curated compendium of ancient human genomes. *Sci Data*. 2024;11(1):182. doi 10.1038/s41597-024-03031-7
- Maróti Z., Neparáczki E., Schütz O., Maár K., Varga G.I.B., Kovács B., Kalmár T., ... Gulyás B., Kovacsóczy B.N., Gál S.S., Tomka P., Török T. The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Curr Biol*. 2022;32(13):2858-2870.e7. doi 10.1016/j.cub.2022.04.093
- Moutham 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):19-25. doi 10.2144/000114307
- Nikitin A.G., Lazaridis I., Patterson N., Ivanova S., Videiko M., Dergachev V., Kotova N., ... Workman J.N., Zalzal F., Mallick S., Rohland N., Reich D. A genomic history of the North Pontic Region from the Neolithic to the Bronze Age. *Nature*. 2025;639(8053):124-131. doi 10.1038/s41586-024-08372-2
- Patterson N., Price A.L., Reich D. Population structure and eigenanalysis. *PLoS Genet*. 2006;2(12):e190. doi 10.1371/journal.pgen.0020190
- Patterson N., Moorjani P., Luo Y., Mallick S., Rohland N., Zhan Y., Genschoreck T., Webster T., Reich D. Ancient admixture in human history. *Genetics*. 2012;192(3):1065-1093. doi 10.1534/genetics.112.145037
- Petr M., Vernot B., Kelso J. *admixr* – R package for reproducible analyses using ADMIXTOOLS. *Bioinformatics*. 2019;35(17):3194-3195. doi 10.1093/bioinformatics/btz030
- Picard Tools – By Broad Institute [WWW Document] 2019. URL: <https://broadinstitute.github.io/picard/> (accessed 12.1.25)
- Rasmussen M., Guo X., Wang Y., Lohmueller K.E., Rasmussen S., Albrechtsen A., Skotte L., ... Sicheritz-Pontén T., Vilems R., Nielsen R., Wang J., Willerslev E. An Aboriginal Australian genome reveals separate human dispersals into Asia. *Science*. 2011;334(6052):94-98. doi 10.1126/science.1211177
- Renaud G., Slon V., Duggan A.T., Kelso J. Schmutzi: estimation of contamination and endogenous mitochondrial consensus calling for ancient DNA. *Genome Biol*. 2015;16:224. doi 10.1186/s13059-015-0776-0
- Saag L., Utevska O., Zadnikov S., Shramko I., Gorbenko K., Bandrivskiy M., Pavliv D., ... Barrington C., Gilardet A., Macleod R., Skoglund P., Thomas M.G. North Pontic crossroads: mobility in Ukraine from the Bronze Age to the early modern period. *Sci Adv*. 2025;11(2):eadr0695. doi 10.1126/sciadv.adr0695
- Schiffels S. *stschiff/sequenceTools*. 2025. URL: <https://github.com/stschiff/sequenceTools>
- Schönherr S., Weissensteiner H., Kronenberg F., Forer L. Haplogrep 3 – an interactive haplogroup classification and analysis platform. *Nucleic Acids Res*. 2023;51(W1):W263-W268. doi 10.1093/nar/gkad284
- Schubert M., Ginolhac A., Lindgreen S., Thompson J.F., Al-Rasheid K.A., Willerslev E., Krogh A., Orlando L. Improving ancient DNA read mapping against modern reference genomes. *BMC Genomics*. 2012;13:178. doi 10.1186/1471-2164-13-178
- Schubert M., Lindgreen S., Orlando L. AdapterRemoval v2: rapid adapter trimming, identification, and read merging. *BMC Res Notes*. 2016;9:88. doi 10.1186/s13104-016-1900-2
- Thorvaldsdóttir H., Robinson J.T., Mesirov J.P. Integrative Genomics Viewer (IGV): high-performance genomics data visualization and exploration. *Brief Bioinform*. 2013;14(2):178-192. doi 10.1093/bib/bbs017
- Van Oven M., Kayser M. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Hum Mutat*. 2009;30(2):E386-E394. doi 10.1002/humu.20921
- YFull [WWW Document] 2025. URL: <https://www.yfull.com/> (accessed 12.01.25)

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила в редакцию 23.12.2025. После доработки 29.12.2025. Принята к публикации 29.12.2025.