

doi 10.18699/vjgb-26-96

Генетический анализ представителя воинской знати из могильника черняховской культуры Дальний (Выдрин) в Курской области

Е.В. Рождественских ¹, Т.В. Андреева ^{1, 2, 3}, С.С. Кунижева ^{1, 2}, А.Д. Манахов ^{1, 2}, М.С. Гашева ¹,
О.А. Радюш ⁴, И.К. Решетова ⁴, М.В. Добровольская ⁴, Е.И. Рогаев ^{1, 5}

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

⁴ Институт археологии Российской академии наук, Москва, Россия

⁵ Медицинская школа Чан Массачусетского университета, департамент психиатрии, Шрусбери, США

andreeva@rogaevlab.ru; evivrec@gmail.com

Аннотация. В позднеримский период на территории Восточной Европы происходит обострение военно-политической обстановки как на границе Рима (Римской империи) и Барбарикума, так и внутри них. Значительную роль в динамике этих процессов играла черняховская культурная общность, формирование которой, согласно историко-археологическим данным, происходило при активном участии германских племен, продвинувшихся в этот регион с Северо-Запада Европы, причерноморского оседлого и отчасти степного кочевого населения. Погребальный обряд черняховской культуры предполагает крайне редкое помещение оружия, предположительно, только в могилы представителей воинской знати. В связи с чем антропологический материал из подобных погребений является ценным объектом для археогенетических исследований, позволяющим понять генетическое происхождение представителей воинской элиты черняховского общества. В данной работе мы впервые представляем результаты полногеномного анализа представителя воинской элиты из статусного захоронения черняховской культуры на могильнике Дальний (Выдрин), расположенного на северной границе ареала черняховской культуры. Совокупность археологических данных и проведенного ранее антропологического анализа указывает на то, что погребенный индивид принадлежал к воинской знати периода позднеримской культуры, который датируется концом IV в. н.э. С использованием масштабного параллельного секвенирования были определены полногеномные последовательности этого индивида. Показана принадлежность индивида к мужскому полу. Анализ однородительских маркеров свидетельствует о европейском происхождении материнской и отцовской линий исследованного мужчины. На основе анализа аутосомных маркеров мы впервые продемонстрировали генетическую связь этого индивида, представляющего воинское сословие черняховской культуры, с представителями кочевых степных групп: скифов, сарматов и авар. Полученные результаты вносят вклад в понимание сложной картины межэтнических контактов, лежавших в основе формирования населения полиэтнической черняховской общности.

Ключевые слова: черняховская культура; позднеримское время; древняя ДНК; кочевники; археогенетика

Для цитирования: Рождественских Е.В., Андреева Т.В., Кунижева С.С., Манахов А.Д., Гашева М.С., Радюш О.А., Решетова И.К., Добровольская М.В., Рогаев Е.И. Генетический анализ представителя воинской знати из могильника черняховской культуры Дальний (Выдрин) в Курской области. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2026;30(6):955-963. doi 10.18699/vjgb-26-96

Финансирование. Результаты получены при финансовой поддержке исследования, реализуемого в рамках государственной программы федеральной территории «Сириус» «Научно-технологическое развитие федеральной территории «Сириус», соглашение № 18–03 от 10.09.2024 (ЕВР, ТВА, АДМ, МСГ).

Genetic analysis of a representative of the military nobility from the Dal'niy (Vydrin) burial ground of the Chernyakhov culture in the Kursk region

E.V. Rozhdestvenskikh ¹, T.V. Andreeva ^{1, 2, 3}, S.S. Kunizheva ^{1, 2}, A.D. Manakhov ^{1, 2}, M.S. Gasheva ¹,
O.A. Radyush ⁴, I.K. Reshetova ⁴, M.V. Dobrovolskaya ⁴, E.I. Rogayev ^{1, 5}

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

⁴ Institute of Archaeology of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

⁵ UMass Chan Medical School, Department of Psychiatry, Shrewsbury, USA

andreeva@rogaevlab.ru; evivrec@gmail.com

Abstract. During the late Roman period, the military and political conditions in Eastern Europe declined both along the frontier between the Roman Empire and Barbaricum and within those territories. The Chernyakhov culture played an important role in the dynamics of these events. According to historical and archaeological evidence, this society was formed by Germanic tribes that had moved into the region from northwestern Europe, as well as a nomadic population of the steppes. The Chernyakhov culture's funerary traditions included the placement of weapons, most likely solely in the graves of military nobles. In this context, human remains from these burials serve as a unique resource for archaeogenetic studies, enabling insights into the genetic origins of the military aristocracy within the Chernyakhov culture. In this paper, we present the results of a whole-genome analysis of a member of the military elite from a status burial of the Chernyakhov culture at the Dal'niy (Vydrin) burial ground, located on the northern border of the Chernyakhov culture area. According to archaeological data and previous anthropological analysis, the buried individual belonged to the military nobility of the late Chernyakhov culture, which lasted from the fourth to fifth centuries AD. The whole-genome sequences of this individual were generated by large-scale parallel sequencing. The individual was shown to be male. Analysis of haplogroup markers indicated the European origin of maternal and paternal lineages. The examination of autosomal markers clearly indicated a genetic link between this individual, associated with the warrior class of the Chernyakhov culture, and members of nomadic steppe groups, specifically the Scythians, Sarmatians, and Avars. The results contribute to our understanding of the complex picture of interethnic contacts that created the basis for the formation of the polyethnic Chernyakhov culture.

Key words: Chernyakhov culture; late Roman period; ancient DNA; nomads; archaeogenetics

For citation: Rozhdestvenskikh E.V., Andreeva T.V., Kunizheva S.S., Manakhov A.D., Gasheva M.S., Radyush O.A., Reshetova I.K., Dobrovol'skaya M.V., Rogaev E.I. Genetic analysis of a representative of the military nobility from the Dal'niy (Vydrin) burial ground of the Chernyakhov culture in the Kursk region. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selekcii* = *Vavilov J Genet Breed.* 2026;30(6):955-963. doi 10.18699/vjgb-26-96

Введение

В позднеримский исторический период (II–V вв. н. э.) на границах Европы и Великой степи происходили значительные изменения. В этот период на обширной территории за пределами границ Римской империи (территории Барбарикума) наблюдались масштабные миграции, военно-политические кризисы и формирование новых культурных сообществ (Хитер, 2011). Одной из наиболее значительных среди них является черняховская культурно-историческая общность (середина III–начало V в. н. э.), занимавшая обширные территории от Нижнего Дуная до Северского Донца и Курского Посемья. Археологические исследования подтверждают, что черняховская культура сформировалась в результате сложного полиэтнического процесса, включавшего миграцию германских племен из Северо-Западной Европы, а также их взаимодействие с местным населением, проживавшим в лесной и лесостепной зонах (Терпиловский, 2000; Обломский, 2002; Радюш, 2018, 2023). Данные антропологии показывают также возможность наличия генетической связи черняховского социума с населением степных районов, представленным популяциями скифо-сарматского круга (скифы, сарматы, аланы) (Рудич, 2006, 2010).

Несмотря на относительное единообразие материальной культуры, погребальный обряд черняховского общества позволял четко определить социальную иерархию. Захоронения с оружием встречаются крайне редко и, согласно общепринятому в археологии мнению, относятся к представителям воинской аристократии (Радюш, 2012, 2019; Радюш, Васильев, 2022). Таким образом, антропологический материал из таких захоронений представляет собой уникальный источник для изучения генетического облика и происхождения представителей воинской элиты черняховского общества, игравшей ключевую роль в военно-политических процессах эпохи Великого переселения народов.

В 2021 г. в ходе археологических раскопок на могильнике черняховской культуры Дальний (Выдрин) в верховьях реки Суджи в Курской области было обнаружено уникальное по богатству инвентаря захоронение мужчины в возрасте 35–40 лет (Радюш, Васильев, 2022; Радюш и др., 2025). Погребение, датируемое концом IV в., содержало большое количество керамических сосудов высокого качества, в том числе массивную чернолощеную вазу и кувшин, а также стеклянный кубок, пряжки и фибулу. В изголовье был обнаружен клинок длиной около 40 см. Благодаря хорошей сохранности органических материалов удалось установить, что оружие находилось в деревянных ножнах и было изготовлено из дамасской стали. С учетом традиции черняховского погребального обряда индивид был отнесен к представителям воинской знати, что подтверждается данными антропологического анализа, выявившего комплекс физических признаков, характерных для опытного всадника, регулярно подвергавшегося физическим и воинским нагрузкам (Радюш и др., 2025). Данное захоронение является уникальным для памятников черняховской культуры левобережья Днепра, а его расположение вблизи так называемого Княжеского погребения у деревни Большой Каменец в Курской области подчеркивает высокий статус погребенного мужчины (Радюш, Васильев, 2022).

Несмотря на то что в исторической науке традиционно признается полиэтничность черняховской общности, вопрос о происхождении ее воинской элиты, особенно в периферийных регионах левобережного днепровского ареала, остается дискуссионным. Археогенетические исследования предоставляют инструмент для проверки исторических и археологических гипотез на уровне генетического изучения отдельных индивидов.

В рамках данного исследования впервые представлены результаты полногеномного анализа представителя воин-

ской аристократии черняховской культуры, из погребения на могильнике Дальний (Выдрин), расположенном в Большесолдатском районе Курской области.

Материалы и методы

Выделение древней ДНК (дДНК) проводили в специальных помещениях, предназначенных для работы с древним материалом на базе АНОО ВО «Университет “Сириус”». Молекулярно-генетические работы выполняли в соответствии с ранее разработанными методиками (Gansauge, Meyer, 2013; Andreeva et al., 2022). В качестве источника дДНК использовали костный порошок, полученный из корня зуба индивида из захоронения 12 с территории могильника Дальний (Выдрин). Для исследуемого образца (далее обозначен Dch08), были приготовлены две геномные библиотеки: из нативной ДНК и ДНК, обработанной смесью ферментов PreCR Repair Mix (NEB) для восстановления постмортальных модификаций (Mouttham et al., 2015). Секвенирование проводили на платформах Illumina MiSeq и Illumina NovaSeq 6000 в режиме одноконцевых прочтений (56 нукл.).

Полученные в результате секвенирования исходные данные были проанализированы с использованием биоинформатического конвейера, включающего программы FastQC, AdapterRemoval v2, mapDamage v2, BWA, SAMtools, BCFtools, BEDTools, BamUtil (Li et al., 2009; Schubert et al., 2012, 2016; Jónsson et al., 2013; Picard Tools – By Broad Institute, 2019; Danecsek et al., 2021). Прочтения после удаления адаптерных последовательностей были картированы на референсную последовательность митохондриального генома человека (мтДНК, NC_012920.1), а также на референсный геном человека (сборка GRCh37). Уровень контаминации исследуемой дДНК оценивали двумя методами: расчетом гетерозиготности митохондриального генома с использованием программы Schmutzi (Renaud et al., 2015) и анализом полиморфизмов X-хромосомы с помощью программы ANGSD (Rasmussen et al., 2011). Определение генетического пола исследуемого индивида осуществляли с помощью метода karyo_RxRy (Anastasiadou et al., 2024).

Последовательность митохондриального генома была реконструирована на основе BAM-файла. Определение гаплогруппы выполнено в HaploGrep 3 (PhyloTree build 17) (Schönherr et al., 2023) с последующим уточнением по YFull MTre 1.02 (YFull, 2025). Филогеографический анализ проводили с использованием последовательностей современных и древних образцов из баз NCBI (отобраны с помощью BLAST при Query cover = 100 % и Percent Identity 99.95 %), AmnDB (Ehler et al., 2019). Построение филогенетического дерева выполняли с помощью программы mtPhyl (Eltsov, Volodko, 2016) с исключением позиций с высокой частотой мутаций.

Для определения гаплогруппы Y-хромосомы использовали программу yhaplo (Poznik, 2016). Для подтверждения Y-гаплогруппы проводили проверку выявленных однонуклеотидных вариантов с помощью данных ISOGG Y-DNA Haplogroup Tree 2019–2020 (International Society..., 2024;

<https://isogg.org/tree/index.html>) и YFull YTree v.11.01.00 (YFull, 2025).

Для проведения популяционного анализа был создан набор псевдогаплоидных генотипов для маркеров панели «1240k» (Mathieson et al., 2015). Для получения генотипов использованы samtools mpileup, а также опция --randomHaploid из пакета pileupCaller (Schiffels, 2025). В анализ были включены индивиды, датируемые периодом от 6050 г. до н.э. до 1326 г. н.э., из базы данных AADR, при этом использовали только генотипы, полученные на основе данных полногеномного секвенирования. Дополнительно в выборку вошли геномные данные ранее опубликованных образцов черняховской культуры и индивидов, связанных со скифо-сарматским кругом (Andreeva et al., 2025; Saag et al., 2025; Schütz et al., 2025). Образцы с выявленными родственными связями, а также для которых определены генотипы менее чем по 10 тыс. маркеров, были исключены из анализа.

Для проведения анализа методом главных компонент (PCA) отобранные древние образцы были объединены с современными образцами из панели Human Origins (HO), содержащей ~600 тыс. генетических маркеров (Lazaridis et al., 2014). Из полученного файла были отфильтрованы транзиции и варианты с низкой частотой минорного аллеля (--maf 0.01), а также варианты с высокой долей пропущенных генотипов (--geno 0.95). Расчет главных компонент выполняли с использованием модуля smartpca пакета EIGENSOFT v.6.1.4 (Patterson et al., 2006). Древние образцы были визуализированы на графике PCA путем их проекции на пространство главных компонент, полученного на основе современных популяций.

Для проведения анализа ADMIXTURE набор данных был дополнен популяциями с максимизированными генетическими компонентами. Из полученного файла с помощью биоинформатического пакета PLINK 1.9 (Chang et al., 2015) были удалены транзиции, варианты с низкой частотой минорного аллеля, а также генетически сцепленные варианты с указанием параметра “--indep-pairwise 200 5 0.5”. Для определения оптимального числа генетических компонент (K) выполнено 10 независимых запусков ADMIXTURE для каждого значения K от 2 до 20 с расчетом ошибки перекрестной проверкой (--cv). В качестве оптимального выбрано значение K, соответствующее наименьшему значению CV error.

Результаты и обсуждение

В результате секвенирования ДНК, выделенной из костного порошка образца Dch08, и последующего картирования последовательностей на референсные геномы получено среднее геномное покрытие ~1x и > 100x для среднего покрытия мтДНК (см. таблицу). На концах прочтений выявлена повышенная частота замен цитозина на тимин, что подтверждает аутентичность дДНК (рис. 1). Генетический пол индивида определен как мужской (XY). Уровень контаминации не превышал 4 %.

Митохондриальная последовательность индивида принадлежит к гаплогруппе U5a1 и содержит дополнительно

Сводная статистика для полученных геномных данных образца Dch08

Количество полученных прочтений	Доля прочтений, картированных на геном человека (GRCh37)	Среднее покрытие генома (GRCh37)	Среднее покрытие митохондриального генома человека (NC_012920)	Уровень контаминации по мтДНК (Schmutzi)	Уровень контаминации по X-хромосоме (ANGSD)
241 112 513	41.31 %	x0.9	x118.1	4 %	0.42 %

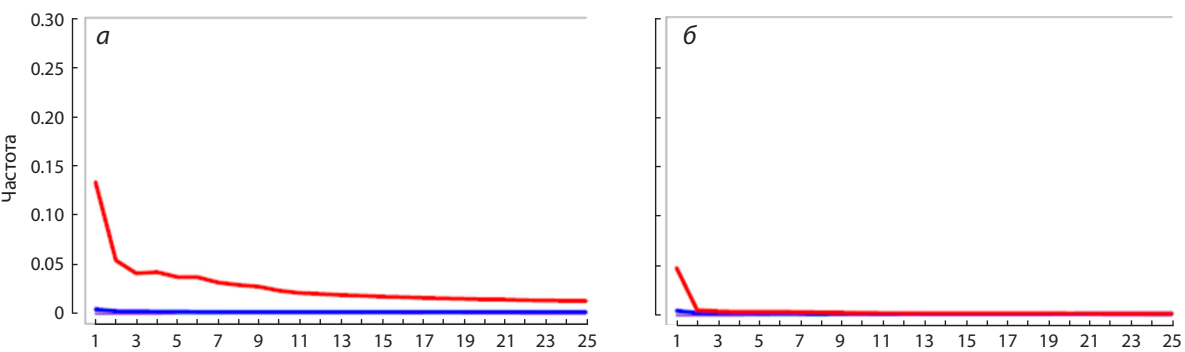


Рис. 1. Профиль замен цитозина на тимин (красная кривая) в прочтениях, картированных на референсный геном человека GRCh37.
Результаты, полученные для геномной библиотеки, приготовленной: а – из нативной ДНК; б – из репарированной ДНК.

ные варианты в позициях 12811 и 8610, по которым он кластеризуется вместе с индивидом из позднеминойского некрополя Армени (о. Крит, Греция, 1370–1340 гг. до н. э.) (Lazaridis et al., 2017) и современными жителями Испании и Италии (рис. 2). При этом митогеном образца Dch08 относится к уникальной ветви в рамках гаплогруппы U5a1, его отличают специфические варианты в позициях 200, 6098, 16207, не встречающиеся у древних и современных представителей данной клады.

Гаплогруппа U5a1 выделилась 15.4 тыс. лет назад (согласно данным Yfull) и была обнаружена у представителей мезолитического населения Северной и Восточной Европы (Skoglund et al., 2014; Mathieson et al., 2015, 2018; Günther et al., 2018; Allentoft et al., 2024), у представителей поздненеолитических культур шнуровой керамики и колоколовидных кубков (Linderholm et al., 2020), также у индивидов из таких культур бронзового века, как срубная (Krzewińska et al., 2018; Mathieson et al., 2018) и минойская (Lazaridis et al., 2017), у индивидов железного века из Италии (Emery et al., 2018), Польши (Stolarek et al., 2023), у сарматов с территории Казахстана (Damgaard et al., 2018). В настоящее время эта линия встречается среди жителей Италии, Испании и на территории России (в частности, в отдельных популяциях Северного Кавказа), что указывает на ее широкое распространение в Западной Евразии.

У-хромосомный гаплотип индивида Dch08 принадлежит к гаплогруппе R1a1a1b1 (R1a-Z283), маркеры, характерные для более глубоких субклад, не обнаружены. Данная линия образовалась предположительно 5–6 тыс. лет назад, и ее широкое распространение на территории Европы связывают с экспансией носителей культуры шнуровой керамики (Haak et al., 2008; Underhill et al., 2010; Saag et

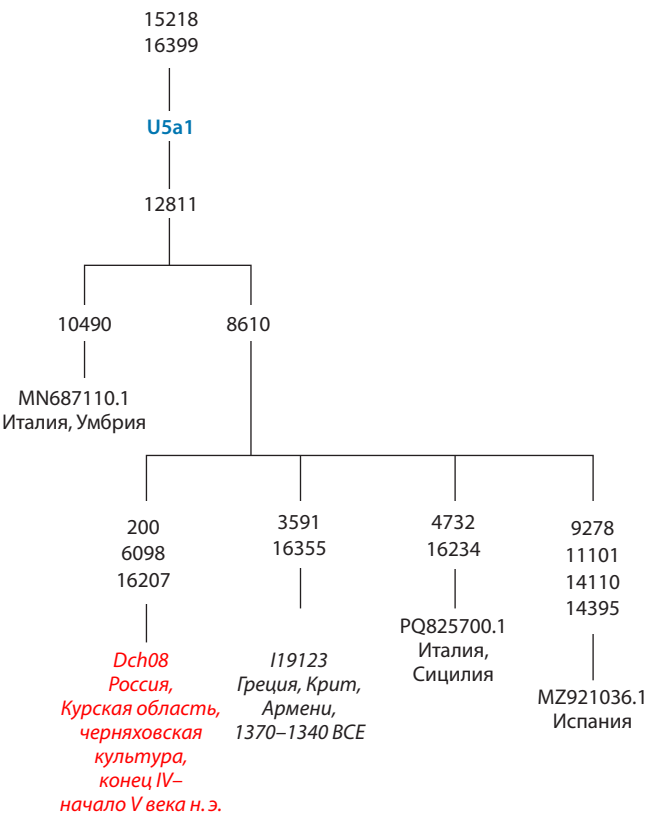


Рис. 2. Фрагмент филогенетического дерева гаплогруппы U5a1.
Цифрами обозначены позиции, в которых выявлены однонуклеотидные замены. Для каждого образца указано географическое/этническое происхождение, для древних образцов дополнительно указана датировка. Исследуемый образец Dch08 обозначен красным цветом. Древние образцы выделены курсивом.

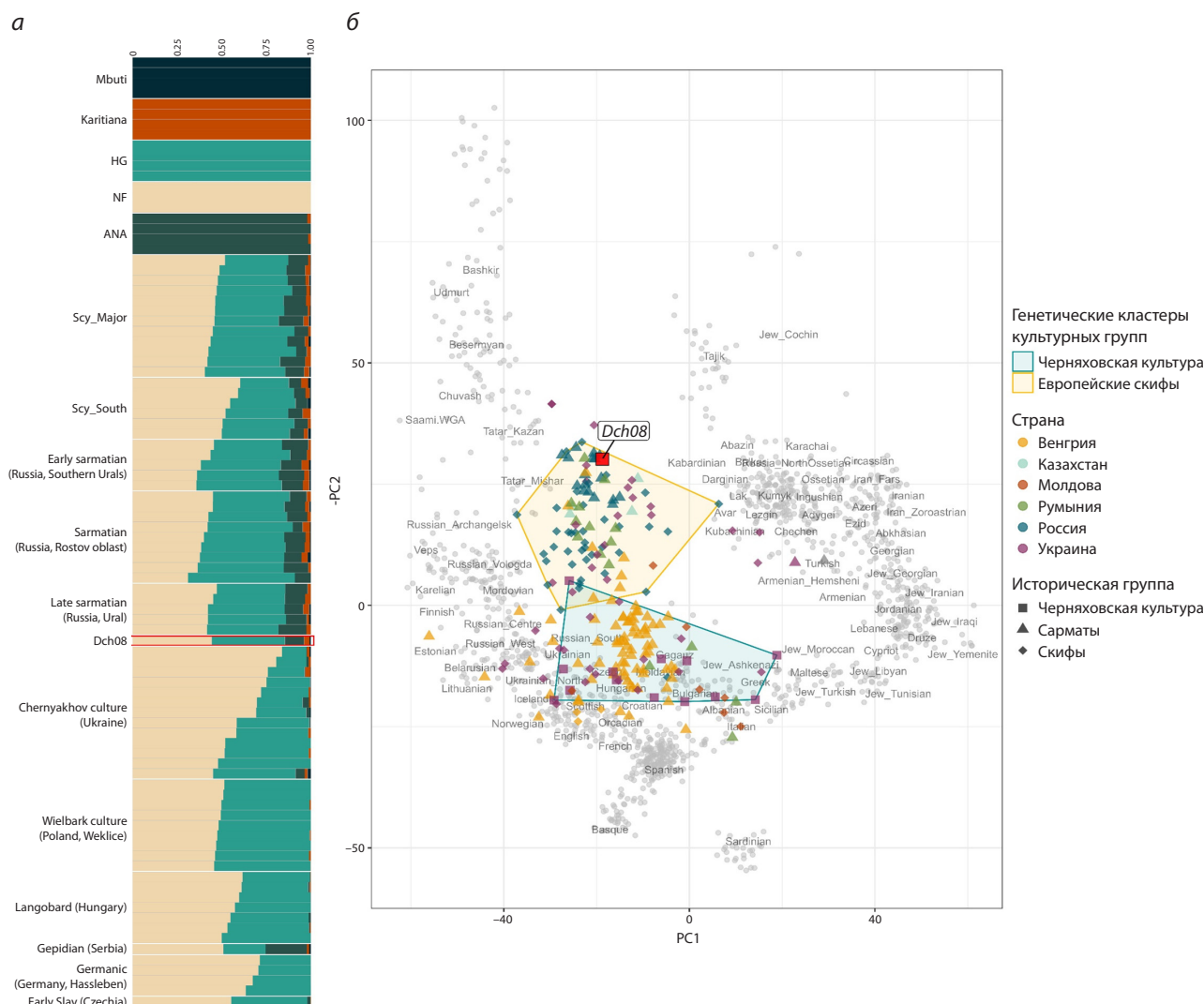


Рис. 3. Результаты анализов ADMIXTURE (a) и PCA (б) для исследованного индивида из могильника Дальний (Выдрин) и ранее опубликованных древних индивидов.

Наименование древних групп представлено в соответствии с базой данных AADR (Mallick et al., 2024) и публикациями (Andreeva et al., 2025; Saag et al., 2025). NF (Neolithic Farmers) – Austria_N_LBK.SG, Turkey_Marmara_Barcin_N.SG, Germany_Saxony_LBK_N.SG; ANA (Ancient north asian) – Mongolia_Xiongnu.SG, Russia_DevilsCave_N.SG; HG (Hunter-gatherers) – Italy_Epigraevettian.SG, Russia_Mesolithic_Veretye.SG.

al., 2019); древнейшие образцы предковой гаплогруппы R1a обнаружены в могильнике Элау (Восточная Германия, ~2600 г. до н. э.) и у представителей той же культуры на территории Эстонии (2702 г. до н. э.) (Haak et al., 2008; Saag et al., 2019). В более поздний период, включая раннее Средневековье, носители гаплогруппы R1a-Z283 найдены в Скандинавии и других европейских регионах (McColl et al., 2024).

По данным электронной базы FamilyTreeDNA (<https://www.familytreedna.com/public/y-dna-haploree/R>), этот субклад наиболее распространен в современных европейских популяциях, преимущественно Польши (14.37 %), Швеции (11.62 %) и России (10.72 %). Полученный результат свидетельствует о генетической преемственности образца Dch08 по мужской линии от популяций, которые сформировались на территории Европы в эпоху позднего неолита.

Результаты анализов главных компонент и ADMIXTURE исследуемого образца Dch08 показывают отличие генетического профиля от ранее исследованных индивидов черняховской культуры с территории памятников Легедзин, Шишаки, Золочив и Комаров-1 (Järve et al., 2019; Saag et al., 2025) (рис. 3). Исследуемый образец на графике PCA попадает в кластер образцов кочевников раннего железного века (скифов и сарматов), а также демонстрирует сходство с ними по результатам анализа ADMIXTURE. Ранее проведенные анализ археологических материалов, происходящих с памятников черняховской культуры, а также краниологический анализ ее представителей свидетельствуют о вероятном присутствии в составе данной культурной общности незначительной доли индивидов, генетически связанных с популяциями скифо-сарматского круга, в восточных и южных частях ареала (Нижнее По-

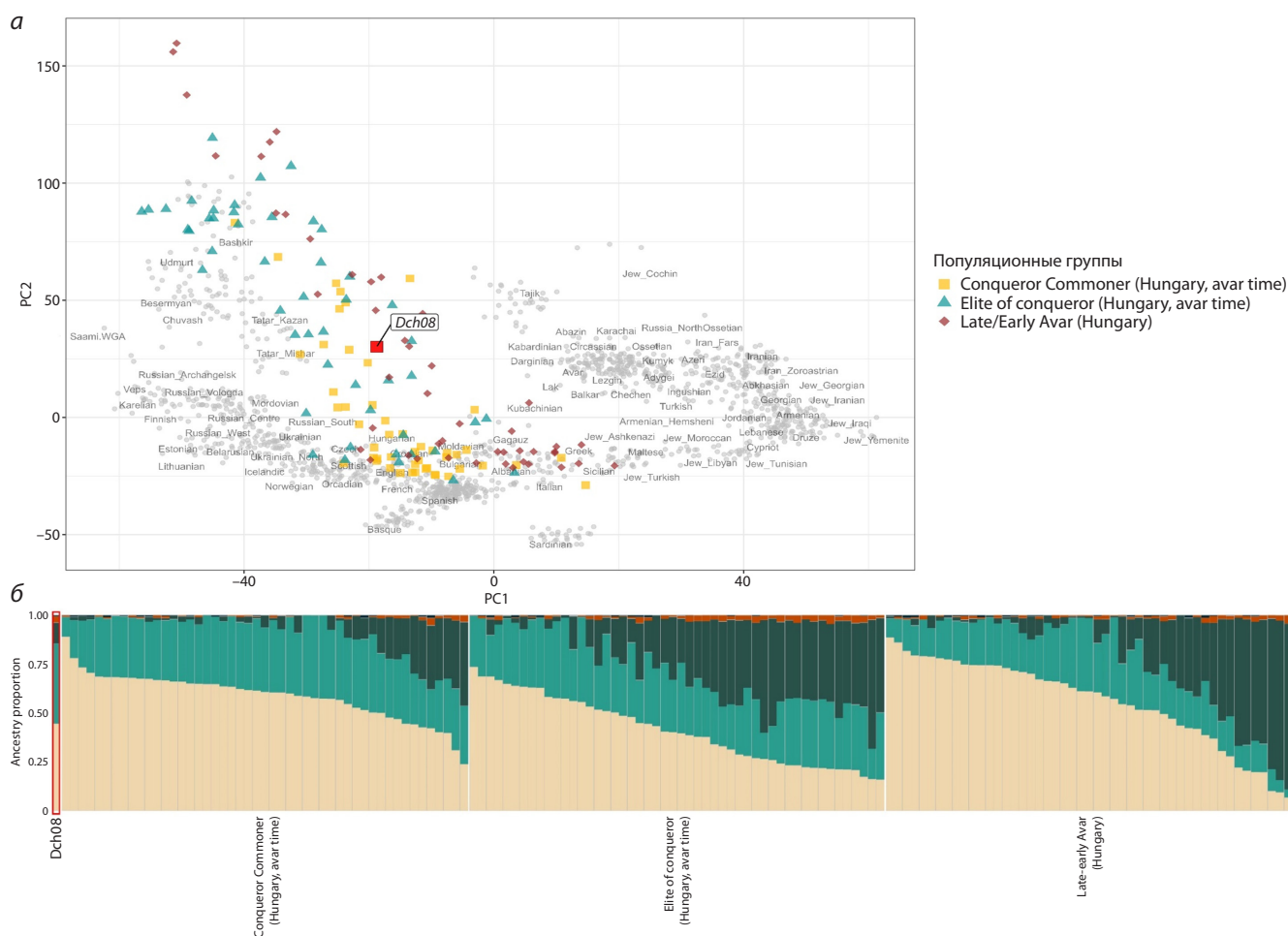


Рис. 4. Результаты анализов PCA (а) и ADMIXTURE (б) для исследованного индивида из могильника Дальний (Выдрин) и ранее опубликованных древних индивидов аварского времени с территории Венгрии.

Обозначения групп см. на рис. 3.

днепровье, Северное Причерноморье, степные районы) (Рудич, 2010, 2014; Радюш, 2023).

Полученные нами данные подтверждают эти теории. В отличие от всех исследованных ранее образцов представителей черняховской культуры, генетический профиль Dch08 содержит азиатские компоненты (ANA), характерные для всех включенных в анализ кочевников раннего железного века. Следует отметить, что генетические профили, сходные с профилем образца Dch08, были также обнаружены среди индивидов аварского времени (VI–IX вв. н.э.) с территории Венгрии (рис. 4), происхождение которых связывают со скифо-сарматскими группами (Maróti et al., 2022).

Согласно историческим и археологическим данным, предполагается, что в формировании черняховской культурной общности, вероятно, принимали участие переселенцы с территории Северной Европы, представленные племенами готов и близкими им гепидами, герулами, а также, возможно, другие восточногерманские группировки (Седов, 1979; Магомедов, 2001; Щукин, 2005). На основе проведенного анализа мы не выявили сходства Dch08 ни с одной из рассматриваемых групп, для которых на момент

написания статьи были доступны полногеномные данные. В частности, не обнаружено связи с носителями вельбаркской культуры (Stolarek et al., 2023; Antonio et al., 2024), лангобардов (Amorim et al., 2018), гепидов (Veeramah et al., 2018) (см. рис. 3). Сочетание однородительских маркеров западноевразийского происхождения (Y: R1a-Z283; мтДНК: U5a1) и аутосомного профиля, более характерного для представителей кочевых групп (скифов, сарматов и авар), указывает на возможное происхождение индивида Dch08 из популяции, испытавшей генетическое влияние со стороны кочевников.

Заключение

В результате проведенного полногеномного исследования индивида из могильника Дальний (Выдрин) впервые установлена генетическая связь между представителем воинской элиты черняховской культуры и кочевым населением степей первой половины I тысячелетия н.э. Известно, что развитие комплекса вооружения у племен, населявших лесостепные территории Восточной Европы в первой половине I тысячелетия нашей эры, в частности у представителей черняховской культуры, в значительной

степени обусловлено влиянием Центральной Европы и Римской империи. Влияние кочевых народов степей на этот процесс было менее выраженным. Однако к концу времени существования черняховской культуры, к периоду, к которому относится могильник Дальний (Выдрин), это влияние стало играть значимую роль (Радюш, 2023), что подтверждают обнаруженные нами степные компоненты в генетическом профиле индивида, относящегося к позднему периоду черняховской культуры.

Настоящее исследование расширяет базу источников для реконструкции механизмов этногенеза и социальной стратификации населения Восточной Европы в предгуннское и гуннское время, демонстрируя продуктивность интеграции палеогенетических, археологических и нарративных данных.

Список литературы / References

- Магомедов Б.В. Черняховская культура. Проблема этноса. Lublin, 2001;140-143. Доступно: http://archaeology.ru/Download/Magomedov/Magomedov_2001_Czerniachov_ethnos.pdf [Magomedov B.V. Chernyakhov Culture. The Problem of Ethnicity. Lublin, 2001;140-143. Available: http://archaeology.ru/Download/Magomedov/Magomedov_2001_Czerniachov_ethnos.pdf (in Russian)]
- Обломский А.М. Днепровское лесостепное Левобережье в поздне-римское и гуннское время (середина III–первая половина V в. н.э.). М.: Наука, 2002 [Oblomskiy A.M. The Forest-steppe Dnieper Left Bank Area in the Late Roman and Hun Ages (Middle III–first Half of V Centuries A.D.). Moscow: Nauka Publ., 2002 (in Russian)]
- Радюш О.А. Вооружение III–V вв. н.э. с черняховских поселений Курского Посемья. *Stratum Plus. Археология и культурная антропология*. 2012;4:139-155 [Radyush O.A. Armament of 3rd–5th centuries AD from Chernyakhov culture settlements from the Sejm river basin in the Kursk region. *Stratum Plus. Archaeol Cultural Anthropol*. 2012;4:139-155 (in Russian)]
- Радюш О.А. Черняховская и киевская культуры: соотношение и проблемы в интерпретации памятников на востоке днепровского левобережья. В: Ранний железный век Евразии от рубежа эр до середины I тыс. н.э. Динамика освоения культурного пространства. СПб.: Скифия-принт, 2018;119-125 [Radyush O.A. The Chernyakhov and Kiev cultures: correlations and problems in the interpretation of artifacts in the eastern Dnieper left bank area. In: Early Iron Age in Eurasia from the Turn of Eras to the Middle 1st Millennium A.D.: Dynamics of Cultural Arena Expansion. St. Petersburg: Skifiya-Print Publ., 2018;119-125 (in Russian)]
- Радюш О.А. Престижное вооружение и доспех V–VI вв. на востоке раннеславянского мира. В: Балканы, Подунавье и Восточная Европа в римское время и в раннем средневековье. Нови-Сад, 2019;261-288 [Radyush O.A. Top-quality weapon and armor in the eastern Early Slavic world in the 5th–6th centuries. In: Balkans, Danube Region, and Eastern Europe in the Roman and Early Middle Ages. Novi-Sad, 2019;261-288 (in Russian)]
- Радюш О.А. «Сарматские» элементы в вооружении черняховской культуры? (Некоторые дискуссионные вопросы в изучении оружия поздне-римского времени и начала эпохи переселения народов в Восточной Европе). *Нижневольтский археологический вестник*. 2023;22(2):126-166. doi 10.15688/nav.jvolsu.2023.2.7 [Radyush O.A. “Sarmatian” elements in the armament of the Chernyakhov culture? (Some controversial issues in the study of weapons of the late Roman period and the beginning of the migration era of peoples in Eastern Europe). *Nizhnevolzhskii Arkheologicheskii Vestnik* = *Lower Volga Archaeological Bulletin*. 2023;22(2):126-166. doi 10.15688/nav.jvolsu.2023.2.7 (in Russian)]
- Радюш О.А., Васильев А.А. Погребение с оружием на могильнике черняховской культуры Дальний (Выдрин) в Курской области. *Нижневольтский археологический вестник*. 2022;208-242. doi 10.15688/nav.jvolsu.2022.2.13 [Radyush O.A., Vasil'ev A.A. Burial with weapons at the burial ground of the Chernyakhov culture Dal'niy (Vydrin) in the Kursk region. *Nizhnevolzhskii Arkheologicheskii Vestnik* = *Lower Volga Archaeological Bulletin*. 2022;21(2):208-242. doi 10.15688/nav.jvolsu.2022.2.13 (in Russian)]
- Радюш О.А., Решетова И.К., Рассказова А.В. Междисциплинарные исследования материалов черняховской культуры IV в. из могильника Дальний (Выдрин) в верховьях реки Суджа. *Stratum Plus. Археология и культурная антропология*. 2025;4:171-220. doi 10.55086/sp254171220 [Radyush O.A., Reshetova I.K., Rasskazova A.V. Interdisciplinary research of Chernyakhov culture materials of the 4th century AD from the Dal'niy (Vydrin) burial ground in the upper reaches of the Sudzha river. *Stratum Plus. Archaeol Cultural Anthropol*. 2025;4:171-220. doi 10.55086/sp254171220 (in Russian)]
- Рудич Т.А. Сарматы в составе черняховской культуры (по материалам антропологии). В: Готы и Рим. Киев: Библиотека Vita Antiqua, 2006;73-86 [Rudich T.A. Sarmatians in the Chernyakhov culture according to anthropological data. In: The Goths and Rome. Kiev, Biblioteka Vita Antiqua Publ., 2006;73-86 (in Russian)]
- Рудич Т.А. Население черняховской культуры Дунайско-Днестровского междуречья по материалам антропологии. *Stratum Plus. Археология и культурная антропология*. 2010;4:223-231 [Rudich T.A. Chernyakhov culture population on the territories between the Danube and Dniester rivers according to the anthropological data. *Stratum Plus. Archaeol Cultural Anthropol*. 2010;4:223-231 (in Russian)]
- Рудич Т.О. Населения Среднего Подніпров'я I–II тисячоліття за матеріалами антропології. Київ: Майдан, 2014 [Rudich T.O. Inhabitants of the Middle Dnieper Region in the 1st and 2nd Millennia According to Anthropological Data. Kyiv: Maidan Publ., 2014 (in Ukrainian)]
- Седов В.В. Происхождение и ранняя история славян. М.: Наука, 1979 [Sedov V.V. The Origin and Early History of Slavs. Moscow: Nauka Publ., 1979 (in Russian)]
- Терпиловский Р.В. Киевская и черняховская культуры. Проблема контактов. *Stratum Plus. Археология и культурная антропология*. 2000;4:303-311 [Terpilovskii R.V. Kiev and Chernyakhov cultures: the problem of contacts. *Stratum Plus. Archaeol Cultural Anthropol*. 2000;4:303-311 (in Russian)]
- Хитер П. Падение Римской империи. Новая история Рима и варваров. М.: АСТ, 2011 [Heather P. The Fall of the Roman Empire: a New History of Rome and the Barbarians. Oxford: Oxford University Press, 2005]
- Шукин М.Б. Готский путь (готы, Рим и черняховская культура). СПб., 2005 [Shchukin M.B. The Gothic Way (Goths, Rome and the Culture of Chernyakhov). Saint-Petersburg, 2005 (in Russian)]
- Allentoft M.E., Sikora M., Refoyo-Martínez A., Irving-Pease E.K., Fischer A., Barrie W., Ingason A., ... Delaneau O., Werge T., Racimo F., Kristiansen K., Willerslev E. Population genomics of post-glacial western Eurasia. *Nature*. 2024;625(7994):301-311. doi 10.1038/s41586-023-06865-0
- Amorim C.E.G., Vai S., Posth C., Modi A., Koncz I., Hakenbeck S., La Rocca M.C., ... Barbujani G., Krause J., Caramelli D., Geary P.J., Veeramah K.R. Understanding 6th-century barbarian social organization and migration through paleogenomics. *Nat Commun*. 2018; 9(1):3547. doi 10.1038/s41467-018-06024-4

- 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;7:14. 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
- Andreeva T.V., Soshkina A.D., Gusev F.E., Malyarchuk A.B., Dotsenko G.S., Dudko N.A., Plotnikova M.Yu., ... Kantorovich A.R., Maslov V.E., Barinov D.G., Dobrovolskaya M.V., Rogaev E.I. Genetic history of Scythia. *Sci Adv.* 2025;11(30):eads8179. doi 10.1126/sciadv.ads8179
- Antonio M.L., Weiß C.L., Gao Z., Sawyer S., Oberreiter V., Moots H.M., Spence J.P., ... Borić D., Novak M., Coppa A., Pinhasi R., Pritchard J.K. Stable population structure in Europe since the Iron Age, despite high mobility. *eLife.* 2024;13:e79714. doi 10.7554/eLife.79714
- 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(1):7. doi 10.1186/s13742-015-0047-8
- Damgaard P.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
- Ehler E., Novotný J., Juras A., Chyleński M., Moravčík O., Pačes J. AmdtDB: 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. 2016
- Emery M.V., Duggan A.T., Murchie T.J., Stark R.J., Klunk J., Hider J., Eaton K., Karpinski E., Schwarcz H.P., Poinar H.N., Prowse T.L. Ancient Roman mitochondrial genomes and isotopes reveal relationships and geographic origins at the local and pan-Mediterranean scales. *J Archaeol Sci Rep.* 2018;20:200-209. doi 10.1016/j.jasrep.2018.04.036
- 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
- Günther T., Malmström H., Svensson E.M., Omrak A., Sánchez-Quinto F., Kılınc G.M., Krzewińska M., ... Lidén K., Skar B., Storå J., Götherström A., Jakobsson M. Population genomics of Mesolithic Scandinavia: investigating early postglacial migration routes and high-latitude adaptation. *PLoS Biol.* 2018;16(1):e2003703. doi 10.1371/journal.pbio.2003703
- Haak W., Brandt G., de Jong H.N., Meyer C., Ganslmeier R., Heyd V., Hawkesworth C., Pike A.W.G., Meller H., Alt K.W. Ancient DNA, Strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the Later Stone Age. *Proc Natl Acad Sci.* 2008;105(47):18226-18231. doi 10.1073/pnas.0807592105
- International Society of Genetic Genealogy (ISOGG v15.73). 2024. URL: <https://isogg.org/tree/index.html> (accessed 12.24.2025)
- Järve M., Saag L., Scheib C.L., Pathak A.K., Montinaro F., Pagani L., Flores R., ... Metspalu M., Savelev N., Kriiska A., Kivisild T., Villems R. Shifts in the genetic landscape of the Western Eurasian Steppe associated with the beginning and end of the Scythian dominance. *Curr Biol.* 2019;29(14):2430-2441.e10. doi 10.1016/j.cub.2019.06.019
- 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
- Krzewińska M., Kılınc G.M., Juras A., Koptekin D., Chyleński M., Nikitin A.G., Shcherbakov N., ... Dalén L., Sinika V., Jakobsson M., Storå J., Götherström A. Ancient genomes suggest the eastern Pontic-Caspian steppe as the source of western Iron Age nomads. *Sci Adv.* 2018;4(10):eaat4457. doi 10.1126/sciadv.aat4457
- 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., Mittnik A., Patterson N., Mallick S., Rohland N., Pflengle S., Furtwängler A., ... Stockhammer P., Pinhasi R., Reich D., Krause J., Stamatoyannopoulos G. Genetic origins of the Minoans and Mycenaeans. *Nature.* 2017;548(7666):214-218. doi 10.1038/nature23310
- Li H., Handsaker B., Wysoker A., Fennell T., Ruan J., Homer N., Marth G., Abecasis G., Durbin R.; 1000 Genome Project Data Processing Subgroup. The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics.* 2009;25(16):2078-2079. doi 10.1093/bioinformatics/btp352
- Linderholm A., Kılınc G.M., Szczepanek A., Włodarczak P., Jarosz P., Belka Z., Dopieralska J., ... Koman W., Rodríguez-Varela R., Storå J., Götherström A., Krzewińska M. Corded Ware cultural complexity uncovered using genomic and isotopic analysis from south-eastern Poland. *Sci Rep.* 2020;10(1):6885. doi 10.1038/s41598-020-63138-w
- 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., Kovácsóczy 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
- Mathieson I., Lazaridis I., Rohland N., Mallick S., Patterson N., Roodenberg S.A., Harney E., ... Anthony D., Lalueza-Fox C., Haak W., Pinhasi R., Reich D. Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians. *Nature.* 2015;528(7583):499-503. doi 10.1038/nature16152
- Mathieson I., Alpaslan-Roodenberg S., Posth C., Szécsényi-Nagy A., Rohland N., Mallick S., Olalde I., ... Borić D., Bonsall C., Krause J., Pinhasi R., Reich D. The genomic history of southeastern Europe. *Nature.* 2018;555(7695):197-203. doi 10.1038/nature25778
- McColl H., Kroonen G., Moreno-Mayar J.V., Seersholm F.V., Scorrano G., Pinotti T., Vimala T., ... Nielsen R., Hedeager L., Kristiansen K., Sikora M., Willerslev E. Steppe ancestry in Western Eurasia and the spread of the Germanic languages. *bioRxiv.* 2024. doi 10.1101/2024.03.13.584607
- Moutham N., Klunk J., Kuch M., Fournery 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
- Patterson N., Price A.L., Reich D. Population structure and eigenanalysis. *PLoS Genet.* 2006;2(12):e190. doi 10.1371/journal.pgen.0020190
- Picard Tools – By Broad Institute [WWW Document]. 2019. URL <https://broadinstitute.github.io/picard/> (accessed 12.1.2025)
- Poznik G.D. Identifying Y-chromosome haplogroups in arbitrarily large samples of sequenced or genotyped men. *bioRxiv.* 2016. doi 10.1101/088716
- Rasmussen M., Guo X., Wang Y., Lohmueller K.E., Rasmussen S., Albrechtsen A., Skotte L., ... Sicheritz-Pontén T., Villems 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., Laneman M., Varul L., Malve M., Valk H., Razzak M.A., Shirobokov I.G., ... Kivisild T., Villems R., Lang V., Metspalu M., Tambets K. The arrival of Siberian ancestry connecting the Eastern Baltic to Uralic speakers further east. *Curr Biol.* 2019;29(10):1701-1711. e16. doi 10.1016/j.cub.2019.04.026
- 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
- 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
- Schütz O., Maróti Z., Tihanyi B., Kiss A.P., Nyerki E., Gînguță A., Kiss P., ... Soficaru A.D., Spekker O., Varga S., Neparáczki E., Török T. Unveiling the origins and genetic makeup of the “forgotten people”: a study of the Sarmatian-period population in the Carpathian Basin. *Cell.* 2025;188(15):4074-4090.e11. doi 10.1016/j.cell.2025.05.009
- Skoglund P., Malmström H., Omrak A., Raghavan M., Valdiosera C., Günther T., Hall P., ... Apel J., Willerslev E., Storå J., Götherström A., Jakobsson M. Genomic diversity and admixture differs for stone-age Scandinavian foragers and farmers. *Science.* 2014;344(6185):747-750. doi 10.1126/science.1253448
- Stolarek I., Zenczak M., Handschuh L., Juras A., Marcinkowska-Swojak M., Spinek A., Dębski A., Matla M., Kóčka-Krenz H., Piontek J.; Polish Archaeogenomics Consortium Team; Figlerowicz M. Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE. *Genome Biol.* 2023;24(1):173. doi 10.1186/s13059-023-03013-9
- Underhill P.A., Myres N.M., Rootsi S., Metspalu M., Zhivotovsky L.A., King R.J., Lin A.A., ... Majumder P., Rudan P., Primorac D., Villems R., Kivisild T. Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Eur J Hum Genet.* 2010;18(4):479-484. doi 10.1038/ejhg.2009.194
- Veeramah K.R., Rott A., Groß M., Van Dorp L., López S., Kirsanow K., Sell C., ... Pfüffgen B., Hellenthal G., Haas-Gebhard B., Harbeck M., Burger J. Population genomic analysis of elongated skulls reveals extensive female-biased immigration in Early Medieval Bavaria. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2018;115(13):3494-3499. doi 10.1073/pnas.1719880115
- YFull [WWW Document]. 2025. URL <https://www.yfull.com/> (accessed 12.1.2025)

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила в редакцию 24.12.2025. После доработки 29.12.2025. Принята к публикации 29.12.2025.