DOI: 10.53737/2713-2021.2025.20.56.013

Е.В. Вдовченков, О.Ю. Арамова, С.С. Востриков, О.В. Шамрай, Джи Ын Ли, И.В. Корниенко

ПАЛЕОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ НАСЕЛЕНИЯ САРМАТСКОЙ КУЛЬТУРЫ НА ТЕРРИТОРИИ НИЖНЕГО ДОНА (ПО МАТЕРИАЛАМ МОГИЛЬНИКА ЧЕРКАСОВ)*

Цель исследования — комплексная палеогенетическая характеристика индивидов из курганного могильника Черкасов (I—III вв. н.э.), расположенного на территории Нижнего Дона. Исторически сарматы считаются ираноязычными кочевниками, чей культурный мир традиционно связывается с западной частью евразийских степей. Однако письменные источники и отдельные археологические находки указывают на их возможные связи с кочевыми народами Центральной Азии и Южной Сибири, что делает вопрос о генетическом происхождении и структуре сарматских популяций предметом научной дискуссии. Палеогенетический анализ изученной группы показал доминирование восточно-евразийского генетического компонента, что подтверждается особенностями полиморфизмов как митохондриальной ДНК (матрилинии), так и Y-хромосома (патрилинии). Анализ аутосомных STR-маркеров дополнил эту картину, выявив аллели как европейского, так и азиатского происхождения. Ключевым результатом этого анализа стало установление близкого родства между двумя индивидуумами в кургане 3 могильника Черкасов IX.

Ключевые слова: среднесарматская культура, позднесарматская культура, древняя ДНК, сарматы, гаплотипы, митохондриальная ДНК, полиморфные генетические маркеры, Нижний Дон.

Сведения об авторах: Вдовченков Евгений Викторович[1], доктор исторических наук, Южный федеральный университет; Арамова Ольга Юрьевна[2], кандидат биологических наук Федеральный исследовательский центр Южный научный центр Российской академии наук; Востриков Сергей Стефанович[3], кандидат исторических наук, ООО «ОКН-проект»; Шамрай Олеся Владимировна[4], Южный федеральный университет; Джи Ын Ли[5], кандидат исторических наук, Азиатско-Тихоокеанский региональный секретариат Организации Городов Всемирного Наследия; Корниенко Игорь Валериевич[6], доктор биологических наук, доцент, Федеральный исследовательский центр Южный научный центр Российской академии наук.

Контактная информация: [1,4]344006, Россия, г. Ростов-на-Дону, ул. Большая Садовая, д. 105/42, Южный федеральный университет, e-mail: [1]evvdovchenkov@sfedu.ru, [4]schamrai.olesya@yandex.ru; [2,6]344006, Россия, г. Ростов-на-Дону, пр-т Чехова, д. 41, Федеральный исследовательский центр Южный научный центр Российской академии наук, e-mail: [2]aramova@sfedu.ru, [6]ikornienko@yandex.ru; [3]344002, Россия, Ростов-на-Дону, ул. Ульяновская, д. 50, Общество с ограниченной ответственностью «ОКН-проект», e-mail: [3]sekoh@yandex.ru; [5]38102, Республика Корея, г. Кёнгджу, ул. Янджонгро, д. 260, Мэрия города Кёнгджу, Азиатско-Тихоокеанский региональный секретариат Организации Городов Всемирного Наследия, e-mail: [5]johannalee@korea.kr.

E.V. Vdovchenkov, O.Yu. Aramova, S.S. Vostrikov, O.V. Shamrai, Ji Eun Lee, I.V. Kornienko

PALEOGENETIC STUDY OF THE POPULATION OF THE SARMATIAN CULTURE IN THE TERRITORY OF THE LOWER DON (BASED ON MATERIALS OF THE CHERKASOV BURIAL GROUND)

The aim of the study is a comprehensive paleogenetic characterization of individuals from the Cherkasov burial mound (1st — 3rd centuries CE) located in the Lower Don region. Historically, the Sarmatians are considered to be Iranian-speaking nomads, whose cultural world is traditionally associated with the western part of the Eurasian steppes.

* Работа была выполнена при поддержке Программы стратегического академического лидерства Южного федерального университета (Приоритет 2030), генетическая часть выполнена в рамках реализации ГЗ ЮНЦ РАН на 2025 г. (№ гр. Проекта 125012000466—3).

Статья поступила в номер 21 августа 2025 г.
Принята к печати 29 августа 2025 г.

© Е.В. Вдовченков, О.Ю. Арамова, С.С. Востриков, О.В. Шамрай, Джи Ын Ли, И.В. Корниенко, 2025.

However, written sources and individual archaeological finds indicate their possible connections with the nomadic peoples of Central Asia and Southern Siberia, which makes the issue of the genetic origin and structure of the Sarmatian populations a subject of scientific debate. Paleogenetic analysis of the studied group showed the dominance of the East Eurasian genetic component, which is confirmed by the features of polymorphisms of both mitochondrial DNA (matrilineage) and the Y chromosome (patrilineage). Analysis of autosomal STR markers complemented this picture, revealing alleles of both European and Asian origin. The key result of this analysis was the establishment of a close relationship between two individuals in mound 3 of the Cherkasov IX burial ground.

Key words: Middle Sarmatian culture, Late Sarmatian culture, ancient DNA, Sarmatians, haplotypes, mitochondrial DNA, polymorphic genetic markers, Lower Don.

About the authors: Vdovchenkov Evgeny Viktorovich[1], Dr. habil (History), Southern Federal University; Aramova Olga Yurievna[2], PhD (Biology), Federal Research Centre Southern Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences; Vostrikov Sergey Stefanovich[3], PhD (History), Limited Liability Company "OKN-Project"; Shamrai Olesya Vladimirovna[4], Southern Federal University; Ji Eun Lee[5], PhD (History), Organization of World Heritage Cities, Asia Pacific Regional Secretariat; Kornienko Igor Valerievich[6], Dr. habil (Biology), Federal Research Centre Southern Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences.

Contact information: [1,4]344006, Russia, Rostov-on-Don, 105/42 Bolshaya Sadovaya St., Southern Federal University, e-mail: [1]evvdovchenkov@sfedu.ru, [4]schamrai.olesya@yandex.ru; [2,6]344006, Russia, Rostov-on-Don, 41 Chekhova Av., Federal Research Centre Southern Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences, e-mail: [2]aramova@sfedu.ru, [6]ikornienko@yandex.ru; [3]344002, Russia, Rostov-on-Don, Ulyanovskaya st., 50, Limited Liability Company “OKN-Project”, e-mail: [3]sekoh@yandex.ru; [5]38102, Republic of Korea, Gyeongsanbuk-do, Gyeongju, Yangjeongro St., 260, Cityhall of Gyeongju, Asia-Pacific Regional Secretariat of the Organization of World Heritage Cities, e-mail: [5]johannalee@korea.kr.

Археологическая часть

В работе использованы материалы погребений из курганных могильников Черкасов V, Черкасов VI, Черкасов IX, Черкасов X Аксайского района Ростовской области (рис. 1) к северо-западу от г. Новочеркасск (ЗАО «ОКН-Проект», раскопки С.С. Вострикова, 2021 г.) (Востриков 2022). Погребение Черкасов X курган 1, погребение 1 относится к позднесарматской культуре (Безуглов, Востриков 2022) и датируется поздним II — началом III в. н.э. Остальные шесть погребений курганного могильника Черкасов относятся, видимо, к среднесарматской культуре. Погребения Черкасов V курган 1, погребение 1, Черкасов IX курган 3, погребение 2 с уверенностью характеризуются как среднесарматские (рис. 2). Для остальных — Черкасов IX курган 1, погребение 1, VI курган 2, погребение 1, IX курган 3, погребение 1 — основанием для этого является наличие широких подпрямоугольных ям, характерных для среднесарматской культуры, южная ориентировка, характеристика керамического материала. Таким образом, эти шесть погребений датируются I — первой половиной II вв. н.э. Правобережье Нижнего Дона — один из классических ареалов сарматской культуры, а собственно окрестности Новочеркасска — место концентрации курганных могильников среднесарматского времени. Настоящая работа — продолжение палеогенетических исследований курганного могильника Черкасов (Вдовченков и др. 2023).

Методы исследования

Пробоподготовка палеобиологического материала и выделение древней ДНК. Объектами палеогенетического исследования послужили фрагменты длинных трубчатых костей верхних и нижних конечностей шести представителей сарматской культуры (курганный могильник Черкасов, Ростовская область).

Работа с биологическим материалом осуществлялась в специализированных лабораторных помещениях, все поверхности, стены и пол которых заранее были обработаны 7 мМ NaOCl (10% коммерческим раствором «Белизна»), а затем водопроводной водой. Лабораторные помещения в течение суток непрерывно облучали пятиламповым рециркулятором Дезар-7 (Медприборы, Россия), который не выключался в процессе работы.

На всех этапах работы с археологическими образцами использовались средства индивидуальной защиты (защитные костюмы, одноразовые маски, медицинские шапочки, стерильные перчатки).

Пробоподготовку костных объектов и выделение древней ДНК проводили с использованием оптимизированных методик, описанных в работах авторов, включающих специальную деконтаминационную обработку костного порошка, что исключает возможность загрязнения пробы (Арамова и др. 2019; Корниенко и др. 2021; Патент 2789387). Экстракцию ДНК из исследуемых образцов проводили в семи независимых параллелях органическим методом в присутствии отрицательного контроля (Корниенко, Харламов 2012). Дополнительную концентрацию и очистку древней ДНК осуществляли с использованием центрифужного концентратора Amicon Ultra-4, 30 kDa (Merck, США). Средний объем полученной древней ДНК составлял не более 100 мкл.

Генетический анализ. Концентрацию активной ДНК—матрицы определяли методом ПЦР в реальном времени на приборе iQ5 (Bio-Rad, США) с использованием набора EvaGreen (Синтол, Россия). Для оценки концентрации древней ДНК был использован участок гена *HBB* (NC_000011 .10, положение локуса 5226946—5227065) по следующей программе: 95°C — 4:45; 42 цикла: 95°C — 15 сек, 56°C — 15 сек, 72°C — 35 сек (Флоринская и др. 2023). Концентрацию рассчитывали путем сравнения пороговых циклов исследуемых образцов с калибровочной кривой. Каждый образец анализировали в пятикратной повторности.

Генотипирование аутосомных и Y-хромосомных STR-локусов проводили с помощью наборов COrDIS «Эксперт», COrDIS «Эксперт 26» и COrDIS-Y (Гордиз, Россия) соответственно. Амплификацию выполняли на термоциклере GeneAmp 9700 (Applied Biosystems, США). Анализ включал пятикратные повторности для каждого образца, а также положительный (мужская ДНК, 0,8 нг/мкл) и отрицательный контроли. Фрагментный анализ продуктов ПЦР проводили на генетических анализаторах 3130xl (Applied Biosystems, США) и НАНОФОР 05 (ИАП РАН, Синтол, Россия). Идентификацию аллелей выполняли в программе GeneMapper ID 3.2 с использованием размерного стандарта S450.

Секвенирование гипервариабельных регионов митохондриальный ДНК по Сэнгеру проводили согласно ранее описанной методике (Корниенко и др. 2022). Продукты амплификации очищали с помощью магнитных частиц CleanMag DNA (Евроген, Россия), качество очистки оценивали электрофорезом в 2% агарозном геле. Секвенирующую реакцию проводили с набором BigDye Terminator 1.1, после чего продукты реакции очищали с помощью колонок DyeEx 2.0 Spin Kit (Qiagen, Германия). Полученный результат дополнительно подтверждали амплификацией исследуемого участка при помощи обратных праймеров. Детектировали результаты на генетическом анализаторе 3130xl (Applied Biosystems, США). Полученные последовательности анализировали в программах Sequencing Analysis 5.3 и BioEdit 7.0.5.2, выравнивая их относительно уточненной референсной последовательности (Andrews et al. 1999).

Оценка генетических и популяционных характеристик представителей сарматских культур. Гаплотипы Y-хромосомы анализировали с использованием базы данных YHRD и онлайн-инструментов Haplogroup Predictor и NEVGEN (Willuweit, Roewer 2007; Athey 2005; nevgen.org: 1). Гаплогруппы мтДНК определяли с помощью базы EMPOP и программы HaploGrep (empop.online: 1; Kloss-Brandstätter et al. 2011). Оценка популяционных характеристик (по результатам установленных STR-маркеров аутосомной ДНК) представителей сарматских культур была произведена с использованием базы данных pop.STR (spsmart.cesga.es/popstr: 1) и сравнения частот встречаемости того или иного установленного признака в современных метапопуляциях. Для оценки вероятности родственных связей использовали ПО DnaIdExpert (Корниенко, Шепелев 2023). Во всех расчетах были использованы численные значения аллельных частот, выложенные на электронном ресурсе «NIST. 2017» (strbase.nist.gov: 1).

Результаты и обсуждение

Результаты количественной и качественной оценки препаратов ДНК (такие как низкая концентрация, низкая активность ДНК-матрицы по локусам длиной свыше 250 нуклеотидных пар, выпадение аллелей) свидетельствовали о высокой степени фрагментации ДНК, характерной для палеобиологического материала.

В результате анализа локуса *Amelogenin*, определяющего половую принадлежность, установлено, что исследуемая выборка состояла из пяти мужчин. В двух остальных случаях установить пол не представлялось возможным из-за сильной фрагментации ДНК. Исходя из международной базы данных частот аллелей STR-локусов в различных современных метапопуляциях pop.STR (spsmart.cesga.es/popstr: 1) в исследуемой выборке установлено, что при типировании локуса *TH01* выявлен редкий генетический признак (аллель) 11, характерный только для современного населения Европы (частота встречаемости 0,001). По генетическому маркеру *vWA* установлен редкий генетический признак 13, характерный только для современного населения Европы и Океании (частота встречаемости в Европе 0,003). При типировании локуса *SE33* индентифицирован редкий аллель 28, встречающийся у современного населения Европы и Восточной Азии (с частотой 0,002 и 0,003 соответственно). В локусе *D18S51* установлен аллель 10, частота встречаемости которого в Центральной Южной Азии 3,6 раза выше, чем в других современных метапопуляциях. В данном локусе также установлен аллель 11, частота встречаемости которого в Центральной Южной Азии 3,1 раза выше, чем в других современных метапопуляциях. Остальные установленные генетические признаки преимущественно представлены у современного населения Европы и регионов Восточной, Центральной и Южной Азии. Подробные генетические профили и их первичный анализ опубликованы ранее (Арамова 2024).

Анализ Y-хромосомных гаплотипов исследованных сарматских индивидов, несмотря на их фрагментарность, позволил выявить ряд информативных редких аллелей. В частности, у индивида из погребения № 1 кургана 1 Черкасов IX обнаружен аллель 16 в локусе *DYS448*, глобальная частота которого, по данным YHRD, составляет менее 0,01%. Этот маркер практически отсутствует в большинстве мировых популяций, однако фиксируется в некоторых популяциях Западной Азии и Кавказа. Гаплотип образца из погребения № 2 кургана 3 Черкасов IX содержит аллель 10 в локусе *DYS392* (0,012%). Максимальная, хотя и низкая, частота этого аллеля наблюдается в популяциях Ближнего Востока, в то время как в большинстве популяций Европы и Восточной Азии он практически не встречается (Purps et al. 2014). Этот же гаплотип несёт редкий аллель 10 в локусе *DYS456* (<0,001%), что делает данную комбинацию маркеров уникальной. Кроме того, у двух индивидов (погребение 1 курган 1 Черкасов X и погребение 1 курган 2 Черкасов VI) зафиксирован общий редкий аллель 11 в локусе *DYS456* (0,004%), который спорадически встречается в популяциях Западной и Центральной Азии, оставаясь крайне редким на глобальном уровне. Гаплотип индивида из погребения № 1 кургана 3 Черкасов IX характеризуется наличием нескольких редких аллелей. Наибольший интерес представляет аллель 10 в локусе *DYS456* (<0,001%), который ранее был зафиксирован у образца из погребения № 2 кургана 3 Черкасов IX. Обнаружение этого редкого общего маркера свидетельствует о вероятном близком патрилинейном родстве между этими двумя индивидами. Кроме того, в гаплотипе из погребения № 2 кургана 3 Черкасов IX присутствует редкий аллель 22 в локусе *DYS635* (0,025%), который имеет сильную ассоциацию с восточноазиатскими популяциями (Willuweit, Roewer 2007).

Важно отметить, что образцы из погребений № 1 и № 2 кургана 3 могильника Черкасов IX имеют схожий Y-гаплотип, в данном случае в установленных локусах генетические признаки совпадают. Таким образом, патрилинейное родство между индивидуумами из погребений № 1 и № 2 кургана 3 могильника Черкасов IX не исключается. Вероятность

родства по отцовской линии, исходя из базы данных YHRD, составляет 99,99%. Для уточнения степени родства также был проведен анализ полиморфных локусов аутосомной ДНК, которые в отличие от маркеров Y-хромосомы позволяют установить вероятностные близкородственные связи. Генетические профили объектов из погребений № 1 и № 2 кургана 3 могильника Черкасов IX по аутосомным STR-локусам приведены в наших ранних работах (Арамова 2024). В результате расчета были установлены вероятности родства по разным сценариям: «отец—сын», «родной брат — родной брат», «сводный брат — сводный брат», «двоюродный брат — двоюродный брат». Коэффициент (индекс) родства (KI) в случае сценария, когда два человека из погребений № 1 и № 2 кургана 3 могильника Черкасов IX приходятся друг другу родными братьями, составляет 60153, т.е. вероятность родства типа «родной брат — родной брат» составляет 99,9983%. Значения KI для остальных сценариев («отец—сын», «сводный брат — сводный брат», «двоюродный брат — двоюродный брат») были существенно ниже (в 15 раз, в 312 раз, в 2734 раза, соответственно). Таким образом, установлен не только факт родства по отцовской линии между двумя людьми из погребений № 1 и № 2 кургана 3 могильника Черкасов IX сарматской эпохи, но и тип их близкородственных связей, а именно то, что они являются родными братьями.

Исходя из идентифицированных гаплотипов, были установлены данные о вероятной принадлежности индивидуумов сарматской культуры к тем или иным гаплогруппам (табл. 1). Исходя из таблицы 1, у индивидов, имеющих патрилинейное родство установлена гаплогруппа Q M346> YP4004, распространенная в большей степени по всей современной Азии (в особенности в Монголии), а также часто встречающаяся у современного населения территории Сибири (Flegontov et al. 2016). Единично в исследуемой выборке установлена гаплогруппа R1b M269, характерная для всей современной центральной Евразии, при этом в Европе частота встречаемости увеличивается с востока на запад. В Китае и Индии данная гаплогруппа встречается у менее 1 % населения, что характерно и для других современных азиатских метапопуляций (Haak et al. 2015). Единично установлена Y-гаплогруппа O (O1a2 M110), широко распространенная в современной Юго-Восточной и Восточной Азии (в большей степени японцев, китайцев, корейцев, филиппинцев, малайцев) и у других популяций с выраженным азиатским генетическим компонентом (Karmin et al. 2022). Для одного из исследованных индивидов была определена Y-хромосомная гаплогруппа I2. Из-за неполного STR-профиля точная идентификация субклада затруднена, однако полученные маркеры указывают на возможную принадлежность к ветвям I2a. Гаплогруппа I2 является одной из древнейших коренных европейских линий, возникшей из макрогаплогруппы IJ, которая, предположительно, мигрировала на континент с Ближнего Востока около 35 тыс. лет назад. В настоящее время её субклады достигают максимальных частот на Балканах, в частности в Боснии, Хорватии и Сербии. Палеогенетические исследования подтверждают глубокие европейские корни этой линии: гаплогруппа I, наряду с C1a и F, была обнаружена у кроманьонцев, одних из первых *Homo sapiens*, заселивших Европу в верхнем палеолите. Таким образом, обнаружение гаплогруппы I2 у представителя сарматской культуры может косвенно свидетельствовать о сохранении древнего европейского генетического субстрата в степных популяциях железного века (Jones et al. 2017). Достоверность определения гаплогрупп зависела от полноты гаплотипа и специфичности генетических маркеров. Вероятность принадлежности индивида к гаплогруппе R1b-M269 составила 100%, в то время как другого представителя сарматской культуры к гаплогруппе I2 — 22,62%. Низкая достоверность прогноза для I2 объясняется фрагментарностью его Y-гаплотипа, что, как и в случае анализа аутосомной ДНК, учитывалось при интерпретации данных.

Анализ Y-хромосомных гаплогрупп показал явное преобладание линий, характерных для Центральной и Восточной Азии (Q-M346, O-M110), над западноевразийскими гаплогруппами (R1b-M269, I2). Этот вывод согласуется с данными по аутосомной ДНК, где были обнаружены аллели, специфичные как для европейских, так и для азиатских популяций. Более того, установление близкого патрилинейного родства между двумя

индивидами с восточно-евразийской гаплогруппой Q указывает на наличие устойчивой родственной группы азиатского происхождения внутри сарматских сообществ.

В результате сравнения полученных нуклеотидных последовательностей гипервариабельного региона митохондриальной ДНК представителей сарматских культур с уточненной референсной Кембриджской последовательностью (rCRS) были выявлены специфические полиморфизмы, на основании которых были определены гаплогруппы (табл. 2). Важно отметить, что одним из часто встречающихся однонуклеотидных полиморфизмов был 16086 T>C (0,273), который, согласно базе данных mtDNAmanager, характерен для азиатских гаплогрупп M7b3, M28a, M32c.

Установлено, что наиболее часто встречающаяся гаплогруппа митохондриальной ДНК у носителей сарматских культур — H (29 %). Данная гаплогруппа распространена у современного населения Северной и Центральной Европы (до 50 %; частота встречаемости уменьшается к юго-восточной части) и Ближнего Востока. Гаплогруппа H2 также установлена на Северном Кавказе и в центральной части Азии (Macaulay et al. 2005). Следующей по распространению в исследуемой выборке является гаплогруппа R, встречающаяся преимущественно на территории всей современной Азии. Установлено, что субклад R9b1a1a встречается только у современных представителей Китая, Таиланда, Малайзии, Вьетнама и Индонезии (Kutanan et al. 2017). Таким образом, определяя наиболее вероятное азиатское происхождение индивидов (по материнской линии), имеющих данную гаплогруппу.

У двух индивидуумов установлена гаплогруппа митохондриальной ДНК U2e (однако в одном случае M42b1a*1a или U2e, что связано с неполной последовательностью гипервариабельного региона). Гаплогруппа U2, к которой принадлежит данный субклад, является одной из древнейших, встречающейся сегодня преимущественно в Южной и Центральной Азии. Субклад U2e, установленный у сарматов, имеет преимущественно западное распространение, встречаясь с низкой частотой (до 2%) в Европе и Средней Азии, что согласуется с палеогенетическими данными для степных популяций Евразии железного века. (Fu et al. 2016; Krause et al. 2010). Что касается возможной принадлежности индивида к M42b1a1a, то макрогаплогруппа M имеет наибольшее распространение на современных территориях Азии (до 60 %) (Macaulay et al. 2005).

В исследуемой выборке единично встречалась гаплогруппа B4j. Данная гаплогруппа имеет большое распространение в Китае и в целом характерна для современного населения южных и восточных частей Азии. Гаплогруппа B найдена у тюркских племен и монголов, населявших Сибирь, но не была найдена у древних индивидов северо-восточной Сибири, субклад B4j на сегодняшний день часто идентифицируется у бурят и хамниганов. Обнаружение восточноазиатского субклада B4j у представителя сарматской культуры является свидетельством дальних генетических контактов, связывающих западно-евразийские степи с популяциями Южной Сибири и Центральной Азии в железном веке (Derenko et al. 2012).

В результате анализа митохондриальной ДНК в исследуемой сарматской выборке был установлен смешанный состав материнских линий, включающий как восточно-, так и западноевразийские гаплогруппы. Восточно-евразийский компонент представлен линиями R9b1a1a, B4j и M42b1a*1a, в то время как западноевразийский — гаплогруппами H2a2a И U2e. Аналогичная картина была выявлена и при анализе Y-хромосомных гаплогрупп, где также доминировали маркеры, характерные для популяций Центральной и Восточной Азии. Таким образом, анализ обеих генетических линий — материнской и отцовской — указывает на значительный вклад восточно-евразийского компонента в генофонд изученной группы сарматов.

Заключение

Нами уже рассматривались материалы курганных могильников Черкасов (Вдовченков и др. 2023: 448). Вывод о связи рассмотренной нами выборки сарматов с азиатскими метапопуляциями нашел свое подтверждение как в археологическом, так и антропологическом материале, и подтвержден дальнейшими исследованиями, представленными в настоящей статье.

Отдельно привлекает к себе внимание погребение из кургана Черкасов X, относящееся уже к другой культуре — позднесарматской (Безуглов, Востриков 2022). Истоки этой культуры, сменившей среднесарматскую в середине II в., видят на востоке. Единично установленная гаплогруппа R1b M269, характерная для всей современной Центральной Евразии, показывает восточное происхождение носителя позднесарматской культуры.

При этом у двух индивидуумов установлена гаплогруппа митохондриальной ДНК U2e (однако в одном случае M42b1a*1a или U2e, что связано с неполной последовательностью гипервариабельного региона). Идентификация U2e у сарматских индивидов подтверждает их принадлежность к широкому генетическому кругу степных популяций Евразии железного века. Но интереснее здесь другое — то, что индивиды из погребения № 1 кургана 1 Черкасов IX и погребения № 1 кургана 1 Черкасов X относятся к разным культурам — среднесарматская и позднесарматская. Можно осторожно предполагать, что это является свидетельством некоторой преемственности между населением средне- и позднесарматской культур Нижнего Дона.

Чрезвычайно интересен вывод о кровном родстве погребенных в кургане 3 могильника Черкасов IX, а также уточнение о том, что это братья.

Погребение № 2, неграбленое, с диагональным расположением костяка с юго-западной ориентировкой в подквадратной яме определено антропологом как мужское. Этому не противоречит и погребальный инвентарь — меч, стрелы, оселок (Востриков 2023: 9; Востриков 2022).

Погребение № 1 — подбой, при этом по остаткам костяка его можно интерпретировать как южноориентированное (Востриков 2023: 9). Согласно определению антрополога, кости из погребения № 1 кургана 3 могильника Черкасов IX принадлежали женщине, а по генетическому анализу половая принадлежность данного костного материала определяется как мужская. Погребение ограблено, но в нем найдено пряслице — обычно деталь женского инвентаря (рис. 3). В результате возникает противоречие между данными археологическими и антропологическими с одной стороны, и генетическими с другой. Однако на протяжении всего сарматского времени известны мужские погребения с пряслицами. Этот феномен был проанализирован М.Г. Мошковой (Мошкова 2012). Для каждой из культур — ранне-, средне- и позднесарматской известно всего несколько процентов погребений с пряслицами от общего количества известных захоронений, но, тем не менее, эта традиция продолжается вплоть до конца сарматской эпохи.

Так, известны находки пряслиц в мужских могилах в нижнедонском регионе среднесарматского времени — т.е. синхронных погребению из Черкасов IX, курган 3, погребение 1. Это погребение 1 из могильника Кировский IV, курган 4; могильник Новый, курган 1, погребение 2 (Мошкова 2012: 344). Значение этой детали погребального инвентаря можно лишь предполагать, и М.Г. Мошкова рассматривает их как амулеты (Мошкова 2012: 349).

Что же касается данных определения физическим антропологом, то следует обратить внимание на то, что расхождение между данными антропологов и генетиков случается, что определяется вероятностным характером нашего знания (Широбоков 2023), но в генетике значительно выше точность определения. Более того, проверка пола погребенного в связи с такими обстоятельствами была проведена 4 раза.

Сочетание диагонального погребения и подбоя в одном кургане необычно. Основным погребением традиционно является диагональное, хотя в данном случае и подбой, и подквадратное погребение находились в центре невысокой курганной насыпи. Исходя из мощной

традиции в среднесарматской культуре сооружения погребений с диагональным расположением костяка как основных в курганах, можно предполагать, что основным все же было погребение № 2, а погребение № 1 было сооружено или одновременно, или несколько позднее.

Очень интересно, что два умерших брата были погребены практически одновременно, в одной насыпи, но при этом с двумя разными погребальными сооружениями — подбоем и подквадратной ямой с диагональным расположением костяка. Это расширяет наше знание вариативности погребального обряда в среднесарматской культуре.

Хотелось бы обратить внимание на любопытный феномен, исследованный С.А. Яценко — парные погребения мужчин-воинов в среднесарматскую эпоху в бассейне Нижнего Дона и междуречье Дона и Волги (Яценко 2016). Это парные подбои, где встречаются погребенные примерно одного возраста с большими наборами стрел, конской сбруей, наконечниками копий и т.д. С.А. Яценко выделяет пять пар таких погребений (могильник Новый с 4 такими могилами и Перегрузное I с единственной могилой).

С.А. Яценко сопоставляет их с известной новеллой Лукиана «Токсарис» (Lucian.Tox., 37) и интерпретирует как побратимов. Предположение это является гипотезой и нуждается в дальнейшей разработке. Но в нашем случае в могильнике Черкасов IX мы видим парное погребение именно кровных братьев. Будет чрезвычайно интересно получить палеогенетические данные по костякам парных погребений, изученных С.А. Яценко, — есть ли отношения кровного родства между ними.

Все процедуры, выполненные в исследовании с участием людей, соответствуют этическим стандартам институционального и/или национального комитета по исследовательской этике и Хельсинкской декларации 1964 г. и ее последующим изменениям или сопоставимым нормам этики.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

Литература

Арамова и др. 2019: Арамова О.Ю., Фалеева Т.Г., Махоткин М.А., Андриянов А.И., Корниенко И.В. 2019. Инновационная методика деконтаминации археологического биологического материала. В: Шкурат Т.П. (гл. ред.). *Генетика — фундаментальная основа инноваций в медицине и селекции: Материалы VIII научно-практической конференции с международным участием (Ростов-на-Дону, 26—29 сентября 2019 г.).* Ростов-на-Дону: ЮФУ, 89—90.

Арамова О.Ю. 2024. Генетическая структура древнего населения юга России I тысячелетия нашей эры: дисс. … канд. биол. наук. Ростов-на-Дону: ЮФУ.

Безуглов С.И., Востриков С.С. 2022. Позднесарматский курган близ Новочеркасска. В: Храпунов И.Н. (отв. ред.). *Крым в сарматскую эпоху (II в. до н.э. — IV в. н.э.).* Т. VIII. Севастополь: Альбатрос, 22—45.

Вдовченков и др. 2023: Вдовченков Е.В., Арамова О.Ю., Ли Джи Ын, Леонова Д.К., Флоринская В.С., Тищенко А.А., Корниенко И.В. 2023. Происхождение донских меотов и сарматов по данным палеогенетики (по результатам аутосомных str-локусов). *МАИАСП* 15, 443—456. DOI: 10.53737/1325.2023.67.90.012.

Востриков С.С. 2022. Раскопки курганов близ Новочеркасска. *АО* 2021, 222—225.

Востриков С.С. 2023. Родовой некрополь представителей сарматской военной аристократии близ Новочеркасска. В: Агеева В.А. (отв. ред.). *Изучение и сохранение исторических некрополей: материалы II Региональной научно-практической конференции.* Ростов-на-Дону: Издательско-полиграфический комплекс РГУЭ (РИНХ), 6—12.

Корниенко И.В., Харламов С.Г. 2012. *Методы исследования ДНК человека*: учебно-методическое пособие. Ростов-на-Дону: ЮФУ.

Корниенко и др. 2022: Корниенко И.В., Панова Т.Д., Фалеева Т.Г., Арамова О.Ю., Сидоренко Ю.С. 2022. Молекулярно-генетическая идентификация безымянных захоронений первой половины XVI в. из некрополя Вознесенского собора Московского Кремля. *Генетика.* Т. 58. № 2, 206—218.

Корниенко И.В., Шепелев И.Е. 2023. Обработка и анализ результатов ДНК-идентификации личности: учебно-методическое пособие. Ростов-на-Дону: ЮФУ.

Мошкова М.Г. 2012. О назначении пряслиц в погребениях мужчин. В: Журавлев Д.В., Фирсов К.Б. (отв. ред.). *Евразия в скифо-сарматское время: Памяти Ирины Ивановны Гущиной.* Москва: ГИМ, 338—351 (Труды ГИМ 191).

Патент 2789387 Российская Федерация. МПК A61L 2/18, A61L 101/26, A61L 101/28, A61L 101/22, A61L 101/32. Композиция для удаления ДНК и/или РНК-содержащего биологического материала (варианты) / Корниенко И.В., Фалеева Т.Г., Арамова О.Ю.; патентообладатель Корниенко И.В., Фалеева Т.Г. № 2021129837; заявл. 11.10.2021; опубл. 02.02.2023.

Флоринская и др. 2023: Флоринская В.С., Корниенко И.В., Арамова О.Ю. и др. 2023. Влияние фульвокислот из различных почв юга России на эффективность полимеразной цепной реакции. *Биотехнология.* Т. 39 № 1, 102—112. DOI: 10.56304/S0234275823010040.

Широбоков И.Г. 2023. Об относительной точности оценки пола по черепу. *Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология* 4, 69—80.

Яценко С.А. 2016. Предполагаемые воины-побратимы в кочевых среднесарматских некрополях Нижнего Дона. *Новое прошлое* 3, 30—39.

Andrews et al. 1999: Andrews R., Kubacka I., Chinnery P. et al. 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetics* 23, 147. DOI: https://doi.org/10.1038/13779.

Athey T.W. 2005. Haplogroup Prediction from Y-STR Values Using an Allele Frequency Approach. *Journal of Genetic Genealogy* 1, 1—7.

Derenko et al. 2012: Derenko M., Malyarchuk B., Denisova G. et al. 2012. Complete mitochondrial DNA analysis of eastern Eurasian haplogroups rarely found in populations of northern Asia and eastern Europe. *PLoS One* 7 (2), e32179. DOI: 10.1371/journal.pone.0032179.

empop.online: 1. URL: https://empop.online/ (дата обращения 01.07.2025).

Flegontov et al. 2016: Flegontov P., Changmai P., Zidkova A. et al. 2016. Genomic study of the Ket: a Paleo-Eskimo-related ethnic group with significant ancient North Eurasian ancestry. *Scientific Reports* 6, 20768. DOI: https://doi.org/10.1038/srep20768.

Fu et al. 2016: Fu Q., Posth C., Hajdinjak M. et al. 2016. The genetic history of Ice Age Europe. *Nature* 534, 200—205. DOI: 10.1038/nature17993.

Haak et al. 2015: Haak W., Lazaridis I., Patterson N. et al. 2015. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522, 207—211. DOI: https://doi.org/10.1038/nature14317.

Jones et al. 2017: Jones E.R., Zarina G., Moiseyev V. et al. 2017. The Neolithic transition in the Baltic was not driven by admixture with early European farmers. *Current Biology* 27 (4), 576—582. DOI: 10.1016/j.cub.2016.12.060.

Karmin et al. 2022: Karmin M., Flores R., Saag L. et al. 2022. Episodes of Diversification and Isolation in Island Southeast Asian and Near Oceanian Male Lineages. *Molecular Biology and Evolution* 39 (3), 45. DOI: 10.1093/molbev/msac045.

Kloss-Brandstätter et al. 2011: Kloss-Brandstätter A., Pacher D., Schönherr S. et al. 2011. HaploGrep: a fast and reliable algorithm for automatic classification of mitochondrial DNA haplogroups. *Human Mutation* 32, 25—32.

Krause et al. 2010: Krause J., Briggs A.W., Kircher M. et al. 2010. A complete mtDNA genome of an early modern human from Kostenki, Russia. *Current Biology* 20 (3), 231—236. DOI: 10.1016/j.cub.2009.11.068.

Kutanan et al. 2017: Kutanan W., Kampuansai J., Srikummool M. et al. 2017. Complete mitochondrial genomes of Thai and Lao populations indicate an ancient origin of Austroasiatic groups and demic diffusion in the spread of Tai-Kadai languages. *Human Genetics* 136 (1), 85—98. DOI: 10.1007/s00439-016-1742-y.

Macaulay et al. 2005: Macaulay V., Hill C., Achilli A. et al. 2005. Single, rapid coastal settlement of Asia revealed by analysis of complete mitochondrial genomes. *Science* 308 (5724), 1034—1036. DOI: 10.1126/science.1109792.

nevgen.org: 1. URL: https://www.nevgen.org/ (дата обращения 01.07.2025).

NIST. 2017: NIST 1036 Revised U.S. Population Dataset (July 2017). STRBase: Short Tandem Repeat DNA Internet Database. URL: https://strbase.nist.gov/NISTpop.htm (дата обращения 01.07.2025).

Purps J. et al. 2014. A global analysis of Y-chromosomal haplotype diversity for 23 STR loci. *Forensic Science International: Genetics* 12, 12—23.

spsmart.cesga.es/popstr: 1. URL: http://spsmart.cesga.es/popstr.php (дата обращения 01.07.2025).

Willuweit S., Roewer L. 2007. International Forensic Y Chromosome User Group. Y chromosome haplotype reference database (YHRD): update. *Forensic Science International: Genetics* 1 (2), 83—87.

References

Aramova et al. 2019: Aramova, O.Yu., Faleeva, T.G., Makhotkin, M.A., Andrianov, A.I., Kornienko, I.V. 2019. In: Shkurat, T.P. (ed.-in-chief). *Genetika — fundamental'naya osnova innovatsiy v meditsine i selektsii: Materialy VIII nauchno-prakticheskoy konferentsii s mezhdunarodnym uchastiyem (Rostov-na-Donu, 26—29 sentyabrya 2019 g.) (Genetics is the fundamental basis of innovations in medicine and breeding: Proceedings of the VIII scientific and practical conference with international participation (Rostov-on-Don, September 26—29, 2019)).* Rostov-on-Don: YuFU, 89—90 (in Russian).

Aramova, O.Yu. 2024. Genetic structure of the ancient population of the south of Russia of the 1st millennium CE. PhD Thesis. Rostov-on-Don: YuFU.

Bezuglov, S.I., Vostrikov, S.S. 2022. In: Khrapunov, I.N. (ed.). *Krym v sarmatskuyu epokhu (II v. do n.e. — IV v. n.e.) (Crimea in the Sarmatian era (2nd century BCE — 4th century CE)).* Vol. VIII. Sevastopol: Albatross, 22—45 (in Russian).

Vdovchenkov et al. 2023: Vdovchenkov, E.V., Aramova, O.Yu., Lee Ji Eun, Leonova, D.K., Florinskaya, V.S., Tishchenko, A.A., Kornienko, I.V. 2023. In *Materialy po arkheologii i istorii antichnogo i srednevekovogo Prichernomor'ya* (*Proceedings in Archaeology and History of Ancient and Medieval Black Sea Region*) 15, 443—456. DOI: 10.53737/1325.2023.67.90.012 (in Russian).

Vostrikov, S.S. 2022. In *Arkheologicheskiye otkrytiya* (*Archaeological discoveries)* 2021, 222—225 (in Russian).

Vostrikov, S.S. 2023. In: Ageeva, V.A. (ed.). *Izucheniye i sokhraneniye istoricheskikh nekropoley: materialy II Regional'noy nauchno-prakticheskoy konferentsii (Study and preservation of historical necropolises: materials of the II Regional scientific and practical conference).* Rostov-on-Don: Publishing and printing complex of the Russian State University of Economics (RINH), 6—12 (in Russian).

Kornienko, I.V., Kharlamov, S.G. 2012. *Metody issledovaniya DNK cheloveka: uchebno-metodicheskoe posobie* (*Methods of human DNA research: teaching aid)*. Rostov-on-Don: YuFU.

Kornienko et al. 2022: Kornienko, I.V., Panova, T.D., Faleeva, T.G., Aramova, O.Yu., Sidorenko, Yu.S. 2022. In *Genetica (Genetics)*. Vol. 58. No. 2, 206—218 (in Russian).

Kornienko, I.V., Shepelev, I.E. 2023. *Obrabotka i analiz rezul'tatov DNK-identifikatsii lichnosti: uchebno-metodicheskoye posobiye (Processing and analysis of DNA identification results: teaching aid)*. Rostov-on-Don: YuFU.

Moshkova, M.G. 2012. In: Zhuravlev, D.V., Firsov, K.B. (eds.). *Evraziya v skifo-sarmatskoye vremya. Pamyati Iriny Ivanovny Gushchinoy (Eurasia in the Scythian-Sarmatian time. In memory of Irina Ivanovna Gushchina)*. Moscow: GIM, 338—351 (Proceedings of the State Historical Museum 191) (in Russian).

Patent 2789387 Rossiyskaya Federatsiya. MPK A61L 2/18, A61L 101/26, A61L 101/28, A61L 101/22, A61L 101/32. Kompozitsiya dlya udaleniya DNK i/ili RNK-soderzhashchego biologicheskogo materiala (varianty) / Korniyenko I.V., Faleyeva T.G., Aramova O.Yu.; patentoobladatel' Korniyenko I.V., Faleyeva T.G. No. 2021129837; zayavl. 11.10.2021; opubl. 02.02.2023.

Florinskaya et al. 2023: Florinskaya, V.S., Kornienko, I.V., Aramova O.Yu. et al. 2023. In *Biotechnologiya (Biotechnology)*. Vol. 39. No. 1, 102—112. DOI: 10.56304/S0234275823010040 (in Russian).

Shirobokoff, I.G. 2023. In *Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya XXIII. Antropologiya (Bulletin of Moscow University. Series XXIII. Anthropology)* 4, 69—80 (in Russian).

Yatsenko S.A. 2016. In *Novoe proshloe (The New Past)* 3, 30—39 (in Russian).

Andrews et al. 1999: Andrews, R., Kubacka, I., Chinnery, P. et al. 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetics* 23, 147. https://doi.org/10.1038/13779.

Athey, T.W. 2005. Haplogroup Prediction from Y-STR Values Using an Allele Frequency Approach. *Journal of Genetic Genealogy* 1, 1—7.

Derenko et al. 2012: Derenko, M., Malyarchuk, B., Denisova, G. et al. 2012. Complete mitochondrial DNA analysis of eastern Eurasian haplogroups rarely found in populations of northern Asia and eastern Europe. *PLoS One* 7 (2), e32179. DOI: 10.1371/journal.pone.0032179.

empop.online: 1. Available at: https://empop.online/ (accessed 01.07.2025).

Flegontov et al. 2016: Flegontov, P., Changmai, P., Zidkova, A. et al. 2016. Genomic study of the Ket: a Paleo-Eskimo-related ethnic group with significant ancient North Eurasian ancestry. *Scientific Reports* 6, 20768. DOI: https://doi.org/10.1038/srep20768.

Fu et al. 2016: Fu, Q., Posth, C., Hajdinjak, M. et al. 2016. The genetic history of Ice Age Europe. *Nature* 534, 200—205. DOI: 10.1038/nature17993.

Haak et al. 2015: Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N. et al. 2015. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522, 207—211. DOI: https://doi.org/10.1038/nature14317.

Jones et al. 2017: Jones, E.R., Zarina, G., Moiseyev, V. et al. 2017. The Neolithic transition in the Baltic was not driven by admixture with early European farmers. *Current Biology* 27 (4), 576—582. DOI: 10.1016/j.cub.2016.12.060.

Karmin et al. 2022: Karmin, M., Flores, R., Saag L. et al. 2022. Episodes of Diversification and Isolation in Island Southeast Asian and Near Oceanian Male Lineages. *Molecular Biology and Evolution* 39 (3), 45. DOI: 10.1093/molbev/msac045.

Kloss-Brandstätter et al. 2011: Kloss-Brandstätter A., Pacher D., Schönherr S. et al. 2011. HaploGrep: a fast and reliable algorithm for automatic classification of mitochondrial DNA haplogroups. *Human Mutation* 32, 25—32.

Krause et al. 2010: Krause J., Briggs A.W., Kircher M. et al. 2010. A complete mtDNA genome of an early modern human from Kostenki, Russia. *Current Biology* 20 (3), 231—236. DOI: 10.1016/j.cub.2009.11.068.

Kutanan et al. 2017: Kutanan, W., Kampuansai, J., Srikummool, M. et al. 2017. Complete mitochondrial genomes of Thai and Lao populations indicate an ancient origin of Austroasiatic groups and demic diffusion in the spread of Tai-Kadai languages. *Human Genetics* 136 (1), 85—98. DOI: 10.1007/s00439-016-1742-y.

Macaulay et al. 2005: Macaulay, V., Hill, C., Achilli, A. et al. 2005. Single, rapid coastal settlement of Asia revealed by analysis of complete mitochondrial genomes. *Science* 308 (5724), 1034—1036. DOI: 10.1126/science.1109792.

nevgen.org: 1. Available at: https://www.nevgen.org/ (accessed 01.07.2025).

NIST. 2017: NIST 1036 Revised U.S. Population Dataset (July 2017). STRBase: Short Tandem Repeat DNA Internet Database. Available at: https://strbase.nist.gov/NISTpop.htm (accessed 01.07.2025).

Purps, J. et al. 2014. A global analysis of Y-chromosomal haplotype diversity for 23 STR loci. *Forensic Science International: Genetics* 12, 12—23.

spsmart.cesga.es/popstr: 1. Available at: http://spsmart.cesga.es/popstr.php (accessed 01.07.2025).

Willuweit, S., Roewer, L. 2007. International Forensic Y Chromosome User Group. Y chromosome haplotype reference database (YHRD): update. *Forensic Science International: Genetics* 1 (2), 83—87.

Таблица 1. **Гаплогруппы Y-хромосомы представителей сарматских культур.**

База данных	**К1 П1 Черкасов IX**	**К3 П2 Черкасов IX**	**К1 П1 Черкасов X**	**К2 П1 Черкасов VI**	**К3 П1 Черкасов IX**
YHRD/ NEVGEN	O1a2 M110	Q M346> YP4004	R1b M269	I2a1 / I2a2b L38	Q M346> YP4004
Индекс соответствия	19,31	21,04	51,04	22,06 / 21,23	21,04
Вероятность (%)	94,33	96,76	100	22,62 / 20,16	96,76
Примечания: К — курган, П — погребение					

Таблица 2. **Гаплогруппы митохондриальной ДНК представителей сарматских культур.**

База данных	**К1 П1 Черкасов IX**	**К3 П2 Черкасов IX**	**К1 П1 Черкасов V**	**К1 П1 Черкасов X**	**К2 П1 Черкасов VI**	**К3 П1 Черкасов IX**
HaploGrep / EMPOP	M42b1a1a / U2e1	R9b1a1a	H2a2a1	U2e	H*2	B4j
Вероятность (%)	99,8	75,5	87,3	68,4	77,8	82,4
Примечания: К — курган, П — погребение						

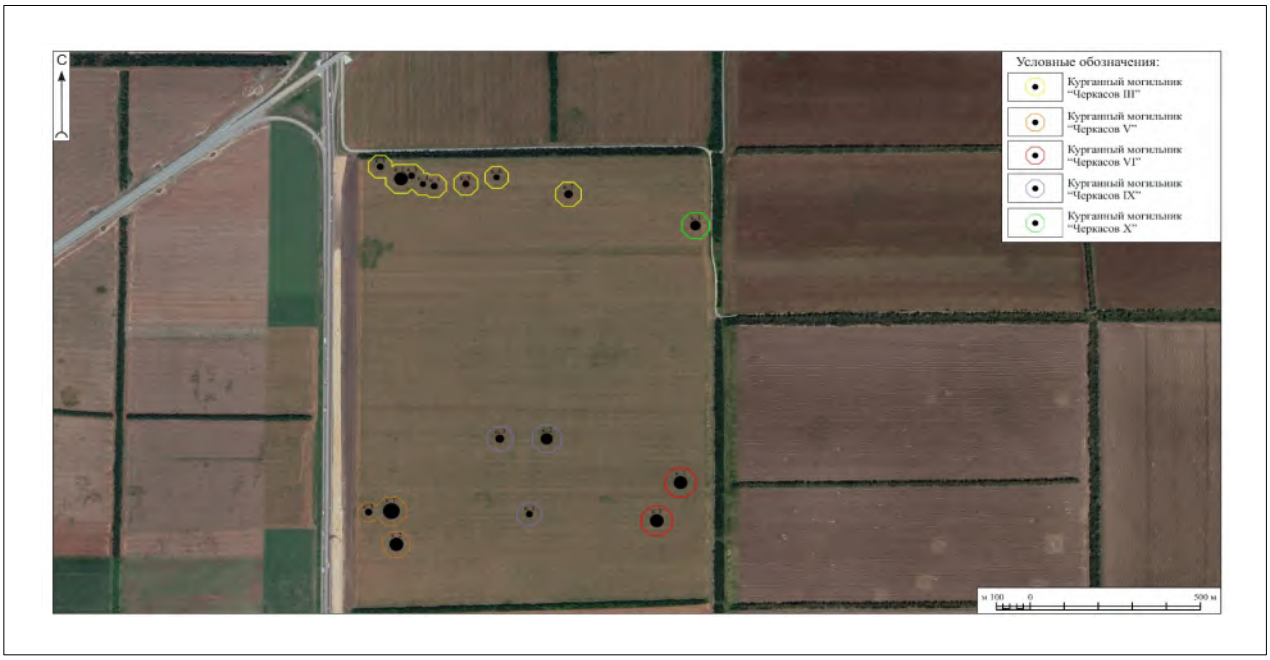

Рис. 1. Расположение курганных групп «Черкасов» (III, V, VI, IX, X) на земельном участке с кадастровым номером 61:02:0600002:1213 (Аксайский район, Ростовская область). Изображение: Google Earth, 2019 г.

Fig. 1. Location of the Cherkasov burial mound groups (III, V, VI, IX, X) on a land plot with cadastral number 61:02:0600002:1213 (Aksaysky District, Rostov Region). Image: Google Earth, 2019.



Рис. 2. Курганный могильник Черкасов IX. Курган 3. Погребение 2. Позднесарматская культура (I—II вв. н.э.). Вид с севера.

Fig. 2. Cherkasov IX burial mound. Mound 3. Burial 2. Late Sarmatian culture (1st — 2nd centuries CE). View from the north.



Рис. 3. Пряслице из погребения № 1 кургана 3 могильника Черкасов IX.

Fig. 3. Spindle whorl from the Cherkasov IX burial group: mound 3, burial 1.