



DOI: <https://doi.org/10.15688/jvolsu4.2021.5.3>

UDC 572
LBC 28.71

Submitted: 11.08.2021
Accepted: 26.09.2021

**PALEOGENETIC ANALYSIS OF THE RESIDENTS
FROM THE MOSCOW KREMLIN'S PODOL (LOWER AREA)
OF THE 14th CENTURY (ACCORDING TO THE MATERIALS
OF EXCAVATIONS IN THE TAYNITSKY GARDEN)¹**

Irina E. Alborova

Moscow Institute of Physics and Technology, Dolgoprudny, Russian Federation

Kharis Kh. Mustafin

Moscow Institute of Physics and Technology, Dolgoprudny, Russian Federation

Maria B. Mednikova

Institute of Archeology RAS, Moscow, Russian Federation

Alexandra P. Buzhilova

Institute of Archeology RAS, Moscow, Russian Federation;
Research Institute and Museum of Anthropology, Moscow State University, Moscow, Russian Federation

Asya V. Engovatova

Institute of Archeology RAS, Moscow, Russian Federation

Abstract. Introduction. The article presents the results of paleogenetic studies of medieval human remains of three people found in a closed archaeological complex (building 32) revealed during the excavations in 2007 in the Taynitsky Garden of the Moscow Kremlin (supervisor of excavations: N.A. Makarov). Previous studies on the dating of the complex links it to the devastation of Moscow by the troops of Tokhtamysh Khan in August 1382. The archaeological layer was formed at a time as a result of a fire and contained the remains of two adults and a 3-4 year old child who remained unburied. The aim of this work was the genetic study of the ancient DNA of the remains of people who died in the 14th century, clarification of their gender, determination of kinship and presumptive origin. *Material and methods.* For genetic examination, teeth were selected (permanent for adults, primary for a child). The laboratory research algorithm included a set of measures to protect archaeological DNA from contamination, sample preparation and extraction of DNA from dental remains, analysis of STR markers of the Y chromosome in males, analysis of ALU markers of autosomal chromosomes, targeted NGS sequencing of hyper-variable segments of mitochondrial DNA. *Results and conclusion.* Using the methods of molecular genetic research, it was possible to confirm that a man, a young woman and a child (boy) died in the fire. Based on the analysis of autosomal markers, with a high degree of probability (99.9%), a close biological relationship between a woman and a child (mother-son) was revealed. The man was not a relative of either the woman or the child. The mtDNA haplogroups and STR markers of the male specific Y chromosome identified in all three individuals are generally characteristic of the Slavic population of modern Europe. The mt haplogroup J1c, found in mother and child, is now most characteristic of the inhabitants of Europe. The man has a mitochondrial haplogroup K2, which is found mainly in Northwestern Europe.

Key words: archeology of the middle ages, Moscow Kremlin, paleoanthropology, genetic research, ancient DNA, Y chromosome, mtDNA, sequencing.

Citation. Alborova I.E., Mustafin K.Kh., Mednikova M.B., Buzhilova A.P., Engovatova A.V. Paleogenetic Analysis of the Residents from the Moscow Kremlin's Podol (Lower Area) of the 14th Century (According to the Materials of Excavations in the Taynitsky Garden). *Vestnik Volgogradskogo gosudarstvennogo universiteta. Seriya 4. Istoriya. Regionovedenie. Mezhnunarodnye otnosheniya* [Science Journal of Volgograd State University. History. Area Studies. International Relations], 2021, vol. 26, no. 5, pp. 30-44. (in Russian). DOI: <https://doi.org/10.15688/jvolsu4.2021.5.3>

© Альборова И.Э., Мустафин Х.Х., Медникова М.Б., Бужилова А.П., Энговатова А.В., 2021

**ПАЛЕОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ
ЖИТЕЛЕЙ ПОДОЛА МОСКОВСКОГО КРЕМЛЯ XIV в.
(ПО МАТЕРИАЛАМ РАСКОПОК В ТАЙНИЦКОМ САДУ)¹**

Ирина Эдуардовна Альборова

Московский физико-технический институт, г. Долгопрудный, Российская Федерация

Харис Харрасович Мустафин

Московский физико-технический институт, г. Долгопрудный, Российская Федерация

Мария Борисовна Медникова

Институт археологии РАН, г. Москва, Российская Федерация

Александра Петровна Бужилова

Институт археологии РАН, г. Москва, Российская Федерация;
НИИ и Музей антропологии МГУ им. М.В. Ломоносова,
г. Москва, Российская Федерация

Ася Викторовна Энговатова

Институт археологии РАН, г. Москва, Российская Федерация

Аннотация. В статье представлены результаты палеогенетических исследований средневековых останков трех человек, найденных в закрытом археологическом комплексе, датируемом второй половиной XIV в., на территории Тайницкого сада в Московском Кремле (сооружение № 32 из раскопок 2007 г. под руководством Н.А. Макарова). Люди погибли одновременно в результате пожара, вероятно, во время разорения Москвы войсками Тохтамыша в августе 1382 года. Комплекс содержал останки двух взрослых и ребенка 3–4 лет, оставшихся непогребенными. Целью данной работы было генетическое исследование древней ДНК останков людей, погибших в XIV в., уточнение их половой принадлежности, определение родства и предположительного происхождения. Для проведения генетической экспертизы были отобраны зубы (постоянные для взрослых, молочный для ребенка). Алгоритм лабораторного исследования включал комплекс мер по защите археологической ДНК от контаминации, пробоподготовку и выделение ДНК из зубных остатков, анализ STR маркеров Y-хромосомы у мужских индивидуумов, анализ Alu-маркеров аутомсомных хромосом, таргетное NGS секвенирование гипервариабельных сегментов митохондриальной ДНК. С помощью методов молекулярно-генетических исследований удалось подтвердить, что в огне погибли мужчина, молодая женщина и ребенок (мальчик). По результату анализа аутомсомных маркеров с высокой долей вероятности (99,9 %) выявлено близкое биологическое родство женщины и ребенка (мать – сын). Мужчина не был родственником ни женщине, ни ребенку. Выявленные у всех трех индивидуумов гаплогруппы митохондриальной ДНК и STR маркеров Y-хромосомы у мужчин в целом характерны для славянского населения современной Европы. Митохондриальная гаплогруппа J1c, обнаруженная у матери и ребенка, в наше время распространена у жителей Европы. У мужчины выявлена митохондриальная гаплогруппа K2, которая встречается главным образом в Северо-Западной Европе. *Вклад авторов.* И.Э. Альборова и Х.Х. Мустафин производили палеогенетический анализ. А.В. Энговатова исследовала археологический контекст. А.П. Бужилова и М.Б. Медникова исследовали антропологические материалы, производили отбор образцов для анализа древней ДНК. Все авторы принимали участие в подготовке текста статьи.

Ключевые слова: археология средневековья, Московский Кремль, палеоантропология, генетические исследования, древняя ДНК, Y-хромосома, мтДНК, секвенирование.

Цитирование. Альборова И. Э., Мустафин Х. Х., Медникова М. Б., Бужилова А. П., Энговатова А. В. Палеогенетический анализ жителей подола Московского Кремля XIV в. (по материалам раскопок в Тайницком саду) // Вестник Волгоградского государственного университета. Серия 4, История. Регионоведение. Международные отношения. – 2021. – Т. 26, № 5. – С. 30–44. – DOI: <https://doi.org/10.15688/jvolsu4.2021.5.3>

Введение. Междисциплинарные исследования с привлечением широкого спектра естественнонаучных методов составляют неотъемлемую часть современной археологии. Анализ древней ДНК, экстрагируемой из останков человека, в последние годы становится одним из важнейших элементов комплексного изучения древних и средневековых захоронений, помогая уточнять представления о происхождении, антропологическом составе и родственных связях представителей различных палеопопуляций.

Возможность производить раскопки непосредственно в Московском Кремле, средоточии государства, не так давно способствовала всестороннему изучению некрополя Чудова монастыря, где чаще всего хоронили лиц высокого социального статуса [2]. Еще ранее, в 2007 г. Институтом археологии РАН производились раскопки в Тайницком саду [8; 10]. Тогда были вскрыты сооружения усадебной застройки кремлевского подпола, которая существовала, по меньшей мере, со второй половины XIII в., неоднократно меняясь [5]. Остатки одной из вскрытых в процессе этих раскопок усадеб привлекли особое внимание специалистов. В слое так называемого сооружения 32 под толщей со следами масштабного пожара были найдены останки людей со следами обугливания. Тела погибших, обнаруженные на полу средневекового погребца, не были погребены в соответствии с традицией, что определенно указывало на исключительные обстоятельства, связанные с гибелью этих людей [1]. Подобный закрытый комплекс – крайне редкая находка в практике изучения средневековых русских городов, поэтому для более точного датирования, помимо традиционного типологического анализа керамических сосудов и других артефактов из постройки, было предпринято прямое радиоуглеродное исследование образцов костной ткани людей [6]. Было установлено, что все индивидуумы, останки которых находились в подполе дома, скончались одновременно.

На основании статистической обработки были выделены два наиболее вероятных интервала события: 1287–1311 гг. и 1359–1388 годы. Сузить датировку позволила находка в подполье сгоревшей постройки обломков золотоордынской чаши: подобные изделия

в конце XIII – начале XIV в. еще не производились и не могли попасть в сгоревшее в этот период сооружение, остатки которого представляли закрытый археологический комплекс. На этом основании был выдвинут тезис о том, что пожар произошел в период 70–80-х, не позднее начала 90-х гг. XIV века. Полученные данные, а также анализ различных исторических источников позволили с большой долей вероятности соотнести уничтоживший рассматриваемое сооружение пожар с разорением Москвы 26 августа 1382 г. войсками Тохтамыша [6].

Антропологическое исследование позволило детально описать останки людей из подпола средневековой усадьбы [1]. Производилось определение биологического возраста, оценка параметров физического развития, были диагностированы патологические проявления в структурах костной и зубной системы. Так, были изучены череп и скелет мужчины 35–45 лет. Реконструированная длина его тела не превышала 165 см, то есть была меньше на фоне средних значений у древнерусских мужчин. Кроме того, этот человек был более чем на 11 см ниже мужчин, погребенных в некрополе Чудова монастыря, что, учитывая влияние полноценного высокопротеинового питания на степень реализации ростовых процессов, возможно, отражает его не слишком высокий социальный статус. Судя по степени развития костно-мышечного рельефа костей конечностей, мужчина занимался тяжелым физическим трудом. Задолго до гибели он сломал малоберцовую кость левой голени; страдал от кариеса и даже от более серьезного воспалительного процесса, затронувшего верхнюю челюсть – одонтогенного остеомиелита.

Примечательно, что сохранившиеся фрагменты его нательной рубахи соответствуют современному 52-му размеру [7], что также позволяет косвенно оценить объем мышечной массы этого физически развитого человека.

Второй, более фрагментарно сохранившийся скелет, принадлежал индивидууму 15–18 лет [1], предположительно женского пола. В области головки ее бедренной кости отмечены следы воспалительного процесса на фоне очевидных дистрофических изменений. Все

это свидетельствовало о долговременной хромоме. О социальном статусе этой девушки-подростка говорило состояние ее сохранившейся одежды, которая была неоднократно залатана [7].

Наконец, третий скелет из этого комплекса принадлежал ребенку, судя по состоянию зубной системы, умершему в 3–4 года [1]. Положение тел показывает, что юная девушка прикрыла собой трехлетнего малыша. Они могли погибнуть, задохнувшись, когда пламя, охватившее усадьбу, поглотило верхнюю часть постройки и привело к задымлению в замкнутом пространстве подпола, где прятались люди.

Цель исследования и его задачи. Новые данные, полученные с помощью мощного естественнонаучного метода – генетического исследования древней ДНК, позволят исследовать останки трех человек, сгоревших в пожаре в Кремле, с помощью редко пока используемого в археологической практике метода. Будет уточнена половая принадлежность этих людей, определено родство, выявлено предположительное происхождение.

Нетривиальным аспектом генетических исследований антропологических материалов из конкретного археологического комплекса является то, что изучению подвергнуты образцы, испытавшие определенное тепловое воздействие (частично скелеты были обуглены). Воздействие высоких температур может привести к полной или существенной деградации ДНК в костной и зубной ткани, и в процессе данной работы, параллельно с основными задачами исследования, была проверена возможность выделения ДНК удовлетворительной сохранности.

Материал и методы. Для проведения генетической экспертизы были отобраны зубы (постоянные для взрослых, молочный для ребенка). Образец 1 принадлежал мужчине, образец 2 – ребенку, образец 3 – девушке-подростку. Эти образцы были переданы Институтом археологии РАН в лабораторию исторической генетики МФТИ.

Защита археологической ДНК от контаминации. Одной из главных проблем при генетических исследованиях археологической ДНК является опасность попадания в исследуемый образец фрагментов биологичес-

ких частиц современных людей (например, из атмосферного воздуха), а также опасность попадания фрагментов ранее исследованных археологических образцов (контаминация).

Для решения этой проблемы все работы по пробоподготовке образцов и выделению ДНК проводились в условно «чистой» лаборатории, оснащенной независимой системой вентиляции, которая обеспечивает предварительную очистку атмосферного воздуха и создает избыточное давление в помещении. В «чистой» зоне установлена система перчаточных боксов, соединенных между собой передаточными камерами. Перчаточные боксы обеспечивают физическое отделение рабочей зоны от окружающей среды, а передаточные камеры – перемещение образцов, расходных материалов и инструментов внутри боксов без попадания воздуха снаружи и из одного бокса в другой. Именно внутри перчаточных боксов реализуется пространство высокой «чистоты».

Проблема очистки воздуха в боксах от микрочастиц, относящихся к современным людям (например, лаборантам), также к фрагментам ранее исследованных археологических образцов, является принципиальной. Она решена кардинальным образом. Вместо использования систем фильтрации атмосферного воздуха (в которых воздух не может быть полностью очищен от частиц, размеры которых сопоставимы с размерами фрагментов деградированной археологической ДНК), впервые используется замещение воздуха в боксах особо чистым азотом. Специальная система генерации азота особой чистоты, использующая нанотехнологии для отделения на молекулярном уровне азота от других атмосферных газов, формирует в боксах «очищенную» от каких-либо включений органической природы среду, являющуюся при этом нейтральной для выполняемых в боксах процедур.

Обработка внутреннего пространства боксов встроенными лампами УФ дополняет систему защиты от контаминации.

Каждый бокс предназначен для определенного этапа работы с древними образцами, как это было описано в специальной публикации [11].

Каждый образец на всех этапах пробоподготовки обрабатывался отдельно от дру-

гих образцов. После его обработки осуществлялась полная очистка соответствующих боксов и замена в них рабочей атмосферы из особо чистого азота.

Важнейшими этапами, от которых в определяющей степени зависит итоговый результат исследования археологической ДНК, являются пробоподготовка и выделение ДНК.

Пробоподготовка образцов зубов. На первом этапе в лаборатории в специализированном перчаточном боксе с помощью стоматологического прецизионного оборудования каждый зуб отдельно был очищен от эмали. Затем для удаления загрязнения с зубов проводилась их кавитационная «обдирка» в ультразвуковой мойке в гипохлорите натрия и ультразвуковой воде. После высушивания в среде особо чистого азота образец облучался УФ по 2 минуты с каждой стороны. Далее зуб вместе с коронкой без эмали в специальной мельнице подвергался полному измельчению до состояния костной муки.

Выделение ДНК из зубных останков. ДНК выделялась из зубного порошка, полученного путем измельчения зуба, массой 0,2 г в соответствии с протоколом [13]. В одном боксе выделялась ДНК только из одного археологического образца. Контрольный образец использовался для подтверждения отсутствия контаминации.

Количественную оценку качества ДНК проводили с использованием набора Quantifiler™ Trio (TFS). Данный набор позволяет определять содержание в образцах аутосомной ДНК различных размеров (фрагменты длиной 80 пар оснований и 214 пар оснований) и Y-хромосому.

Одной из важнейших характеристик Y-хромосомы, несущей информацию о происхождении и родственных связях по отцовской линии исследуемого индивидуума, является его гаплотип, определяемый STR-маркерами этой хромосомы.

Анализ STR-маркеров Y-хромосомы у мужских индивидуумов. С использованием набора реактивов Yfiler™ Plus PCR Amplification Kit (TFS, USA) была генотипирована ДНК археологических образцов, относящихся к мужским индивидуумам, по 27 STR-маркерам Y-хромосомы (DYS438, DYS627, DYS458, DYS437, DYS391, DYS392,

DYS635 (YGATA C4), DYS19, DYS390, DYS439, DYS456, DYS393, DYS449, DYS387S1 a/b, DYS576, DYS460, DYS533, DYS389 I/II, DYS570, DYS385 a/b, DYS481, YGATA H4, DYS518, DYS448). Данный набор реагентов зарекомендовал себя как высокочувствительный к деградированным образцам с большим возрастом захоронения [4; 11]. Фрагментный анализ осуществлялся на секвенаторе AB3500x1 (TFS, США), согласно инструкциям производителя. Количество циклов ПЦР-амплификации было увеличено с рекомендуемых 25 до допустимых 32, что положительно сказалось на результатах. Фрагментный анализ 27 STR-локусов Y-хромосомы осуществлялся на секвенаторе AB3500x1 с разделительной матрицей POP-7 (TFS, США), согласно инструкциям производителя. Последующая обработка данных осуществлялась в программе IDX v.1.4 GeneMapper (TFS, США). Предполагаемая гаплогруппа определялась в онлайн-программе <https://www.nevgen.org/>.

Анализ Alu-маркеров аутосомных хромосом. Очень чувствительным методом для определения прямого родства исследуемых индивидуумов является генотипирование маркеров аутосомных хромосом, передающихся напрямую от обоих родителей детям.

Для идентификации половой принадлежности индивидуумов 1, 2, 3 и установления вероятного родства между ними был применен ПЦР-набор реагентов InnoTyper 21 Kit (InnoGenomics). Данный набор реагентов представляет собой небольшую систему генотипирования ДНК по 20 Alu-маркерам и амелогенину. Система генотипирования InnoTyper 21 Kit обладает высокой чувствительностью, толерантна к деградации ДНК и ее ингибированию. С помощью данного набора возможно амплифицировать очень короткие фрагменты ДНК длиной 60–125 п.н. в предельно низких концентрациях (от 15 пикограмм). Также к достоинствам Alu-инсерций как инструмента для идентификации пола и определения родства относятся стабильность Alu-элемента, то есть низкий уровень инсерций de novo и отсутствие механизма удаления Alu-инсерции из локусов. Каждый locus в системе InnoTyper 21 характеризуется наличием стабильной наследственной вставки – I или отсутствием наследственной вставки – N. Фрагментный

анализ 20 аутосомных Alu-маркеров и амелогенина осуществлялся на секвенаторе AB3500xl с разделительной матрицей POP-7 (TFS, США), согласно инструкциям производителя. Последующий анализ генетических профилей осуществлялся в программе IDX v.1.4 GeneMapper (TFS, США). Вероятность родства оценивалась попарным сравнением аутосомных Alu-инсерций с использованием программы FAMILIAS [17].

Метод New Generation Sequence (NGS). Мощнейшим эффективным методом для палеогенетических исследований древних образцов является метод New Generation Sequence (NGS).

Таргетное NGS-секвенирование гипервариабельных сегментов I–III митохондриальной ДНК было проведено с помощью набора реагентов PowerSeq™ CRM (Promega).

Контроль качества полученных библиотек производили на приборе Agilent Bioanalyzer 2100 с помощью набора реагентов High Sensitivity Kit (Agilent Technologies) по протоколу производителя.

NGS-секвенирование выполнялось на секвенирующей платформе Miseq (Illumina). Подготовка образцов и запуск осуществлялись согласно протоколам Illumina (Reagent Kit v2 300-cycles).

Первичная обработка NGS-данных была выполнена с использованием программного обеспечения MiSeq Control / RTA (Illumina). Сырые прочтения для каждого образца были предварительно обработаны с использованием программы PRINSEQ-lite [21] для исключения последовательностей низкого качества (среднее качество прочтения Q score < 25) и коротких фрагментов (длина чтения < 50 нуклеотидов). Полученные последовательности были картированы на полный геном человека (GRCh38.p7, PRJNA31257) и последовательность mtDNA человека (rCRS, NC_012920.1) одновременно с использованием Burrows-Wheeler Aligner (BWA-mem, v_0.7.13) [21]. Пакет SAMtools v_1.3.1 [3] и Picard toolkit v_2.18.17 использовались для операций с файлами sam/bam. Поиск вариантов нуклеотидной последовательности осуществлялся с помощью Genome Analysis Toolkit (GATK version: 4.0.11.0) [22]. При этом были отфильтрованы варианты, которые не соответствовали сле-

дующим критериям: глубина прочтения > 15x, качество картирования > 35. Указанные параметры были вычислены программой Genome Analysis Toolkit (GATK version: 4.0.11.0). Программа VEP [18] с использованием кэша 94_GRCh38 была применена для первичной аннотации вариантов. Определение вероятной гаплогруппы митохондриальной ДНК проводилось в онлайн-программе EMPOP.ONLINE.

Дополнительный анализ NGS-данных mtDNA проводился с использованием программного обеспечения GeneMarker HTS Software (SoftGenetics).

Результаты. Оценка сохранности и концентрации ДНК. Несмотря на термическое воздействие, оказанное во время пожара, и связанную с этим хрупкость полученных для исследования зубов, биологический материал в них сохранился в достаточном количестве, а ДНК была выделена хорошего качества.

В образце 1 выявлены следующие значения количества ДНК: фрагменты длиной 214 пар оснований – 0,2 нг/мкл, фрагменты длиной 80 пар оснований – 0,6 нг/мкл, Y-хромосома – 0,4 нг/мкл. В образце 2 выявлены: фрагменты длиной 214 пар оснований – 0,1 нг/мкл, фрагменты длиной 80 пар оснований – 0,5 нг/мкл, Y-хромосома – 0,3 нг/мкл. Для образца 3 получены следующие характеристики качества ДНК: фрагменты длиной 214 пар оснований – 0,01 нг/мкл, фрагменты длиной 80 пар оснований – 0,1 нг/мкл, Y-хромосома – 0 нг/мкл. ДНК, выделенная из 3 индивидуума, оказалась более деградированной, но вполне пригодной для последующих анализов.

Установление родства по аутосомным маркерам. В результате генотипирования Alu-маркеров аутосомных хромосом были получены полные STR-профили по всем 3 образцам, которые представлены в таблице 1. Типирование локуса амелогенина с помощью наборов реагентов Quantifiler™ Trio (TFS, США) и InnoTyper 21 Kit (InnoGenomics) показало, что образцы 1 и 2 принадлежали лицам мужского пола, а образец 3 – женщине, что соответствует антропологическим определениям половой принадлежности [1].

Попарное сравнение всех профилей выявило полное совпадение профилей между ребенком и женщиной. В то же время генети-

ческий профиль 1 индивидуума (мужчина) отличается от профилей 2 и 3 индивидуумов по одному локусу – NBC148, что говорит об отсутствии родства между ними (см. табл. 1). Между 2 и 3 индивидуумами был проведен анализ отношения правдоподобия (LR), который показал наличие родственных отношений (LR = 142605) с вероятностью 99,998 %.

Анализ митохондриальной ДНК.

В результате секвенирования ГВС 1–3 митохондриальной ДНК (мтДНК) 3 археологических индивидуумов были получены митотипы и по ним прогнозированы гаплогруппы митохондриальной ДНК (см. табл. 2).

Как видно из таблицы 2, у индивидуума 2 (ребенка) выявилось 17 нуклеотидных замен. У индивидуума 3 (женщины) выявилось только 14 нуклеотидных замен. Все они вошли в число 17, обнаруженных у индивидуума 2. Одинаковые мутации выделены жирным шрифтом и подчеркиванием. У индивидуумов 2 и 3 предсказана одна и та же митохондриальная гаплогруппа – **J1c** (как и должно быть у сына и его матери).

Однако у индивидуума 3 из 17 нуклеотидных замен 3 не выявилось. Обусловлено это тем, что в силу существенно худшей сохранности ДНК у индивидуума 3 именно те фрагменты ГВС 1–3 митохондриальной ДНК, в которых должны быть обнаружены соответствующие нуклеотидные замены, при секвенировании не считались.

Итак, в результате секвенирования ГВС 1–3 митохондриальной ДНК удалось перепроверить (в рамках возможностей метода) родство по материнской линии между индивидуумами 2 и 3, выявленное ранее «с высокой криминалистической точностью» по аутосомным маркерам. Таким образом, можно однозначно утверждать, что индивидуумы 2 и 3 состояли в родстве как сын – мать.

Гаплогруппа **J1c**, обнаруженная у индивидуумов 2 и 3, происходит из корневой гаплогруппы **J**. Эта корневая гаплогруппа в настоящее время присутствует в 9 % всех европейских популяций и 13 % населения Ближнего Востока. А ее субветвь **J1c** встречается в основном в Европе, особенно в Центральной Европе, на Балканах и в Украине, где она охватывает порядка 64 % от общего числа линий **J**. Гаплогруппа **J**, часто идентифициру-

емая как **J1** и в некоторых случаях как **J1c**, была найдена в неолитических останках из северной Испании, Франции, Германии и Швеции, а также в мезолитическом образце из Германии [20]. В работе, где исследовалась ДНК древних раннеолитических земледельцев из Западной Анатолии и представителей культуры Старчево на Балканах, было обнаружено, что гаплогруппа **J1c** присутствовала в обеих культурах наряду с другими типичными европейскими неолитическими линиями – **H5**, **K1a**, **N1a**, **T2** и **X2** [15]. В исследовании [19] два индивидуума эпохи викингов из шведского города Сигтуна (X–XI вв. н. э.), показали принадлежность митохондриальной линии **J1c**. В работе [11] у индивидуума из прибалто-финского могильника X – начала XIII в. (кургана у Ратчино, Ижорское плато), ассоциируемого с чудью или водью, была зафиксирована эта же митохондриальная линия.

В свою очередь, у индивидуума 1 была определена гаплогруппа **K2**. Эта гаплогруппа широко распространена среди современного населения Северо-Западной Европы, а также в Ливане среди друзов [23]. Однако палеогенетические исследования показали, что до периода неолита у западных охотников-собирателей, которые населяли Западную и Центральную Европу, гаплогруппа **K** отсутствовала, в то время как ее субварианты **K1a**, **K1b** и **K2a** были обнаружены среди земледельцев раннего неолита Ближнего Востока, а затем – Европы [12; 14; 15]. По гаплогруппе **K** интересный результат был получен Австралийским центром древней ДНК совместно с МГНЦ РАМН [9]: эту гаплогруппу определили у «варяжской гостьи», обнаруженной в камерном погребении на раскопе Старовознесенского некрополя второй половины X в. в Пскове.

Анализ фрагментов Y-хромосомы.

Для двух мужских археологических образцов был проведен фрагментный анализ 27 STR локусов Y-хромосомы. Полученные результаты приведены в таблице 3. Благодаря хорошей сохранности ДНК у индивидуума 1 выявлен полный STR-профиль Y-хромосомы (см. табл. 3), а у индивидуума 2 не выявилось всего 4 локуса из 27. В обоих случаях удалось предсказать гаплогруппу с высоким филогенетическим разрешением с помощью онлайн-программы <https://www.nevgen.org/>.

Были определены 2 различные линии гаплогруппы R1a: у индивидуума 1 – R1a1a1b1a2 (Z280), у индивидуума 2 – R1a1a1b1a1a (M458) (см. табл. 3). Для подтверждения данных гаплогрупп и уточнения их субвариантов необходимо проведение NGS SNP Y-хромосомы.

Обнаруженные у индивидуумов 1 и 2 генетические линии гаплогруппы R1a имеют широкое распространение в Восточной Европе и встречаются в современных популяциях западных славян Чехии, Словакии, Польши и Западной Беларуси, в популяциях России и Украины [3; 24]. В работе [16] представлены результаты палеогенетических исследований средневековых образцов, выявившие вариант гаплогруппы R1a1a1b1a1a (M458) из останков, обнаруженных в Уседоме (Восточная Германия, XIII в.), Олдензаал (Нидерланды, XV в.) и Радонез (Россия, начало XVII в.).

Обсуждение результатов. Результаты палеогенетического исследования во многом способствуют пониманию повседневной жизни жителей подола Московского Кремля в XIV в. до их трагической гибели вследствие нашествия войск хана Тохтамыша в августе 1382 года.

Особое внимание привлекают юная мать и ее ребенок, пытавшиеся уберечься в подполе здания. По данным антропологии на основании несращения эпифизов трубчатых костей и состояния зубной системы можно сделать вывод, что индивидууму № 2 (здесь использована археологическая нумерация) на момент смерти было всего 15–18 лет [1]. Эта девушка находилась в процессе биологического роста. Тем примечательнее, что, учитывая данные генетики, она за 3–4 года до смерти уже стала матерью. Судя по всему, начиная с раннего детства, она испытала серию негативных эпизодов, отраженных в дефектах зубной эмали – так называемой эмалевой гипоплазии, запечатлевшей физиологические стрессы в 1,5; 3; 4,5 и 6 лет. О более поздних стрессах свидетельствуют линии ГARRISA на рентгенограммах ее трубчатых костей (не менее 7). Не исключено, что девочкой она перенесла рахит, о чем говорит сильная изогнутость диафиза бедренной кости. Эта юная женщина страдала серьезной патологией тазобедренного сустава. По всей видимости, именно хромота побудила эту девушку скры-

ваться в подполе вместе с ребенком и не дала шанса бежать.

У ее сына был выявлен индикатор хронической анемии на поверхности шейки бедренной кости (*cribra femoris*), а также пороз на крыльях сфеноидной кости – типичные признаки у маленьких детей при недостатке витамина С [1]. Таким образом, мальчик испытывал хроническую недостаточность витаминов (С и группы В).

Как уже упоминалось, семья была небогатой, одежда матери была неоднократно чинена [7]. Мать и мужчина, тоже нашедший смерть в этом пожаре, питались преимущественно растительной пищей, что подтверждает невысокий социальный статус [6]. Пищевой статус ребенка, по результатам исследования изотопов азота и углерода, в отличие от питания взрослых, свидетельствует о достаточно высоком потреблении протеинов – белков животного происхождения. Не исключено, что мать продолжала кормить его грудью [6]. Трогательная деталь – в небольшом мешочке были найдены зерна овса, по-видимому, предназначенные для питания ребенка и заботливо взятые с собой матерью ребенка в укрытие.

Как теперь очевидно после проведенного генетического исследования, мужчина не был отцом ребенка и отличался своим происхождением от матери и сына. Однако выявленные гаплогруппы у всех исследованных в целом характерны для славянского населения современной Европы. Ранее был проведен анализ соотношения изотопов стронция, что позволило нам сделать вывод, что все эти люди были местными. Особенно близки изотопные сигналы образцов костной ткани девушки и ребенка [6]. В свете данных генетики об их теснейшей родственной связи, этот результат становится особенно весомым.

На примере проведенного комплексного анализа с использованием палеогенетических методов можно убедиться, насколько актуальны полученные данные даже на уровне частной истории повседневной жизни и трагической гибели нескольких человек.

Заключение. Генетические исследования останков трех человек, погибших, предположительно, в 1382 г. во время нашествия Тохтамыша на Москву, позволили уточнить

ряд вопросов, связанных с половой принадлежностью (прежде всего, индивидуумов юношеского и детского возраста), их родством и возможным происхождением.

Установлено, что исследуемые образцы принадлежали взрослому мужчине (образец 1), мальчику (образец 2) и женщине (образец 3).

Между мальчиком и женщиной (по антропологическому определению, девушкой-подростком) подтверждена родственная связь – сын – мать – по аутосомным маркерам и митохондриальной ДНК. Мужчина не являлся их прямым родственником.

Получены новые материалы для анализа происхождения изученных индивидуумов, которые по данным антропологии, несомненно, были коренными жителями Европы. В результате NGS-секвенирования выявлены митотипы исследованных индивидуумов, а у индивидуумов мужского пола помимо митохондриальной ДНК получены результаты анализа STR-маркеров Y-хромосомы.

У взрослого мужчины по митотипам были предсказаны вероятные митохондриальные гаплогруппы и выявлена гаплогруппа **K2**, которая наиболее характерна для современных жителей Северо-Западной Европы, а по анализу STR-маркеров Y-хромосомы обнаружена одна из линий гаплогруппы R1a – R1a1a1b1a2 (Z280), которая имеет преимущественное распространение в современных группах славян Центральной и Восточной Европы. Эта линия относится к прото-прибалто-славянской.

По результатам NGS-секвенирования у ребенка и женщины выявлены нуклеотидные замены в мтДНК, характерные для одной и той же гаплогруппы – **J1c**, которая в настоящее время преимущественно встречается у жителей Центральной Европы, на Балканах и в Украине.

По STR-гаплотипам Y-хромосомы у ребенка был обнаружен другой, нежели у мужчины, вариант из линий гаплогруппы R1a – R1a1a1b1a1a (M458). Эта гаплогруппа, как и в случае анализа маркеров у мужчины, имеет преимущественно распространение в совре-

менных группах славян Чехии, Словакии, Польши, Западной Беларуси, России и Украины. Эта линия считается прото-славянской.

Полученные данные свидетельствуют о генетическом разнообразии населения подола Московского Кремля в последней трети XIV века. Однако не исключена версия того, что в подклете спрятались люди, не проживавшие непосредственно на территории подола в Кремле, а лишь укрывшиеся за его стенами от врагов. Это люди разного происхождения, но в целом выявленные гаплогруппы характерны для европейского населения и преимущественно славян Центральной и Восточной Европы.

Проведенный анализ показал, что воздействие высоких температур не всегда приводит к полной деградации древней ДНК, это методическое наблюдение может быть важным для дальнейших палеогенетических работ с подобными объектами.

Генетические исследования – новый мощный естественнонаучный метод изучения образцов биологических тканей человека и животных, происходящих из археологических раскопок, – постепенно становятся стандартными. В совокупности с традиционными подходами они дают новые данные о происхождении и родственных связях людей прошлого, позволяют проводить более глубокую реконструкцию исторических событий.

ПРИМЕЧАНИЕ

¹ Генетические исследования, описанные в работе, были проведены за счет средств Фонда целевого капитала Московского физико-технического института. Исследование археологического контекста и антропологических материалов выполнено в рамках госзадания, тема № АААА18-118011790092-5.

The genetic studies described in the work were carried out at the expense of the Endowment Fund of the Moscow Institute of Physics and Technology. The study of the archaeological context and anthropological materials was carried out within the framework of the state task, topic No. АААА18-118011790092-5.

ПРИЛОЖЕНИЯ

Таблица 1. Генетические профили индивидуумов

Table 1. Genetic profiles of individuals

Локусы	Образец 1, мужчина		Образец 2, ребенок		Образец 3, женщина	
	Значение аллелей					
AC4027	I	N	I	<u>N</u>	I	<u>N</u>
MLS26	I	N	I	<u>N</u>	N	<u>N</u>
ALU79712	I	N	I	<u>I</u>	<u>I</u>	N
NBC216	I	I	I	<u>N</u>	I	<u>N</u>
NBC106	N	N	I	<u>N</u>	<u>N</u>	N
RG148	N	N	<u>I</u>	N	<u>I</u>	N
NBC13	I	N	N	<u>N</u>	<u>N</u>	N
AC2265	I	I	<u>I</u>	N	<u>I</u>	I
MLS09	I	N	I	<u>N</u>	<u>N</u>	N
AC1141	I	N	I	<u>I</u>	<u>I</u>	I
TARBP	I	N	<u>I</u>	N	<u>I</u>	I
AMEL	X	Y	X	Y	X	X
AC2305	I	N	I	<u>N</u>	I	<u>N</u>
HS4.69	I	N	I	<u>N</u>	I	<u>N</u>
NBC51	N	N	<u>N</u>	I	<u>N</u>	N
ACA1766	I	I	<u>I</u>	N	<u>I</u>	I
NBC120	I	N	<u>I</u>	N	<u>I</u>	N
NBC10	N	N	<u>I</u>	N	<u>I</u>	N
NBC102	N	I	N	<u>I</u>	N	<u>I</u>
SB19.12	I	N	I	<u>N</u>	<u>N</u>	N
NBC148	N	N	I	<u>I</u>	<u>I</u>	I

Примечание. Совпадающие значения аллелей у 2 и 3 индивидуумов выделены жирным шрифтом и подчеркиванием. Наличие наследственной вставки повторов – I; отсутствие наследственной вставки повторов – N.

Note. Coinciding values of alleles in individuals 2 and 3 are highlighted in bold and underlined. The presence of hereditary insertion of repeats - I; lack of hereditary insertion of repeats - N.

Таблица 2. Результаты исследования мтДНК (ГВС 1–3)

Table 2. Results of the study of mtDNA (GVS 1–3)

Номер образца	Пол	Митотипы (ГВС 1–3)	Предикция мт-гаплогруппы
1	М	A73G T146C T152C A263G T16224C T16311C T16368C T16519C	K2
2	М	A73G G143A G185A G228A A263G C295T C298T C462T T482C T489C C16069T T16126C T16172C T16189C C16223T T16362C G16526A	J1c
3	Ж	A73G G185A G228A A263G C295T C298T C462T T482C T489C C16069T T16126C C16223T T16362C G16526A	J1c

Примечание. Одинаковые мутации выделены жирным шрифтом и подчеркиванием.
Note. The same mutations are highlighted in bold and underlined.

Таблица 3. Результаты исследования Y-хромосомы мужских индивидуумов

Table 3. Results of the study of the Y chromosome of male individuals

Номер образца	HG (predictor)	393	390	19	391	385 a	385 b	439	389 I	392	389 II	458	437	448	449	460	Y-GATA-H4	456	576	570	438	481	533	635	627	518	F387S1 a	F387S1 b
		13	24	17	11	10	10	11	13	11	30	15	14	20	31	11	12	16	18	19	11	26	12	23	18	40	36	38
1	R1a1a1b1a2 (Z280)	13	25	16	11	11	11	11	13	11	30	16	15	20	31	11	12	17	18	18	11	23	12	23	16	40	36	38
2	R1a1a1b1a1a (M458)	13	24	17		10	10	11	13	11	30	15	14	20		11	12	16	18	19	11	26	12	23	18	36	36	38

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Антропологические находки из средневековых слоев Тайницкого сада (по материалам раскопок в Московском Кремле в 2007 г.) / А. П. Бужилова, М. Б. Медникова, А. В. Энговатова, В. Ю. Коваль // *Российская археология*. – 2019. – № 3. – С. 171–191.
2. Археология Московского Кремля. Раскопки 2016–2017 гг. / ред.: Н. А. Макаров, В. Ю. Коваль. – М.: ИА РАН, 2018. – 164 с.
3. Балановский, О. П. Генофонд Европы / О. П. Балановский. – М.: Товарищество научных изданий КМК, 2015. – 354 с.
4. Два необычных захоронения эпохи позднего средневековья в бахчисарайском районе республики Крым / С. В. Сиротин, Д. С. Богачук, А. А. Волюшинов, А. А. Тарасова, Х. Х. Мустафин, И. Э. Альборова // *Краткие сообщения Института археологии*. – 2019. – № 256. – С. 293–307.
5. Дубровин, Г. Е. Усадебная застройка раскопа 1 в Тайницком саду Московского Кремля (предварительная публикация) / Г. Е. Дубровин, В. Ю. Коваль // *Археология Подмосковья: материалы научного семинара*. – М.: ИА РАН, 2014. – Вып. 10. – С. 94–110.
6. Исторический контекст в свете естественнонаучных исследований (по материалам раскопок ИА РАН в Московском Кремле в 2007 г.) / А. В. Энговатова, А. Е. Черкинский, В. Ю. Коваль, А. Ю. Сергеев, Е. Ю. Лебедева, М. Б. Медникова // *Российская археология*. – 2021. – № 2. – С. 167–185.
7. Орфинская, О. В. Исследование текстиля XV века из раскопок 2007 года / О. В. Орфинская // «Московский Кремль», государственный историко-культурный музей-заповедник: материалы и исследования. – М.: ФГУ «Гос. ист.-культур. музей-заповедник “Московский Кремль”», 2016. – Вып. 27. – С. 268–281.
8. Панова, Т. Д. Отчет об охранных археологических раскопках на территории Тайницкого сада в Московском Кремле в 2007 году / Т. Д. Панова, В. Ю. Коваль // *Архив ИА РАН*. – Р-1. – Ф-1. – № 29009. – М.: ИА РАН, 2008.
9. Пежемский, Д. В. Опыт антропологического исследования останков из камерных погребений Старовознесенского некрополя Пскова / Д. В. Пежемский // *Древнерусский некрополь Пскова X – начала XI века*. – СПб.: Нестор-История, 2016. – Т. 2. – С. 560–578.
10. Подол Московского Кремля по материалам археологических исследований / В. Ю. Коваль, Т. Д. Панова, Н. А. Кренке, Г. Е. Дубровин, А. С. Алешинская, А. А. Карпухин // *Вестник РФФИ. Гуманитарные и общественные науки*. – 2017. – № 4 (89). – С. 35–47.
11. Стасюк, И. В. «Славянская колонизация» водской земли: историография, проблемы, новые подходы / И. В. Стасюк, Х. Х. Мустафин, И. Э. Альборова // *Stratum plus. Археология и культурная антропология*. – 2020. – № 5. – С. 347–361.
12. Ancient DNA Analysis of 8000 B.C. Near Eastern Farmers Supports an Early Neolithic Pioneer Maritime Colonization of Mainland Europe through Cyprus and the Aegean Islands / E. Fernández, A. Pérez-Pérez, C. Gamba, E. Prats, P. Cuesta, J. Anfruns, M. Molist, E. Arroyo-Pardo, D. Turbón // *PLoS Genet*. – 2014. – № 10 (6). – P. 1–16.
13. Complete mitochondrial genome sequence of a Middle Pleistocene cave bear reconstructed from ultrashort DNA fragments / J. Dabney, M. Knapp, I. Glocke [et al.] // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. – 2013. – № 110. – P. 15758–15763. – DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1314445110>.
14. Early farmers from across Europe directly descended from Neolithic Aegeans / Z. Hofmanová, S. Kreutzer, G. Hellenthal, Ch. Sell, Y. Diekmann, D. Diezdel-Molino, L. van Dorp, S. López, A. Kousathanas, V. Link, V. Kirsanow, L. M. Cassidy, R. Martiniano, M. Strobel, M. Scheu, K. Kotsakis, P. Halstead, S. Triantaphyllou, N. Kyriakou-Apostolika, D. Urem-Kotsou, C. Ziota, F. Adaktylou, Sh. Gopalan, D. M. Bobo, L. Winkelbach, J. Blöcher, Unterländer, C. Leuenberger, C. Çilingiroğlu, B. Horejs, M. F. Gerritsen, S. J. Shennan, D. G. Bradley, M. Currat, Krishna R. Veeramah, D. Wegmann, M. G. Thomas, C. Papageorgopoulou, J. Burger // *PNAS*. – 2016. – № 113 (25). – P. 6886–6891. – DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1523951113>.
15. Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians / I. Mathieson, I. Lazaridis, N. Rohland [et al.] // *Nature*. – 2015. – № 528. – P. 499–503. – DOI: <https://doi.org/10.1038/nature16152>.
16. Haplogroup analysis for a Medieval Russian burial of 16th–17th centuries in Radonezh (Moscow Area) / Kh. Kh. Mustafin, I. E. Alborova, A. S. Semenov, V. I. Vishnevsky // *Studia Slavica et Balcanica Petropolitana*. – 2018. – № 2. – P. 169–180. – DOI: <https://doi.org/10.21638/spbu19.2018.209>.
17. Kling, D. Familias 3 – extensions and new functionality / D. Kling, A. O. Tillmar, T. Egeland // *Forensic Sci Int Genet*. – 2014. – № 13. – P. 121–127. – DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.07.004>.
18. McLaren, W. The Ensembl Variant Effect Predictor / W. McLaren, L. Gil, S. E. Hunt [et al.] // *Genome Biol*. – 2016. – № 17. – P. 122. – DOI: <https://doi.org/10.1186/s13059-016-0974-4>.
19. Mitochondrial DNA analysis of a Viking age mass grave in Swede Forensic Sci Int Genet / M. M. Buś, M. Lembring, A. Kjellström, C. Strobl, B. Zimmermann, W. Parson, M. Allen. – 2019. – № 42. – P. 268–274. – DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2019.06.002>.

20. Mitochondrial DNA Signals of Late Glacial Recolonization of Europe from Near Eastern Refugia / M. Pala [et al.] // *The American Journal of Human Genetics*. – May 4, 2012. – № 90 (5). – P. 915–924. – DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2012.04.003>.

21. Schmieder, R. Quality control and preprocessing of metagenomic datasets / R. Schmieder, R. Edwards // *Bioinformatics Oxford Academic*. – 2011. – № 27. – P. 863–864. – DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr026>.

22. The Genome Analysis Toolkit: A MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data / A. McKenna, M. Hanna, E. Banks [et al.] // *Genome Res*. – 2010. – № 20. – P. 1297–1303. – DOI: <https://doi.org/10.1101/gr.107524.110>.

23. The mitochondrial lineage U8a reveals a Paleolithic settlement in the Basque country / A. González [et al.] // *BMC Genomics*. – 2006. – № 7 (124). – P. 1–7.

24. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a / P. A. Underhill, G. D. Poznik, S. Rootsi [et al.] // *European Journal of Human Genetics*. – 2015. – № 23. – P. 124–131. – DOI: <https://doi.org/10.1038/ejhg.2014.50>.

REFERENCES

1. Buzhilova A.P., Mednikova M.B., Engovatova A.V., Koval' V.Yu. Antropologicheskie nahodki iz srednevekovykh sloev Tajnitskogo sada (po materialam raskopok v Moskovskom Kremle v 2007 g.) [Anthropological Finds from the Medieval Layers of the Taynitsky Garden (Based on the Materials of the Excavations in the Moscow Kremlin in 2007)]. *Rossiyskaya arkheologiya* [Russian Archeology], 2019, no. 3, pp. 171-191.

2. Makarov N.A., Koval' V.Yu., eds. *Arheologiya Moskovskogo Kremlya. Raskopki 2016–2017 gg.* [Archaeology of the Moscow Kremlin. Excavations of 2016–2017]. Moscow, IA RAN, 2018. 164 p.

3. Balanovskij O.P. *Genofond Evropy* [The Gene Pool of Europe]. Moscow, Tovarishestvo nauchnykh izdaniy KMK, 2015. 354 p.

4. Sirotin S.V., Bogachuk D.S., Voloshinov A.A., Tarasova A.A., Mustafin H.H., Al'borova I.E. Dva neobychnykh zahoroneniya epohi pozdnego srednevekov'ya v bahchisarajskom rajone respubliky Krym [Two Unusual Graves of the Late Medieval Period from the Bakhchisaray District of the Republic of Crimea]. *Kratkie soobshcheniya Instituta arkheologii* [Brief Communications of the Institute of Archaeology], 2019, no. 256, pp. 293-307.

5. Dubrovin G.E., Koval' V.Yu. Usadbnaya zastroyka raskopa 1 v Tajnitskom sadu Moskovskogo Kremlya (predvaritel'naya publikaciya) [The Estate Development of the Territory of Excavation Site 1 in Taynitsky Garden of the Moscow Kremlin].

Arkheologiya Podmoskov'ya: Materialy nauchnogo seminara [Archaeology of the Moscow Region. Proceedings of the Scientific Seminar]. Moscow, IA RAN, 2014, iss. 10, pp. 94-110.

6. Engovatova A.V., Cherkinskij A., Koval' V.Yu., Sergeev A.Yu., Lebedeva E.Yu., Mednikova M.B. Istoricheskiy kontekst v svete estestvennonauchnykh issledovaniy (po materialam raskopok IA RAN v Moskovskom Kremle v 2007 g.) [Historical Context in the Light of Science Research (Based on Materials from the 2007 Excavations in the Moscow Kremlin by the Institute of Archaeology RAS)]. *Rossiyskaya arkheologiya* [Russian Archeology], 2021, no. 2, pp. 167-185.

7. Orfinskaya O.V. Issledovanie tekstilya XV veka iz raskopok 2007 goda [Study of Textiles of the 15th Century from Excavations in 2007]. «Moskovskiy Kreml'», gosudarstvennyy istoriko-kul'turnyy muzey-zapovednik: materialy i issledovaniya [The Moscow Kremlin. State Historical and Cultural Museum. Materials and Studies]. Moscow, FGU «Gosudarstvennyy istoriko-kul'turnyy muzey-zapovednik 'Moskovskiy Kreml'», 2016, iss. 27, pp. 268-281.

8. Panova T.D., Koval' V.Yu. Otchet ob ohrannykh arheologicheskikh raskopkakh na territorii Tajnitskogo sada v Moskovskom Kremle v 2007 godu [Report on Archaeological Excavations on the Territory of the Secret Garden in the Moscow Kremlin in 2007]. *Arkhiv IA RAN. R-1, F-1: № 29009* [Archives of the Institute of Archaeology of the Russian Academy of Sciences, 2008, R-1, F-1: No. 29009]. Moscow, IA RAN, 2008.

9. Pezhemskij D.V. Opyt antropologicheskogo issledovaniya ostankov iz kamernykh pogrebenij Starovoznesenskogo nekropolja Pskova [Anthropological Case Study of the Human Skeletal Remains from Chamber Graves of the Old Ascension Necropolis of Pskov]. *Drevnerusskij nekropol' Pskova X – nachala XI veka* [Ancient Russian Necropolis of Pskov of the 10th – Early 11th Centuries]. Saint Petersburg, Nestor-Istorija Publ., 2016, vol. 2, pp. 560-578.

10. Koval' V.Yu., Panova T.D., Krenke N.A., Dubrovin G.E., Aleshinskaya A.S., Karpuhin A.A. Podol Moskovskogo Kremlya po materialam arheologicheskikh issledovaniy [Podol (Low Part) of Moscow Kremlin on Materials of Archaeological Research]. *Vestnik RFFI. Gumanitarnye i obshchestvennyye nauki* [Russian Foundation for Basic Research Journal. Humanities and Social Sciences], 2017, no. 4 (89), pp. 35-47.

11. Stasyuk I.V., Mustafin H.H., Al'borova I.E. «Slavyanskaya kolonizaciya» vodskoj zemli: istoriografiya, problemy, novye podhody [“Slavic Colonization” of the Vodsky Land: Historiography, Problems, New Approaches]. *Stratum plus. Arkheologiya i kul'turnaya antropologiya* [Stratum

Plus. *Archaeology and Cultural Anthropology*, 2020, no. 5, pp. 347-361.

12. Fernández E., Pérez-Pérez A., Gamba C., Prats E., Cuesta P., Anfruns J., Molist M., Arroyo-Pardo E., Turbón D. Ancient DNA Analysis of 8000 B.C. Near Eastern Farmers Supports an Early Neolithic Pioneer Maritime Colonization of Mainland Europe through Cyprus and the Aegean Islands. *PLoS Genet*, 2014, no. 10(6), pp. 1-16.

13. Dabney J., Knapp M., Glocke I. et al. Complete Mitochondrial Genome Sequence of a Middle Pleistocene Cave Bear Reconstructed from Ultrashort DNA Fragments. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013, no. 110, pp. 15758-15763. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1314445110>.

14. Hofmanová Z., Kreutzer S., Hellenthal G., Sell Ch., Diekmann Y., Díez-del-Molino D., Van Dorp L., López S., Kousathanas A., Link V., Kirsanow V., Cassidy L.M., Martiniano R., Strobel M., Scheu M., Kotsakis K., Halstead P., Triantaphyllou S., Kyparissi-Apostolika N., Urem-Kotsou D., Ziota C., Adaktylou F., Gopalan Sh., Bobo D.M., Winkelbach L., Blöcher J., Unterländer, Leuenberger C., Çilingiroğlu C., Horejs B., Gerritsen M.F., Shennan S.J., Bradley D.G., Currat M., Krishna R.V., Wegmann D., Thomas M.G., Papageorgopoulou C., Burger J. Early Farmers from Across Europe Directly Descended from Neolithic Aegeans. *PNAS*, 2016, no. 113 (25), pp. 6886-6891. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1523951113>.

15. Mathieson I., Lazaridis I., Rohland N. et al. Genome-Wide Patterns of Selection in 230 Ancient Eurasians. *Nature*, 2015, no. 528, pp. 499-503. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature16152>.

16. Mustafin Kh.Kh., Alborova I.E., Semenov A.S., Vishnevsky V.I. Haplogroup Analysis for a Medieval Russian Burial of 16th – 17th Centuries in Radonezh (Moscow Area). *Studia Slavica et Balcanica*

Petropolitana, 2018, no. 2, pp. 169-180. DOI: <https://doi.org/10.21638/spbu19.2018.209>.

17. Kling D., Tillmar A.O., Egeland T. Familias 3 – Extensions and New Functionality. *Forensic Science International: Genetics*, 2014, no. 13, pp. 121-127. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.07.004>.

18. McLaren W., Gil L., Hunt S.E. et al. The Ensembl Variant Effect Predictor. *Genome Biology*, 2016, no. 17. 122 p. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13059-016-0974-4>.

19. Buś M.M., Lembring M., Kjellström A., Strobl C., Zimmermann B., Parson W., Allen M. Mitochondrial DNA Analysis of a Viking Age Mass Grave in Sweden. *Forensic Science International: Genetics*, 2019, no. 42, pp. 268-274. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2019.06.002>.

20. Pala M., Anna Olivieri A. Mitochondrial DNA Signals of Late Glacial Recolonization of Europe from Near Eastern Refugia. *The American Journal of Human Genetics*, 2012, May 4, no. 90 (5), pp. 915-924. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2012.04.003>.

21. Schmieder R., Edwards R. Quality Control and Preprocessing of Metagenomic Datasets. *Bioinformatics Oxford Academic*, 2011, no. 27, pp. 863-864. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr026>.

22. McKenna A., Hanna M., Banks E. et al. The Genome Analysis Toolkit: A MapReduce Framework for Analyzing Next-Generation DNA Sequencing Data. *Genome Res*, 2010, no. 20, pp. 1297-1303. DOI: <https://doi.org/10.1101/gr.107524.110>.

23. González A. et al. The Mitochondrial Lineage U8a Reveals a Paleolithic Settlement in the Basque Country. *BMC Genomics*, 2006, no. 7 (124), pp. 1-7.

24. Underhill P.A., Poznik G.D., Rootsi S. et al. The Phylogenetic and Geographic Structure of Y-Chromosome Haplogroup R1a. *European Journal of Human Genetics*, 2015, no. 23, pp. 124-131. DOI: <https://doi.org/10.1038/ejhg.2014.50>.

Information About the Authors

Irina E. Alborova, Candidate of Sciences (Biology), Senior Researcher, Moscow Institute of Physics and Technology, Institutskiy Lane, 9, 141700 Dolgoprudny, Russian Federation, ira_teuchezh@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1950-3885>

Kharis Kh. Mustafin, Candidate of Sciences (Engineering), Head of Laboratory, Moscow Institute of Physics and Technology, Institutskiy Lane, 9, 141700 Dolgoprudny, Russian Federation, kh-mstf@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8891-2319>

Maria B. Mednikova, Doctor of Sciences (History, Archaeology), Leading Researcher, Group of Physical Anthropology, Institute of Archaeology RAS, Dm. Ulyanova St, 19, 117292 Moscow, Russian Federation, medma_pa@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1918-2161>

Alexandra P. Buzhilova, Doctor of Sciences (History, Archaeology), Leading Researcher, Director, Group of Physical Anthropology, Research Institute and Museum of Anthropology, Institute of Archaeology RAS, Dm. Ulyanova St, 19, 117292 Moscow, Russian Federation; Lomonosov Moscow State University, Mokhovaya St, 11, 125009 Moscow, Russian Federation, albu_pa@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6398-2177>

Asya V. Engovatova, Candidate of Sciences (History), Deputy Director, Institute of Archaeology RAS, Dm. Ulyanova St, 19, 117292 Moscow, Russian Federation, engov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3109-2764>

Информация об авторах

Ирина Эдуардовна Альборова, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Московский физико-технический институт, Институтский пер., 9, 141700 г. Долгопрудный, Российская Федерация, ira_teuchezh@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1950-3885>

Харис Харрасович Мустафин, кандидат технических наук, заведующий лабораторией, Московский физико-технический институт, Институтский пер., 9, 141700 г. Долгопрудный, Российская Федерация, kh-mstf@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8891-2319>

Мария Борисовна Медникова, доктор исторических наук, ведущий научный сотрудник, отдел теории и методики, Институт археологии РАН, ул. Дм. Ульянова, 19, 117292 г. Москва, Российская Федерация, medma_pa@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1918-2161>

Александра Петровна Бужилова, доктор исторических наук, ведущий научный сотрудник, отдел теории и методики, Институт археологии РАН, ул. Дм. Ульянова, 19, 117292 г. Москва, Российская Федерация; директор, НИИ и Музей антропологии МГУ им. М.В. Ломоносова, ул. Моховая, 11, 125009 г. Москва, Российская Федерация, albu_pa@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6398-2177>

Ася Викторовна Энговатова, кандидат исторических наук, заместитель директора, Институт археологии РАН, ул. Дм. Ульянова, 19, 117292 г. Москва, Российская Федерация, engov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3109-2764>