

УДК 569.9

DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3

**К вопросу о сохранности древней ДНК из костных останков
позднесарматских погребений могильных групп Аршань-Зельмень для
STR анализа**

А. А. Булуктаев, Д. И. Мацакова, С. В. Джагрунов

Калмыцкий научный центр Российской академии наук, Россия, E-mail:
buluktaev89@mail.ru

Аннотация. Актуальность и цели. На сегодняшний день исследования древней ДНК представляют собой очень актуальное направление, так как позволяют восстановить генетическую историю древних популяций человека. В настоящей статье представлены материалы генетического анализа древней ДНК. *Материалы и методы.* В качестве объекта исследования использован палеоантропологический материал (зубы), позднесарматского погребения могильника Аршань-Зельмень, расположенного на территории Республики Калмыкия. Лизис, выделение и элюция ДНК проводилась по протоколу для выделения ДНК из костей и зубов с использованием ВТА буфера Prepfiler. Анализ структуры аутосом и половой хромосомы включал определение аллельных профилей по STR-локусам наборов реактивов AmpFI STR® GlobalFiler PCR Amplification Kit и Y-filer Plus® PCR Amplification Kit. *Результаты.* В результате проведенного исследования установлена половая структура могильников Аршань-Зельмень — это 3 мужчины и 3 женщины, 1 образец идентифицировать не удалось

(костные останки ребенка). Получены относительно хорошие генетические профили всех индивидов по STR-локусам набора GlobalFiler. Генетический материал мужчин генотипирован по STR-локусам набора Y-filer Plus, в результате идентифицировано три филогенетических кластера Y-хромосомы: E1b1, N1a2, R1a, что говорит о высокой степени разнообразия данных погребений. *Выводы.* Палеоантропологический материал позднесарматских погребений из могильных групп, расположенных на территории Республики Калмыкия характеризуется хорошей сохранностью генетического материала, что позволяет генотипировать образцы по STR-локусам, для установления кровно-родственных связей, половой структуры и принадлежности к гаплогруппам.

Ключевые слова: древняя ДНК, генетический анализ, позднесарматское погребение, костный материал, гаплогруппа, половая принадлежность

UDC 569.9

DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3

Analysis of ancient DNA from the bone remains of the Late Sarmatian burials of the Arshan-Zelmen grave groups

A.A. Buluktaev, D.I. Matsakova, S.V. Dzhagrunov

¹Kalmyk scientific center of the Russian Academy of Sciences, Russian Federation. e-mail: buluktaev89@mail.ru

Abstract. *Rationale and goals.* At present, the study of ancient DNA is a very relevant area, as it allows you to restore the genetic history of ancient human populations. The article presents the results of genetic analysis of ancient DNA. *Materials and methods.* Paleoanthropological material (teeth) from the late Sarmatian burial of the Arshan-Zelmen burial ground located on the territory of the Republic of Kalmykia was used as the object of study. DNA lysis, isolation and elution were performed according to the protocol for DNA extraction from bones and teeth using BTA buffer Prepfiler. Analysis of the structure of autosomes and the sex chromosome included the determination of allelic profiles for STR loci of the AmpFISTR® GlobalFiler PCR Amplification Kit and Y-filer Plus® PCR Amplification Kit reagent kits. *Results.* As a result of the study, the sex structure of the Arshan-Zelmen burial grounds was established - these are 3 men and 3 women, 1 sample could not be identified. Relatively good genetic profiles of all individuals were obtained for the STR loci of the GlobalFiler set. The genetic material of men was genotyped according to the STR loci of the Y-filer Plus set, as a result, three phylogenetic clusters of the Y chromosome were identified: E1b1, N1a2, R1a, which indicates a high degree of diversity of phylogenetic clusters from these burials. *Conclusions.* The paleoanthropological material of Late Sarmatian burials from grave groups located on the territory of the Republic of Kalmykia is characterized by a good preservation of genetic material, which makes it possible to genotype samples by STR loci to establish consanguinity, gender and belonging to haplogroups.

Keywords: ancient DNA, genetic analysis, Late Sarmatian burial, bone material, haplogroup, gender

Введение

На базе Калмыцкого научного центра РАН в рамках мегагранта «От палеогенетики до культурной антропологии: комплексное интердисциплинарное исследование традиций народов трансграничных регионов: миграции, межкультурное взаимодействие и картина мира» созданы: - блок «Костехранилище» в котором хранится палеонтропологический материал из археологических памятников, различной культурной принадлежности, расположенных на территории Республики Калмыкия; - блок «Генетических исследований» в котором проводятся работы с древней ДНК (дДНК), включая пробоподготовку образцов, выделение ДНК, ее амплификация и электрофорез.

В настоящее время исследования посвященные изучению генетической информации из палеонтропологического материала актуальное направление, разрабатываемое ведущими лабораториями, как России, так и мира (Андреева и др., 2022; Молодин и др., 2023; Varouch et al., 2024; Erpie et al., 2015). Активно разрабатывается направление изучения костных останков из курганных погребений Юга России по материалам исследования STR-локусов (Балабанова, 2019; Вдовченков и др., 2023; Корниенко, 2021; Пилипенко и др., 2020).

На территории Республики Калмыкия сосредоточено большое количество древних курганов, археологических памятников эпохи бронзы — раннего железного века — средневековья (Очир-Горяева, 2008). Именно образцы раннего железного века (поздние сарматы) и стали объектом данного исследования.

В 1993 г. археологической экспедицией Калмыцкого научно-исследовательского института истории, филологии, экономики (КНИИ ИФЭ) были проведены спасательные раскопки курганов на территории Сарпинского района в зоне строительства автодороги. Курганная группа была расположена к юго-востоку от районного центра Садовое, на отрогах хамура перед фермой совхоза Аршань-Зельмень. Курганы этого могильника были раскопаны по Открытому листу С. В. Арапова и были названы могильником Аршань-Зельмень II, могильник Аршань-Зельмень III; могильник Аршань-Зельмень IV. Отчет по раскопкам могильника Аршань-Зельмень не был написан. Материалы для его написания были подготовлены, но затем, по всей видимости, утеряны автором раскопок (Очир-Горяева, 2009).

Цель работы заключается в оценке качества выделенной дДНК из костных останков позднесарматских погребений, расположенных на территории Республики Калмыкия для проведения STR анализа.

Материал и методы исследования

В качестве материала исследования выбран палеоантропологический материал 3-х могильных групп позднесарматского погребения «Аршань-Зельмень»: могильник Аршань-Зельмень II; могильник Аршань-Зельмень III; могильник Аршань-Зельмень IV. В качестве источника генетической информации были использованы зубы (моляры с корнями) хорошего или приемлемого качества. Сохранность зубов образца АЗ II КЗП2 очень плохая, антропологи связывают это с тем, что это костяк ребенка.

Все молекулярно-генетические исследования выполнены в блоке генетических исследований Калмыцкого научного центра РАН (г. Элиста).

Лаборатория соответствует требованиям для работы с дДНК, все сотрудники контактирующие с костными образцами, а также сотрудники лаборатории генотипированы и внесены в базу данных для исключения загрязнения образцов современной ДНК. Обработка помещений и инструментов, наведение растворов, уборка — проводились в соответствии с рекомендациями указанными в работах (Корниенко, Харламов, 2012; Арамова, 2023).

Процедуры предварительной обработки палеоантропологического материала, его деконтаминации, получения костного порошка проводили в соответствии с протоколами.

Протокол предварительной обработки костного материала:

1) с помощью шлифмашины Dremel 4000 очищали поверхность зуба, от всех загрязнений, снимая эмаль;

2) очищенный костный материал подвергали ультрафиолету, в системе УФ-дозированного облучения BLX multichannel Bio-Link crosslinker, Vilber, в течение 15 минут с каждой стороны зуба;

3) обработанный зуб помещали в размольные стаканы на 10 мл, предварительно выдержанные при -20°C в морозильной камере, для гомогенизации образца использовали вибрационную мельницу MM400, Retsch;

4) полученный костный порошок взвешивали в количестве 50 мг и переносили в пробирки с закручивающейся крышкой объемом 2 мл.

Выделение ДНК из каждого костного порошка осуществлялось в четырех повторностях, для получения обобщенного генотипа, по методике предложенной в работе (Корниенко и др., 2021).

Выделение ДНК из зубов проводили с использованием ВТА буфера Prepfilер, руководствуясь инструкцией производителя.

Для мониторинга возможной контаминации при экстрагировании ДНК использовался отрицательный экстракционный контроль (К.в.) – образец, не содержащий биоматериал.

Полученные образцы использовали в качестве матричных препаратов ДНК для постановки полимеразной цепной реакции (ПЦР).

Анализ матричной активности препаратов ДНК, содержащих генетический материал, проводили с помощью флуориметрического метода с использованием системы количественной оценки ДНК «1X dsDNA High Sensitivity (HS)» (Invitrogen, США), руководствуясь инструкцией фирмы-изготовителя. Количество выделенной ДНК регистрировали с использованием флуориметра Qubit 4 (Invitrogen, США).

Типирование полиморфных STR-локусов ДНК проводили с помощью полимеразной цепной реакции с использованием энзиматической амплификации

24-локусной панели AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США):

D3S1358, vWA, D16S539, CSF1PO, TPOX, Yindel, Amel, D8S1179, D21S11, D18S51, DYS391, D2S441, D19S433, THO1, FGA, D22S1045, D5S818, D13S317, D7S820, SE33, D10S1248, D1S1656, D12S391, D2S1338

25 указанных локусов системы AmpF/STR® Yfiler™ Plus PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США):

DYS576, DYS389I, DYS635, DYS389II, DYS627, DYS460, DYS458, DYS19, YGATAH4, DYS448, DYS391, DYS456, DYS390, DYS438, DYS392,

DYS518, DYS570, DYS437, DYS385, DYS449, DYS393, DYS439, DYS481, DYF387S1, DYS533

- руководствуясь инструкциями фирмы-изготовителя.

Для оценки специфичности реакции амплификации использовали препараты контрольной ДНК DNA 9947A (положительный контроль, K+) с известными генотипическими признаками (D3S1358 – 15,16, vWA – 14,16, D16S539 – 9,10, CSF1PO – 11,12, TPOX – 8,8, Yindel – 2, Amel – XY, D8S1179 – 12,13, D21S11 – 28,31, D18S51 – 12,15, DYS391 – 11, D2S441 – 14,15, D19S433 – 14,15, THO1 – 7,9.3, FGA – 24,26, D22S1045 – 11,16, D5S818 – 11,11, D13S317 – 11,11, D7S820 – 7,12, SE33 – 17,25.2, D10S1248 – 12,15, D1S1656 – 13,16, D12S391 – 18,19, D2S1338 – 20,23), для панели AmpF/STR® Yfiler™ Plus PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) DNA Control 007 (DYS576 – 19, DYS389I – 13, DYS635 – 24, DYS389II – 29, DYS627 – 21, DYS460 – 11, DYS458 – 17, DYS19 – 15, YGATAH4 – 13, DYS448 – 19, DYS391 – 11, DYS456 – 15, DYS390 – 24, DYS438 – 12, DYS392 – 13, DYS518 – 37, DYS570 – 17, DYS437 – 15, DYS385 – 11,14, DYS449 – 30, DYS393 – 13, DYS439 – 12, DYS481 – 22, DYF387S1 – 35,37, DYS533 – 13) и препарат, не содержащий ДНК (отрицательный контроль, K-).

Продукты полимеразной цепной реакции фракционировали электрофоретически с использованием системы капиллярного электрофореза ABI PRISM 3500 (Applied Biosystems, США).

Полученные электрофореграммы анализировали с использованием штатного программного обеспечения GeneMapper ID-X® 1.5 (Applied Biosystems, США) и устанавливали индивидуальные генотипические

комбинации аллельных вариантов (профили ПДАФ) типизируемых STR-локусов.

Результаты и обсуждение

Данные эффективной концентрации ДНК в исследуемых объектах представлены в таблице 1. В таблице представлены усредненные данные, полученные по всем повторностям генетического анализа.

Таблица 1 – Количественные характеристики выделенной древней ДНК

№	Объекты исследования	Концентрация, нг/мкл
1	А3 II К1П1	0,19±0,055
2	А3 II К2П1	0,22±0,072
3	А3 II К3П1	0,27±0,078
4	А3 II К3П2	ДНК не детектируется
5	А3 III К1П1	0,23±0,041
6	А3 III К2П1	0,34±0,086
7	А3 IV К1П1	0,86±0,16
8	Стандарт 1	ДНК не детектируется*
9	Стандарт 2	60,00
10	Контроль выделения	ДНК не детектируется

*концентрация компонента в стандарте 1 — 0 ng/μL, в стандарте 2 — 10 ng/μL

Исходя из данных таблицы концентрация выделенной дДНК варьирует от 0,19 до 0,86 нг/мкл, что соответствует требованиям использованной системы AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit и AmpF/STR® Yfiler Plus™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США (не ниже 0,01 нг/мкл)). В образце А3 II К3П2 выделенная дДНК флуориметрическим методом не детектируется, однако выделенный образец также использован для дальнейшего исследования.

В таблице 2 представлены результаты генотипирования по системе Globalfiler четырех последовательностей из образца АЗ II К2П1 и обобщенный (консенсусный) генотип. Полученные профили четырех повторностей ПДАФ АЗ II К2П1 также представлены в приложении (Приложение 1–4).

Таблица 2 – Результаты генотипирования образца АЗ II К2П1 по 24-локусной системе Globalfiler и получение обобщенного генотипа

STR-локус	АЗ II К2П1	АЗ II К2П1	АЗ II К2П1	АЗ II К2П1	АЗ II К2П1 обобщенный
D3S1358	14, 15	14, 15	14, 15	14, 15	14, 15
vWA	–	19	17, 19	17, 19	17, 19
D16S539	–	–	12	–	12
CSF1PO	–	–	–	–	–
TPOX	–	–	–	–	–
Yindel	–	–	–	–	–
AMEL	X	X	X	X	X
D8S1179	13, 14	13, 14	13, 14	13, 14	13, 14
D21S11	31.2	31.2	–	–	31.2
D18S51	–	–	–	–	–
DYS391	–	–	–	–	–
D2S441	11	11	11	11	11
D19S433	14, 15.2	14, 15.2	14, 15.2	14, 15.2	14, 15.2
TH01	–	6	6	6	6
FGA	24, 26	24	–	–	24, 26
D22S1045	11, 15	11, 15	11, 15	11, 15	11, 15
D5S818	12	12	12	12	12
D13S317	–	–	8	–	8
D7S820	–	–	–	9	9
SE33	16	25.2	–	–	16, 25.2
D10S1248	14, 15	14, 15	14, 15	14, 15	14, 15
D1S1656	16.3	–	16.3	16.3	16.3
D12S391	18	–	–	21	18, 21
D2S1338	–	–	–	–	–

В результате исследования установлено, что, несмотря на относительно хорошие концентрации ДНК при выделении, в полученном генетическом

профиле наблюдается деградация, выраженная выпадением аллелей и локусов, что характерно для древней ДНК.

Деградация ДНК отмечена и в остальных исследуемых образцах, однако нам удалось получить относительно хорошие генетические профили для образцов АЗ II К1П1, АЗ III К1П1, АЗ III К2П1, АЗ II К3П1, (приложение 5–8 соответственно). В результате исследования препаратов могильников Аршань-Зельмень, установлено, что исследуемая выборка состояла из 3 мужчин и 3 женщин, образец АЗ II К3П2 (по антропологическим данным — ребенок) генотипировать не удалось, из-за сильной деградации ДНК.

Результаты типирования STR-локусов исследуемых образцов представлены в таблице 3.

Таблица 3 – Обобщенные результаты генотипирования костных образцов могильников Аршань-Зельмень по 24-локусной системе Globalfiler

STR-локус	Аршань-Зельмень могильник 2				Аршань-Зельмень могильник 3		Аршань-Зельмень могильник 4
	АЗ II К1П1	АЗ II К2П1	АЗ II К3П1	АЗ II К3П2	АЗ III К1П1	АЗ III К2П1	АЗ IV К1П1
D3S1358	17, 18	14, 15	14, 15	–	15, 18	14, 15	14, 16
vWA	16, 19	17, 19	16, 17	–	16, 19	18, 19	15, 19
D16S539	12	12	13, 14	–	11, 13	10, 11	12, 13
CSF1PO	–	–	12	–	12	12	10
TPOX	11	–	8, 11	–	–	11	–
Yindel	2	–	–	–	2	–	2
AMEL	X, Y	X	X	–	X, Y	X	X, Y
D8S1179	13, 14	13, 14	14, 15	–	13, 15	12, 14	11, 13
D21S11	28, 32.2	31.2	28, 31.2	–	29	29, 30	30
D18S51	16, 17	–	13, 20	–	16	17	16
DYS391	–	–	–	–	–	–	–
D2S441	11, 13	11	10, 15	–	10	10, 14	11, 13
D19S433	13, 14	14, 15.2	12, 14	–	12, 13	13	15, 16
TH01	7, 8	6	9, 9.3	–	9, 3	6, 7	7, 9
FGA	22, 23	24, 26	21, 22	–	22, 25	25	20, 21
D22S1045	15, 16	11, 15	11, 15	–	11, 18	11, 14	11, 15

D5S818	11, 13	12	11, 12	–	11	11, 13	13
D13S317	11	8	12, 14	–	8	9, 10	8
D7S820	8	9	10, 11	–	7, 10	8, 12	8, 12
SE33	20, 29.2	16, 25.2	19, 25.2	–	–	18, 24,2	19, 30.2
D10S1248	13	14, 15	13, 14	–	13, 14	13	13, 14
D1S1656	14, 15	16,3	11, 16	–	13, 16	16, 17	16, 16.3
D12S391	17.3, 22	18, 21	17, 18	–	19, 24	19, 22	19, 23
D2S1338	–	–	17, 19	–	–	23	–

Полученные результаты позволяют говорить об относительно хорошей сохранности ДНК в костных образцах (зубы) позднесарматских погребений, расположенных на территории Республики Калмыкия. А результаты генотипирования могут быть использованы для установления кровно-родственных связей и установления половой принадлежности образцов. В результате анализа локуса Amelogenin, определяющего половую принадлежность, установлено, что образцы АЗ II К1П1, АЗ III К1П1 и АЗ IV К1П1 имеют мужскую половую хромосому.

Перечисленные выше образцы подверглись генотипированию Y-хромосомы по системе Yfiler Plus, результаты типирования представлены в таблице 4.

Таблица 4 – Обобщенные результаты генотипирования костных образцов могильников Аршань-Зельмень по 25-локусной системе Yfiler Plus

	АЗ II К1П1	АЗ III К1П1	АЗ IV К1П1
DYS576	16	17	18
DYS389I	13	12	13
DYS 635	22	25	–
DYS389II	–	–	–
DYS 627	19	22	17
DYS460	10	11	12
DYS458	17	16	15
DYS19	–	14	15
YGATAH4	11	12	–
DYS448	20	18	20

DYS391	–	10	–
DYS456	14	15	16
DYS390	24	23	25
DYS438	–	10	11
DYS392	–	14	11
DYS518	40	37	–
DYS570	19	16	19
DYS437	14	14	14
DYS385	16, 17	12, 13	11, 14
DYS449	33	27	–
DYS393	13	13	13
DYS439	12, 13	10	10
DYS481	25	21	23
DYF387S1	39	38, 39	38, 39
DYS533	–	11	–

Исходя из данных таблицы 4 видно, что получены удовлетворительные генетические профили, которые позволили определить вероятную принадлежность исследованных препаратов дДНК к той или иной гаплогруппе.

В образце АЗ II К1П1 установлена Y-гаплогруппа — E1b1b M123>M34> M84 (Рис. 1).

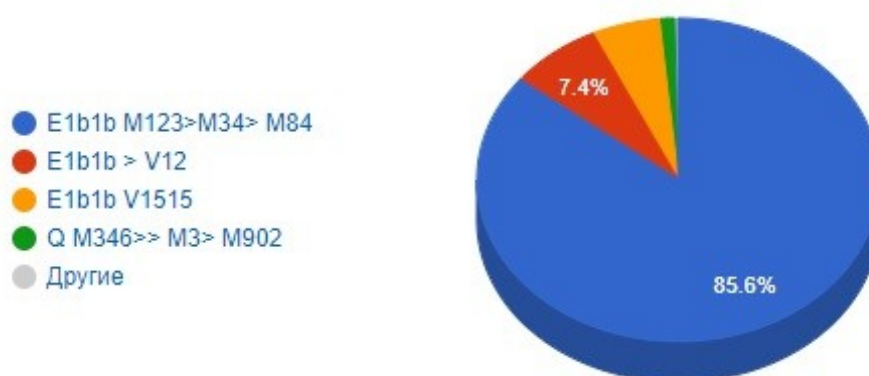


Рис. 1. – Установленная гаплогруппа по онлайн предиктору (YHRD Y Haplogroup Prediction / NEVGEN Y Haplogroup)

Данная гаплогруппа характерна для населения Ливана (древних левантинцев). Она достигает пика в южном Леванте (10–12% в Палестине и Ливане), откуда распространяется на Ближнем Востоке, в Северной Африке, Южной Азии и Юго-Восточной Европе. Левантинский род E1b1b1c (M123) имеет одну ветвь — E1b1b1c1 (M34), которая представляет потомков ханаанеев, хеттов и хурритов (Романчук, 2015).

В образце АЗ III К1П1 установлена Y-гаплогруппа — N1a2 CTS6380 (Рис. 2).

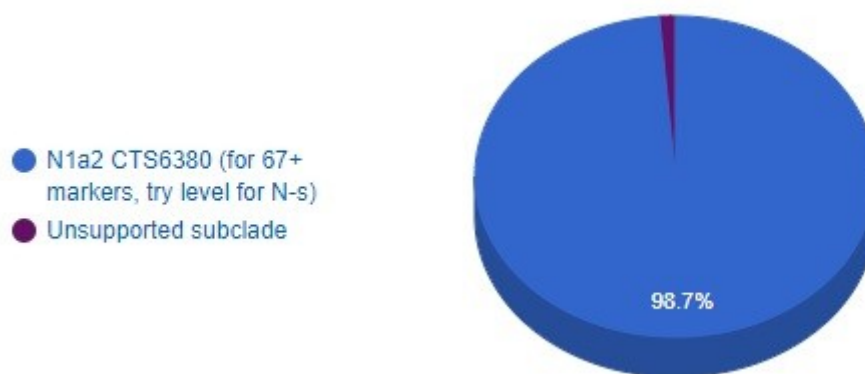


Рис. 2. – Установленная гаплогруппа по онлайн предиктору (YHRD Y Haplogroup Prediction / NEVGEN Y Haplogroup)

Гаплогруппа N1a2 (CTS6380»L67) распространена на Алтае, в Азербайджане и Турции. Среди образцов из археологических раскопок эта же гаплогруппа выявлена у двух индивидуумов из позднесредневековых могильников центральных районов Якутии. Предполагается, что гаплогруппа N1a2 (CTS6380»L67) возникла в Южной Сибири и оттуда распространилась на территорию Турции, Азербайджана и Якутии вместе с группами тюрков (Романчук, 2015).

В образце АЗ IV К1П1 установлена Y-гаплогруппа — R1a M198 (Рис. 3).

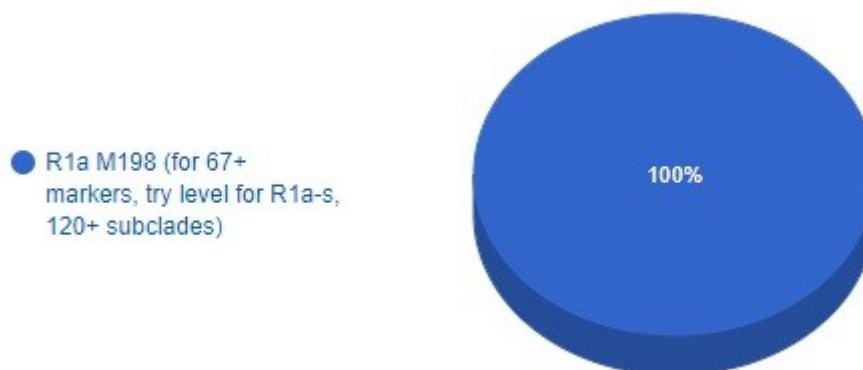


Рис. 3. — Установленная гаплогруппа по онлайн предиктору (YHRD Y Haplogroup Prediction / NEVGEN Y Haplogroup)

R1a-M198 — гаплогруппа Y-хромосомы, распространение: В Азии R1a-M198 занимает более половины генофонда киргизов и таджиков, умеренно встречается у узбеков (21–29%) и у степной аристократии, процент понижается у казахов и туркмен. В Индии установлена высокая частота этой гаплогруппы в кастовых группах, есть мнение, что это следствие миграции арийских племён. В соседнем для Индии Пакистане носители R1a совокупно составляют 37% населения. В Европе R1a-M198 имеет менее четырёх процентов (в Испании, Португалии, в Уэльсе, Ирландии, во Франции и Южной Италии, на Мальте, Кипре и в Швейцарии). У южных славян носителей насчитывается от 7% в Черногории, до 22% в Хорватии (Романчук, 2015).

Заключение

Палеоантропологический материал позднесарматских погребений из могильных групп, расположенных на территории Республики Калмыкия характеризуется относительно хорошей сохранностью генетического материала, что позволяет генотипировать образцы по STR-локусам, для установления кровно-родственных связей, половой структуры и принадлежности к гаплогруппам.

Благодарности

Статья написана в рамках государственной субсидии - проект «Юго-восточный пояс России: исследование политической и культурной истории социальных общностей и групп» (номер госрегистрации: 122022700134-6). Лабораторное оборудование и реагенты приобретены в рамках субсидии из федерального бюджета, выделяемой для государственной поддержки научных исследований, проводимых под руководством ведущего ученого (проект «От палеогенетики до культурной антропологии: комплексное междисциплинарное исследование традиций народов трансграничных регионов: миграции, межкультурное взаимодействие и картина мира»).

Список литературы

1. Андреева Т. В., Малярчук А. Б., Сошкина А. Д., Дудко Н. А., Плотникова М. Ю., Рогаев Е. И. Методологии выделения древней ДНК из костной ткани для геномного анализа: подходы и практические рекомендации // Генетика. 2022. № 9. С. 979–998.

2. Арамова О. Ю. История палеогенетических исследований: от распределения по группам крови до генетических открытий (обзор) // Живые и биокосные системы, 2023 № 45.

3. Археологические памятники волго-маньчских степей: (свод памятников, исследованных на территории Республики Калмыкия в 1929-1997 гг.) / М. А. Очир-Горяева; Российская акад. наук, Калмыцкий ин-т гуманитарных исслед. Элиста: Изд. дом «Герел», 2008. 298 с.

4. Балабанова М. А. Этногенетические связи населения среднесарматского времени восточноевропейских степей // Вестник Волгоградского государственного университета. 2019. Т. 24. № 5. С. 51–66.

5. Вдовченков Е. В., Арамова О. Ю., Джи Ын Ли, Леонова Д. К., Флоринская В. С., Тищенко А. А., Корниенко ИВ Происхождение донских меотов и сарматов по данным палеогенетики (по результатам аутосомных STR-локусов) // Материалы по археологии и истории античного и средневекового Причерноморья. 2023. № 15. С. 443–456.

6. Корниенко И. В., Фалеева Т. Г., Шурр Т. Г., Арамова О. Ю. Y-гаплогруппы костных останков из курганных погребений хазарского времени на территории юга России // Генетика. 2021. Т. 57. № 4. С. 464–477.

7. Корниенко И. В., Харламов С. Г. Методы исследования ДНК человека. Ростов н/Д.: ЮФУ, 2012. 216 с.

8. Молодин В. И., Пилипенко А. С., Поздняков Д. В. Современное состояние этногенетических реконструкций популяций эпохи бронзы юго-западной Сибири (некоторые итоги и перспективы) // Российская археология. 2023. № 1. С. 41–52.

9. Очир-Горяева М. А. Богатое позднесарматское погребение из могильника Аршань-Зелмень // Нижневолжский археологический вестник. 2009. Вып. 10. С. 363-371.

10. Пилипенко А. С., Черданцев С. В., Трапезов Р. О., Томилин М. А., Балабанова М. А., Пристяжнюк М. С., Журавлев А. А. К вопросу о генетическом составе сарматского населения Нижнего Поволжья (Данные палеогенетики) // Вестник Волгоградского государственного университета, 2020. № 4.

11. Романчук А. А. Восточноевразийская гипотеза дене-кавказской прародины: еще раз к вопросу о гаплогруппах Y-хромосомы. Кишинев: Периодическое издание «Stratum plus», 2015. 198 с.

12. Barouch A., Mathov Y., Meshorer E., Yakir B., Carmel L. Reconstructing DNA methylation maps of ancient populations // Nucleic Acids Research. 2024. Vol. 52. no. 4. pp. 1602–1612.

13. Jones E. R, Gonzalez-Fortes G, Connell S, Siska V, Eriksson A, Martiniano R, McLaughlin R. L, Gallego Llorente M, Cassidy L. M, Gamba C, Meshveliani T, Bar-Yosef O, Müller W, Belfer-Cohen A, Matskevich Z, Jakeli N, Higham TF .G, Currat M, Lordkipanidze D, Hofreiter M, Manica A, Pinhasi R, Bradley D. G. Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians // Nature Communications. 2015. Vol. 6. P. 8912.

References

1. Andreeva T. V., Malarchuk A. B., Soshkina A. D., Dudko N. A., Plotnikova M. Yu., Rogaev E. I. Methodologies for isolating ancient DNA from bone tissue for genomic analysis: approaches and practical recommendations // Genetics. 2022. No. 9. P. 979–998.

2. Aramova O. Yu. History of paleogenetic research: from distribution by blood groups to genetic discoveries (review) // *Living and bio-osteal systems*, 2023, No. 45.

3. Archaeological sites of the Volga-Manych steppes: (a collection of sites explored on the territory of the Republic of Kalmykia in 1929–1997) / M. A. Ochir-Goryaeva; Russian Academy of Sciences, Kalmyk Institute of Humanitarian Research. Elista: Gerel Publishing House, 2008. 298 p.

4. Balabanova M. A. Ethnogenetic connections of the population of the Middle Sarmatian period of the Eastern European steppes // *Bulletin of Volgograd State University*. 2019. Vol. 24. No. 5. P. 51–66.

5. Vdovchenkov E. V., Aramova O. Yu., Ji Eun Lee, Leonova D. K., Florinskaya V. S., Tishchenko A. A., Kornienko I. V. The origin of the Don Meotians and Sarmatians according to paleogenetic data (based on the results of autosomal STR loci) // *Materials on the archeology and history of the ancient and medieval Black Sea region*. 2023. No. 15. P. 443–456.

6. Kornienko I. V., Faleeva T. G., Shurr T. G., Aramova O. Yu. Y-haplogroups of bone remains from burial mounds of the Khazar period in the south of Russia // *Genetics*. 2021. Vol. 57. No. 4. Pp. 464–477.

7. Kornienko I. V., Kharlamov S. G. *Methods of human DNA research*. Rostov n / D.: SFedU, 2012. 216 p.

8. Molodin V. I., Pilipenko A. S., Pozdnyakov D. V. Current state of ethnogenetic reconstructions of Bronze Age populations in southwestern Siberia (some results and prospects) // *Russian archeology*. 2023. No. 1. Pp. 41–52.

9. Ochir-Goryaeva M. A. Rich late Sarmatian burial from the Arshan-Zelmen cemetery // Lower Volga Archaeological Bulletin. 2009. Issue 10. Pp. 363-371.

10. Pilipenko A. S., Cherdantsev S. V., Trapezov R. O., Tomilin M. A., Balabanova M. A., Pristyazhnyuk M. S., Zhuravlev A. A. On the issue of the genetic composition of the Sarmatian population of the Lower Volga region (Paleogenetic data) // Bulletin of Volgograd State University, 2020. No. 4.

11. Romanchuk A. A. East Eurasian hypothesis of the Dene-Caucasian ancestral homeland: once again on the issue of Y-chromosome haplogroups. Chisinau: Periodical publication “Stratum plus”, 2015. 198 p.

12. Barouch A., Mathov Y., Meshorer E., Yakir B., Carmel L. Reconstructing DNA methylation maps of ancient populations // Nucleic Acids Research. 2024. Vol. 52. no. 4. pp. 1602–1612.

13. Jones E. R, Gonzalez-Fortes G, Connell S, Siska V, Eriksson A, Martiniano R, McLaughlin R. L, Gallego Llorente M, Cassidy L. M, Gamba C, Meshveliani T, Bar-Yosef O, Müller W, Belfer-Cohen A, Matskevich Z, Jakeli N, Higham TF .G, Currat M, Lordkipanidze D, Hofreiter M, Manica A, Pinhasi R, Bradley D. G. Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians // Nature Communications. 2015. Vol. 6. P. 8912.

Статья поступила в редакцию 20 августа 2024 г.

Поступила после доработки 26 августа 2024 г.

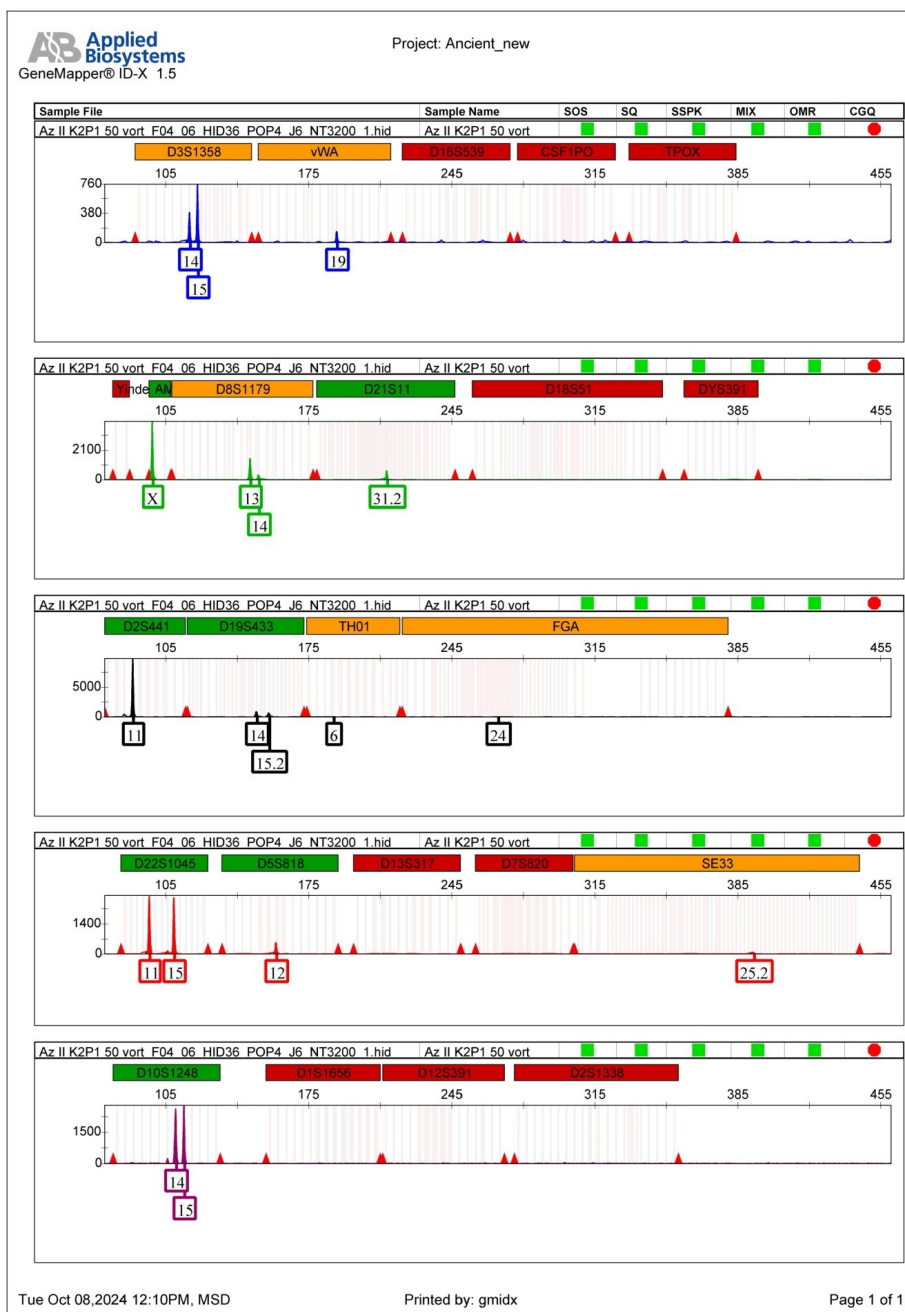
Принята к печати 4 сентября 2024 г.

Received 20, August, 2024

Revised 26, August, 2024

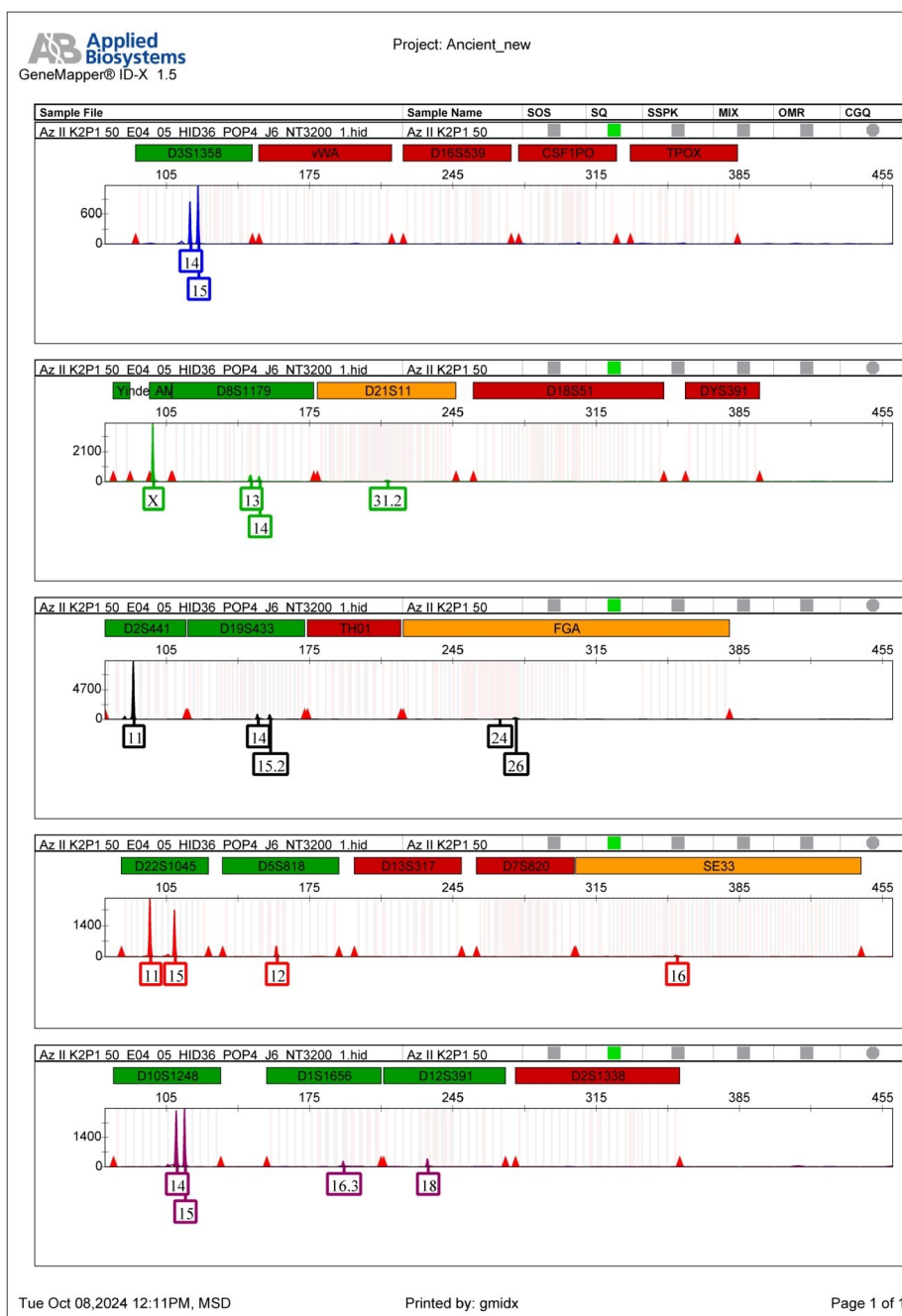
Accepted 4, September, 2024

Приложение 1 – Электрофореграмма аутосомных STR-локусов панели AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) (объект АЗ II К2П1 а).



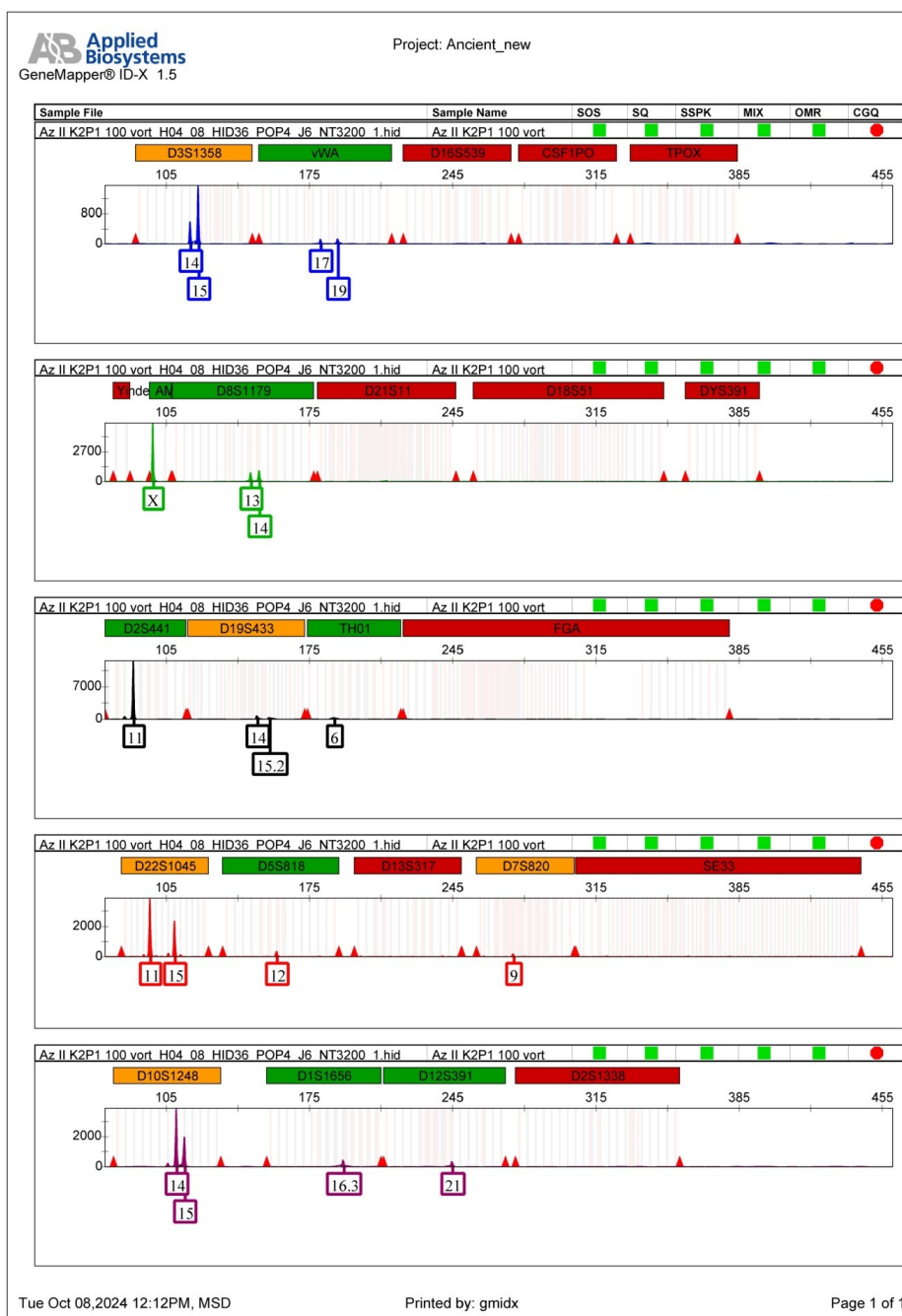
Булуктаев А. А., Мацакова Д. И., Джагрунов С. В., К вопросу о сохранности древней ДНК из костных останков позднесарматских погребений могильных групп Аршань-Зельмень для STR анализа // «Живые и биокосные системы». – 2024. – № 49; URL: <https://jbks.ru/archive/issue-49/article-3>; DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3

Приложение 2 – Электрофореграмма аутосомных STR-локусов панели AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) (объект АЗ II К2П1 б).



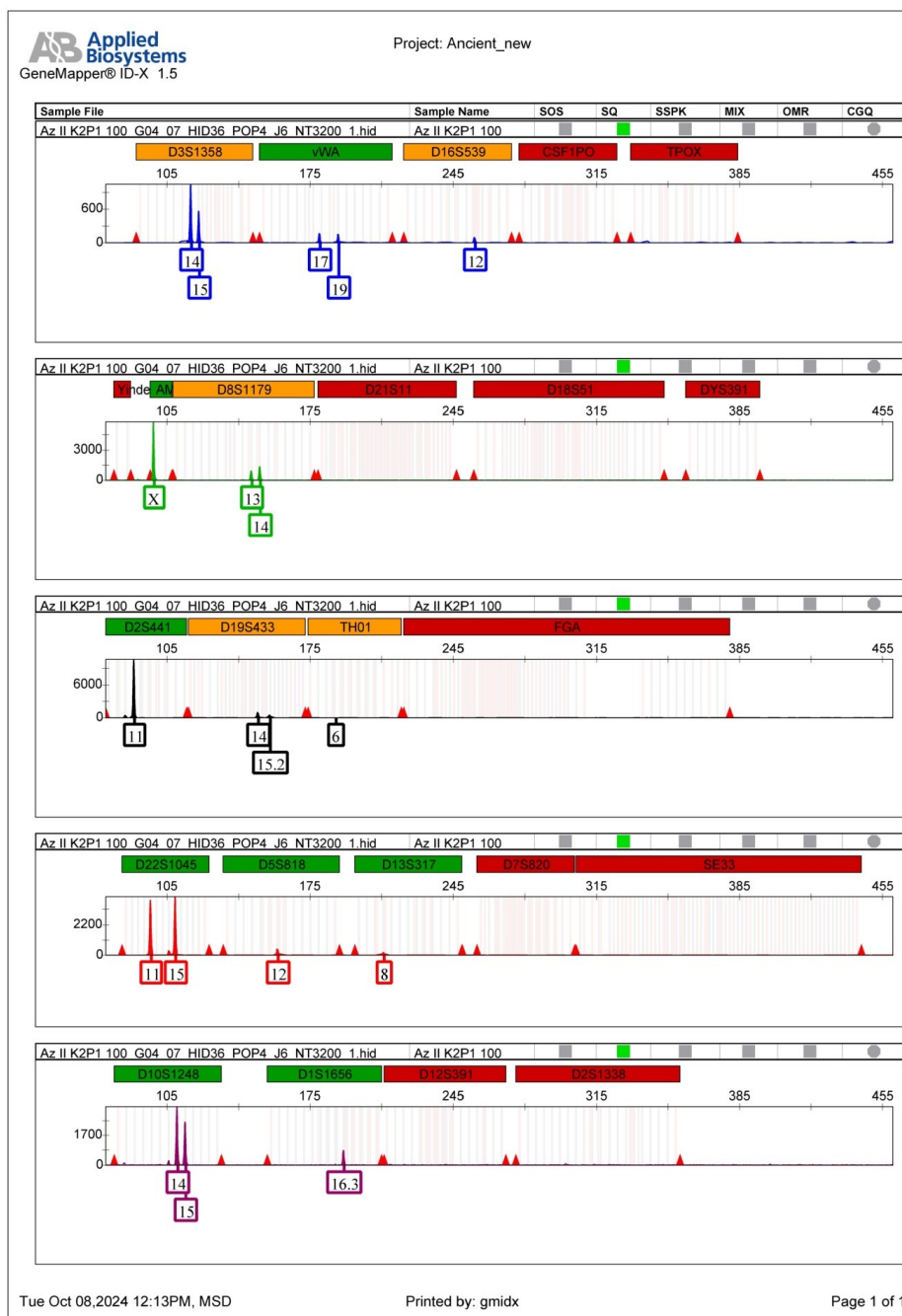
Булуктаев А. А., Мацакова Д. И., Джагрунов С. В., К вопросу о сохранности древней ДНК из костных останков позднесарматских погребений могильных групп Аршань-Зельмень для STR анализа // «Живые и биокосные системы». – 2024. – № 49; URL: <https://jbks.ru/archive/issue-49/article-3>; DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3

Приложение 3 – Электрофореграмма аутосомных STR-локусов панели AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) (объект АЗ II К2П1 в).



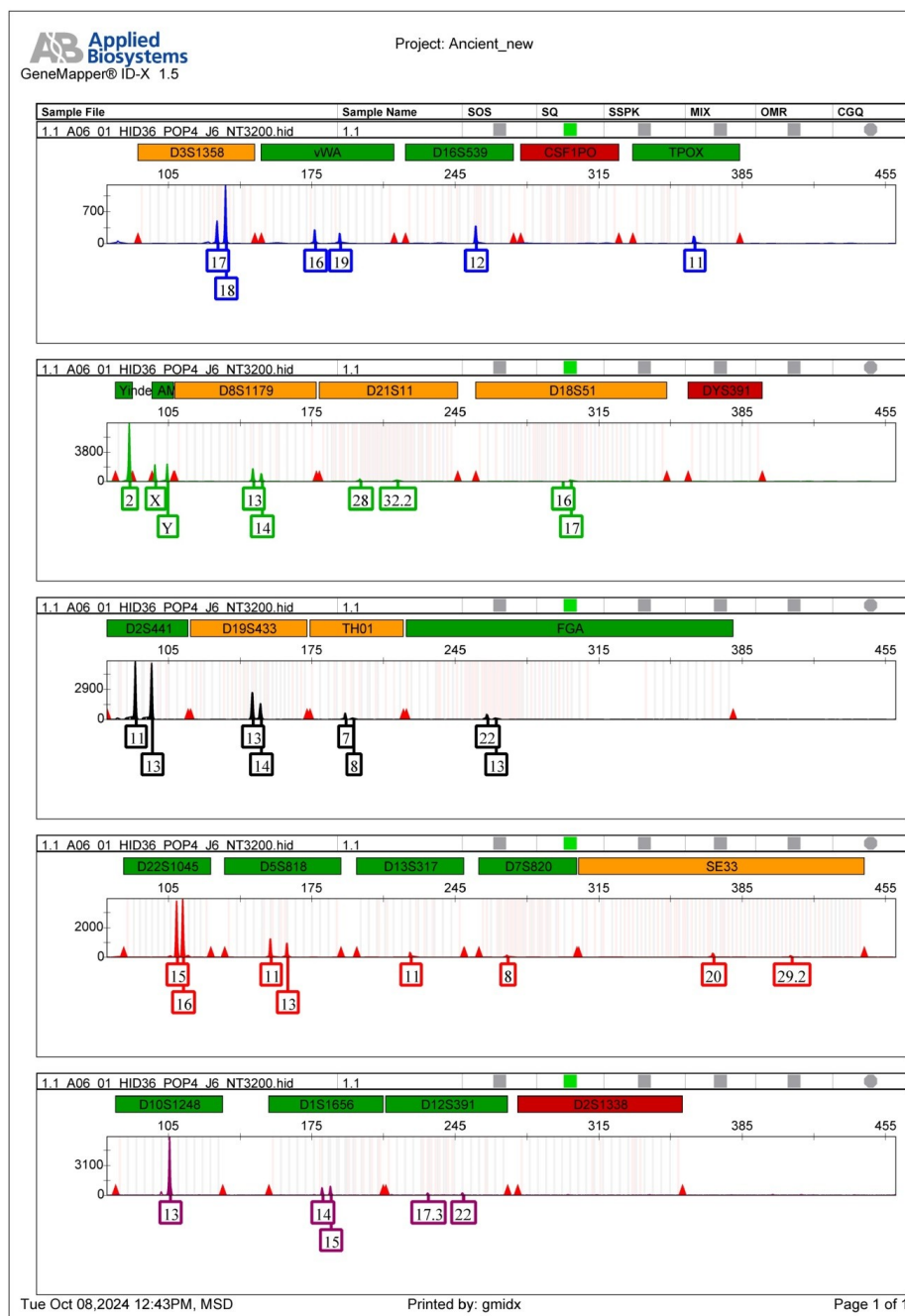
Булуктаев А. А., Мацакова Д. И., Джагрунов С. В., К вопросу о сохранности древней ДНК из костных останков позднесарматских погребений могильных групп Аршань-Зельмень для STR анализа // «Живые и биокосные системы». – 2024. – № 49; URL: <https://jbks.ru/archive/issue-49/article-3>; DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3

Приложение 4 – Электрофореграмма аутосомных STR-локусов панели AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) (объект АЗ II К2П1 г).



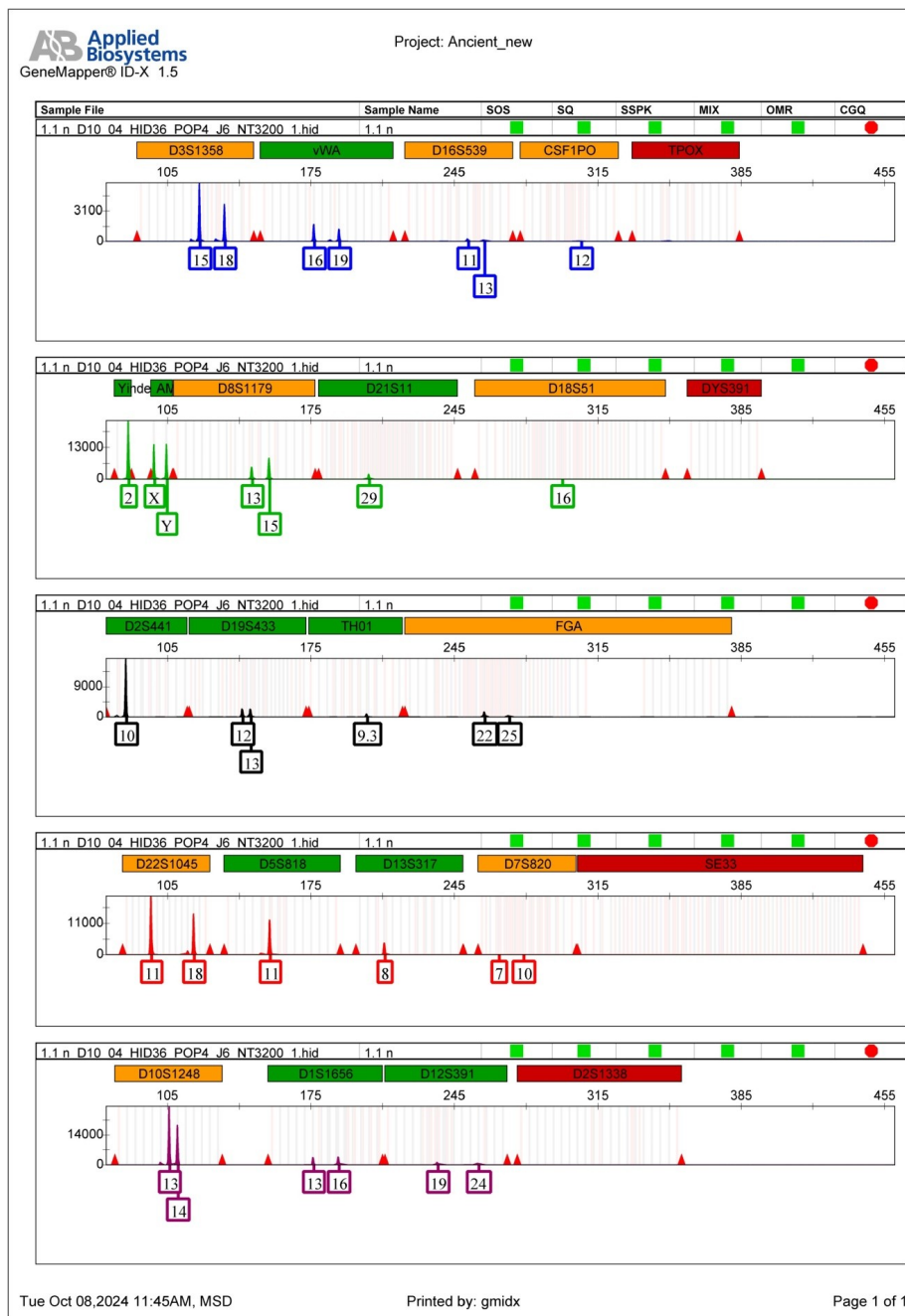
Булуктаев А. А., Мацакова Д. И., Джагрунов С. В., К вопросу о сохранности древней ДНК из костных останков позднесарматских погребений могильных групп Аршань-Зельмень для STR анализа // «Живые и биокосные системы». – 2024. – № 49; URL: <https://jbks.ru/archive/issue-49/article-3>; DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3

Приложение 5 – Электрофореграмма аутосомных STR-локусов панели AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) (объект АЗ II К1П1).



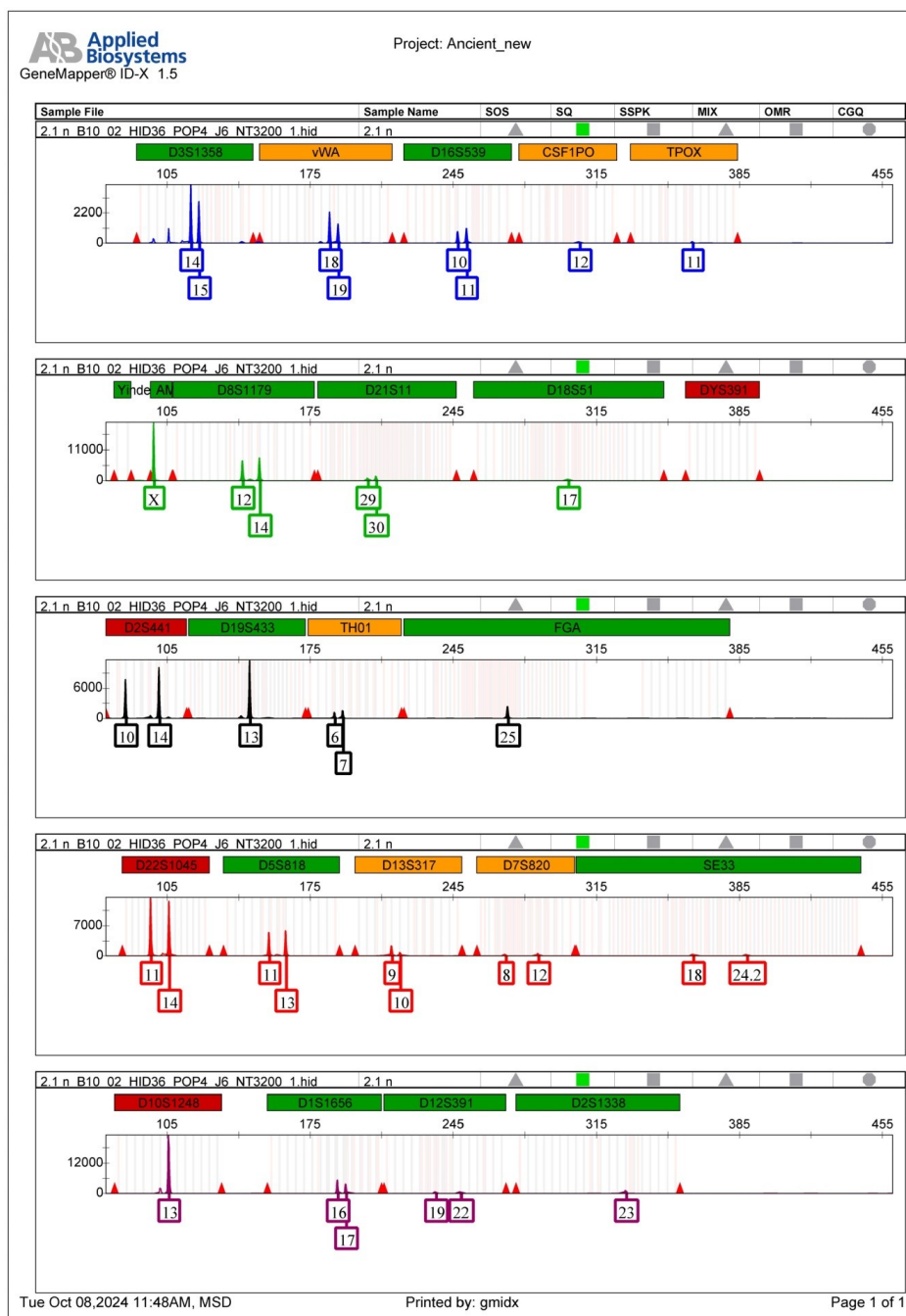
Булуктаев А. А., Мацакова Д. И., Джагрунов С. В., К вопросу о сохранности древней ДНК из костных останков позднесарматских погребений могильных групп Аршань-Зельмень для STR анализа // «Живые и биокосные системы». – 2024. – № 49; URL: <https://jbks.ru/archive/issue-49/article-3>; DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3

Приложение 6 – Электрофореграмма аутосомных STR-локусов панели AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) (объект АЗ III К1П1).



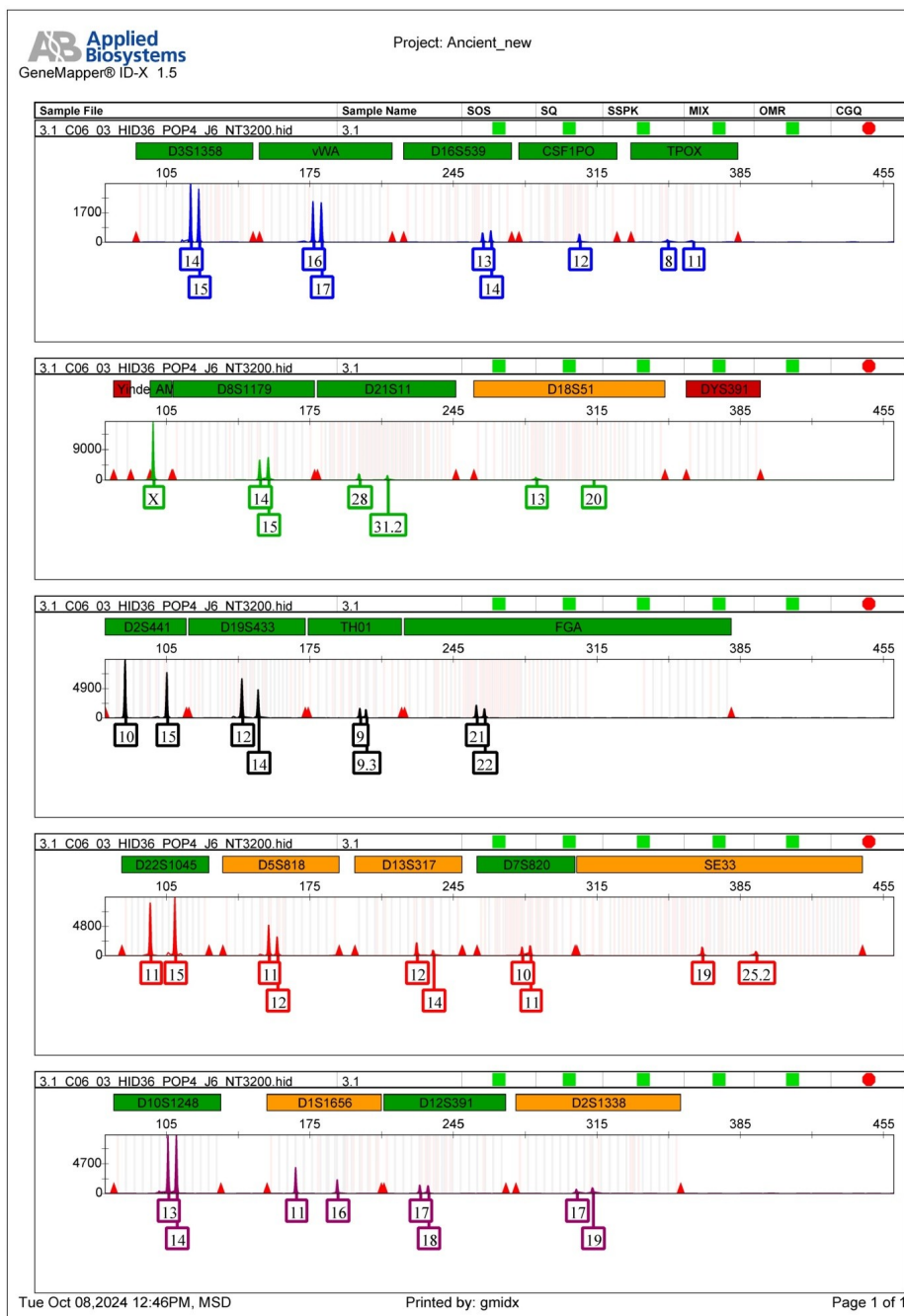
Булуктаев А. А., Мацакова Д. И., Джагрунов С. В., К вопросу о сохранности древней ДНК из костных останков позднесарматских погребений могильных групп Аршань-Зельмень для STR анализа // «Живые и биокосные системы». – 2024. – № 49; URL: <https://jbks.ru/archive/issue-49/article-3>; DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3

Приложение 7 – Электрофореграмма аутосомных STR-локусов панели AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) (объект АЗ III К2П1).



Булуктаев А. А., Мацакова Д. И., Джагрунов С. В., К вопросу о сохранности древней ДНК из костных останков позднесарматских погребений могильных групп Аршань-Зельмень для STR анализа // «Живые и биокосные системы». – 2024. – № 49; URL: <https://jbks.ru/archive/issue-49/article-3>; DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3

Приложение 8 – Электрофореграмма аутосомных STR-локусов панели AmpF/STR® Globalfiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) (объект АЗ II КЗП1).



Булуктаев А. А., Мацакова Д. И., Джагрунов С. В., К вопросу о сохранности древней ДНК из костных останков позднесарматских погребений могильных групп Аршань-Зельмень для STR анализа // «Живые и биокосные системы». – 2024. – № 49; URL: <https://jbks.ru/archive/issue-49/article-3>; DOI: 10.18522/2308-9709-2024-49-3