

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ МУЗЕЙНОГО АНТРОПОЛОГИЧЕСКОГО ОБРАЗЦА ИЗ ГОРОДСКОГО ЗАХОРОНЕНИЯ СТАРОЙ РЯЗАНИ XI–XIII ВЕКОВ

© 2025 г. А. Д. Сошкина², Т. В. Андреева^{1, 2, 3, *} С. С. Кунижева^{1, 2}, И. Ю. Адрианова²,
А. Б. Мальярчук^{2, 3}, П. Д. Манахов⁴, А. П. Бужилова⁴, И. Ю. Стрикалов⁵, Е. И. Рогаев^{1, 6, **}

¹Научный центр генетики и наук о жизни, Университет «Сириус»,
федеральная территория «Сириус», пгт. Сириус, 354340 Россия

²Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, 119991 Россия

³Центр генетики и генетических технологий, кафедра генетики, биологический факультет,
Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, 119234 Россия

⁴Научно-исследовательский институт и музей антропологии им. Д.Н. Анучина,
Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, 125009 Россия

⁵Институт археологии Российской академии наук, Москва, 117292 Россия

⁶Медицинская школа Чан Массачусетского университета, департамент психиатрии, Шрусбери, 01545 США

*e-mail: andreeva@rogaevlab.ru

**e-mail: evivrecc@gmail.com

Поступила в редакцию 05.12.2024 г.

После доработки 05.12.2024 г.

Принята к публикации 07.12.2024 г.

Старая Рязань занимает особое место в истории древнерусских городов, так как город был разрушен войсками хана Батые в декабре 1237 г., после чего пришел в упадок и в XIV в. окончательно заброшен. Новый город был построен в другом месте. Исследования населения Старой Рязани с опорой на антропологические музейные коллекции, которые начали формироваться уже при первых раскопках этого памятника, позволяют оценить генетическую структуру городской популяции преимущественно домонгольского периода. В статье представлены результаты анализа одного образца из материалов, полученных в ходе раскопок А.В. Селиванова, который начал свое исследование в конце XIX в. Результаты антропологического и полногеномного анализов показали, что исследуемый образец принадлежал женщине. Реконструкция и анализ полной последовательности митохондриальной ДНК (мтДНК) показали ее принадлежность к западноевропейской гаплогруппе HV4a1a. Это первая находка данной митохондриальной гаплогруппы у средневекового населения Древней Руси. Обнаруженная материнская линия мтДНК в настоящее время является редкой и преимущественно распространена среди европейского населения Франко-Кантабрийского региона (территория севера Испании и юга Франции). Ближайшие совпадения по полной последовательности мтДНК (различие в одну нуклеотидную позицию) с исследуемым образцом были выявлены у современных представителей басков и одного индивида из Дании. Полученные результаты могут свидетельствовать о западноевропейском происхождении по материнской линии исследуемой женщины из средневековой Старой Рязани. Наше исследование является примером использования современных геномных методов для реконструкции индивидуальной истории людей, антропологические материалы которых представлены в музейных коллекциях. Кроме того, полученные результаты открывают новую информацию об особенностях формирования генетической структуры городского населения Древней Руси.

Ключевые слова: Древняя Русь, Старая Рязань, древняя ДНК, митохондриальная ДНК, гаплогруппа HV4a1a, полногеномный анализ.

DOI: 10.31857/S0016675825060062 **EDN:** SWFXYY

Городище Старая Рязань, расположенное в 65 км к юго-востоку от современной Рязани, представляет собой уникальный археологический

памятник. Это единственная столица крупной земли-княжения домонгольской Руси, ставшая после татаро-монгольского нашествия 1237 г.

классическим (эталонным) «мертвым городом», территория которого свободна от современной городской застройки, и это обстоятельство исключительно благоприятно для его археологического изучения.

Город был основан в XI в. на высоком берегу Оки, первое упоминание в летописи датировано 1096 годом. В период XII–XIII вв. Старая Рязань была столицей Великого Рязанского княжества и важнейшим центром международных культурных и торговых связей. Для своего времени это был крупнейший городской центр, уступающий по размерам немногим древнерусским городам [1, 2].

Первые крупные научные археологические исследования Старой Рязани были начаты в 1888 г. А.В. Селивановым, секретарем Рязанской ученой архивной комиссии [3]. Из этих раскопок в Музей антропологии Московского университета поступило пять черепов без определенного археологического контекста. Как указывает в своих отчетах А.В. Селиванов, во время раскопок под насыпью были обнаружены остатки древнего каменного храма, вокруг и под фундаментом которого были найдены погребения, которые по сопутствующему

инвентарю можно датировать X–XI вв. (рис. 1) [2]. В XII в. на месте этого некрополя был сооружен каменный храм. В своем отчете А.В. Селиванов предположил, что этот храм мог быть церковью Бориса и Глеба, которая была построена во второй половине XII в. и в которой, по историческим сведениям, в 1194 г. был погребен рязанский князь Игорь Глебович. Согласно летописным источникам, этот храм был разрушен и сожжен во время татаро-монгольского нашествия в 1237 г., что подтверждалось археологическими находками следов пожара [1]. По результатам опубликованного отчета А.В. Селиванова, в ходе раскопок было обнаружено несколько могильников, два из которых представляли собой коллективные санитарные захоронения, которые, по мнению исследователя, могли быть следствием гибели населения при вторжении татаро-монголов [2]. На основании сведений А.В. Селиванова, все обнаруженные и раскопанные им погребения можно отнести к трем периодам — до постройки храма (до XII в.), после его постройки (вторая половина XII в.), и, вероятно, ко времени татаро-монгольского нашествия (XIII в.).

Таким образом, материалы из раскопок 1888 г. в Старой Рязани, которые в настоящее время

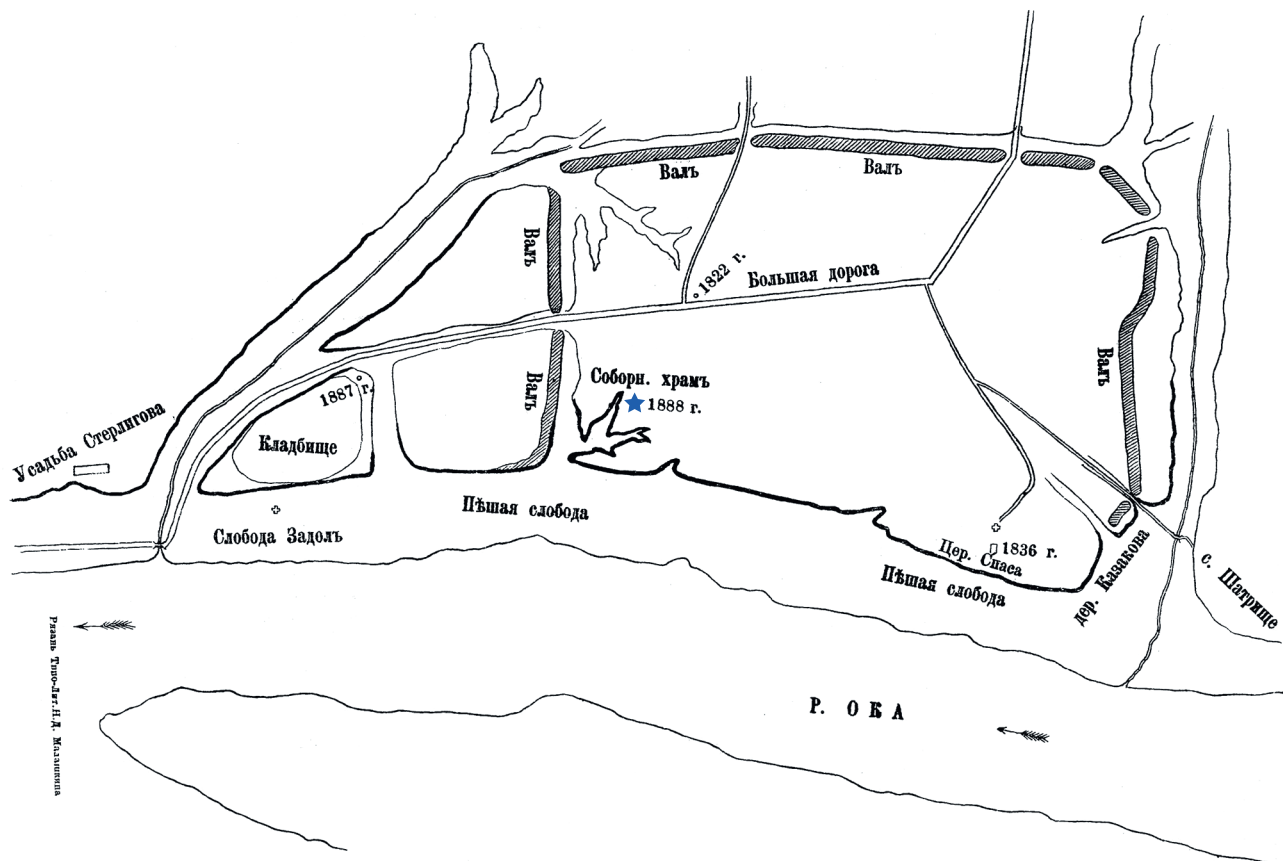


Рис. 1. План городища Старой Рязани, составленный А.В. Селивановым по результатам раскопок 1888 г. Место расположения некрополя рядом с Соборным Храмом отмечено звездочкой [3].

хранятся в Музее антропологии МГУ, можно датировать широким интервалом XI–XIII вв., так как по ним имеется ограниченная археологическая информация, отсутствуют данные стратиграфических наблюдений и указание места конкретных находок.

Благодаря достижениям современных естественно-научных методов, сочетающих данные антропологии и археогенетики, появилась возможность изучения уникального антропологического материала из Старой Рязани, переданного в музей еще в XIX в. Актуальность данного исследования обусловлена недостатком генетической информации по домонгольскому населению Древней Руси XI–XIII вв. Ранее нами были опубликованы результаты генетических исследований средневекового городского населения Новгорода [4], Ярославля [5], однако такие данные для городского населения Старой Рязани отсутствуют. Для восполнения этого пробела необходимо изучение музейных антропологических материалов из археологических раскопок Старой Рязани с применением современных подходов полногеномного секвенирования с целью выявления особенностей генетического состава населения этого древнерусского города.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Для работы был использован зуб из черепа с музейным номером 6736 из краниологической коллекции Старая Рязань (рис. 2).

Выделение древней ДНК было проведено из фрагмента массой 0.152 г (рис. 3) по методике, описанной ранее [6], в специальных стерильных помещениях, предназначенных для работы с древней ДНК. Образцу ДНК, полученному из фрагмента зуба, был присвоен идентификационный номер AB147. Для приготовления фрагментной геномной библиотеки из полученного препарата ДНК применяли протокол, основанный на использовании одноцепочечных фрагментов ДНК [7]. Секвенирование геномных библиотек проводили на платформе Illumina NovaSeq 6000 в режиме одноконцевых

прочтений. Полученные нуклеотидные последовательности с целью удаления адаптерных последовательностей и последовательностей низкого качества обрабатывали с помощью программы AdapterRemoval v2 [8]. С использованием программы BWA [9] картировали оставшиеся после фильтрации нуклеотидные последовательности на референсный геном человека (сборка GRCh37), а также на референсный митохондриальный геном, в качестве которого использовалась кембриджская референсная последовательность мтДНК (rCRS/NC_012920.1). Для оценки аутентичности картированных нуклеотидных последовательностей и наличия постмортальных модификаций нуклеотидов была использована программа MapDamage v2.2.1 [10]. Генетический пол определяли с использованием программного пакета SAMtools v.1.9 [9] и программы Karyo_RxRy [11].

Для определения митохондриальной гаплогруппы исследуемого образца использовался пакет HaploGrep2 [12]. Для филогенетического анализа использовали полные митохондриальные последовательности, наиболее сходные с мтДНК образца AB147, полученные из открытой генетической базы данных современной ДНК (GenBank [13]) с использованием программы BLAST [14]. Выбор митохондриальных геномов осуществлялся по следующим параметрам: Query cover – 100%; Percent Identity – не менее 99.97%. При проведении анализа не учитывали участки поли-С трактов.

Дополнительно мы провели поиск митохондриальных последовательностей, принадлежащих к гаплогруппе HV4a1a в открытых базах генетических данных, таких как AmtDB [15]; YFull – MTree 1.02 [16] и Allen Ancient DNA Resource (AADR) [17].

Выявленные митохондриальные последовательности древних образцов, имеющие наименьшие нуклеотидные отличия от исследуемого образца, использовали в филогенетическом анализе наряду с современными последовательностями. Построение филогенетического дерева проводилось

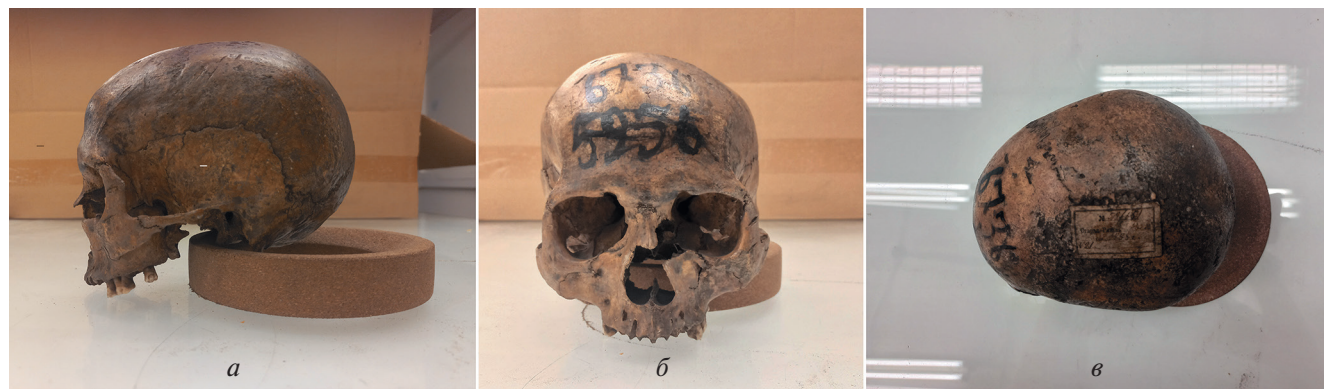


Рис. 2. Череп женщины (№ 6736) из краниологической коллекции А.В. Селиванова (раскопки Старой Рязани, 1888 г.). а – вид сбоку, б – вид спереди, в – вид сверху.



Рис. 3. Общий вид зуба индивида AB147 с фрагментом, выбранным для исследования.

в программе mtPhyl [18] на основе метода максимальной экономии (Maximum Parsimony – MP) [19]. Классификация митохондриальных гаплогрупп включенных в анализ образцов основывалась на PhyloTree 17 версия [20]. Идентифицированные нуклеотидные варианты в образце AB147 визуально проверяли в программе IGV: Integrative Genomics Viewer [21]. Популяционную частоту гаплообразующих замен определяли по базе данных GnomAd [22].

РЕЗУЛЬТАТЫ

В настоящей работе был исследован череп № 6736 из краниологической коллекции Музея антропологии МГУ. Череп средней степени сохранности, носовая область посмертно деформирована, небольшая часть костей лицевого черепа утрачена. Имеется некоторая асимметрия мозгового отдела – правая теменная кость «пневматизирована» за счет большей выпуклости теменного бугра по сравнению с левой теменной костью (рис. 2). По развитию рельефа и некоторым особенностям анатомии черепа – это индивид женского пола. Возрастная категория Adultus (25–35 лет).

В результате полногеномного секвенирования ДНК, выделенной из фрагмента зуба, принадле-

жащего вышеописанному черепу, были получены 90.3 млн коротких прочтений, из которых 22.63% картируется на геномную последовательность человека (табл. 1). Среднее покрытие генома составило $\times 0.046$, среднее покрытие митохондриальной последовательности исследуемого образца составило $\times 8.63$. Соотношение среднего покрытия половых хромосом к среднему покрытию аутосом (X-хромосома/аутосомы – 0.95, Y-хромосома/аутосомы – 0.01) свидетельствует о принадлежности образца ДНК индивиду женского пола, что соответствует результатам антропологического исследования [11].

На рис. 4 представлен профиль нуклеотидных замен в митохондриальной ДНК исследуемого образца, который демонстрирует повышенный уровень замен $C > T$ по всей длине фрагментов, а также увеличение частоты таких замен к концам фрагментов, специфичное для древней ДНК. Это подтверждает аутентичность полученного препарата древней ДНК.

В результате анализа реконструированной полной митохондриальной последовательности образца AB147 были выявлены нуклеотидные варианты, характерные для митохондриальной гаплогруппы HV4a1a (табл. 2, рис. 4). Кроме гаплообразующих нуклеотидных замен, определяющих митохондриальную линию HV4a1a, была выявлена дополнительная замена в позиции 152 в гипервариабельном регионе 2 (ГВР2). Следует отметить, что данная позиция 152 в митохондриальном геноме характеризуется повышенной частотой возникновения мутаций [23].

Выявленная у средневековой женщины из Старой Рязани гаплогруппа HV4a1a относится к одной из митохондриальных ветвей гаплогруппы HV. Гаплогруппа HV связана с ранним распространением человека в эпоху палеолита в Евразии, и в настоящее время ее ветви распространены в Европе и Западной Азии [24]. Предковая для гаплогруппы HV4a1a клада HV4 предположительно возникла около 14.2 тыс. лет назад в Восточной Европе в результате мутации в нуклеотидной позиции 7094 (рис. 5) [23, 24]. Предполагается, что нуклеотидная замена, определяющая уникальную гаплогруппу HV4a1a (T9950C), возникла приблизительно 5.4 тыс. лет назад [25].

Частота встречаемости гаплогруппы HV4a1a в современных евразийских популяциях составляет

Таблица 1. Результаты секвенирования ДНК образца AB147

Количество прочтений	Процент прочтений, картированных на геном человека	Покрытие мтДНК	Геномное покрытие (GRCh37)	Генетический пол
90298158	22.63	$\times 8.63$	$\times 0.046$	Женский

Таблица 2. Нуклеотидные варианты, отличающие полную последовательность мтДНК исследованного образца АВ147 от референсного митохондриального генома

Координата (rCRS)	Референсный аллель	Вариант в образце	Частота замены в современных популяциях (по базе данных GnomAD, %) [22]
152	<i>T</i>	<i>C</i>	0.317
263	<i>A</i>	<i>G</i>	0.991
750	<i>A</i>	<i>G</i>	0.983
1438	<i>A</i>	<i>G</i>	0.956
2706	<i>A</i>	<i>G</i>	0.780
4769	<i>A</i>	<i>G</i>	0.984
7028	<i>C</i>	<i>T</i>	0.750
7094	<i>T</i>	<i>C</i>	0.001
8860	<i>A</i>	<i>G</i>	0.994
9950	<i>T</i>	<i>C</i>	0.036
13680	<i>C</i>	<i>T</i>	0.006
15326	<i>A</i>	<i>G</i>	0.993
16221	<i>C</i>	<i>T</i>	0.005
16291	<i>C</i>	<i>T</i>	0.02

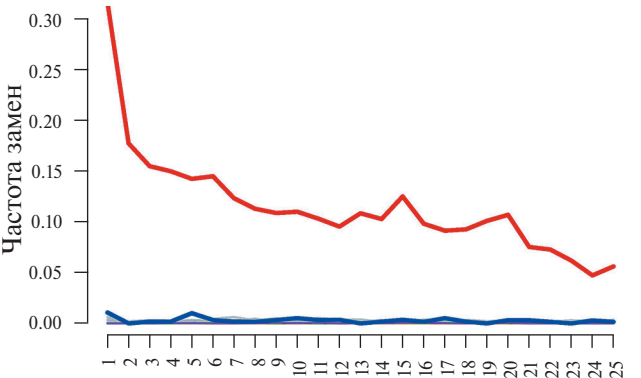
Примечание. Нуклеотидные варианты, определяющие митохондриальную линию HV4a1a, отмечены серым. Жирным шрифтом отмечена позиция мтДНК с высокой скоростью мутирования. В анализе не использовали участок поли-С (303–315).

около 0.09% по результатам исследования более 30 тыс. митохондриальных последовательностей из геномных баз данных [25]. Самая высокая частота данной гаплогруппы характерна для территории Испании (3–9%), где пик ее распространения отмечен для Страны Басков. Также данная гаплогруппа представлена на юге Франции (2–4%) и юге Италии (1–2%). На севере Европы ее частота встречаемости не превышает 2%. В Восточной Европе и России гаплогруппа HV4a1a не была обнаружена [24]. Редкое распространение данной митохондриальной линии подтверждается и низкими популяционными частотами определяющих ее нуклеотидных замен согласно данным базы GnomAD (табл. 2) [22].

Таким образом, частота встречаемости и особенности распространения исследуемой гаплогруппы HV4a1a, а также ареал распространения нескольких ее более глубоких дочерних клад, таких как HV4a1a1, HV4a1a2a, HV4a1a3, на территории Испании позволили предположить ее западноевропейское происхождение и длительное изолированное существование вплоть до настоящего времени на территории Франко-Кантабрийского региона, прежде всего на территории Страны Басков [25–27].

Для филогенетического анализа последовательности мтДНК образца АВ147 был проведен поиск митохондриальных последовательностей

современных и древних образцов в открытой генетической базе данных GenBank [13], базах данных YFull, AmtDB, AADR [15–17], а также из литературных источников [25–32]. В результате были отобраны 30 нуклеотидных последовательностей мтДНК, имеющих митохондриальную гаплогруппу HV4a1a или сходные с образцом АВ147 последовательности мтДНК.



Позиция специфических замен нуклеотидов с 5'-конца

Рис. 4. Профиль нуклеотидных замен последовательности митохондриальной ДНК, полученный с использованием программы mapDamage2 [10]. Линия красного цвета соответствует профилю замен С>Т.

Среди современного населения не было выявлено образцов, имеющих полное совпадение с мтДНК исследуемого индивида АВ147. Тем не менее, было обнаружено 10 современных образцов, имеющих последовательности, отличающиеся от АВ147 всего на одну нуклеотидную замену (табл. 3). При этом четыре индивида (два баска и по одному индивиду из Франции и из Дании), принадлежащих к гаплогруппе HV4a1a, отличаются по одной нуклеотидной позиции (152) в гипервариабельном регионе ГВР2, которая, как упоминалось выше, характеризуется повышенной частотой возникновения мутации [23]. Другие шесть образцов, отличающихся от исследуемого образца на одну гаплообразующую нуклеотидную замену (Т4452С), принадлежат гаплогруппе HV4a1a4. Данная митохондриальная ветвь распространена в настоящее время главным образом во Франции и Канаде (табл. 3) [16]. На две нуклеотидные замены от образца АВ147 отличаются восемь митохондриальных геномов, принадлежащих индивидам из разных регионов Испании, в том числе баскам, а также из Канады и Англии (табл. 3). Остальные современные образцы имеют большее число отличий по нуклеотидным вариантам в своих митохондриальных последовательностях.

Древних образцов с гаплогруппой HV4a1a не найдено, но были выявлены три индивида, имеющих предковые для HV4a1a гаплогруппы. Наиболее древним образцом, у которого была идентифицирована гаплогруппа HV4, является неолитический индивид (I13838) из Пещеры Трени на юго-востоке современной Албании, датированный 5000–3500 лет до н.э. [32]. Два других индивида с гаплогруппой HV4a1 обнаружены на территории современной Венгрии (табл. 3). Первый образец (I3528, 2562–2299 лет до н.э. [30]) относится к культуре колоколовидных кубков бронзового века и отличается по полной последовательности мтДНК от исследуемого образца женщины двумя нуклеотидными заменами, одна из которых – С152Т, а вторая соответствует замене С9950Т, которая определяет HV4a1a (табл. 3). Второй древний образец (I16741, 750–800 лет н.э. [31]), обнаруженный на территории между р. Тисой (Венгрия) и горами Алушень (Румыния), относится к аварской эпохе и датирован второй половиной I тысячелетия. Его гаплотип отличается от мтДНК последовательности исследуемого образца по четырем нуклеотидным позициям, одна из которых определяет митохондриальную линию HV4a (Т16221С), а вторая характеризует гаплогруппу HV4a1a (С9950Т) (табл. 3).

Для визуализации филогенетических взаимоотношений между отобранными в базах данных митохондриальными последовательностями и исследуемым образцом было реконструировано филогенетическое дерево с использованием программы mtPhyl [18] на основе метода максимальной

экономии [19] с применением топологии на основе PhyloTree 17 [20]. На рис. 6 представлен фрагмент филогенетического дерева, включающий исследуемый образец АВ147. Анализируемая мтДНК кластеризуется вместе с представителями Франко-Кантабрийского региона (Испания, Страна Басков и Франция) и индивидом из Дании и отличается от этих последовательностей по однонуклеотидному варианту в быстромутирующей позиции (табл. 3). Примечательно, что дочерняя линия HV4a1a1, отличающаяся от HV4a1a на две гаплообразующие нуклеотидные замены, представлена только среди современных представителей басков.

ОБСУЖДЕНИЕ

В результате настоящего исследования впервые на территории Древней Руси у средневекового индивида XI–XIII вв. выявлена уникальная митохондриальная гаплогруппа HV4a1a, в настоящее время распространенная преимущественно на Пиренейском полуострове. Данная гаплогруппа предположительно возникла около 5.4 тыс. лет назад на территории Франко-Кантабрийского региона и длительно там существовала изолированно. Из 44 современных митохондриальных геномов, представленных в базе данных YFull-MTree [16] и принадлежащих к гаплогруппе HV4a1a и ее дочерним кладам, чуть больше половины относятся к представителями Испании. Остальные образцы представлены индивидами из Южного или Западного регионов Европы. Тем не менее, согласно генетическим базам данных и литературным источникам [16, 25], единичные носители митохондриальной линии HV4a1a также выявлены на севере Европы (Дания, Ирландия, Шотландия, Англия), а также во французской Канаде.

В нашем исследовании мы не выявили ни современных, ни древних индивидов, имеющих идентичные с мтДНК исследуемого музейного образца митохондриальные последовательности. Наиболее генетически близкими образцу АВ147 оказалась мтДНК двух представителей Испании (баски), одного представителя Франции (Мартиника) и одного – Дании, отличающихся на одну быстромутирующую нуклеотидную замену в ГВР2. Таким образом, обнаружение у женщины из средневекового городского погребения Старой Рязани редкой и специфичной для узкого ареала Западной Европы митохондриальной гаплогруппы HV4a1a, может указывать на возможное происхождение ее материнской линии с территории юго-запада Европы и Франко-Кантабрийского региона. Данная находка на территории средневековой Старой Рязани индивида с западноевропейским митохондриальным гаплотипом согласуется с историческими и археологическими сведениями о том, что в период своего расцвета столица Рязанского княжества была одним из центров международной

Таблица 3. Полные митохондриальные последовательности, используемые для проведения филогенетического анализа, для которых определено наименьшее количество отличий по отношению к мтДНК образца АВ147.

Номер образца	Страна (регион или этническая группа)/ период	Гаплогруппа	Число отличий	Нуклеотидная позиция (аллель АВ147 / аллель образца)	Источник
JN214395	Испания (баск)/совр.	HV4a1a	1	152 (C/T)	[13, 25]
JN214396	Испания (баск)/совр.	HV4a1a	1	152 (C/T)	[13, 25]
JN214405	Франция (Мартиника)/совр.	HV4a1a	1	152 (C/T)	[13, 25]
JN214422	Дания/совр.	HV4a1a	1	152 (C/T)	[13, 25]
JN214410	Франция/совр.	HV4a1a4	1	4452 (T/C)	[13, 25]
JN214411	Франция/совр.	HV4a1a4	1	4452 (T/C)	[13, 25]
JN214412	Франция/совр.	HV4a1a4	1	4452 (T/C)	[13, 25]
JN214413	Франция/совр.	HV4a1a4	1	4452 (T/C)	[13, 25]
JN214415	Канада (французская)/совр.	HV4a1a4	1	4452 (T/C)	[13, 25]
JN214416	Канада (французская)/совр.	HV4a1a4	1	4452 (T/C)	[13, 25]
JN214409	Испания (Наварра)/совр.	HV4a1a	2	152 (C/T) 7915 (C/T)	[13, 25]
JN214406	Испания (Кастилия)/совр.	HV4a1a	2	152 (C/T) 16399 (A/G)	[13, 25]
GQ888729	Испания (баск)/совр.	HV4a1a	2	152 (C/T) 16241 (A/G)	[13, 27]
MN046584	Испания (баск)/совр.	HV4a1a	2	152 (C/T) 16221 (T/C)	[13, 28]
MG812515	Англия/совр.	HV4a1a4	2	152 (C/T) 4452 (T/C)	[13]
I3528	Венгрия/культура колоколовидных кубков/ 2559–2301 лет до н.э.	HV4a1	2	152 (C/T) 9950 (C/T)	[15, 30]
JN214391	Испания (баски)/совр.	HV4a1a1	2	7645 (T/C) 11365 (T/C)	[13, 25]
JN214393	Испания (баски)/совр.	HV4a1a1	2	7645 (T/C) 11365 (T/C)	[13, 25]

Таблица 3. Окончание

Номер образца	Страна/период	Гаплогруппа	Число отличий	Нуклеотидная позиция (аллель АВ147 / аллель образца)	Источник
JN214414	Канада/совр.	HV4a1a4	2	251 (G/A) 4452 (T/C)	[13, 25]
GQ888728	Испания, (Кантабрия)/совр.	HV4a1a2	3	152 (C/T) 7843 (A/G) 9950 (C/T)	[13, 27]
JN214392	Испания (баск)/совр.	HV4a1a1	3	7645 (T/C) 11365 (T/C) 16302 (A/G)	[13, 25]
JN214394	Испания (баск)/совр.	HV4a1a	3	152 (C/T) 7769 (G/A) 16189 (T/C)	[13, 25]
JN214407	Испания (Арагон)/совр.	HV4a1a	3	152 (C/T) 515-516 (AC/делеция) 13135 (G/A)	[13, 25]
JN214408	Испания (Кастилия)/совр.	HV4a1a	3	11641 (A/G) 12909 (A/G) 13327 (A/G)	[13, 25]
I16741	Венгрия/эпоха поздних аваров / 750–800 лет н.э.	HV4	4	93 (A/G) 9950 (C/T) 9977 (C/T) 16221 (T/C)	[17, 31]
JX297154	Испания (северная)/ совр.	HV4a1a	4	152 (C/T) 12477 (T/C) 13455(C/T) 14325 (T/C)	[13, 25]

Примечание. Образцы расположены в порядке возрастания числа нуклеотидных отличий; совр. — современный образец; серым цветом отмечены древние образцы; жирным шрифтом обозначены вероятные возвратные мутации. В анализе не использовали участок поли-С (303–315).

торговли и политической жизни Древнерусского государства. Археологические материалы свидетельствуют о находках в Старой Рязани импортной керамики, бронзы и редкого текстиля — предметов ввоза из Византии, мусульманского Востока, Рейнской области Германии, а также с территории современной Испании [2]. Эти

иноземные товары доставлялись, вероятно, при активном участии многочисленных купцов, о чем упоминается в древнерусском произведении «Похвала роду рязанских князей», где говорится о том, что рязанские князья были «к приезжим приветливы» [33].



Рис. 5. Гаплотипическая сеть митохондриальной линии HV4a1a.

Вдоль ветви указаны замены, относительно референсного генома (rCRS), цифрами обозначено время возникновения гаплогруппы согласно молекулярным митохондриальным часам, тлн — тыс. лет назад [16, 23, 25].

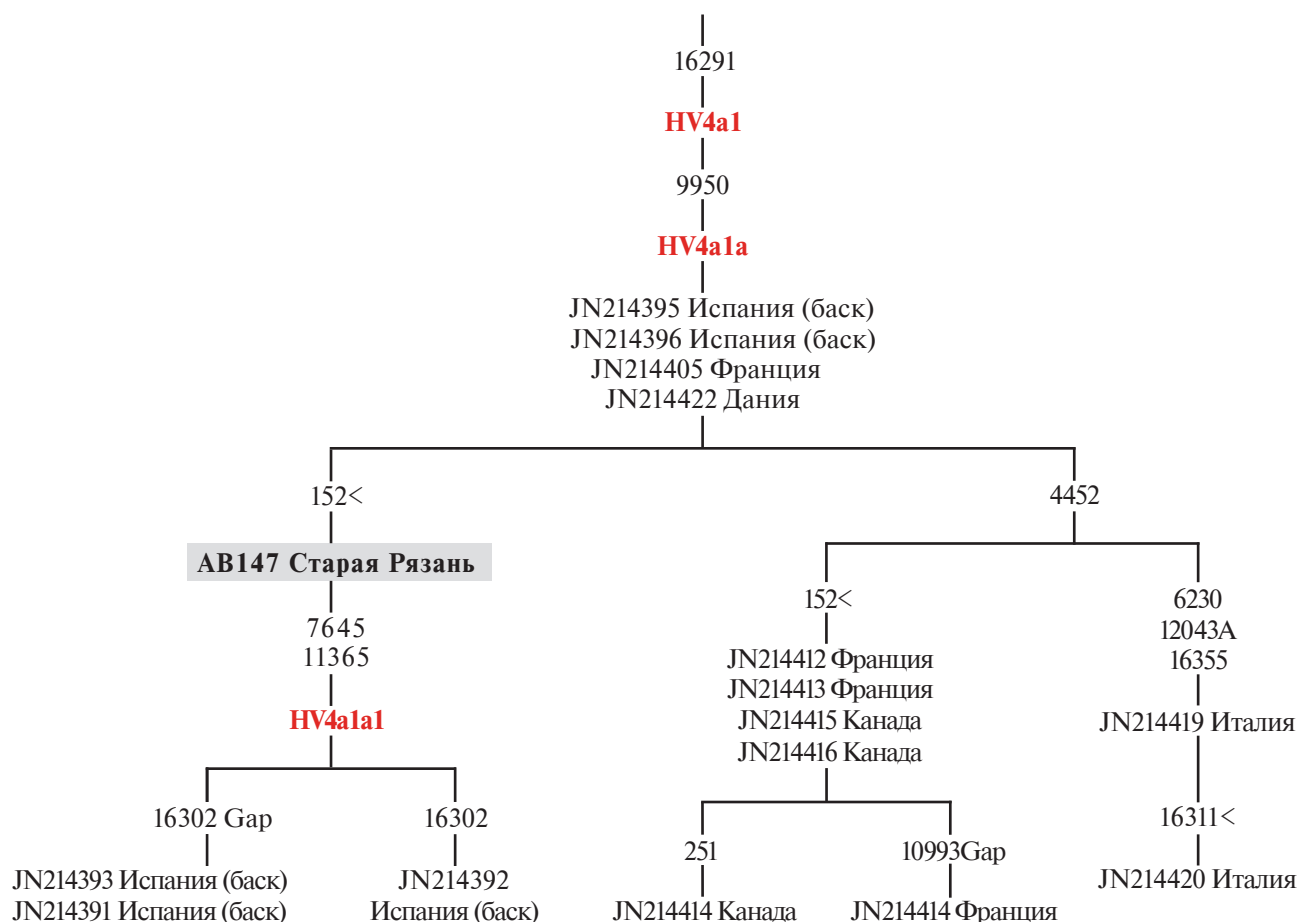


Рис. 6. Фрагмент филогенетического дерева митохондриальной линии HV4a1a, построенного с использованием программы mtPhyl [18]. Цифрами на ветвях указаны отличия по нуклеотидным позициям относительно референсной последовательности мтДНК (rCRS); красным цветом указаны митохондриальные гаплогруппы; < — обозначена нуклеотидная позиция повторяющейся мутации, Gap — неопределенная позиция в мтДНК. Для каждого образца указан его номер в GenBank [13], место его происхождения и при наличии в базе данных этническая принадлежность, серым цветом обозначен исследуемый образец AB147.

В тоже время, отсутствие у современного русского населения данной митохондриальной гаплогруппы может свидетельствовать о редком (спорадическом) случае попадания этой западноевропейской митохондриальной линии на территорию Древней Руси.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В настоящей работе представлены результаты комплексного антропологического и генетического исследования музейного антропологического образца индивида, обнаруженного в результате раскопок, проводимых под руководством А.В. Селиванова на территории Старой Рязани в 1888 г. Впервые был выполнен полногеномный анализ представителя средневекового населения Старой Рязани, уникального археологического памятника, сохранившего в себе социально-культурный срез населения древнерусского города конца

XI — первой половины XIII вв. Полученные данные позволили определить генетический пол индивида и его принадлежность к редкой западноевропейской митохондриальной гаплогруппе HV4a1a. Это первое обнаружение гаплогруппы HV4a1a у представителей средневекового населения Древней Руси. В настоящее время данная гаплогруппа является редкой, ее популяционная частота не превышает 0.09%, и распространение ограничено узким ареалом, преимущественно на территории Пиренейского полуострова и прилегающих к нему регионов Европы. Единично встречается на севере Европы и во франкоязычной Канаде.

Таким образом, результаты филогеографического анализа позволяют предположить западноевропейское происхождение по материнской линии средневековой женщины из городского захоронения Старой Рязани и демонстрируют возможные пути спорадических миграций в средние века на

территорию Древней Руси представителей западноевропейского населения. Эти предположения согласуются с историческими и археологическими источниками об имевшихся международных культурных, торговых взаимодействиях домонгольского населения древнерусских городов с различными регионами Западной Европы. Кроме того, данное исследование является примером применения современных археогенетических методов для получения генетических характеристик музейных антропологических материалов. Полученная генетическая информация — вклад в исследование по реконструкции генетической истории формирования населения Древней Руси в разные исторические периоды.

Работа выполнена в рамках программы «Историческая генетика Северо-Западной Евразии» при поддержке Министерства образования и науки Российской Федерации, соглашение № 075-10-2021-093 (ССК).

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с использованием в качестве объекта животных.

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с участием в качестве объекта людей.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Монгайт А.Л. Старая Рязань // Матер. и исследования по археологии СССР. № 49. Матер. и исследования по археологии древнерусских городов. Т. IV. М.: Изд-во АН СССР, 1955. 228 с.
2. Даркевич В.П., Борисевич Г.В. Древняя столица Рязанской земли: XI—XIII вв. М.: Кругъ, 1995. 448 с.
3. Селиванов А.В. О раскопках в старой Рязани и в Ново-Ольговском городке. Рязань, 1890. 6 с.
4. Андреева Т.В., Добровольская М.В., Седов Вл.В. и др. Люди из каменного саркофага № 11 Юрьева монастыря: генетическая история на основе митохондриальных геномов // КСИА. 2023. № 270. С. 418—437.
5. Андреева Т.В., Малярчук А.Б., Григоренко А.П. и др. Археогенетический анализ индивида из захоронения с территории древнего Ярославского Кремля // КСИА. 2021. Вып. 265. С. 294—308.
6. Andreeva T.V., Manakhov A.D., Gusev F.E. et al. Genomic analysis of a novel neanderthal from Mezmaiskaya Cave provides insights into the genetic relationships of Middle Palaeolithic populations // Sci. Reports. 2022. V. 12. P. 3016. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-16164-9>
7. Gansauge M.T., Gerber T., Glocke I. et al. Single-stranded DNA library preparation from highly degraded DNA using T4 DNA ligase // Nucl. Acids Res. 2017. V. 45. I. 10. P. e79. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx033>
8. Schubert M., Lindgreen S., Orlando L. AdapterRemoval v2: Rapid adapter trimming, identification, and read merging // BMC Res. Notes. 2016. V. 12. № 9. P. 88. <https://doi.org/10.1186/s13104-016-1900-2>
9. Li H., Durbin R. Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform // Bioinformatics. 2009. V. 25. № 14. P. 1754—1760. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324>
10. Jónsson H., Ginolhac A., Schubert M. et al. MapDamage 2.0: Fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters // Bioinformatics. 2013. V. 29. № 13. P. 1682—1684. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt193>
11. Anastasiadou K., Silva M., Booth T. et al. Detection of chromosomal aneuploidy in ancient genomes // Commun Biol. 2024. V. 7. № 1. P. 14. <https://doi.org/10.1038/s42003-023-05642-z>
12. Weissensteiner H., Pacher D., Kloss-Brandstätter A. et al. HaploGrep 2: mitochondrial haplogroup classification in the era of high-throughput sequencing // Nucl. Acids Res. 2016. V. 44. P. 58—63. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw233>
13. GenBank [Электронный ресурс]. URL: www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank // (дата обращения: 15.05.2024).
14. BLAST [Электронный ресурс]. URL: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov> (дата обращения: 15.05.2024).
15. AmtDB [Электронный ресурс]. URL: [AmtDB | About](http://AmtDB>About) (дата обращения: 15.05.2024).
16. YFull-MTree 1.02 [Электронный ресурс]. URL: <https://www.yfull.com/mtree/> (дата обращения: 15.05.2024).
17. Mallick S., Micco A., Mah M. et al. The allen ancient DNA resource (AADR) a curated compendium of ancient human genomes // Scientific Data. 2024. V. 11. № 1. P. 182. <http://doi.org/10.1038/s41597-024-03031-7> URL:
18. Eltsov.org [Электронный ресурс]. URL: <http://eltsov.org> (дата обращения: 15.05.2023).
19. Takahashi K., Nei M. Efficiencies of fast algorithms of phylogenetic inference under the criteria of maximum parsimony, minimum evolution, and maximum likelihood when a large number of sequences are used // Mol. Biol. Evol. 2000. V. 17. № 8. P. 1251—1258. <http://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026408>
20. <http://www.phylotree.org> (дата обращения: 15.05.2024).
21. Robinson J.T., Thorvaldsdóttir H., Winckler W. et al. Integrative Genomics Viewer // Nat. Biotechnol. 2011. V. 29. № 1. P. 24—26. <http://doi.org/10.1038/nbt.1754>

22. GnomAD v 4.1.0 [Электронный ресурс]. URL: <https://gnomad.broadinstitute.org> (дата обращения: 15.05.2024).
23. Soares P., Ermini L., Thomson N. et al. Correcting for purifying selection: An improved human mitochondrial molecular clock // *Am. J. Hum. Genet.* 2009. V. 84. P. 740–759. <http://doi.org/10.1016/j.ajhg.2009.05.001>
24. De Fanti S., Barbieri C., Sarno S. et al. Fine dissection of human mitochondrial DNA haplogroup HV lineages reveals paleolithic signatures from European glacial refugia // *PLoS One*. 2015. V. 10. № 12. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0144391>
25. Gómez-Carballa A., Olivieri A., Behar D.M. et al. Genetic continuity in the Franco-Cantabrian region: New clues from autochthonous mitogenomes // *PLoS One*. 2012. V. 7. № 3. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0032851>
26. Cardoso S., Valverde L., Alfonso-Sánchez M.A. et al. The expanded mtDNA phylogeny of the Franco-Cantabrian region upholds the pre-neolithic genetic substrate of Basques // *PLoS One*. 2013. V. 8. № 7. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0067835>
27. García O., Fregel R., Larruga J. et al. Using mitochondrial DNA to test the hypothesis of a European post-glacial human recolonization from the Franco-Cantabrian refuge // *Heredity*. 2011. V. 106. P. 37–45. <http://doi.org/10.1038/hdy.2010.47>
28. García Ó., Alonso S., Huber N. et al. Forensically relevant phylogeographic evaluation of mitogenome variation in the Basque Country. // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2020. V. 46. <http://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102260>
29. Cardoso S., Valverde L., Alfonso-Sánchez M.A. et al. The expanded mtDNA phylogeny of the Franco-Cantabrian region upholds the pre-neolithic genetic substrate of Basques // *PLoS One*. 2013. V. 8. № 7. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0067835>
30. Olalde I., Brace S., Allentoft M. et al. The Beaker phenomenon and the genomic transformation of north-west Europe // *Nature*. 2018. V. 555. P. 190–196. <http://doi.org/10.1038/nature25738>
31. Gneecchi-Ruscone G.A., Szécsényi-Nagy A., Koncz I. et al. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites // *Cell*. 2022. V. 185. № 8. P. 1402–1413. <http://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007>
32. Lazaridis I., Alpaslan-Roodenberg S., Acar A. et al. The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe // *Science*. 2022. V. 377. <http://doi.org/10.1126/science.abm4247>
33. Лухачев Д.С. Великое наследие // Избр. работы в трех томах. Том 2. Л.: Худож. лит.-ра, 1987. С. 154–227.

The Genetic Study of a Museum Anthropological Sample from the Urban Burial of Staraya Ryazan of the 11th–13th Centuries

A. D. Soshkina², T. V. Andreeva^{1, 2, 3, *}, S. S. Kunizheva^{1, 2}, I. Y. Adrianova²,
A. B. Malyarchuk^{2, 3}, P. D. Manakhov⁴, A. P. Buzhilova⁴, I. Yu. Strikalov⁵, E. I. Rogaev^{1, 6, **}

¹Scientific Center of Genetics and Life Sciences, Sirius University, Sirius Federal Territory, village Sirius, 354340 Russia

²Vavilov Institute of General Genetics of the Russian Academy of Sciences, Moscow, 119991 Russia

³Center of Genetics and Genetic Technologies, Faculty of Biology, Department of Genetics,

Lomonosov Moscow State University, Moscow, 119234 Russia

⁴Scientific Research Institute and Museum of Anthropology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, 125009 Russia

⁵Institute of Archaeology of the Russian Academy of Sciences, Moscow, 117292 Russia

⁶Chan Medical School of the University of Massachusetts, Department of Psychiatry, Shrewsbury, 01545 USA

*e-mail: andreeva@rogaevlab.ru

Old (Staraya) Ryazan has a special place in the history of Rus' cities. Following its destruction by Batu's troops in December 1237, the city declined and was ultimately abandoned in the 14th century. The new city was built in a different place. Studies of the population of Old Ryazan based on anthropological museum collections, allow us to assess the genetic structure of the urban population mainly of the pre-Mongol period. The article discusses the results of the analysis of one sample from the materials obtained during the excavations of A.V. Selivanov. The results of anthropological and whole-genome analysis showed that the sample under study belonged to a woman. Reconstruction and analysis of the complete sequence of mitochondrial DNA (mtDNA) indicated its belonging to the Western European haplogroup HV4a1a. This study is the first finding of this mitochondrial haplogroup among the medieval population of Rus'. The discovered mtDNA maternal lineage is currently rare and predominantly distributed among the European population of the Franco-Cantabrian region (the territory of northern Spain and south France). The closest matches in the complete mtDNA sequence (a difference of one nucleotide position) with the studied sample were found in modern representatives of the Basques and one individual from Denmark. The results obtained may indicate the Western European maternal ancestry of the studied woman from medieval Old Ryazan and the existence of possible common relatives with the modern population of Western Europe. Our study is an example of the use of modern genomic methods to reconstruct the individual history of people whose anthropological materials are presented in museum collections. In addition, the obtained results contribute to understanding the peculiarities of the formation of the genetic structure of the urban population of Rus'.

Keywords: Rus', Old Ryazan, ancient DNA (aDNA), mitochondrial DNA, haplogroup HV4a1a, whole-genome analysis.