

И. В. Пилипенко¹, Р. О. Трапезов¹, С. В. Черданцев¹, А. А. Журавлев¹,
М. А. Томилин¹, Н. В. Полосьмак², А. С. Пилипенко¹✉

¹ Институт цитологии и генетики СО РАН
Новосибирск, Россия

² Институт археологии и этнографии СО РАН
Новосибирск, Россия
E-mail: alexpil@bionet.nsc.ru

Результаты палеогенетического анализа носителя афанасьевской культуры из могильника Катанда-3

В статье приведены результаты палеогенетического анализа останков носителя афанасьевской культуры из могильника Катанда-3. Рассматриваемый курган является первым погребальным комплексом афанасьевской культуры, исследованным на территории Усть-Коксинского района Республики Алтай. Подтвержден мужской пол индивида. Выполнен анализ митохондриальной ДНК и Y-хромосомы. Выявленный вариант митохондриальной ДНК относится к западноевразийской гаплогруппе T1 и широко распространен в Западной и Центральной Евразии в эпоху бронзы, в том числе представлен в генофонде афанасьевского населения Горного Алтая в ранее исследованных памятниках. Установленный аллельный профиль 16 YSTR-локусов позволяет однозначно определить принадлежность Y-хромосомы исследуемого индивида к гаплогруппе R-M269 (R1b-M269), которая составляет основу мужского генофонда носителей афанасьевской культуры. Исследованный образец Y-хромосомы демонстрирует близость с вариантами R-M269 афанасьевцев с плато Укок (Бертек-33) и из памятников Минусинской котловины, что является еще одним свидетельством в пользу низкого уровня генетического разнообразия мужской части афанасьевской популяции и их относительно близкого общего происхождения по отцовской линии.

Ключевые слова: афанасьевская культура, могильник Катанда-3, Горный Алтай, палеогенетика, митохондриальная ДНК, Y-хромосома, междисциплинарные исследования.

I. V. Pilipenko¹, R. O. Trapezev¹, S. V. Cherdantsev¹, A. A. Zhuravlev¹,
M. A. Tomilin¹, N. V. Polosmak², A. S. Pilipenko¹✉

¹ Institute of Cytology and Genetics SB RAS
Novosibirsk, Russia

² Institute of Archaeology and Ethnography SB RAS
Novosibirsk, Russia
E-mail: alexpil@bionet.nsc.ru

The Results of Paleogenetic Analysis of an Afanasievo Culture Individual from the Katanda-3 Burial Ground

This article provides the results of a paleogenetic analysis of the Afanasievo culture individual remains from the Katanda-3 burial ground. This mound is the first burial complex of the Afanasievo culture studied in the Ust-Koksinsky District of the Altai Republic. The male gender of the individual was confirmed. Mitochondrial DNA and Y-chromosome analysis were performed. The identified mitochondrial DNA lineage belongs to the West Eurasian haplogroup T1 and it was widespread in Western and Central Eurasia during the Bronze Age. It was also identified in the gene pool of the Afanasievo population from the Altai Mountains at previously studied sites. The allelic profile of 16 YSTR loci allows us to unambiguously determine that the Y-chromosome of the studied individual belongs to haplogroup R-M269 (R1b-M269) forming the basis of the male gene pool of the Afanasievo culture population. The studied Y-chromosome sample demonstrates a close relationship with the R-M269 variants of the Afanasievo individuals from the Ukok Plateau (Bertek-33) and from the Minusinsk Basin sites, which constitutes additional evidence of the low genetic diversity in the male part of the Afanasievo population and their relatively close common origin on the paternal line.

Keywords: Afanasievo culture, Katanda-3 burial ground, Gorny Altai, paleogenetics, mitochondrial DNA, Y-chromosome, interdisciplinary research.

В 2020 г. Южноалтайским отрядом ИАЭТ СО РАН под руководством Н. В. Полосьмак был исследован курган на могильнике Катанда-3, относящийся к афанасьевской культуре [Полосьмак, Чикишева, 2020]*. Курган является первым погребальным комплексом афанасьевской культуры, исследованным археологами на территории Усть-Коксинского р-на Республики Алтай**. В кургане был погребен мужчина возрастом ~ 35 лет с сопроводительным инвентарем, подтверждающим культурную атрибуцию памятника [Там же]. Материалы кургана стали объектом междисциплинарного исследования, одним из направлений которого является молекулярно-генетический анализ останков погребенного. В данной работе мы приводим результаты палеогенетического анализа индивида, включая анализ структуры и филогенетического положения вариантов его мтДНК и Y-хромосомы и их рассмотрение на фоне генетического разнообразия афанасьевского населения из различных районов Южной Сибири. Работа является продолжением серии публикаций, посвященных анализу генетического разнообразия локально-территориальных групп афанасьевского населения южных районов Сибири, ранее начатой нами с публикации результатов палеогенетического анализа индивидов из могильника Бертек-33 на плато Укок [Пилипенко и др., 2020].

Материалы и методы

Для проведения палеогенетического исследования в ИЦиГ СО РАН из палеоантропологической коллекции ИАЭТ СО РАН была передана большая берцовая кость индивида из памятника Катанда-3. Процедуры деконтаминации материала и получения костного порошка из внутренних областей компактного костного вещества описаны в наших предыдущих работах (см., напр.: [Pilipenko et al., 2018]). Получение костного порошка для исследования проведено с учетом минимизации деструкции палеоантропологического материала. Методы получения образцов суммарной ДНК, оценки их качества, анализа структуры образцов мтДНК и Y-хромосомы подробно описаны в наших предшествующих работах (см., напр.: [Черданцев и др., 2025; Трапезов и др., 2026]). Структуру мтДНК оценивали по последовательности ГВСИ мтДНК. Филогенетический анализ проводили с учетом современной классификации разнообразия мтДНК [van Oven, Kayser, 2009]. Структуру варианта

Y-хромосомы оценивали путем анализа аллельного профиля YSTR-локусов с помощью набора COOrDIS Ystr (Гордиз, Россия), согласно инструкции производителя. Фрагментный анализ результатов мультиплексной ПЦР проводили на приборах НАНОФОР05 в ЦКП Генетического анализа ИЦиГ СО РАН. Анализ аллельного профиля осуществляли с помощью программы GeneMarker (SoftGenetics). Определение филогенетического положения исследованных структурных вариантов Y-хромосомы осуществляли с помощью программы-предиктора на сайте компании NEVGEN (nevgen.org), находящейся в открытом доступе. При филогенетическом/филогеографическом анализе результатов в качестве базовой использовали классификацию кластеров Y-хромосомы, реализованную в рамках открытого онлайн-ресурса «The Universal Y-SNP Database» (UYSD v. 1.1) [Ralf et al., 2025], в рамках которой предложено унифицированное филогенетическое дерево вариантов Y-хромосомы человека с соответствующей единой номенклатурой кластеров (www.ysnp.erasmusmc.nl).

Палеогенетический анализ выполнен на базе специализированной инфраструктуры межинститутской лаборатории молекулярной палеогенетики и палеогеномики ИЦиГ СО РАН, которая отвечает всем современным требованиям, предъявляемым к палеогенетическим лабораториям. Меры против контаминации и процедуры верификации результатов описаны в наших предшествующих статьях [Pilipenko et al., 2018]. Условия проведения исследования, используемые протоколы работы и особенности полученных результатов однозначно свидетельствуют об их высокой достоверности.

Результаты

Для индивида из Катанды-3 получено три экстракта суммарной ДНК. Все экстракты продемонстрировали высокую сохранность, что позволило нам успешно выполнить анализ обоих маркеров с однородительским типом наследования. ГВСИ мтДНК характеризуется гаплотипом 16126C-16163G-16186T-16189C-16294T, что позволяет однозначно определить принадлежность мтДНК к западноевразийской гаплогруппе T1. Выявленный гаплотип ГВСИ является корневым для гаплогруппы T1 и характеризуется широким распространением среди популяций эпохи ранней бронзы Западной и Центральной Евразии, что снижает его филогеографическую информативность. Принимая во внимание культурную атрибуцию исследуемого кургана из Катанды-3, мы оценили представленность гаплогруппы T1 и ее корневого гаплотипа в локальных популяциях афанасьевской культуры Южной Сибири. Идентичный по структуре вариант гаплогруппы T1 мтДНК был зафиксирован нами ранее как на юге Горного Алтая – в афанасьевском могильнике Бертек-33 (плато Укок,

* В первой публикации могильник был обозначен как Катанда-2, что является ошибкой.

** До сих пор единственные следы пребывания афанасьевцев на территории Усть-Коксинского р-на Республики Алтай были зафиксированы только на культовом комплексе Кучерла -1, в 15 км от с. Тюнгур Ранний культурный слой этого разновременного памятника относится к афанасьевской культуре [Молодин, Ефремова, 2010, с. 36–49].

Кош-Агачский р-н Республики Алтай) [Пилипенко и др., 2020], так и на северо-западе Горного Алтая – в могильнике Усть-Куюм (Чемальский р-н Республики Алтай, неопубликованные данные авторов). Таким образом, исследованный образец из Катанды-3 представляет уже третью локальную группу афанасьевского населения, в генофонде мтДНК которой присутствует гаплогруппа T1. Из-за широкой распространенности выявленный вариант не может рассматриваться в качестве достоверного свидетельства генетических (родственных) связей между локальными группами афанасьевского населения, однако мы можем уверенно констатировать, что этот кластер мтДНК является типичным для афанасьевцев Горного Алтая.

Высокая сохранность ДНК позволила нам достоверно определить аллели 16 из 18 YSTR-локусов, входящих в состав набора COrDIS Ystr (см. таблицу). Полученных данных достаточно, чтобы с вероятностью 100 % определить принадлежность исследованного варианта Y-хромосомы в гаплогруппе R-M269 (R1b-M269). Варианты этого кластера Y-хромосомы абсолютно доминируют в генофонде афанасьевского населения Южной Сибири. Это в одинаковой степени касается афанасьевцев Горного Алтая [Там же] и Минусинской котловины [Hollard, 2014]. Наряду с результатами геномного анализа, сходство структуры мужского генофонда с доминированием линий R-M269 (R1b-M269) стало одним из основных аргументов, позволяющих связать появление афанасьевского населения на юге Сибири с миграцией групп носителей ямной культуры из восточноевропейского региона [Allentoft et al., 2015].

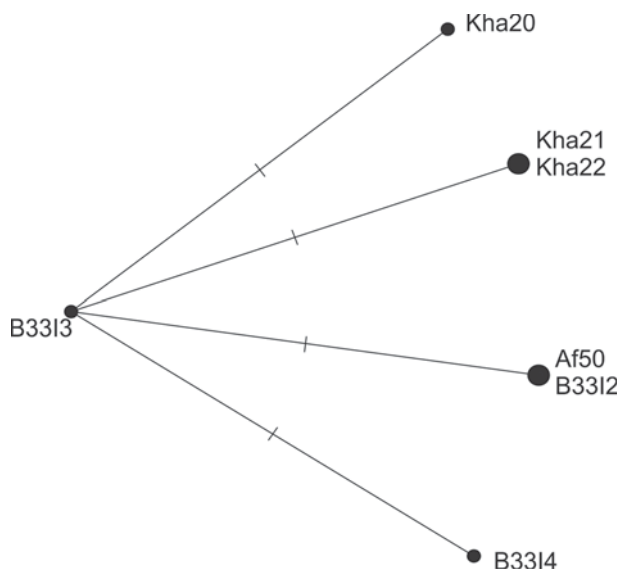
Чтобы оценить разнообразие линий Y-хромосомы афанасьевцев, относящихся к R-M269 гаплогруппе, мы построили медианную сеть гаплотипов YSTR, объединяющую новый образец из Катанды-3, а также опубликованные ранее нами и другими коллегами образцы Y-хромосомы из афанасьевских памятников Горного Алтая и Минусинской котловины (см. рисунок).

Так как результаты для образцов, включенных в сравнительный анализ, были получены с помощью разных наборов реактивов, мы осуществляли сравнение на основе данных по аллелям 14 YSTR-локусов, вошедших в состав разных наборов и определенных также в образце из могильника Катанда-3. Как видно на рисунке, все образцы демонстрируют близкую структуру аллельных профилей, отличаясь лишь на незначительное число мутационных шагов. Почти все образцы, для которых доступны профили 14 YSTR характеризуются одинаковым мотивом, охватывающим 12 YSTR. Вариабельность среди большинства образцов рассматриваемой серии наблюдается только для двух маркеров – DYS390 и DYS456, отличия по которым и определили основную структуру построенной сети. У одного из индивидов из Минусинской котловины также отличается аллель локуса DYS391

Результаты определения аллельного профиля набора из 18 YSTR-локусов и филогенетическое положения исследованного образца Y-хромосомы индивида из могильника Катанда-3 (лабораторный шифр индивида Af50)

YSTR-локус	Аллель Af50
DYS391	11
DYS389 I	13
DYS19	14
DYS437	–
DYS389 II	29
DYS393	12
DYS392	13
DYS447	25
DYS576	–
DYS438	12
DYS390	25
DYS449	29
DYS448	19
DYS456	16
DYS439	13
DYS385a/b	11/14
DYS635	23
Гаплогруппа (согласно NEVGEN)	R1b-M269
Гаплогруппа по UYSD v. 1.1	R-M269

Примечание. Жирным шрифтом выделены аллели 14 YSTR, которые были использованы для сравнительного анализа с другими образцами R-M269 афанасьевской культуры.



Медианная сеть YSTR-гаплотипов гаплогруппы R-M269 (R1b-M269), выявленных у носителей афанасьевской культуры из памятников Горного Алтая и Минусинской котловины. Сеть построена по 14 YSTR-локусам.

Af50 – могильник Катанда-3 (данная работа); B3312–4 – индивиды 2–4 из могильника Бертек-33 (нумерация индивидов согласно работе [Пилипенко и др., 2020]); Kha20–22 – могильник Итколь II [Hollard, 2014].

(Kha20 на *рисунке*). Отметим, что вариант, обнаруженный нами ранее у индивида № 3 из могильника Бертек-33 (согласно нумерации индивидов в работе [Пилипенко и др., 2020]; на *рисунке* – вариант B33I3), потенциально может рассматриваться в качестве варианта основателя R-M269 в афанасьевской популяции. Более того, мы зафиксировали присутствие в сравнительной серии двух пар образцов с идентичными профилями всех 14 YSTR. Одна пара идентичных образцов принадлежит индивидам, погребенным в одном кургане (№ 27) могильника Итколь II в Минусинской котловине. В контексте данной работы большой интерес представляет обнаружение идентичных (на уровне 14 YSTR) вариантов Y-хромосомы у индивида из рассматриваемого нами погребения могильника Катанда-3 и в останках скелета 2 погр. 1 кург. № 2 могильника Бертек-33 (B33I2 на *рисунке*) [Пилипенко и др., 2020]. Выявленное высокое сходство структурных вариантов гаплогруппы R-M269 Y-хромосомы, помимо общей филогенетической гомогенности мужского генофонда, является еще одним свидетельством в пользу единого источника происхождения афанасьевских локальных популяций Южной Сибири по мужской (отцовской) линии. Наличие идентичных вариантов у индивидов, погребенных в одном кургане, очевидно, следует рассматривать как свидетельство их близкого родства по отцовской линии. В случае с образцами из Катанда-3 и Бертека-33 следует быть более осторожными в интерпретациях. Отметим, что близкие варианты Y-хромосомы (идентичные на уровне 14 YSTR) выявлены нами в могильниках, расположенных в разных районах юга Горного Алтая (Усть-Коксинский и Кош-Агачский соответственно). Прямое расстояние между этими афанасьевскими памятниками составляет почти 150 км. К тому же они отделены друг от друга целым рядом труднопроходимых горных перевалов, что еще больше увеличивает их географическую изолированность.

Заключение

Таким образом, результаты, полученные нами для индивида из могильника Катанда-3, позволили дополнить палеогенетическую карту афанасьевского населения, впервые включив в нее локальную группу носителей культуры из Усть-Коксинского р-на Республики Алтай. Выявленное низкое филогенетическое разнообразие вариантов Y-хромосомы среди афанасьевского населения Южной Сибири делает актуальной задачу углубленного анализа структуры вариантов Y-хромосомы мужской части афанасьевской популяции, с включением в исследование как можно большего числа локально-территориальных групп из памятников как Горного Алтая, так и Минусинской котловины. Основными направлениями работ при этом являются анализ разнообразия аллель-

ных профилей расширенного набора YSTR и генотипирование набора ОНП, маркирующих субкластеры внутри гаплогруппы R-M269 (по нашим оценкам, порядка 15 ключевых ОНП-маркеров). Получение этих дополнительных результатов для афанасьевской серии позволит с большей достоверностью судить о наличии близкородственных связей по отцовской линии внутри и между локальными группами мужчин-афанасьевцев Южной Сибири (т.е. проверить уровень локальной структурированности популяции по мужскому происхождению), а также более точно локализовать возможные источники миграционных потоков из более западных районов Евразии, следствием которых, очевидно, стало появление носителей афанасьевской культуры в южных районах Сибири. Эти направления анализа в настоящее время реализуются авторским коллективом данной статьи.

Финансирование

Исследование выполнено за счет средств бюджетного проекта ИЦиГ СО РАН № FWN-2025-0023.

Список литературы

- Молодин В. И., Ефремова Н. С. Грот Куйлю – культовый комплекс на реке Кучерле (Горный Алтай). – Новосибирск: Изд-во ИАЭТ СО РАН, 2010. – 264 с.
- Пилипенко А. С., Трапезов Р. О., Черданцев С. В., Молодин В. И. Погребальный памятник афанасьевской культуры Бертек-33 на плато Укок (Горный Алтай): результаты палеогенетического исследования // Археология, этнография и антропология Евразии. – 2020. – № 48 (4). – С. 146–154.
- Полосьмак Н. В., Чикишева Т. А. Исследование кургана на памятнике Катанда-2 // Проблемы археологии, этнографии, антропологии Сибири и сопредельных территорий. – Новосибирск: Изд-во ИАЭТ СО РАН, 2020. – Т. 26. – С. 579–586.
- Трапезов Р. О., Пилипенко И. В., Федосеева Е. И., Черданцев С. В., Журавлев А. А., Поздняков Д. В., Томилин М. А., Рыкун М. П., Нестерова М. С., Молодин В. И., Пилипенко А. С. Разнообразие Y-хромосомы сибирских татар из позднесредневекового могильника Абрамово-10 (Барабинская лесостепь) // Вестн. Новосиб. гос. ун-та. Сер.: История, филология. – 2026. – Т. 25, № 5. – С. 127–147.
- Черданцев С. В., Трапезов Р. О., Томилин М. А., Федосеева Е. И., Журавлев А. А., Пилипенко И. В., Рыкун М. П., Молодин В. И., Пилипенко А. С. Разнообразие митохондриальной ДНК сибирских татар из позднесредневекового могильника Абрамово-10 (Барабинская лесостепь) // Вестн. Новосиб. гос. ун-та. Сер.: История, филология. – 2025. – Т. 24, № 7. – С. 132–149.
- Allentoft M. E., Sikora M., Sjögren K. G., Rasmussen S., Rasmussen M., Stenderup J., Damgaard P. B., Schroeder H., Ahlström T., Vinner L., Malaspinas A. S., Margaryan A., Higham T., Chivall D., Lynnerup N., Harvig L., Baron J., Della Casa P., Dąbrowski P., Duffy P. R., Willerslev E. Population genomics of Bronze Age Eurasia // Nature. – 2015. – Vol. 522 (7555). – P. 167–172.

Hollard C. Peuplement du sud de la Sibérie et de l'Altai à l'âge du Bronze: Apport de la paléogénétique: Thèse de doctorat en Aspects moléculaires et cellulaires de la biologie. – Strasbourg, 2014. – 269 p.

Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Cherdantsev S. V., Babenko V. N., Nesterova M. S., Pozdnyakov D. V., Molodin V. I., Polosmak N. V. Maternal genetic features of the Iron Age Tagar population from Southern Siberia (1st millennium BC) // PLoS ONE. – 2018. – Vol. 13(9): e0204062.

Ralf A., Zandstra D., van Wersch B., Köksal Z., Larmuseau M. H. D., Rosa A., Jobling M. A., D'Amato M. E., Courts C., Gysi M., Haas C., Flores R., Neis M., Wetton J. H., Kiesler K., Ameer A., Azonbakin S., Bôžiková A., Choma A., De Ungria M. C., Corradini B., Cruz C., Dunkelmann B., Ferri G., Fleckhaus J., Fragou D., Gaens N., Gonçalves R., Havaš Auguštín D., Helm K., Hölzl-Müller P., Kaliszan M., Kasu M., Kovatsi L., Lesaona M., Mizuno N., Neuhuber F., Nováčková J., Nuňuková A., Pamjav H., Parson W., Ramankulov Y., Rangel Villalobos H., Reĭala K., Rootsi S., Salvador J., Šarac J., Steffen C. R., Stenzl V., Török T., Villemes R., Watahiki H., Zhabagin M., Schneider P. M., Kayser M. UYSD: a novel data repository accessible via public website for worldwide population frequencies of Y-SNP haplogroups // American J. of Human Genetics. – 2025. – Vol. 33, N 7. – P. 904–912.

van Oven M., Kayser M. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation // Human Mutation. – 2009. – Vol. 30. – E386–394.

References

Allentoft M. E., Sikora M., Sjögren K. G., Rasmussen S., Rasmussen M., Stenderup J., Damgaard P. B., Schroeder H., Ahlström T., Vinner L., Malaspina A. S., Margaryan A., Higham T., Chivall D., Lynnerup N., Harvig L., Baron J., Della Casa P., Dąbrowski P., Duffy P. R., Willerslev E. Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 2015. Vol. 522 (7555). P. 167–172. doi:10.1038/nature14507

Cherdantsev S. V., Trapezov R. O., Tomilin M. A., Fedoseeva E. I., Zhuravlev A. A., Pilipenko I. V., Rykun M. P., Molodin V. I., Pilipenko A. S. Mitochondrial DNA Diversity in Siberian Tatars from the Late Medieval Burial Ground Abramovo-10 (Baraba Forest-Steppe). *Vestnik NSU. Series: History and Philology*, 2025. Vol. 24(7). P. 132–149. (In Russ.) doi:10.25205/1818-7919-2025-24-7-132-149

Hollard C. Peuplement du sud de la Sibérie et de l'Altai à l'âge du Bronze: Apport de la paléogénétique: Thèse de doctorat en Aspects moléculaires et cellulaires de la biologie. Strasbourg, 2014. 269 p. (In French).

Molodin V. I., Efremova N. S. Grot Kuilyu – kul'tovyi kompleks na reke Kucherle (Gorniy Altai). Novosibirsk: IAET SB RAS Publ., 2010. 264 p. (In Russ.)

Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Cherdantsev S. V., Babenko V. N., Nesterova M. S., Pozdnyakov D. V., Molodin V. I., Polosmak N. V. Maternal genetic features

of the Iron Age Tagar population from Southern Siberia (1st millennium BC). *PLoS ONE*, 2018. Vol. 13(9): e0204062. doi:10.1371/journal.pone.0204062

Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Cherdantsev S. V., Pilipenko I. V., Zhuravlev A. A., Pristiyazhnyuk M. S., Molodin V. I. The Paleogenetic Study of Bertek-33, an Afanasyevo Cemetery on the Ukok Plateau, the Altai Mountains. *Archaeology, Ethnology and Anthropology of Eurasia*, 2020. Vol. 48 (4). P. 146–154. doi:10.17746/1563-0110.2020.48.4.146-154

Polosmak N. V., Chikisheva T. A. Study of the burial mound at the Katanda-2 site. In *Problems of Archaeology, Ethnography, Anthropology of Siberia and Neighboring Territories*. Novosibirsk: IAET SB RAS Publ., 2020. Vol. 26. P. 579–586. (In Russ.) doi:10.17746/2658-6193.2020.26.579-586

Ralf A., Zandstra D., van Wersch B., Köksal Z., Larmuseau M. H. D., Rosa A., Jobling M. A., D'Amato M. E., Courts C., Gysi M., Haas C., Flores R., Neis M., Wetton J. H., Kiesler K., Ameer A., Azonbakin S., Bôžiková A., Choma A., De Ungria M. C., Corradini B., Cruz C., Dunkelmann B., Ferri G., Fleckhaus J., Fragou D., Gaens N., Gonçalves R., Havaš Auguštín D., Helm K., Hölzl-Müller P., Kaliszan M., Kasu M., Kovatsi L., Lesaona M., Mizuno N., Neuhuber F., Nováčková J., Nuňuková A., Pamjav H., Parson W., Ramankulov Y., Rangel Villalobos H., Reĭala K., Rootsi S., Salvador J., Šarac J., Steffen C. R., Stenzl V., Török T., Villemes R., Watahiki H., Zhabagin M., Schneider P. M., Kayser M. UYSD: a novel data repository accessible via public website for worldwide population frequencies of Y-SNP haplogroups. *American Journal of Human Genetics*, 2025. Vol. 33, No. 7. P. 904–912. doi:10.1038/s41431-025-01854-5

Trapezov R. O., Pilipenko I. V., Fedoseeva E. I., Cherdantsev S. V., Zhuravlev A. A., Pozdnyakov D. V., Tomilin M. A., Rykun M. P., Nesterova M. S., Molodin V. I., Pilipenko A. S. Y-Chromosome Diversity within Siberian Tatars from the Late Medieval Burial Ground Abramovo-10 (Baraba Forest-Steppe). *Vestnik NSU. Series: History and Philology*, 2026. Vol. 25 (5). P. 127–147. (In Russ.) doi:10.25205/1818-7919-2026-25-5-127-147

van Oven M., Kayser M. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*, 2009. Vol. 30, E386–394. doi:10.1002/humu.20921

Пилипенко И. В. <https://orcid.org/0000-0002-8325-6719>

Трапезов Р. О. <https://orcid.org/0000-0002-0483-530X>

Черданцев С. В. <https://orcid.org/0000-0002-4384-3468>

Журавлев А. А. <https://orcid.org/0000-0001-6169-0912>

Томилин М. А. <https://orcid.org/0000-0002-2616-8712>

Полосмак Н. В. <https://orcid.org/0000-0002-3760-265X>

Пилипенко А. С. <https://orcid.org/0000-0003-1009-2554>

Дата сдачи рукописи: 25.05.2026 г.