

УДК 575.17

Полиморфизм микросателлитных локусов Y-хромосомы у крымских караимов и крымских татар

Ефетов К.А.¹, Харламов С.Г.², Ефремов И.А.³

¹ Медицинская академия имени С.И. Георгиевского Федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования «Крымский федеральный университет имени В.И. Вернадского».

295051, Симферополь, бульвар Ленина, д. 5/7

² Федеральное государственное казенное учреждение 111 «Главный государственный центр судебно-медицинских и криминалистических экспертиз» Министерства обороны Российской Федерации.

105094, Москва, Госпитальная пл., д. 3

³ Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Институт биохимической физики имени Н.М. Эмануэля» Российской академии наук.

119334, Москва, ул. Косыгина, д. 4

Актуальность. Крымские караимы-тюрки (караи) – малочисленный коренной народ Крыма, находящийся на грани исчезновения. Вопрос об их происхождении долгое время был предметом дискуссий на стыке истории, антропологии, этнографии, культурологии, лингвистики, религиоведения и генетики. Сравнительные популяционно-генетические исследования являются одним из самых мощных и объективных инструментов, позволяющих ответить на этот вопрос. К настоящему времени генетический полиморфизм крымских караимов исследован недостаточно.

Методы. Восполняя этот пробел, в данной работе проведено генотипирование по 23 полиморфным микросателлитным локусам Y-хромосомы человека 45 мужских образцов: крымских караимов, крымских татар горной субэтнической группы и славян (для всех образцов этническая принадлежность охарактеризована по отцовской линии).

Результаты. Суммарно, для 26 исследованных крымских караимов и 14 крымских татар было установлено 34 уникальных гаплотипа, которым соответствуют 13 разных гаплогрупп: G2a, J2a, R1a, L, T, E1b1b, I2a, I2c, J1, J2b, Q, R1b, N. Проведено детальное сравнение установленных генетических профилей между собой и с наиболее близкими гаплотипами, доступными в открытой международной базе данных YHRD. Полученные результаты свидетельствуют о генетической близости и единстве происхождения двух тюркских народов – крымских татар и крымских караимов.

Ключевые слова: тюрки; крымские караимы; крымские татары; микросателлиты; Y-гаплотипы; Y-гаплогруппы.

Для цитирования: Ефетов К.А., Харламов С.Г., Ефремов И.А. Полиморфизм микросателлитных локусов Y-хромосомы у крымских караимов и крымских татар. Патогенез. 2023; 21(3): 62-74.

DOI: 10.25557/2310-0435.2023.03.62-74

Для корреспонденции: Ефремов Илья Алексеевич, e-mail: info@tapotili.ru

Финансирование. Работа выполнена при частичной финансовой поддержке гранта «Создание генетической базы данных крымских караимов-тюрок», полученного Общественной организацией «Региональная национально-культурная автономия крымских караимов Республики Крым» (грантовая поддержка деятельности национально-культурных автономий и общественных организаций в Республике Крым в форме субсидий, протокол от 07.10.2020) и финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, программа «Приоритет-2030» № 075-15-2021-1323.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Благодарности. Авторы благодарят всех доноров образцов.

Поступила: 06.07.2023.

Polymorphism of Y-chromosome microsatellite loci in the Crimean Karaites and Crimean Tatars

Efetov K.A.¹, Kharlamov S.G.², Efremov I.A.³

¹ S.I. Georgievsky Medical Academy of the V.I. Vernadsky Crimean Federal University.

Lenina Boulevard 5/7, Simferopol 295000, Russian Federation

² 111 Main State Center for Forensic Medical and Criminalistic Expertise,

Hospitalnaya Ploshchad 3, Moscow 105094, Russian Federation

³ N.M. Emanuel Institute for Biochemical Physics,

Kosygina str. 4, Moscow 119334, Russian Federation

Relevance. The Crimean Karaites-Turks (Karays, Qarays) are a small indigenous people of the Crimea, which is on the verge of extinction. The question of their origin has long been the subject of discussions at the intersection of history, anthropology, ethnography, cultural studies, linguistics, religious studies, and genetics. Comparative population genetic studies are one of the most powerful and objective tools to answer this question. To date, the genetic polymorphism of the Crimean Karaites has been insufficiently studied.

Methods. The genetic polymorphism of the Crimean Karaites has been insufficiently studied. To fill this gap, the present work involved the genotyping according to 23 polymorphic microsatellite loci of the human Y-chromosome of 45 male samples: the Crimean Karaites, Crimean Tatars of the mountain subethnic group, and the Slavs (for all samples ethnicity was characterized by paternal lineage).

Results. In total, for the 26 Crimean Karaites and 14 Crimean Tatars studied, 34 unique haplotypes were identified, which correspond to 13 different haplogroups: G2a, J2a, R1a, L, T, E1b1b, I2a, I2c, J1, J2b, Q, R1b, N. The established genetic profiles

were compared in detail with each other and with the closest haplotypes available in the open international YHRD database. The results obtained testify to the genetic closeness and unity of the origin of the two Turkic peoples, the Crimean Tatars and the Crimean Karaites.

Key words: Turkic people; Crimean Karaites; Crimean Tatars; microsatellites; Y-haplotypes; Y-haplogroups.

For citation: Efetov K.A., Kharlamov S.G., Efremov I.A. [Polymorphism of Y-chromosome microsatellite loci in the Crimean Karaites and Crimean Tatars]. *Patogenez [Pathogenesis]*. 2023; 21(3): 62-74. (in Russian)

DOI: 10.25557/2310-0435.2023.03.62-74

For correspondence: Efremov Ilya Alekseevich, e-mail: info@tapotili.ru

Funding. This study was partly financially supported by the grant "Creation of a genetic database of the Crimean Karaites-Turks" received by the Public Organization "Regional National-Cultural Autonomy of the Crimean Karaites of the Republic of Crimea" (grant support for the activities of national-cultural autonomies and public organizations in the Republic of Crimea in the form of subsidies, protocol dated 07.10.2020) and partly financially supported by Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation, Priority-2030 program № 075-15-2021-1323.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

Acknowledgments. The authors thank all sample donors.

Received: 06.07.2023.

Сокращения: БД – базы данных, ОНП (SNP) – однонуклеотидный полиморфизм (single nucleotide polymorphism), ПЦР – полимеразная цепная реакция, STR – short tandem repeat (короткий tandemный повтор, микросателлит), YHRD – Y Chromosome Haplotype Reference Database.

Введение

Исследования нуклеотидных последовательностей ДНК, проведённые нами в последнее время, позволили сделать ряд интересных открытий в биологии, в том числе описать ранее неизвестные науке биологические виды [1–3]. В данной работе мы исследовали ДНК-маркеры Y-хромосомы крымских караимов и крымских татар.

Крымские караимы (караи) – потомки тюркских племён [4, 5], народ, сложившийся как этнос в Крыму. Сохранился богатый фольклор крымских караимов, в котором отразилась их историческая связь с хазарами. Караимский язык относится к кыпчакской группе тюркских языков [4, 5].

В настоящее время в мире живёт около 2000 крымских караимов, из них в России – 800, в Крыму – 500. Есть представители этого народа также в Литве, Украине, Турции, Польше, Франции. Численность же крымских татар существенно больше – около 250 тыс. в Крыму, дополнительно около 100 тыс. – в странах СНГ, и ещё около трёх миллионов – в мире.

Не следует путать крымских караимов как этнос с некоторыми представителями иных этнических групп, также исповедующими караимизм – религию, основанную только на Ветхом Завете Библии и отвергающую (так же, как христианство и ислам) Талмуд. Нередко некоторые авторы намеренно путают понятия «крымские караимы» (национальность) и «караимы» (приверженцы караимизма), чтобы приписать крымским караимам происхождение, не имеющее к ним никакого отношения.

Одним из самых убедительных доказательств тюркского происхождения крымских караимов является результат краниологических исследований, предпринятых российским учёным, академиком В.П. Алексеевым, который доказал, что крымские караимы не имеют ничего общего с семитами [6, 7]. Своеобразие узора поверхности пальцев и ладоней караев свидетельствуют об их тюркских корнях [8].

В 2014–2015 годах в Институте общей генетики имени Н.И. Вавилова РАН и в Медико-генетическом научном центре, в сотрудничестве с Караимским обществом Москвы, были проведены исследования генофонда крымских караимов [9]. При этом строго соблюдалось правило «трёх поколений» по мужской линии (дедушка по отцу – обязательно должен быть крымским караимом). Так была сформирована выборка для анализа разнообразия Y-хромосомы (61 мужчина), а для её части (семь индивидуумов, оба дедушки и обе бабушки которых – крымские караимы) был выполнен анализ и полногеномных панелей аутосомных ОНП.

Сравнительный анализ генофонда крымских караимов по Y-хромосоме в масштабе Северной Евразии позволил выделить круг генетически родственных популяций и определить генетические расстояния Нея от крымских караимов до окружающих популяций. Среди тюркоязычных народов Европы и Азии крымские караимы максимально близки к крымским татарам, туркам, балкарцам, азербайджанцам Дагестана, кумыкам, астраханским татарам, т.е. преимущественно к западным тюркам. Результаты также показывают отсутствие явной генетической близости караимов с группами евреев [9].

Сравнительный анализ генофонда крымских караимов по данным полногеномной панели аутосомных ОНП Human Origins (платформа Affymetrix, США) был проведён в расширенном масштабе, с добавлением популяций Передней Азии (Иранского нагорья, Ближнего Востока и Аравии). На графике главных компонент генофонд караимов располагается преимущественно в окружении популяций Передней Азии и Кавказа, из которых наиболее генетически близкими выступают группы иранцев и азербайджанцев. Из трёх субэтносов крымских татар – степные, горные и южнобережные – к караимам близки две последние. Таким образом, генофонд крымских караимов по данным анализа

и Y-хромосомы, и аутосомных полногеномных маркеров наиболее близок к популяциям Ирана, Малой Азии (турки) и Кавказа (азербайджанцы и кумыки). Интересно, что, кроме тюркских народов, показана генетическая близость крымских караимов (по данным анализа и Y-хромосомы, и аутосомных полногеномных маркеров) с иранцами, что проливает новый свет на историю этногенеза караев и объясняет наличие у крымских караимов фамилий иранского происхождения.

Целью настоящей работы явилось установление генетических профилей по 23 полиморфным микросателлитным локусам Y-хромосомы человека всех обследуемых лиц, верификация возможного патрилинейного родства в отдельных потенциально родственных группах, а также изучение сравнительного распределения гаплогрупп среди обследованных крымских караимов и крымских татар.

Материалы и методы исследования

Образцы. Для молекулярно-генетического исследования были отобраны биологические образцы в виде соскобов щёчного (буккального) эпителия на стандартные аптечные ватные палочки, полученные от 45 обследуемых мужчин.

Забор биологических образцов проводился по стандартному протоколу, который доступен в сети Интернет: https://tapotili.ru/doc/buccal_swab.pdf. После забора биологического материала ватные палочки помещались в индивидуальные стандартные промаркированные бумажные конверты и хранились при комнатной температуре.

Биологические образцы собирались в период с декабря 2020 г по август 2021 г в следующих населённых пунктах: Симферополь, Школьное, Приятное Свидание, Чистенькое, Бахчисарай, Красный Мак, Каштаны, Евпатория, Феодосия, Приморский, Ялта, Севастополь (все – Крым), а также Москва.

У всех крымских караимов и крымских татар мужская линия была «чистокровная» по соответствующей национальности, с уточнением самоопределения родственников обследуемого до третьего поколения.

Для достоверности исследование было выполнено «слепым» методом – до получения генетических результатов информация о национальности и родственных связях не раскрывалась.

Соблюдение этических стандартов. Все процедуры, выполненные в исследовании с участием людей, соответствуют этическим стандартам институционального и/или национального комитета по исследовательской этике и Хельсинкской декларации 1964 года и ее последующим изменениям или сопоставимым нормам этики. От каждого из включённых в исследование участника было получено информированное добровольное согласие.

Выделение ДНК и определение концентрации выделенной ДНК. Выделение ДНК из соскобов буккального

эпителия проводили с использованием коммерческого набора реагентов «QIAamp DNA Investigator Kit» на автоматизированной станции «QIAcube Classic» (Qiagen, Нидерланды–Германия) в соответствии с инструкциями производителя, которые доступны в сети Интернет. Архивное хранение препаратов выделенной ДНК осуществляли при -20°C .

Концентрацию выделенной ДНК (аутосомной и Y-фракций) определяли с использованием коммерческого набора реагентов «PowerQuant® System» (Promega Corporation, США) на приборе для ПЦР в реальном времени «ABI QuantStudio 5 Real-Time PCR System» (Applied Biosystems, США) в соответствии с инструкциями производителей, которые доступны в сети Интернет.

Фрагментный анализ микросателлитных локусов, расположенных на Y-хромосоме человека. Исследование полиморфных микросателлитных локусов, расположенных на Y-хромосоме человека, проводили с использованием коммерческого набора реагентов «PowerPlex® Y23 System» (Promega Corporation, США) в соответствии с инструкцией производителя, включая постановку положительных и отрицательных контролей ПЦР. Разделение продуктов ПЦР (фрагментный анализ) проводили на приборе «ABI PRISM 3500 Genetic Analyzer» (Applied Biosystems, США) в соответствии с инструкцией производителя. Анализ полученных файлов электрофореграмм проводили с использованием специализированной компьютерной программы «GeneMapper ID-X» (Applied Biosystems, США) в соответствии с инструкцией производителя. Все упомянутые инструкции доступны в сети Интернет.

Определение гаплогрупп Y-хромосомы. Для определения гаплогрупп Y-хромосомы для всех исследованных образцов базово использовали следующие два компьютерных предиктора: Y-DNA Haplogroup Predictor – NEVGEN (v. 1.1), <https://www.nevgen.org/>, и Whit Athey's Haplogroup Predictor HAPeST, <http://www.hprg.com/hapest5> [10]. В случае существенного разногласия в результатах по определению гаплогрупп по двум вышеуказанным предикторам для отдельных образцов использовали дополнительный третий предиктор: Jim Cullen's World Haplogroup & Haplo-'I' Subclade Predictor, <http://members.bex.net/jtcullen515/haplotest.htm>. Эти три предиктора ниже по тексту будут кратко обозначаться как NevGen, Athey и Cullen-Nordtvedt соответственно.

Установленные гаплогруппы, в том числе наиболее вероятные подветви гаплогрупп, уточнялись по дереву Y-гаплогрупп YFull: YTree v9.03, <https://www.yfull.com/>.

Поиск наиболее близких генетических профилей для исследованных образцов и их сравнение между собой осуществлялись по международной БД YHRD: Y Chromosome Haplotype Reference Database, releases R66-68, <https://yhrd.org> [11].

Результаты исследования

Концентрация аутосомной человеческой ДНК, выделенной из соскобов буккального эпителия, для всех

исследованных образцов оказалась в диапазоне от 2,39 до 145,27 нг/мкл. Соответственно разброс по количеству выделенной ДНК составил от 120 нг до 7,3 мкг. Несмотря на разницу, все препараты ДНК оказались в количестве, достаточном как для настоящего исследования, так и для последующих дополнительных исследований целевых ОНП Y-хромосомы.

Для всех 45 образцов были получены полные генетические профили по следующим 23 полиморфным локусам Y-хромосомы человека: DYS576, DYS389I, DYS448, DYS389II, DYS19, DYS391, DYS481, DYS549, DYS533, DYS438, DYS437, DYS570, DYS635, DYS390, DYS439, DYS392, DYS643, DYS393, DYS458, DYS385a, DYS385b, DYS456, Y-GATA-H4.

Из 45 обследованных мужчин 26 являлись крымскими караимами и 14 – крымскими татарами (горная субэтническая группа) по отцовской линии. Дополнительно, в заданном «слепом» формате работы также были установлены Y-гаплотипы для пяти мужчин славянского происхождения по отцовской линии (русские и украинцы). Данные по этим пяти мужчинам здесь не приводятся и не анализируются, то есть двумя сравниваемыми группами являются именно крымские караимы и крымские татары. Тем не менее, отметим, что для этих пяти мужчин-славян была установлена принадлежность к гаплогруппам R1a (3 человека), J1 и N (по одному человеку).

Также для контроля «слепого» метода исследования, среди крымских татар и крымских караимов существовали пять *a priori* (заведомо известных до начала ДНК-исследования) патрилинейно родственных групп мужчин. Из каждой такой группы для последующего сравнительного анализа гаплогрупп учитывались данные только для одного мужчины. Поэтому в две сравниваемые по гаплогруппам выборки из патрилинейно неродственных человек были включены только 21 крымский караим и 13 крымских татар.

В подавляющем большинстве случаев определение гаплогрупп с использованием двух базовых компьютерных предикторов оказалось полностью согласованным и однозначным. Однако для шести генетических профилей (ЕК-04, ЕК-12, ЕК-19, ЕК-20, ЕК-31 и идентичные профили для ЕК-30, ЕК-35) результаты определения гаплогрупп в разной степени оставались в зоне неопределенности, и эти случаи будут подробно обсуждаться ниже.

Суммарно для 26 исследованных крымских караимов и 14 крымских татар нами было установлено 34 различных гаплотипа, которым соответствуют 13 разных гаплогрупп, а именно: E1b1b, G2a, I2a, I2c, J1, J2a, J2b, L, T, Q, R1a, R1b, N (перечислены в иерархическом порядке по времени возникновения – по дереву YFull). Свои результаты генотипирования и определения гаплогрупп для всех исследованных образцов представлены в табл. 1.

Для крымских караимов было показано существование девяти гаплогрупп: E1b1b, G2a, I2, J1, J2a, J2b, L,

T, R1a, а для крымских татар – восьми: G2a, I2, J2a, L, Q, R1a, R1b, N. Пять гаплогрупп (G2a, I2, J2a, L и R1a) наблюдались в обеих сравниваемых группах. Гаплогруппы Q, R1b и N (по одному человеку) нами были отмечены только среди крымских татар. И наоборот, гаплогруппы T (у трёх неродственных мужчин), E1b1b (у двух неродственных групп мужчин), J1, J2b (по одному человеку) были выявлены только среди крымских караимов (хотя в работе Агджоян с соавт. было показано наличие гаплогруппы E1b и у крымских татар [9]).

Примечательно, что для крымских караимов доминирующей оказалась одна гаплогруппа G2a (38% наблюдений, 8 человек), тогда как для крымских татар все гаплогруппы наблюдались примерно с одинаковой частотой.

Ввиду немногочисленности двух сравниваемых выборок установленные гаплогруппы огрублялись до уровня предковых «кланов». Окончательно было выделено восемь таких основных гаплогрупп: E1b1b, G2a, I2 (I2a и I2c), J (J1 и J2), LT (L и T), Q, R1 (R1a и R1b), N (рис. 1).

Обсуждение

Наше исследование показывает, что забор биологического материала в виде соскобов защёчного эпителия у обследуемых лиц без использования каких-либо пробирок с консервирующими жидкостями является надёжным, эффективным, максимально простым и дешёвым методом для последующих исследований именно ДНК. После высушивания образцы помещаются в обычные бумажные конверты, транспортируются и хранятся практически неограниченное время при комнатной температуре. Исходя из нашего предыдущего многолетнего опыта, ДНК успешно выделяется из таких образцов и после более чем десятилетнего хранения в количестве и качестве, достаточном для практически любых ПЦР-тестов, в том числе по географии, персонализированной медицине и идентификации личности. Для такого рода биологического материала в настоящее время существует огромное количество коммерческих наборов для быстрого и автоматизированного выделения ДНК. Архивное хранение уже выделенных препаратов ДНК успешно может осуществляться сколь угодно продолжительное время при -20°C в морозильной камере обычного бытового холодильника. Поэтому для формирования и успешного исследования популяционных БД нет необходимости ни в заборе именно образцов крови в количествах свыше 10 мл, ни в фенол-хлороформной экстракции ДНК, ни в низкотемпературных режимах хранения образцов при -80°C и -40°C [12].

Микросателлитный анализ и последующая компьютерная предикация Y-гаплогрупп достаточно давно, широко и успешно используются в популяционных, генеалогических и криминалистических исследованиях [13–15]. Например, гаплогруппы для 480 мужчин из весьма

Таблица 1.

Сводные результаты генотипирования и определения гаплогрупп для всех исследованных образцов

Образец	DYS576	DYS389 I	DYS448	DYS389 II	DYS19	DYS391	DYS481	DYS49	DYS533	DYS438	DYS437	DYS570	DYS635	DYS390	DYS439	DYS392	DYS643	DYS393	DYS458	DYS385	DYS456	YGATAH4	Гаплогруппа
крымские татары																							
EK-23	19	12	21	29	16	10	21	13	9	10	16	17	21	22	11	11	12	12	17	12-13	15	11	G2a (100%)
EK-24	18	13	20	29	14	10	23	11	12	9	15	16	21	22	11	11	9	12	17	13-15	17	12	J2a (100%)
EK-25	20	13	20	30	16	10	21	12	12	11	14	17	23	25	10	11	10	13	15	11-14	17	12	R1a (100%)
EK-26	18	13	19	31	16	12	32	11	13	10	15	18	22	24	12	11	10	14	18	14-15	15	11	I2a (100%)
EK-27	19	13	19	30	13	10	21	14	12	11	13	18	22	24	11	14	10	13	16	15-16	15	11	Q (93%)
EK-28	17	14	17	30	14	10	20	11	11	10	14	19	21	23	10	14	11	14	18	11-13	14	12	N (100%)
EK-29	17	13	21	30	15	10	22	12	9	10	15	19	21	22	10	11	12	15	16	14-16	14	12	G2a (100%)
EK-30, EK-35	16	13	19	30	16	10	24	12	11	11	15	17	21	25	10	13	10	12	18	12-19	16	12	L (93%)
EK-31	17	14	19	31	13	10	24	11	12	10	15	20	21	23	11	11	12	13	18	14-17	14	11	I2a (92%)
EK-32	19	13	21	30	14	10	22	12	11	9	14	16	22	23	11	11	9	12	15	12-17	15	11	J2a (100%)
EK-33	17	12	19	28	14	10	23	13	12	10	15	15	23	22	11	14	10	11	15	13-17	15	12	L (100%)
EK-34	20	13	20	29	16	10	25	12	12	11	14	19	23	25	11	11	10	13	17	11-14	18	12	R1a (100%)
EK-55	16	13	19	29	15	11	22	13	13	12	15	18	23	24	11	13	10	13	18	11-14	15	12	R1b (100%)
крымские караймы																							
EK-02, EK-22	16	13	21	29	15	9	23	12	12	9	14	19	21	23	12	11	10	12	13	12-16	15	12	J2a (100%)
EK-04	16	13	20	28	15	10	25	10	11	10	16	17	23	22	12	13	9	12	16	9-17	15	11	L (98%)
EK-05	16	12	20	30	15	10	21	12	10	10	16	17	22	22	11	11	10	13	18	13-15	14	11	G2a (100%)
EK-08	16	12	20	30	15	10	21	12	10	10	16	17	22	22	11	11	10	13	18	13-15	15	11	G2a (100%)
EK-06	17	14	20	31	15	10	23	12	9	10	16	18	21	22	11	11	11	13	18	12-15	15	11	G2a (100%)
EK-07	17	12	20	28	14	11	24	11	12	9	15	16	23	23	10	11	10	12	15	13-17	16	11	J2a (100%)
EK-09, EK-11, EK-49	18	12	21	29	16	10	21	13	9	10	16	19	21	22	10	11	11	14	19	13-16	18	12	G2a (100%)
EK-10, EK-14, EK-57	15	13	20	30	13	9	25	15	12	11	14	19	22	24	12	11	12	14	15	16-17	15	12	E1b1b (100%)
EK-16	17	12	20	29	15	10	25	11	12	11	15	18	22	24	11	11	12	14	19	12-14	15	11	I2c (100%)
EK-17	18	12	21	30	16	10	21	13	9	10	16	18	21	22	10	11	11	14	17	13-16	18	13	G2a (100%)
EK-12	15	13	19	30	14	10	25	12	12	9	15	17	21	23	11	13	10	11	19	13- 19	15	13	T (85%)
EK-19	15	13	19	30	14	10	25	12	11	9	15	17	21	23	11	13	10	11	19	13- 18	15	13	T (88%)
EK-20	15	13	19	30	14	10	25	12	11	9	15	17	21	23	11	13	10	11	20	13- 18	15	13	T (87%)
EK-37	18	13	20	31	16	10	24	12	12	11	14	17	23	24	10	11	10	13	14	11-14	15	13	R1a (100%)
EK-39	17	13	20	29	15	10	25	10	11	10	16	17	24	22	11	14	9	12	16	9-17	14	11	L (100%)
EK-42	17	13	20	30	16	10	25	12	12	11	14	18	23	24	10	11	10	13	15	11-11	16	12	R1a (100%)
EK-44	16	12	20	31	15	10	21	12	9	10	16	19	22	22	11	10.2	11	13	17	14-14	16	12	G2a (100%)
EK-50	19	13	21	30	14	10	24	13	11	10	14	18	21	23	12	11	9	12	17.2	12-16	15	11	J1 (100%)
EK-51	20	12	20	30	13	10	26	11	10	10	14	20	22	23	12	11	12	13	18	16-17	15	9	E1b1b (100%)
EK-52	18	12	21	29	16	10	21	13	9	10	16	19	21	22	11	11	11	14	17	13-16	18	13	G2a (100%)
EK-54	17	12	19	28	15	10	23	13	12	9	16	17	23	24	12	11	9	12	15	13-17	14	11	J2b (100%)

Примечания: **жирным шрифтом** в соседних строках выделены патрилинейно родственные группы образцов с неполным совпадением гаплогрупп. Различающиеся аллели также выделены **жирным шрифтом** для соответствующих локусов.

гетерогенной популяции Боснии и Герцеговины были успешно установлены по таким же 23 микросателлитным локусам с использованием двух таких же предикторов, как и в нашем исследовании, при этом точность предикции составила 100% [13]. Тем не менее, известно, что в относительно редких случаях компьютерная предикция гаплогрупп оказывается некорректной, и однозначное установление гаплогруппы требует проведения дополнительных подтверждающих тестов по целевым ОНП. Альтернативой методу целевых ОНП является поиск установленного гаплотипа в доступных БД, содержащих информацию как о гаплотипах, так и о гаплогруппах исследованных сторонних образцов. Именно такой подход был использован в нашей работе, в том числе для оценки его эффективности и «узких мест». В качестве референсной была выбрана открытая международная БД YHRD, созданная в 1998 г. специалистами Института судебной медицины и криминалистики (Берлин, Германия). На момент последнего обращения к этой БД она содержала 103 631 Y23-гаплотип, 350 500 минимальных гаплотипов и 31 377 ОНП-генотипов из общемировой популяции (релиз R68). Минимальный гаплотип включает данные только по девяти «наиболее обязательным» локусам (DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385a,b), и по нему накоплено максимальное количество популяционных данных.

Поскольку до получения генетических результатов информация ни о национальности, ни о родственных

связях не раскрывалась, то на следующем этапе был проведён поиск именно возможных патрилинейно родственных групп среди всех исследованных образцов. Необходимо отметить, что во всех случаях было 100% совпадение генетических результатов с генеалогическими данными. Из 14 крымских татар для ЕК-30 и ЕК-35 были получены идентичные Y23-профили, и они являлись родными братьями друг другу. Соответственно, для группы из 13 крымских татар *a priori* не предполагалось какого-либо патрилинейного родства, что и было подтверждено молекулярно-генетическим исследованием.

Для 26 обследованных крымских караимов генетические результаты подтвердили существование четырёх патрилинейно родственных групп: ЕК-02 и ЕК-22 (отец-сын); ЕК-11 и ЕК-09 (отец-сын); ЕК-10, ЕК-14 и ЕК-57 (отец-сын-внук); ЕК-19 и ЕК-20 (двоюродные братья). Таким образом, для 21 крымского караима не предполагалось какого-либо патрилинейного родства.

В четырёх из пяти патрилинейно родственных групп, как этого и следовало ожидать, был установлен идентичный гаплотип по всем 23 полиморфным микросателлитам Y-хромосомы: ЕК-30 и ЕК-35 (крымские татары); ЕК-02 и ЕК-22 (крымские караимы); ЕК-10, ЕК-14 и ЕК-57 (крымские караимы); ЕК-11 и ЕК-09 (крымские караимы).

Интересно, что для образца ЕК-49 был установлен гаплотип, полностью идентичный с ЕК-11 и ЕК-09 (крымские караимы, отец и сын), что однозначно под-

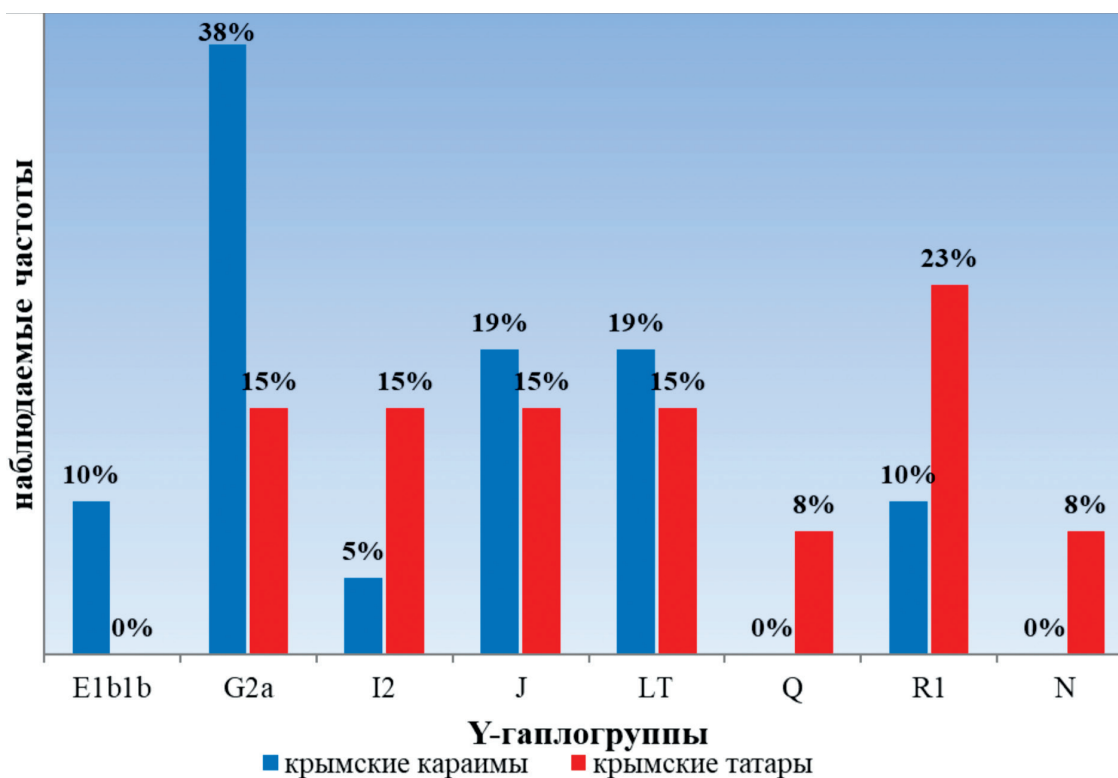


Рис. 1. Сравнительное распределение Y-гаплогрупп в двух исследованных выборках.

разумеает его патрилинейное родство с этими мужчинами (гаплогруппа G2a).

В пятой патрилинейно родственной группе – ЕК-19 и ЕК-20 (крымские караимы, двоюродные братья), было выявлено одно несовпадение, по локусу DYS458 (DYS458=19 или DYS458=20). Это вполне объяснимо мутацией на один тандемный повтор, тем более что DYS458 характеризуется именно высокой частотой мутаций порядка 0,007–0,008. Здесь и далее частоты мутаций приводятся по сравнительным данным разных авторов [YHRD, 16]. Интересно, что очень близким к этой родственной группе оказался крымский караим ЕК-12, для которого DYS458=19, но установлены отличия по двум другим локусам: DYS533=12 против DYS533=11 и DYS385=13,19 против DYS385=13,18 (частота каждой такой мутации около 0,003). Такой результат мы с осторожностью интерпретируем как отдалённое патрилинейное родство ЕК-12 с мужчинами ЕК-19 и ЕК-20.

При поиске гаплотипов ЕК-12, ЕК-19 и ЕК-20 по БД YHRD не нашлось точных совпадений ни для полного Y23-гаплотипа (из 99 962 мужчин), ни для минимального гаплотипа (из 343 932 мужчин). За счёт различий в локусе DYS385a,b (DYS385b=18 или 19) минимальный гаплотип наилучшим образом кластеризуется по-разному: с юго-восточной европейской (South-Eastern European) и алтайской (Altaic) метапопуляциями для ЕК-19 и ЕК-20, и с западно-европейской (Western European) метапопуляциями для ЕК-12. В БД YHRD содержится только 10 минимальных гаплотипов с одним отличием от ЕК-19 и ЕК-20, и они обнаружены в популяциях Турции (3), Греции (2) и по одному в Италии, Нидерландах, ОАЭ, Китае и США.

По результатам выполненного исследования нам удалось установить одну новую (шестую) потенциально патрилинейно родственную группу. Так, для крымских караимов ЕК-05 и ЕК-08 был установлен практически идентичный профиль, лишь с одним отличием по локусу DYS456 (аллель 14 или 15). Это различие также можно объяснить единичной мутацией: частота мутаций для DYS456 относительно высокая и составляет 0,0045. Проверка гипотезы патрилинейного родства ЕК-05 и ЕК-08, относящихся к гаплогруппе G2a, подразумевает проведение дополнительных, уже архивно-генеалогических исследований.

Для ЕК-04 (крымский караим) определение гаплогруппы с использованием трёх разных предикторов оставляет результат в зоне неопределённости. NevGen даёт 100% за неизвестный субклад, Athey – 98% за гаплогруппу L, Cullen-Nordtvedt – 96% за L, L3 и 4% за J. При поиске этого генетического профиля по БД YHRD для полного Y23-гаплотипа не нашлось совпадений (из 99 962 гаплотипов), однако для минимального гаплотипа нашлось одно точное совпадение (из 343 932 гаплотипов, в популяции Казахстана, гаплогруппа неизвестна). Точный минимальный гаплотип наилучшим образом кластеризуется с алтайской (Altaic) метапопу-

ляцией, а минимальный гаплотип с одним отличием – с тибето-бирманской (Tibeto-Burman) метапопуляцией. В БД YHRD содержится 13 минимальных гаплотипов с одним отличием от ЕК-04, и они обнаружены только в популяциях Китая (12) и Индии (1). Ни один из этих 13 минимальных гаплотипов с одним отличием не охарактеризован на уровне гаплогруппы. В рамках настоящей работы мы трактуем полученные результаты как принадлежность ЕК-04 к одной из самых редких гаплогрупп – L (в альтернативной терминологии – K1a).

Для ЕК-30 и ЕК-35 (горные крымские татары, родные братья) был установлен идентичный гаплотип, однако определение гаплогруппы с использованием трёх разных предикторов оказалось существенно противоречивым. NevGen даёт 17% за неизвестный субклад и 83% за O2a1. Athey даёт 93% за L, в остальной части – J, Q, O, T. Cullen-Nordtvedt даёт 51% за R1b, 27% за R1a1, в остальной части – R2, J1, I, H, Q, L. При поиске этого генетического профиля по БД YHRD для полного Y23-гаплотипа не нашлось совпадений (из 99 962 гаплотипов), однако для минимального гаплотипа нашлось 17 точных совпадений (из 343 932 гаплотипов) в популяциях Китая (15) и Южной Кореи (2). Точный минимальный гаплотип наилучшим образом кластеризуется с ханьской (Chinese, Han) и корейской (Korean) метапопуляциями. Из этих 17 совпадающих минимальных гаплотипов только три были охарактеризованы на уровне гаплогруппы, и во всех случаях это гаплогруппа O3 (разные ветви). Минимальный гаплотип с одним отличием наилучшим образом кластеризуется только с ханьской (Chinese, Han) метапопуляцией. Найдено 295 минимальных гаплотипов с одним отличием от ЕК-30/35, и они обнаружены в популяциях Китая (264), США (9), Южной Кореи (8), Гонконга, Японии, Тайваня (по 3), Малайзии, Таиланда (по 2) и Индонезии (1). Из 295 минимальных гаплотипов с одним отличием от ЕК-30/35 только 43 были охарактеризованы на уровне гаплогруппы, и во всех случаях это гаплогруппа O3 (разные ветви). Тем не менее, в рамках настоящей работы мы трактуем полученные результаты как принадлежность ЕК-30 и ЕК-35 именно к гаплогруппе L, исходя из результатов Athey-предиктора.

Таким образом, гаплогруппа L была установлена как у крымских татар, так и у крымских караимов. При этом для всех сравниваемых образцов идентичный гаплотип был установлен лишь по одному из 23 микросателлитных локусов: DYS391=10. По дополнительным 15 локусам можно вывести «модальный» гаплотип, характерный для исследованных нами образцов: DYS19=15, DYS385=9, 17, DYS389-I=13, DYS389-II=28, DYS393=12, DYS438=10, DYS439=11, DYS456=15, DYS458=16, DYS481=25, DYS533=11, DYS549=10, DYS570=17, DYS635=23. По всем исследованным локусам гаплотипы этой гаплогруппы оказались в существенной степени разными: 6 отличий в полных профилях между двумя караимами и 27 отличий в полных профилях между двумя татарами.

Для ЕК-31 (крымский татарин) определение гаплогруппы с использованием трёх разных предикторов оставляет результат в зоне неопределённости. NevGen даёт 97% за неизвестный субклад, в остальной части предсказывая E1b1b и I2a. Athey даёт 92% за I2a, в остальной части предсказывая E1b1b. Cullen-Nordtvedt даёт 50% за T, 21% за I, 14% за J, 13% за E3b. При поиске этого генетического профиля по БД YHRD не нашлось совпадений ни для полного Y23-гаплотипа (из 99 962 гаплотипов), ни для минимального гаплотипа (из 343 932 гаплотипов). Окончательно, в рамках настоящей работы мы трактуем полученные результаты как принадлежность ЕК-31 к гаплогруппе I2a, по результатам компьютерной предикции.

Корректность компьютерной предикции гаплогрупп можно проиллюстрировать аналогичным детальным анализом по БД YHRD остальных исследованных образцов. Например, для патрилинейно родственной группы (отец, сын, внук) крымских караимов ЕК-10, ЕК-14 и ЕК-57 был установлен идентичный гаплотип и определена гаплогруппа E-M215 (устарелые названия E3b, E1b1b). При этом NevGen даёт 83% за неизвестный субклад и 16% за E1b1b (M123>M34> Z841). Athey 100% за E1b1b, Cullen-Nordtvedt 91% за E3b, в остальной части – Q и E3a. При поиске этого генетического профиля по БД YHRD для полного Y23-гаплотипа не нашлось совпадений (из 99 962 гаплотипов), однако для минимального гаплотипа нашлось 19 точных совпадений (из 343 932 гаплотипов) в популяциях Греции, Италии, Бразилии (по 3), Ирана и Китая (по 2), Германии, Швейцарии, ОАЭ, Бахрейна, Австралии и США (по 1). Минимальный гаплотип наилучшим образом кластеризуется с аборигенной австралийской (Australian Aboriginal) и юго-восточной европейской (South-Eastern European) метапопуляциями. Из этих 19 совпадающих минимальных гаплотипов только один был охарактеризован на уровне гаплогруппы: E1b1b-M35. Таким образом, предикция гаплогруппы для ЕК-10, ЕК-14 и ЕК-57 согласуется с гаплогруппой наиболее близкого гаплотипа, находящегося в БД YHRD.

Помимо патрилинейно родственной группы караимов ЕК-10, ЕК-14 и ЕК-57 гаплогруппа E1b1b была установлена и для крымского караима ЕК-51 (наиболее вероятная ветвь M123>M34>M84, NevGen=99%). Однако этот гаплотип существенно отличался от гаплотипа ЕК-10, ЕК-14 и ЕК-57: 24 отличия в полных профилях. Среди крымских татар гаплогруппа E1b нами обнаружена не была, хотя в работе Агджоян было показано наличие этой гаплогруппы и у крымских татар [9].

Гаплогруппа R1a была выявлена как у крымских караимов (ЕК-37, ЕК-42), так и у крымских татар (ЕК-25, ЕК-34). Для всех этих четырёх образцов был установлен идентичный гаплотип по 13 из 23 микросателлитных локусов, а именно: DYS19=16, DYS385a=11, DYS389-I=13, DYS391=10, DYS392=11, DYS393=13, DYS437=14, DYS438=11, DYS448=20, DYS533=12,

DYS549=12, DYS635=23, DYS643=10. По дополнительным 8 локусам можно вывести «модальный» гаплотип, характерный для исследованных нами образцов: DYS385b=14, DYS389-II=30, DYS439=10, DYS458=15, DYS481=25, DYS570=17, DYS576=20, YGATAN4=12. В целом, по всем исследованным локусам гаплотипы R1a оказались в существенной степени разными: 10 отличий в полных профилях между двумя крымскими караимами и 11 отличий в полных профилях между двумя крымскими татарами. Сестринская для R1a гаплогруппа R1b была обнаружена только у крымского татарина ЕК-55.

Гаплогруппа J2a (J-M410) была выявлена как у крымских караимов (ЕК-7, родственная группа ЕК-02 и ЕК-22), так и у крымских татар (ЕК-24, ЕК-32). При этом для всех сравниваемых образцов идентичный гаплотип был установлен лишь по трём из 23 локусов, а именно: DYS392=11, DYS393=12, DYS438=9. По дополнительным 12 локусам можно вывести «модальный» гаплотип, характерный для исследованных нами образцов: DYS19=14, DYS385b=17, DYS389-I=13, DYS389-II=29, DYS390=23, DYS391=10, DYS439=11, DYS456=15, DYS458=15, DYS481=23, DYS533=12, DYS570=16. В целом, по всем исследованным локусам гаплотипы J2a оказались в существенной степени разными: 23 отличия в полных профилях между двумя крымскими караимами и 17 отличий в полных профилях между двумя крымскими татарами. При поиске генетического профиля отца и сына ЕК-02 и ЕК-22 по БД YHRD для полного Y23-гаплотипа не нашлось совпадений (из 103 631 гаплотипа), однако для минимального гаплотипа нашлось 18 точных совпадений (из 350 500 гаплотипов), из них больше всего: 7 – в западноевропейской (Western-European), 4 – в алтайской (Altaic), 3 – в коренных народах США (Native American), 2 – в восточно-азиатской (East Asian) метапопуляциях.

При поиске генетического профиля ЕК-07 по БД YHRD для полного Y23-гаплотипа не нашлось точных совпадений (из 103 631 гаплотипа), однако для минимального гаплотипа нашлось 7 точных совпадений (из 350 500 гаплотипов), три из которых в алтайской (Altaic) метапопуляции.

Сестринская для J2a гаплогруппа J2b (J-M102) была обнаружена только у одного крымского караима ЕК-54 (J2b2a-M241, NevGen=93%). При поиске этого генетического профиля по БД YHRD для полного Y23-гаплотипа не нашлось точных совпадений (из 99 962 гаплотипов), однако для минимального гаплотипа нашлось 152 точных совпадения (из 343 932 гаплотипов), преимущественно – в евразийско-европейской (Eurasian-European) метапопуляции (109 точных совпадений среди 85 536 гаплотипов).

Сестринская для J2 гаплогруппа J1 была выявлена только у одного крымского караима ЕК-50 (J1a>>P58>>ZS241>>Z18271>S12192, NevGen=92%). При поиске этого генетического профиля по БД YHRD для полного Y23-гаплотипа не нашлось совпадений (из 99 962

гаплотипов), однако для минимального гаплотипа нашлось 10 точных совпадений (из 343 932 гаплотипов) в популяциях Испании (3), Турции и Пакистана (по 2), Греции, Албании и РФ (по одному). Минимальный гаплотип наилучшим образом кластеризуется с европеоидной (Caucasian) метапопуляцией. Из этих 10 совпадающих минимальных гаплотипов только один был охарактеризован на уровне гаплогруппы, J2a. Минимальных гаплотипов с одним отличием найдено 244. Наибольшее число таких гаплотипов выявлено в популяциях США (30), Китая (29), Ирака (23), Германии (17) и Аргентины (16). Из них только 22 охарактеризованы на уровне гаплогрупп: I2 (1), J (4), J1 (1), J2 (4), J2a (12).

Гаплогруппа I2a была выявлена только среди крымских татар (ЕК-26, ЕК-31). Установленные гаплотипы I2a оказались в существенной степени разными: 27 отличий в полных профилях.

Сестринская для I2a гаплогруппа I2c была выявлена только у одного крымского караима ЕК-16. При поиске этого генетического профиля по БД YHRD не нашлось совпадений ни для полного Y23-гаплотипа (из 99 962 гаплотипов), ни для минимального гаплотипа (из 343 932 гаплотипов). Минимальный гаплотип с одним отличием наилучшим образом кластеризуется с дравидийской (южноиндийской, Dravidian) метапопуляцией. В БД YHRD содержится 32 минимальных гаплотипа с одним отличием от ЕК-16, и они обнаружены в популяциях Китая (7), Пакистана (5), Испании, Кипра, Индии, Бразилии (по 3), Германии, РФ, Турции, Бахрейна, Ирака, Колумбии, Филиппин и США (по 1). Из этих 32 минимальных гаплотипов с одним отличием ни один не был охарактеризован на уровне гаплогруппы. Окончательно, в рамках настоящей работы, мы трактуем полученные результаты как принадлежность ЕК-16 к гаплогруппе I2c2-Y16419 (NevGen=100%). Среди крымских татар гаплогруппа I2c обнаружена не была.

Гаплогруппа G2a была выявлена у двух крымских татар (ЕК-23, ЕК-29) и у девяти крымских караимов (ЕК-05, ЕК-06, ЕК-08, ЕК-17, ЕК-44, ЕК-49, ЕК-52 и *a priori* родственной группы ЕК-09 и ЕК-11), установленные девять уникальных полных гаплотипов.

Поскольку для неродственного ЕК-49 был установлен гаплотип, полностью идентичный с ЕК-11 и ЕК-09 (крымские караимы – отец и сын), то был также осуществлён поиск этого гаплотипа в БД YHRD. Для полного Y23-гаплотипа не нашлось совпадений (из 99 962 гаплотипов), однако для минимального гаплотипа нашлось одно точное совпадение (из 343 932 гаплотипов) в популяции Великобритании. Минимальный гаплотип наилучшим образом кластеризуется с западноевропейской (Western European) метапопуляцией, на уровне гаплогруппы не охарактеризован. Минимальных гаплотипов с одним отличием найдено 37, наилучшим образом они кластеризуются с аборигенной австралийской (Australian Aboriginal) метапопуляцией. Такие гаплотипы выявлены в популяциях Бразилии (6), Аргенти-

ны и США (по 5), Австралии (4), Чили и Индии (по 3), Мексики (2), Чехии, Венгрии, Италии, Нидерландов, Испании, Китая, Афганистана, Ливана и Турции (по 1). Из них только пять охарактеризованы на уровне гаплогрупп: G (4) и G2a (1).

Для всех сравниваемых образцов G2a идентичный гаплотип был установлен лишь по трём из 23 микросателлитных локусов, а именно: DYS390=22, DYS391=10, DYS438=10. Однако по 19 остальным локусам можно вывести «модальный» гаплотип, характерный для исследованных нами образцов: DYS19=15, DYS385=13, 16, DYS389-I=12, DYS389-II=30, DYS392=11, DYS393=13, DYS437=16, DYS439=11, DYS448=21, DYS456=18, DYS458=17, DYS481=21, DYS533=9, DYS549=12, DYS570=19, DYS635=21, DYS643=11, YGATAH4=11. По всем исследованным локусам гаплотипы G2a оказались в существенной степени разными: например, 22 отличия в полных профилях между двумя крымскими татарами.

Наши данные по Y-гаплогруппам крымских караимов достаточно хорошо соотносятся с данными, представленными в работах группы отечественных авторов [9, 17]. В этих исследованиях в сотрудничестве с Каримским обществом Москвы были получены генетические данные для 61 крымского караима. Эти результаты включали в том числе гаплотипы по 17 микросателлитным локусам, входящим в состав коммерческого набора реагентов «AmpFISTR® Yfiler™ PCR Amplification Kit» (Applied Biosystems, США). Однако установленные гаплотипы, имеющие наибольший интерес для сравнительного исследования, в цитируемых работах не представлены.

Для определения гаплогрупп авторы использовали два компьютерных предиктора: использованный и нами Athey-предиктор, а также YPredictor_v1.0.5 собственной разработки. Для подтверждения соответствующих гаплогрупп генотипировали отдельные базовые ОНП методом ПЦР в реальном времени. Точные численные значения по распределению выявленных гаплогрупп среди крымских караимов в этих работах также не представлены. Авторами лишь отмечено, что более половины генофонда крымских караимов составили три гаплогруппы, G2a, J2 и J1, и все три – примерно в близких пропорциях [9]. В нашем исследовании суммарная частота этих же гаплогрупп у крымских караимов составила 57% (G2a=38%, J2=14%, J1=5%), при этом две из них, G2a и J2, составляют более половины генофонда – 52%. Тогда как J1 нами выявлена только у одного человека.

Гаплогруппы E1b, G2a, J1, J2, L, T, R1a для крымских караимов были установлены и нами, и в обсуждаемых работах [9, 17]. Авторами было показано существование и пяти других, относительно редких гаплогрупп, не обнаруженных в нашем исследовании: Q, C3, R1b, N1, I1. И напротив, установленная нами в единичном случае гаплогруппа I2c в работе сравнения выявлена не была (рис. 2). Такие расхождения в спектре наблюда-

емых гаплогрупп мы объясняем немногочисленностью сравниваемых выборок (21 и 61 мужчина).

Помимо обсуждавшегося выше исследования отечественных авторов, на сегодняшний день в доступной научной литературе нам удалось обнаружить, по сути, лишь ещё одну работу, касающуюся генетического происхождения караимов [18]. Технически это исследование было начато ещё в 2005 году в частной компании «Family Tree DNA» (FT-DNA, Хьюстон, Техас, США). Применительно к Y-гаплогруппам в этой работе было исследовано около 20 неродственных караимов именно восточно-европейского происхождения (проживающих в США, Канаде, Израиле, Крыму), а также двух литовских и одного восточно-туркестанского караима (Turkistani-East European Karaites, Q1b1a). К настоящему времени эти скромные (с точки зрения объёма выборки) результаты растиражированы и в других изданиях, с некоторыми изменениями, дополнениями и неточностями [19, 20]. Более того, ввиду частого цитирования этих работ различными сторонними источниками, у некоторых читателей может сложиться ошибочное впечатление, что гипотеза «семитского» происхождения караимов доказана Кевином Аланом Бруком. По нашему мнению, это вовсе не так, поскольку наши результаты, в целом совпадающие с данными Института общей генетики имени Н.И. Вавилова РАН и Медико-генетического научного центра [9, 17], противоречат выводам Брука [19]. Критику работ Брука можно найти и в работах Агджоян и соавторов, которые на основе собственных результатов пишут об отсутствии «явной генетической близости караимов с группами евреев» [9, 17].

Технически само исследование Брука оказалось сильно растянутым во времени (2005-2014 гг.), поскольку изначально подразумевало штучное поступление образцов, постановку уточняющих и дополнительных тестов для каждого образца. Базово было выполнено генотипирование всех образцов по 37 микросателлитным локусам, в отдельных случаях их число было увеличено до 67. Полученные гаплотипы загружались в БД FT-DNA (аналог использованной нами БД YHRD). На этапе анализа автор проводил поиск совпадающих гаплотипов, уже имевшихся в этой БД, на уровне 12-25-37-67 локусов, однако объём выборки, содержащейся в БД, не указан. Дополнительно было использовано генотипирование отдельных целевых ОНП, характеризующих соответствующие ветви гаплогрупп. В цитируемых работах полученные гаплотипы не приведены.

На 2018 год результаты автора выглядели следующим образом: E1b1b (E-M215)=5 человек, J1 (J-M267)=4, J2 (J-M172)=6, G2a=3+1 (литовский караим), L-M349 (L1b1)=1, R-M269 (R1b1a1a2)=1. В сумме это даёт 21 человека. Хотя абзацем выше автор утверждает, что образцов было ровно 20: «nineteen Crimean Karaites lineages and one Lithuanian Karaites lineage» [19]. А в работе 2014 года E1b1b=4 человека, также подробно описываются один «атипичный» (atypical) крымский караим Q1b1a и два литовских (G2a и J1c3d), при той же выборке в 21 чело-

век [18]. Если за несколько лет автор так и не смог точно сосчитать число караимов в пределах 20–22 человек, то бессмысленно подробно критиковать его работы. В целом понятно, что именно литовских караимов за всё это время было исследовано не более двух. Между тем, глава 10 книги амбициозно называется «Do Crimean and Lithuanian Karaites descend from Khazars?» [19].

Примечательно, что в 2021 году Клёсовым был опубликован краткий сравнительный анализ результатов Агджоян и Брука, в котором он пишет: «Но в целом видно, что сумма гаплогрупп J1 и J2 составляет 40% и 47%, и такая относительно высокая величина не противоречит гипотезе о ближневосточном происхождении караимов» [21]. Полученные нами результаты (J1+J2=19%, G2a=38%) явно противоречат «семитской» версии, но не противоречат «тюркской».

J1 нами выявлена в единичном случае, и минимальный гаплотип наилучшим образом кластеризуется именно с европеоидной, но не с семитской метапопуляцией по YHRD.

Для двух минимальных гаплотипов крымских караимов J2a большинство точных совпадений выявлено именно в евразийских (Eurasian), но не семитской (Afro-Asiatic Semitic) метапопуляции. Для единственного минимального гаплотипа крымского караима J2b большинство точных совпадений выявлено также в евразийско-европейской метапопуляции.

В целом, использование БД YHRD позволило практически во всех случаях эффективно находить совпадающие гаплотипы (на уровне минимальных гаплотипов) и оценивать значимость таких совпадений на уровне метапопуляций. Однако уточнение гаплогрупп по сравнительным образцам с идентичными (близкими) профилями оказалось малоэффективным ввиду относитель-

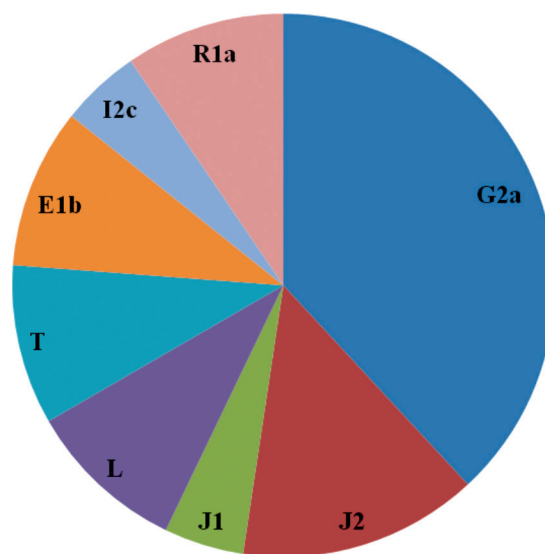


Рис. 2. Спектр выявленных Y-гаплогрупп в исследованной нами выборке крымских караимов. G2a – 38%, J2 – 14%, R1a – 9.5%, E1b – 9.5%, L – 9.5%, T – 9.5%, J1 – 5%, J2c – 5%.

но малого числа данных именно по ОНП в этой БД на сегодняшний день.

Изучив гаплотипы гаплогруппы R1a костных останков из двух хазарских захоронений, Клёсов приходит к выводу, что хазары по этническому происхождению относятся к тюркам, а не к семитам: «идентифицированные гаплотипы из двух хазарских захоронений определённо не являются гаплотипами евреев гаплогруппы R1a» [22, с. 291]. Здесь также уместно упомянуть работу, в которой по результатам полногеномного анализа 1774 человек из 106 популяций мира было показано отсутствие доказательств хазарского происхождения евреев-ашкенази [23].

В статье Корниенко с соавторами были исследованы девять мужских скелетных останков из ряда хазарских захоронений [24]. Мы составили две сводные таблицы (табл. 2, 3) гаплотипов гаплогруппы R1a трёх хазар (по вышеназванной работе), а также крымских караимов и крымских татар (по нашим данным, по два человека). При сравнении совпадающих и несовпадающих локусов у представителей этих народов видно, что по всем 18 маркерам спектр выявленных аллелей очень близок, и крымские караимы отличаются от хазар лишь по одному локусу всего на один повтор (DYS391).

Интересно, что гаплогруппа G2 была определена у представителей салтово-маяцкой археологической культуры для 6 из 12 исследованных образцов [25]. На-

селение салтово-маяцкой археологической культуры сопоставляется с аланами и хазарами. Гаплогруппы G2a, R1a, J1 и J2a были установлены для ископаемых скелетов сармато-аланских захоронений [26]. Обращает на себя внимание, что эти же гаплогруппы выявлены и у крымских караимов.

Как пишет Баранов, «салтово-маяцкая культура сложилась в бассейне Дона и в Приазовье. Её носителями были аланы, переселившиеся с Северного Кавказа в первой трети VIII в. Здесь культура была воспринята кочевыми и полукочевыми тюрками, которые стали основной этнической средой. В салтово-маяцкой культуре выделяют семь локальных вариантов, сложившихся в результате миграций племён Юго-Восточной Европы: два аланских (донской и северокавказский) и пять тюркских (дагестанский, дунайский, волжский, азовский и крымский)». При раскопках в родовом гнезде крымских караимов – крепости Кале (в Крыму близ Бахчисарая) «обнаружены фрагменты кухонных сероглиняных горшков, украшенных линейно-волнистым орнаментом, позволяющие связать этот памятник с салтово-маяцкой культурой и уверенно поставить его в один типологический ряд с крепостями VIII–X вв. хазарского домена в Таврике» [27].

Всё это косвенно подтверждает точку зрения академика Алексева о том, что крымские караимы возникли в результате генетического контакта пришедших в Крым

Таблица 2.

Гаплогруппа R1a: гаплотипы хазар (по данным Корниенко с соавторами [24]) и крымских караимов (по нашим данным)

Образец	DYS 576	DYS 389I	DYS 448	DYS 389II	DYS 19	DYS 391	DYS 438	DYS 437	DYS 635	DYS 390	DYS 439	DYS 392	DYS 393	DYS 458	DYS 385a	DYS 385b	DYS 456	YGA-TAH4
Хазарин 531	18	13	20	30	16	11	11	14	23	24	10	11	13	16	11	14	16	12
Хазарин 1251	19	13	20	31	16	11	11	14	23	25	10	11	14	15	10	14	15	11
Хазарин 1986	18	13	20	32	16	11	11	14	23	25	10	11	13	16	11	15	15	13
Крымский караим ЕК-37	18	13	20	31	16	10	11	14	23	24	10	11	13	14	11	14	15	13
Крымский караим ЕК-42	17	13	20	30	16	10	11	14	23	24	10	11	13	15	11	11	16	12

Примечания: жирным шрифтом выделены аллели, совпадающие у крымских караимов и хазар.

Таблица 3.

Гаплогруппа R1a: гаплотипы крымских караимов и крымских татар (по нашим данным)

Образец	DYS 576	DYS 389I	DYS 448	DYS 389II	DYS 19	DYS 391	DYS 438	DYS 437	DYS 635	DYS 390	DYS 439	DYS 392	DYS 393	DYS 458	DYS 385a	DYS 385b	DYS 456	YGATA H4
Крымский караим ЕК-37	18	13	20	31	16	10	11	14	23	24	10	11	13	14	11	14	15	13
Крымский караим ЕК-42	17	13	20	30	16	10	11	14	23	24	10	11	13	15	11	11	16	12
Крымский татарин ЕК-25	20	13	20	30	16	10	11	14	23	25	10	11	13	15	11	14	17	12
Крымский татарин ЕК-34	20	13	20	29	16	10	11	14	23	25	11	11	13	17	11	14	18	12

Примечания: жирным шрифтом выделены аллели, совпадающие у крымских караимов и крымских татар.

хазар и местного населения «сарматской эпохи» [6]. Существует точка зрения, что сармато-аланы являлись ираноязычными племенами. Возможно, с этим связан «иранский след» в ДНК крымских караимов, найденный в упомянутой выше работе Агджоян [9].

Заключение

Достоверность выполненных нами исследований подтверждена за счёт «слепого» метода и контрольных групп с заведомо известным патрилинейным родством. Наши результаты совпали в целом с данными Института общей генетики имени Н.И. Вавилова РАН и Медико-генетического научного центра [9, 17]. Нами подтверждена генетическая близость двух тюркских народов – крымских караимов и крымских татар (горная субэтническая группа). Полученные нами результаты говорят в пользу «тюркской» теории происхождения крымских караимов и крымских татар.

Список литературы

- Efetov K.A., Kirsanova A.V., Lazareva Z.S., Parshkova E.V., Tarmann G.M., Rougerie R., Hebert P.D.N. DNA barcoding of Zygaenidae (Lepidoptera): results and perspectives. *Nota Lepidopterologica*. 2019; 42(2): 137–150. DOI: 10.3897/nl.42.33190
- Efetov K.A., Tarmann G.M. A new European species, *Adscita dujardini* sp. nov. (Lepidoptera: Zygaenidae, Procridinae), confirmed by DNA analysis. *Entomologist's Gazette*. 2014; 65(3): 179–200.
- Efetov K.A., Tarmann G.M. *Pseudophasca multidentata* Efetov & Tarmann, a new genus and species of Procridini from Myanmar, China and Laos (Lepidoptera: Zygaenidae, Procridinae). *SHILAP Revista de lepidopterologia*. 2016; 44(173): 81–89.
- Караимы/Большая Советская Энциклопедия. Второе издание. М.: Большая Советская Энциклопедия, 1953; 20: 110.
- Караимы/Большая Советская Энциклопедия. Третье издание. М.: Большая Советская Энциклопедия, 1973; 11: 379.
- Алексеев В.П. *Очерк происхождения тюркских народов Восточной Европы в свете данных краниологии. В кн. Вопросы этногенеза тюркоязычных народов Среднего Поволжья*. Казань: АН СССР, 1971: 232–271.
- Алексеев В.П. *В поисках предков. Антропология и история*. М.: Советская Россия, 1972: 272–288.
- Хить Г.Л. *Дерматоглифика народов СССР*. М.: Наука, 1983. 280 с.
- Агджоян А.Т., Качанов Н.В., Юсупов Ю.М., Макмак Н.И., Мустафаева Л.А., Атраментова Л.А., Балановская Е.В. Генетическая летопись Крымского полуострова по данным о генофондах караимов, крымских татар и греков. *Вестник антропологии*. 2017; 39(3): 91–97.
- Athey T.W. Haplogroup prediction from Y-STR values using a Bayesian-allele-frequency approach. *J. Genet. Geneal.* 2006; 2: 34–39.
- Willuweit S., Roewer L. The new Y chromosome haplotype reference database. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2015; 15: 43–48. DOI: 10.1016/j.fsigen.2014.11.024
- Балановская Е.В., Жабагин М.К., Агджоян А.Т., Чухряева М.И., Маркина Н.В., Балаганская О.А., Схаляхо Р.А., Юсупов Ю.М., Утевская О.М., Богунюв Ю.В., Асылгужин Р.Р., Долиннина Д.О., Кагазезева Ж.А., Дамба Л.Д., Запороженченко В.В., Романов А.Г., Дибирова Х.Д., Кузнецова М.А., Лавряшина М.Б., Почешхова Э.А., Балановский О.П. Популяционные биобанки: принципы организации и перспективы применения в геногеографии и персонализированной медицине. *Генетика*. 2016; 52(12): 1371–1387. DOI: 10.7868/S001667581612002X
- Babić Jordamović N., Kojović T., Dogan S., Bešić L., Salihefendić L., Konjhodžić R., Škaro V., Projić P., Hadživdić V., Ašić A., Marjanović D. Haplogroup prediction using Y-chromosomal short tandem repeats in the general population of Bosnia and Herzegovina. *Front. Genet.* 2021; 12: e671467. DOI: 10.3389/fgene.2021.671467

- Emmerova V., Ehler E., Comas D., Votrubova J., Vanek D. Comparison of Y-chromosomal haplogroup predictors. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*. 2017; 6: e145–e147. DOI: 10.1016/j.fsigs.2017.09.025
- Gokcumen Ö., Gultekin T., Alakoc Y.D., Tug A., Gulec E., Schurr T.G. Biological ancestries, kinship connections, and projected identities in four central Anatolian settlements: insights from culturally contextualized genetic anthropology. *Am. Anthropol.* 2011; 113(1): 116–131. DOI: 10.1111/j.1548-1433.2010.01310.x
- Goedbloed M., Vermeulen M., Fang R.N., Lembring M., Wollstein A., Ballantyne K., Lao O., Brauer S., Krüger C., Roewer L., Lessig R., Ploski R., Dobosz T., Henke L., Henke J., Furtado M.R., Kayser M. Comprehensive mutation analysis of 17 Y-chromosomal short tandem repeat polymorphisms included in the AmpFISTR Yfiler PCR amplification kit. *Int. J. Legal. Med.* 2009; 123(6): 471–482. DOI: 10.1007/s00414-009-0342-y
- Агджоян А.Т., Кузнецова М.А., Качанов Н.В., Лукьянова Е.Н., Схаляхо Р.А., Балаганская О.А., Атраментова Л.А., Виллемс Р., Балановская Е.В., Балановский О.П. *Тюркоязычные народы Крыма в генетическом пространстве Северной Евразии (анализ генофондов крымских татар и караимов по маркерам Y-хромосомы)*. 50 лет ВОГиС: успехи и перспективы. Сборник тезисов Всероссийской конференции с международным участием, Москва, 8–10 ноября 2016 г. М.: 2016: 64.
- Brook K.A. The genetics of Crimean karaites. *J. Black Sea Stu.* 2014; 42: 69–84. DOI: 10.12787/KARAM859
- Brook K.A. *The Jews of Khazaria. Third Edition*. Lanham – Boulder – New York – London: Rowman & Littlefield, 2018: 210–216.
- Brook K.A., Kull L., Levin A.J. *The genetic signatures of East European Karaites, 2013–2015*. Режим доступа: <http://www.khazaria.com/genetics/karaites.html>. Дата обращения: 25.12.2022.
- Клёсов А.А. *Народы России. ДНК-генеалогия*. Санкт-Петербург – Москва – Минск: Питер, 2021: 769–770.
- Клёсов А.А. *Практическая ДНК-генеалогия для всех*. М.: Концептуал, 2018. 364 с.
- Behar D.M., Metspalu M., Baran Y., Kopelman N.M., Yunusbayev B., Gladstein A., Tzur S., Sahakyan H., Bahmanimehr A., Yepiskoposyan L., Tambets K., Khushnudinova E.K., Kushniarevich A., Balanovsky O., Balanovsky E., Kovacevic L., Marjanovic D., Mihailov E., Kouvatsi A., Triantaphyllidis C., King R.J., Semino O., Torroni A., Hammer M.F., Metspalu E., Skorecki K., Rosset S., Halperin E., Villems R., Rosenberg N.A. No evidence from genome-wide data of a Khazar origin for the Ashkenazi Jews. *Human Biology*. 2013; 85(6): 859–900. DOI: 10.3378/027.085.0604
- Корниенко И.В., Фалева Т.Г., Шурр Т.Г., Арамова О.Ю., Очир-Горяева М.А., Батиева Е.Ф., Вдовиченков Е.В., Мошков Н.Е., Куканова В.В., Иванов И.Н., Сидоренко Ю.С., Татаринова Т.В. Y-гаплогруппы костных останков из курганных погребений хазарского времени на территории юга России. *Генетика*. 2021; 57(4): 464–477. DOI: 10.31857/S0016675821040044
- Афанасьев Г.Е., Добровольская М.В., Коробов Д.С., Решетова И.К. *О культурной, антропологической и генетической специфике донских алан*. Е.И. Крупнов и развитие археологии Северного Кавказа. XXVIII Крупновские чтения. Материалы Международной научной конференции. Москва, 21–25 апреля 2014 г. М.: ИА РАН, 2014: 312–315.
- Афанасьев Г.Е., Вень Ш., Тун С., Ван Л., Вэй Л., Добровольская М.В., Коробов Д.С., Решетова И.К., Ли Х. *Хазарские конфедераты в бассейне Дона (археологические, антропологические и генетические аспекты)*. Естественнонаучные методы исследований и парадигма современной археологии. М.: Языки славянской культуры, 2015: 146–153.
- Баранов И.А. *Таврика в эпоху раннего средневековья (салтово-маяцкая культура)*. Киев: Наукова думка, 1990. 168 с.

References

- Efetov K.A., Kirsanova A.V., Lazareva Z.S., Parshkova E.V., Tarmann G.M., Rougerie R., Hebert P.D.N. DNA barcoding of Zygaenidae (Lepidoptera): results and perspectives. *Nota Lepidopterologica*. 2019; 42(2): 137–150. DOI: 10.3897/nl.42.33190
- Efetov K.A., Tarmann G.M. A new European species, *Adscita dujardini* sp. nov. (Lepidoptera: Zygaenidae, Procridinae), confirmed by DNA analysis. *Entomologist's Gazette*. 2014; 65(3): 179–200.
- Efetov K.A., Tarmann G.M. *Pseudophasca multidentata* Efetov & Tarmann, a new genus and species of Procridini from Myanmar,

- China and Laos (Lepidoptera: Zygaenidae, Procridinae). *SHILAP Revista de lepidopterologia*. 2016a; 44(173): 81–89.
4. [Karaites/Great Soviet Encyclopedia. Second edition]. M.: Great Soviet Encyclopedia, 1953. 20: 110. (in Russian)
 5. [Karaites/Great Soviet Encyclopedia. Third edition]. M.: Great Soviet Encyclopedia, 1973, 11: 379. (in Russian)
 6. Alekseev V.P. [Essay on the origin of the Turkic peoples of Eastern Europe in the light of craniology data]. In: Issues of the ethnogenesis of the Turkic-speaking peoples of the Middle Volga region. Kazan: AN SSSR, 1971: 232–271. (in Russian)
 7. Alekseev V.P. [In search of ancestors. Anthropology and history]. M.: Soviet Russia, 1972: 272–288. (in Russian)
 8. Khit G.L. [Dermatoglyphics of the peoples of the USSR]. M.: Nauka, 1983. 280 p. (in Russian)
 9. Agdzhoyan A.T., Kachanov N.V., Yusupov Yu.M., Makmak N.I., Mustafaeva L.A., Atramentova L.A., Balanovska E.V. [Genetic chronicle of the Crimean peninsula according to the data on the gene pools of Karaites, Crimean Tatars and Greeks]. *Vestnik antropologii [Herald of Anthropology]*. 2017; 39(3): 91–97. (in Russian)
 10. Athey T.W. Haplogroup prediction from Y-STR values using a Bayesian-allele- frequency approach. *J. Genet. Geneal.* 2006; 2: 34–39.
 11. Willuweit S., Roewer L. The new Y chromosome haplotype reference database. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2015; 15: 43–48. DOI: 10.1016/j.fsigen.2014.11.024
 12. Balanovska E.V., Zhabagin M.K., Agdzhoyan A.T., Chukhryaeva M.I., Markina N.V., Balaganskaya O.A., Skhalyakho R.A., Yusupov Yu.M., Utevska O.M., Bogunov Yu.V., Asilguzhin R.R., Dolina D.O., Kagazezheva Zh.A., Damba L.D., Zaporozhchenko V.V., Romanov A.G., Dibirova Kh.D., Kuznetsova M.A., Lavryashina M.B., Pocheshkhova E.A., Balanovsky O.P. Population biobanks: organizational models and prospects of application in gene geography and personalized medicine. *Genetika [Genetics]*. 2016; 52(12): 1371–1387. DOI: 10.7868/S001667581612002X (in Russian)
 13. Babić Jordamović N., Kojović T., Dogan S., Bešić L., Salihefendić L., Konjhodžić R., Škaro V., Projić P., Hadživiđić V., Ašić A., Marjanović D. Haplogroup prediction using Y-chromosomal short tandem repeats in the general population of Bosnia and Herzegovina. *Front. Genet.* 2021; 12: e671467. DOI: 10.3389/fgene.2021.671467
 14. Emmerova B., Ehler E., Comas D., Votrubova J., Vanek D. Comparison of Y-chromosomal haplogroup predictors. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*. 2017; 6: e145–e147. DOI: 10.1016/j.fsigss.2017.09.025
 15. Gokcumen Ö., Gultekin T., Alakoc Y.D., Tug A., Gulec E., Schurr T.G. Biological ancestries, kinship connections, and projected identities in four central Anatolian settlements: insights from culturally contextualized genetic anthropology. *Am. Anthropol.* 2011; 113(1): 116–131. DOI: 10.1111/j.1548-1433.2010.01310.x
 16. Goedbloed M., Vermeulen M., Fang R.N., Lembring M., Wollstein A., Ballantyne K., Lao O., Brauer S., Krüger C., Roewer L., Lessig R., Ploski R., Dobosz T., Henke L., Henke J., Furtado M.R., Kayser M. Comprehensive mutation analysis of 17 Y-chromosomal short tandem repeat polymorphisms included in the AmpFISTR Yfiler PCR amplification kit. *Int. J. Legal. Med.* 2009; 123(6): 471–482. DOI: 10.1007/s00414-009-0342-y
 17. Agdzhoyan A.T., Kuznetsova M.A., Kachanov N.V., Lukyanova E.N., Skhalyakho R.A., Balaganskaya O.A., Atramentova L.A., Willem R., Balanovska E.V., Balanovsky O.P. [Turkic-speaking peoples of the Crimea in the genetic space of Northern Eurasia (analysis of the gene pools of the Crimean Tatars and Karaites according to Y-chromosome markers)]. In: 50 years of VOGiS: successes and prospects, abstracts of the All-Russian Conference with international participation. Moscow, November 8–10, 2016. Moscow: 2016: 64. (in Russian)
 18. Brook K.A. The genetics of Crimean Karaites. *J. Black Sea Stu.* 2014; 42: 69–84. DOI: 10.12787/KARAM859
 19. Brook K.A. *The Jews of Khazaria. Third Edition*. Lanham – Boulder – New York – London: Rowman & Littlefield, 2018: 210–216.
 20. Brook K.A., Kull L., Levin A.J. The genetic signatures of East European Karaites, 2013–2015. Available at: <http://www.khazaria.com/genetics/karaites.html>. Retrieved: 25.12.2022.
 21. Klyosov A.A. [Peoples of Russia. DNA genealogy]. Saint Petersburg – Moscow – Minsk: Piter, 2021. 769–770. (in Russian)
 22. Klyosov A.A. [Practical DNA genealogy for everyone]. M.: Conceptual, 2018. 364 p. (in Russian)
 23. Behar D.M., Metspalu M., Baran Y., Kopelman N.M., Yunusbayev B., Gladstein A., Tzur S., Sahakyan H., Bahmanimehr A., Yepiskoposyan L., Tambets K., Khusnutdinova E.K., Kushniarevich A., Balanovsky O., Balanovsky E., Kovacevic L., Marjanovic D., Mihailov E., Kouvatsi A., Triantaphyllidis C., King R.J., Semino O., Torroni A., Hammer M.F., Metspalu E., Skorecki K., Rosset S., Halperin E., Villems R., Rosenberg N.A. No evidence from genome-wide data of a Khazar origin for the Ashkenazi Jews. *Human Biology*. 2013; 85(6): 859–900. DOI: 10.3378/027.085.0604
 24. Kornienko I.V., Faleeva T.G., Schurr T.G., Aramova O.Yu., Ochir-Goryaeva M.A., Batieva E.F., Vdovchenkov E.V., Moshkov N.E., Kukanova V.V., Ivanov I.N., Sidorenko Yu.S., Tatarinova T.V. Y-chromosome haplogroup diversity in Khazar burials from Southern Russia. *Genetika [Genetics]*. 2021; 57(4): 477–488. DOI: 10.1134/S1022795421040049 (in Russian)
 25. Afanasiev G.E., Dobrovolskaya M.V., Korobov D.S., Reshetova I.K. [On the cultural, anthropological and genetic specifics of the Don Alans]. In: E.I. Krupnov and the development of the archeology of the North Caucasus. XXVIII Krupnov Readings. Materials of the International scientific conference. Moscow, April 21–25, 2014. Moscow: IA RAN, 2014: 312–315. (in Russian)
 26. Afanasiev G.E., Wen Sh., Tun S., Wang L., Wei L., Dobrovolskaya M.V., Korobov D.S., Reshetova I.K., Li H. [Khazar confederates in the Don basin (archaeological, anthropological and genetic aspects)]. In: Natural science research methods and the paradigm of modern archeology. M.: Languages of Slavic Culture, 2015: 146–153. (in Russian)
 27. Baranov I.A. [Taurica in the Early Middle Ages (Saltovo-Mayak culture)]. Kyiv: Naukova Dumka, 1990. 168 p. (in Russian)

Сведения об авторах:

Ефетов Константин Александрович — доктор биологических наук, профессор, заведующий кафедрой биохимии Медицинской академии имени С.И. Георгиевского Федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования «Крымский федеральный университет имени В.И. Вернадского»; <https://orcid.org/0000-0003-1468-7264>

Харламов Сергей Глебович — заведующий отделением молекулярно-генетической идентификации отдела медико-криминалистической идентификации Федерального государственного казенного учреждения 111 «Главный государственный центр судебно-медицинских и криминалистических экспертиз» Министерства обороны Российской Федерации

Ефремов Илья Алексеевич — кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории химической физики биоаналитических процессов Федерального государственного бюджетного учреждения науки «Институт биохимической физики имени Н.М. Эмануэля» Российской академии наук; <https://orcid.org/0000-0002-1257-9297>