

ISSN 1561-8323 (Print)  
ISSN 2524-2431 (Online)

УДК 575.22;343.983.7;902  
<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-2-199-206>

Поступило в редакцию 25.02.2021  
Received 25.02.2021

**М. Н. Шаптуренко<sup>1</sup>, А. В. Луговнёв<sup>2</sup>, С. Р. Боровко<sup>2</sup>, Н. Н. Помазанов<sup>3</sup>, С. И. Вакула<sup>1</sup>,  
академик А. В. Кильчевский<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>*Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь*

<sup>2</sup>*Государственный комитет судебных экспертиз Республики Беларусь, Минск, Республика Беларусь*

<sup>3</sup>*Институт истории Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь*

## **ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ОСТАНКОВ ИЗ ПОГРЕБЕНИЙ XVII–XVIII вв. КОСТЕЛА БОЖЬЕГО ТЕЛА В НЕСВИЖЕ**

**Аннотация.** В ходе археологических раскопок на территории костела Божьего Тела в Несвиже были обнаружены регулярные захоронения XVII–XVIII вв. Костные останки семи неизвестных лиц подвергнуты изучению с использованием подходов генетической экспертизы и ДНК-фенотипирования. Анализ маркеров половой принадлежности показал, что останки индивидов № 1, 2 и 6 принадлежат женщинам, индивидов № 3, 4, 5 и 7 – мужчинам. В ходе исследования STR маркеров аутомсомной и Y-хромосомной ДНК были получены индивидуальные профили для пяти индивидов и исключено родство первого порядка между женщиной № 1 и мужчинами № 3, 4, 5 и 7. Согласно Y-STR профилям мужчины № 3, 4, 7 относятся к гаплогруппе R1a, гаплотип индивида № 5 соответствует гаплогруппе I2, которые широко представлены на территории Восточной Европы, что с высокой долей вероятности позволяет предполагать славянское происхождение исследуемых лиц. Для установления фенотипических особенностей индивидов использовали систему HIrisPlex, генотипирование в которой позволило получить удовлетворительные результаты для женщины № 1 и мужчины № 7. Данные оценки аллельных вариантов 24 SNP системы свидетельствуют в пользу славянского типа их внешности: с высокой вероятностью женщина № 1 имела зеленые глаза, темно-русые волосы и светлый оттенок кожи; мужчина № 7 являлся светлым шатеном с голубыми глазами. Совокупность полученных данных позволяет сделать вывод, что исследуемые останки принадлежат представителям населения, генетически и фенотипически схожего с современной белорусской популяцией.

**Ключевые слова:** исторические захоронения, человеческие останки, STR-профилирование, HIrisPlex, ДНК-фенотипирование

**Для цитирования.** Генетический анализ останков из погребений XVII–XVIII вв. костела Божьего Тела в Несвиже / М. Н. Шаптуренко [и др.] // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2021. – Т. 65, № 2. – С. 199–206. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-2-199-206>

**Marina N. Shapturenko<sup>1</sup>, Artur V. Lugovnjov<sup>2</sup>, Sergey R. Borovko<sup>2</sup>, Mikalai M. Pamazanau<sup>3</sup>,  
Svetlana I. Vakula<sup>1</sup>, Academician Alexander V. Kilchevsky<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>*Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus*

<sup>2</sup>*Forensic Expertise Committee of the Republic of Belarus, Minsk, Republic of Belarus*

<sup>3</sup>*Institute of History of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus*

## **GENETIC ANALYSIS OF THE HUMAN REMAINS OF THE BURIALS OF THE 17TH–18TH CENTURIES OF THE CORPUS CHRISTI CHURCH IN NESVIZH (BELARUS)**

**Abstract.** During archaeological excavation in the territory of the Corpus Christi Church in Nesvizh, the regular burials dated to the 17th–18th centuries were discovered. The genetic material extracted from the bones of seven unidentified individuals was analyzed using the forensic genetics approaches, including STR profiling and DNA phenotyping. The genetic examination revealed that the remains of three samples (#1, #2, #6) belonged to women, and the four others (#3, #4, #5, and #7) belonged to men. Autosomal STR-data and Y-chromosomal profiles were obtained for five samples. The kinship analysis excluded that woman #1 and men #3, #4, #5, #7 were first-degree relatives. According to the Y-STR profiles, men #3, #4, #7 referred to the haplogroup R1a, the haplotype of individual #5 corresponded to I2. The both haplogroups are widely represented in Eastern Europe, which, with a high degree of probability, suggests the Slavic origin of the individuals under investigation. To predict eye and hair color, we used the HIrisPlex DNA phenotyping system. The analysis gave the satisfactory results for woman #1 and man #7. In correspondence to the allelic variants of the 24 SNP system, woman #1 had an intermediate type of iris pigmentation and dark blond hair ( $p = 0.635$ ) with dark shade (0.639), light skin tone, low tendency to sunburn, and a high probability of freckles and pigmented spots of the skin. For male #7, the HIrisPlex model predicted blue eye color with a high probability ( $p = 0.915$ ), as well as blond hair color ( $p = 0.915$ ) and light hair color shade ( $p = 0.962$ ). Our data allow us to conclude that the unknown individuals under investigation have significant genetical and phenotypical similarity with the modern Belarusian population.

**Keywords:** historical burials, human remains, STR profiling, IrisPlex, DNA phenotyping

**For citation.** Shapturenko M. N., Lugovnjov A. V., Borovko S. R., Pamazanau M. M., Vakula S. I., Kilchevsky A. V. Genetic analysis of the human remains of the burials of the 17th–18th centuries of the Corpus Christi Church in Nesvizh (Belarus). *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2021, vol. 65, no. 2, pp. 199–206 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-2-199-206>

**Введение.** Скелетные останки являются уникальными объектами исследования, так как в отличие от других типов тканей костная ткань менее подвержена разрушению под действием факторов внешней среды и, при определенных условиях, способна сохранять пригодный для исследования генетический материал в течение сотен и даже тысяч лет после смерти живого организма. Сохранность и пригодность генетического материала костной ткани для исследований позволяет изучать видообразование, пути миграций популяций, а также отвечать на другие вопросы эволюции, истории и криминалистики. Идентификация человеческих останков предполагает использование различных подходов, включая судебную археологию, палеоантропологию, методы реконструкции внешности по скелетным и генетическим данным. Привлечение подходов молекулярного анализа обеспечивает получение дополнительных сведений о личности неизвестного человека, таких как популяционная принадлежность, родственные связи (генеалогия), некоторые особенности внешности (расовая принадлежность, биологический возраст, цвет глаз, кожи и волос и др.), что, несомненно, может служить доказательной базой в криминалистике и археологических изысканиях. Для решения первых двух вопросов используют общепринятую в судебной экспертизе технологию STR-анализа, для последнего – генетико-математические системы, основанные на моделировании вклада однонуклеотидных полиморфизмов ДНК в интересующий фенотипический признак. Благодаря высокому уровню полиморфизма, короткие tandemные повторы (STR) являются информативным инструментом для географической дифференциации и установления родства (наследуются в поколениях практически без изменений). Они также хорошо подходят для анализа деградированных биологических образцов, включая костный материал. Однако в отдельных случаях, при отсутствии референсного образца, возможности STR-маркеров ограничены. Тогда процесс идентификации может быть подкреплён данными генетического фенотипирования на основе оценки аллельных вариантов системы HIrisPlex, которая сосредоточена на типировании 24 однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), ассоциированных с особенностями пигментации радужки глаз и волос человека [1]. К настоящему времени методы исследования ДНК, наряду с подходами ДНК-фенотипирования, внесли значительный вклад в понимание эволюционной истории населения Европы [2], а также предоставили дополнительные сведения и доказательства относительно отдельных исторических событий и личностей [3].

В 2000 г. в связи с работами по реконструкции каменной ограды вокруг костела Божьего Тела (XVI в.) в г. Несвиж (Беларусь) были проведены археологические раскопки, в результате которых на территории костела были выявлены регулярные захоронения [4]. В 2017 г. во время переоборудования системы инженерного обеспечения костела и благоустройства его территории специалистами Института истории НАН Беларуси были проведены спасательные археологические работы. Частичной или полной эксгумации подверглись около сорока регулярных и около двадцати разрушенных погребений. Также в декабре 2019 г. в резиденции (алтарной) части крипты костела были найдены три оссуария, два из которых были вскрыты и исследованы. В них находились останки примерно 60 человек, преимущественно мужчин. Дальнейшее исследование предполагало проведение исторической реконструкции жизни жителей г. Несвижа Нового времени на основе проведения комплексного изучения погребений XVII–XVIII вв. костела Божьего Тела с привлечением методов исторической науки и использования междисциплинарного подхода.

В ходе разработки темы была проведена реконструкция внешнего облика погребённых по черепам, краниологический, одонтологический и демографический анализы [5; 6]. Было установлено, что оссуарии крипты появились в первой половине XVIII в. в результате перезахоронения монахов-иезуитов Несвижского коллегиума, а в некрополе прикостельной территории погребены придворные князя Радзивилла и фундатры костела, принадлежавшие к шляхетскому сословию (дворянам) [7].

Настоящее исследование стало продолжением выполненных историко-археологических изысканий и включало генетическую экспертизу костных останков из захоронений XVII–XVIII вв. прикостельного некрополя и оссуария крипты на основе STR и HIrisPlex типирования для установления вероятного географического происхождения и внешности семи погребенных лиц.

Актуальность данной работы обусловлена исторической значимостью Несвижа, важной частью которого являлся иезуитский коллегиум как религиозный, образовательный и культурный центр XVI–XVIII вв. на территории Беларуси, возведенный магнатским родом Радзивиллов, представители которого играли ведущие роли в истории Беларуси Нового времени.

**Материалы и методы исследования.** Материалом для исследования служили костные останки 7 индивидов (№ 1–7) из шести погребений прикостельного некрополя и одного погребения оссуария крипты. При отборе образцов для генетического анализа руководствовались следующим принципом: наличие нумизматического материала или других артефактов, удовлетворительная сохранность и целостность черепа, бедренных костей, изолированных зубов, что позволило бы получить максимальную информацию о статусе и внешнем облике погребенных лиц. Таким образом, для исследования были отобраны образцы зубов (2–3 шт. от каждого объекта) индивидов № 1, 2, 4, 7 и обе бедренные кости каждого из индивидов № 5 и № 6.

Выделение ДНК из костного материала проводили в двукратной повторности по протоколу ферментативного лизиса с полной деминерализацией в присутствии 0,5М EDTA, 1 % N-лаурилсаркозината натрия и протеиназы K [8]. После центрифугирования супернатант подвергали очистке при помощи набора реагентов PureLink® Quick Gel Extraction и PCR Purification Combo Kit (Invitrogen, США). Для исключения возможности контаминации при выделении ДНК использовали отрицательный контроль (т. е. проведение полного цикла процедур без внесения ДНК-содержащего материала).

Оценку качества и количества ДНК человека, выделенную из экспериментальных образцов, а также отрицательных контролей, выполняли в двукратной повторности с использованием набора реагентов Investigator Quantiplex Pro (QIAGEN, GmbH) и автоматического анализатора QuantStudio 5 Real-Time PCR Instrument (Thermo Fisher Scientific, США) в соответствии с инструкциями изготовителей.

Исследование аутосомных и Y-хромосомных STR маркеров проводили с использованием наборов VeriFiler Plus PCR Amplification Kit и Yfiler Plus PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) в соответствии с инструкцией производителя. Разделение амплифицированных фрагментов осуществляли методом капиллярного электрофореза в автоматическом анализаторе 3500xL Genetic Analyzer. Анализ результатов выполняли с использованием программного обеспечения 3500 Series Data Collection Software v 3.1, GeneMapper ID-X Software Version 1.4. Полученные данные сопоставляли с базой Y-DNA Haplogroup Predictor – NEVGEN (<https://www.nevgen.org/>).

ДНК-фенотипирование также выполняли на платформе HID Ion GeneStudio S5 System с использованием панели Ion Ampliseq DNA Phenotyping (Thermo Fisher Scientific, США). Данная панель охватывает 24 маркера системы HIrisPlex: 6 SNP ассоциированы с цветовой вариацией радужки глаз – rs12913832 (HERC2), rs1800407 (OCA2), rs16891982 (SLC45A2), rs12203592 (IRF4), rs12896399 (SLC24A4) и rs1393350 (TYR); для предсказания цвета и оттенка волос в дополнение к перечисленным выше SNP используются следующие восемнадцать – Y152OCH, N29insA (INDEL), rs1805006, rs11547464, rs1805007, rs1805008, rs1805009, rs1805005, rs2228479, rs1110400 и rs885479 (все в гене MC1R), rs1042602 (TYR), rs4959270 (EXOC2), rs28777 (SLC45A2), rs683 (TYRP1), rs2402130 (SLC24A4), rs12821256 (KITLG) и rs2378249 (PIGU). Секвенированные целевые участки ДНК выравнивали на референсную сборку генома человека GRCh37 (hg19) и анализировали с использованием Torrent Suite Software v.5.10.1 с плагином variantCaller v.5.10.1.20.

Для математического анализа данных ДНК-фенотипирования использовали электронный ресурс HIrisPlex-S (<https://hirisplex.erasmusmc.nl>).

**Результаты и их обсуждение.** В процессе исследований была выделена ДНК из 11 зубов и 4 бедренных костей 7 неустановленных лиц из захоронений XVII–XVIII вв. крипты и прилегающей территории костела Божьего Тела. Количественный выход ДНК ранжировался по образцам и повторностям. Максимальная полученная концентрация ДНК (по короткой мишени)

составила 0,262 нг/мкл для первой серии выделений и 0,174 нг/мкл – для второй. Оценка показателей эффективной концентрации и индекса деградации показала, что из костных останков индивидов № 3, 4, 7 выделена ДНК пригодная, а из костных останков индивидов № 1, 2, 5, 6 – условно-пригодная для дальнейших исследований. Наименьшие индексы деградации соответствовали генетическому материалу, полученному из тканей зубов. В отрицательном контроле присутствия ДНК человека обнаружено не было.

Анализ маркеров половой принадлежности AmelY, AmelX и Y-indel (rs2032678) показал, что останки индивидов № 1, 2 и 6 принадлежат женщинам, индивидов № 3, 4, 5 и 7 – мужчинам. Далее образцы были подвергнуты STR-профилированию с аутосомными и Y-хромосомными маркерами, ДНК-фенотипированию в системе HirisPlex.

STR-профилирование ядерной ДНК проводилось по 23 аутосомным и 25 Y-хромосомным локусам (табл. 1). Сравнительный анализ результатов исследования полиморфизма аутосомной и Y-хромосомной ДНК показал, что генетические характеристики женщины № 1 и мужчин № 3, 4, 5, 7 исключают биологическое родство первого порядка между указанными лицами, а также исключают родство по мужской линии между мужчинами № 3, 4, 5 и 7. Женщины № 2 и 6 не рассматривались ввиду неудовлетворительных результатов ДНК-типирования.

Т а б л и ц а 1. Результаты аутосомного и Y-хромосомного STR-профилирования исследуемых объектов

Table 1. Results of the autosomal data and the Y-chromosomal STR-profiles of the examined objects

VeriFiler Plus	Индивид Individual							Y-Filer Plus	Индивид Individual			
	1	2	3	4	5	6	7		3	4	5	7
<i>D3S1358</i>	15/16*	–	15/16	17/17	15/18	–	14/18	<i>DYS576</i>	19	18	18	17
<i>vWA</i>	14/16	–	15/17	19/19	16/18	–	18/19	<i>DYS389I</i>	15	13	13	13
<i>D16S539</i>	11/11	–	12/13	11/12	13/13	–	12/13	<i>DYS635</i>	23	23	23	23
<i>CSF1PO</i>	–	–	10/11	11/11	10/11	–	10/10	<i>DYS389II</i>		31	–	31
<i>D6S1043</i>	11/12	–	11/17	12/15	–	–	18/19	<i>DYS627</i>	17	17	20	17
<i>D8S1179</i>	13/13	–	12/13	10/12	12/13	–	9/14	<i>DYS460</i>	10	11	10	10
<i>D21S11</i>	30/31.2	–	30/30.2	29/30	30/32.2	–	27/28	<i>DYS458</i>	16	15	15	16
<i>D18S51</i>	–	–	14/15	13/15	–	–	15/19	<i>DYS19</i>	16	15	15	15
<i>D5S818</i>	–	–	–	10/12	–	–	9/12	<i>Y-GATA-H4</i>	13	12	11	13
<i>D2S441</i>	14/14	–	11/11	11/14	10/14	11/14	10/10	<i>DYS448</i>	21	20	–	20
<i>D19S433</i>	13/16	–	13/14	15/15.2	13/15.2	–	14/14	<i>DYS391</i>	10	11	11	10
<i>FGA</i>	20/25	–	22/24	19/22	22/23.2	–	19/22	<i>DYS456</i>	16	15	16	16
<i>D10S1248</i>	13/14	–	13/15	13/14	–	–	14/14	<i>DYS390</i>	23	25	25	24
<i>D22S1045</i>	11/15	–	14/15	12/15	11/16	–	12/15	<i>DYS438</i>	11	11	10	11
<i>DIS1656</i>	11/18.3	–	14/17.3	16.3/17.3	16/16.3	–	12/14	<i>DYS392</i>	11	11	11	11
<i>D13S317</i>	11/11	–	11/11	11/13	8/8	–	8/12	<i>DYS518</i>	43	42	40	41
<i>D7S820</i>	9/10	–	8/9	10/10	8/9	–	8/12	<i>DYS570</i>	18	20	17	19
<i>Penta E</i>	11/16	–	7/7	7/15	5/16	–	13/18	<i>DYS437</i>	14	14	15	14
<i>Penta D</i>	9/12	–	11/12	10/12	12/13	12/13	10/12	<i>DYS385</i>	11,14	11,15	–	11,14
<i>TH01</i>	6/6	–	6/9.3	6/9.3	9.3/9.3	–	8/9.3	<i>DYS449</i>	32	32	–	32
<i>D12S391</i>	17/18.3	–	19/22	18/20	17/24	–	15/19	<i>DYS393</i>	13	13	13	13
<i>D2S1338</i>	–	–	–	23/25	17/20	–	16/17	<i>DYS439</i>	10	10	–	10
<i>TPOX</i>	–	–	8/8	11/11	8/8	–	8/11	<i>DYS481</i>	22	23	30	23
<i>Y-indel</i>	–	–	2	2	2	–	2	<i>DYF387SI</i>	37,39	37,39	38,39	36,41
<i>Amelogenin</i>	XX	XX	XY	XY	XY	XX	XY	<i>DYS533</i>	12	12	–	12
Гаплогруппа									R1a	R1a	I2a1b3	R1a

Согласно полученным Y-STR профилям, индивиды № 3, 4, 7 относятся к гаплогруппе R1a, которая широко распространена среди мужского населения западной части Евразийского континента и наиболее часто встречается среди славян – в популяциях поляков, белорусов, украинцев и русских [9]. Гаплотип индивида № 5 соответствует субветви I2a1b3 гаплогруппы I2a1, преимущественно распространенной на территории Динарских Альп/Балкан [10]. В целом, как было показано в [11], обе гаплогруппы типичны для территории Беларуси и в совокупности R1a

(SRY1532), I2a (P37) и N1c (Tat) покрывают почти 80 % разнообразия нерекombинирующих областей Y-хромосомы популяции. Все это позволяет предположить, что индивиды № 3, 4, 5, 7 с высокой вероятностью являлись коренными жителями территории Восточной Европы XVII–XVIII вв.

**ДНК-фенотипирование.** Для выяснения таких особенностей внешности исследуемых индивидов, как цвет глаз и волос, мы оценивали SNP системы HIrisPlex. При исследовании получены полные генетические профили по всем 24 маркерам со средней глубиной покрытия 2668× и 4302× для индивидов № 1 и 7 (табл. 2). Предсказание фенотипов выполнено с использованием онлайн инструмента <https://hirisplex.erasmusmc.nl>, который генерирует индивидуальную вероятность типа пигментации радужки глаз, цвета и оттенка волос. Согласно [1], все SNP системы HIrisPlex оказывают некоторое влияние на результат предсказания цвета радужки глаз и волос. Так, 22 маркера HIrisPlex, в том числе 8 ассоциированных с пигментацией радужки, влияют на вариацию пигментации волос, аллельные варианты 11 SNP гена *MC1R* ассоциированы с вероятностью рыжих оттенков волос.

Таблица 2. Аллельные варианты 24 маркеров системы HIrisPlex, полученные для индивидов № 1, 7

Table 2. Allelic variants of 24 markers of the HIrisPlex system obtained for individuals #1 and #7

SNP	Локализация (ген) Localization (gene)	Индивид Individual	
		№ 1	№ 7
rs34939176	<i>MC1R</i>	C/C	C/C
rs11547464	<i>MC1R</i>	G/G	G/G
rs2228479	<i>MC1R</i>	G/G	G/G
rs1805008	<i>MC1R</i>	C/C	C/C
rs1805005	<i>MC1R</i>	G/G	G/G
rs1805006	<i>MC1R</i>	C/C	C/C
rs1805007	<i>MC1R</i>	C/C	C/C
rs1805009	<i>TUBB3</i>	G/G	G/G
rs201326893	<i>MC1R</i>	C/C	C/C
rs885479	<i>MC1R</i>	G/G	G/G
rs1110400	<i>MC1R</i>	T/T	T/T
rs16891982	<i>SLC45A2</i>	G/G	G/G
rs28777	<i>SLC45A2</i>	A/A	A/A
rs12821256	<i>KITLG</i>	T/T	T/T
rs4959270	<i>LOC105374875</i>	C/A	C/C
rs12203592	<i>IRF4</i>	C/T	C/C
rs1042602	<i>TYR</i>	C/C	C/A
rs1800407	<i>OCA2</i>	C/C	C/T
rs2402130	<i>SLC24A4</i>	A/A	G/A
rs12913832	<i>HERC2</i>	A/G	G/G
rs2378249	<i>PIGU</i>	A/A	A/A
rs12896399	<i>LOC105370627</i>	T/T	G/G
rs1393350	<i>TYR</i>	G/G	G/G
rs683	<i>TYRP1</i>	A/A	A/A

В проведенном исследовании удовлетворительные результаты ДНК-фенотипирования были получены для индивидов № 1 и 7, которые имели идентичные аллельные варианты в 17 SNP 5 генов (*MC1R*, *PIGU*, *TIR*, *TYRP*, *SLC45A2*) и 1-м межгенном участке (*KITLG*) и различались по 7 SNP в 6 генах (табл. 2). Среди 24 маркеров в исследуемых генотипах не было выявлено аллелей, значимо обуславливающих рыжий цвет волос, на основании чего можно отвергнуть вероятность рыжего цвета у индивидов № 1 и 7. Данный факт подтверждается значениями прогностического алгоритма HIrisPlex (табл. 3). В генотипе мужчины № 7 присутствует аллель rs1042602:A в гетерозиготном состоянии, наличие которого характерно для «светлых» фенотипов и ассоциировано с отсутствием веснушчатости, а в отдельных исследованиях и с рыжим оттенком волос [12]. У индивида № 1 обнаружены аллели rs12203592:T, rs4959270:A и rs12913832:A (все в гетерозиготе), которые обуславливают темные варианты пигментации. Очевидно, женщина № 1 имеет большую вероятность обладать темными волосами и более темной радужкой глаз, чем мужчина № 7.

Т а б л и ц а 3. Вероятности типов пигментации радужки глаз и волос исследуемых индивидов, рассчитанные в системе HirisPlex

T a b l e 3. Probabilities of pigmentation types of the eye and hair of the examined individuals calculated in the HirisPlex system

Признак / категория Sign / category		Индивид № 1 Individual #1	Индивид № 7 Individual # 7	AUC*
Радужка глаз	голубая	0,271	0,915	0,939
	промежуточная	0,219	0,067	0,736
	коричневая	0,509	0,018	0,946
Цвет волос	блондин	0,128	0,715	0,813
	коричневый (штен)	0,635	0,260	0,741
	рыжий	0,001	0,003	0,929
	черный (брюнет)	0,236	0,023	0,859
Оттенок волос	светлый	0,361	0,962	0,905
	темный	0,639	0,038	

П р и м е ч а н и е: \* – AUC – площадь, ограниченная ROC-кривой, отражающая эффективность классификации. Чем выше показатель AUC, тем качественнее классификатор.

N o t e: \* AUC is the area bounded by the ROC-curve responsible for the effectiveness of classification. The higher the AUC indicator, the more qualitative is the classifier.

Если рассматривать основные генетические факторы (HERC2, OCA2), оказывающие влияние на вариацию пигментации радужки глаз, следует отметить, что «темный» аллель rs12913832:A обнаружен у индивида № 1 в гетерозиготе, при этом вариант rs1800407, модифицирующий пенетрантность HERC2, представлен гомозиготой по аллелю С (rs1800407:CC), что повышает вероятность более светлого типа пигментации. Также, женщина № 1 гомозиготна по редкому аллелю rs12896399:T (MAF: 0,26), который, проявляя высокую степень ассоциации с окраской радужки, снижает точность модели. В [13] индивиды, гомозиготные по rs12913832:G и rs12896399:T, с высокой вероятностью классифицируются как голубоглазые, а образцы, гомозиготные по rs12913832:A и rs12896399:G, – как кареглазые.

Анализ всей совокупности влияющих факторов в системе HirisPlex позволил оценить вероятности типов пигментации радужки глаз и волос (табл. 3). В соответствии с полученными данными для индивида № 1 наибольшие значения отмечены для категорий «штен» (0,635), «темный оттенок волос» (0,639) и «коричневая радужка» (0,509). Для индивида № 7 наибольшие значения вероятностей соответствуют категориям: «голубая радужка» (0,915), «блондин» (0,715), «светлый оттенок волос» (0,962). Согласно грубой интерпретации, женщина № 1 имеет карие глаза и является темноволосой штенкой, мужчина № 7 – голубоглазым блондином. Однако полученные уровни вероятности, несмотря на высокие значения AUC, позволяют корректировать прогноз и учитывать влияние всего комплекса генетических факторов, выраженных в модели. Очевидно, в прогнозе фенотипа индивида № 1 величины вероятности невысоки (существенно ниже рекомендованного для системы HirisPlex порога >0,7) [14]. Полигенность признаков пигментации и генотипические особенности индивида № 1, в том числе неучтенные моделью, свидетельствуют в пользу вероятности более светлых (в сравнении с карим) вариантов пигментации радужки глаз (зеленая, ореховая). Данное предположение может быть подтверждено наличием гетерозиготы rs12913832:AG, в которой присутствует аллель G, подавляющий экспрессию гена OCA2, и, следовательно, синтез меланоцитов, а также присутствием гомозиготы rs12896399:TT, ассоциированной со светлыми типами пигментации. У мужчины № 7 вероятность 0,715 категории «блондин» имеет допущения иных вариантов на уровне 0,385, что из нашего опыта ДНК-фенотипирования позволяет предполагать для этого объекта цвет волос от светло- до средне-русого.

Исходя из всей совокупности информации, полученной при генотипировании в системе HirisPlex, можно ожидать, что женщина № 1 имела смешанную (зеленая, зелено-ореховая, ореховая) пигментацию радужки и темно-русые волосы, или, проще говоря, являлась темной штенкой с зелеными глазами. Наличие аллелей rs12203592:T и rs12896399:T в ее генотипе также позволяет предполагать светлый оттенок кожи, низкую склонность к загару и высокую вероятность веснушек и пигментных образований кожи [15]. Особенности HirisPlex профиля индивида № 7

хорошо соотносятся с прогнозными показателями – мужчина с высокой вероятностью имел голубую радужку глаз и цвет волос от средне- до светло-русого, с возможным золотистым оттенком.

**Заключение.** Комплексное исследование семи погребений XVII–XVIII вв., расположенных на территории костела Божьего Тела в г. Несвиж, показало, что останки принадлежат трем женщинам и четырем мужчинам. Согласно Y-STR профилям мужчины № 3, 4, 7 относятся к гаплогруппе R1a, гаплотип индивида № 5 соответствует субветви I2a1b3, что с высокой долей вероятности позволяет предполагать их славянское происхождение. ДНК-фенотипирование с использованием системы HIrisPlex также свидетельствует в пользу славянского типа внешности женщины № 1 (темная шатенка с зелеными глазами) и мужчины № 7 (светлый шатен с голубыми глазами). Совокупность всех данных позволяет говорить, что исследуемые останки принадлежат представителям населения, генетически и фенотипически схожего с современной белорусской популяцией.

Выполненное молекулярно-генетическое исследование костных останков исторических захоронений в Беларуси проводилось впервые. Полученные результаты иллюстрируют перспективы междисциплинарного подхода, когда сочетание методов исторической науки и молекулярной биологии предоставляет данные для формирования целостной картины. ДНК-профилирование обеспечивает информацией о родственных связях, позволяет устанавливать возможное географическое происхождение и изучать миграционные процессы. ДНК-фенотипирование вносит заключительные штрихи в установление возможного облика неизвестных личностей, дополняя реконструкцию внешности по черепу.

#### Список использованных источников

1. Walsh, S. A Practical Guide to the HIrisPlex System: Simultaneous Prediction of Eye and Hair Color from DNA / S. Walsh, M. Kayser // *Methods Mol. Biol.* – 2016. – Vol. 1420. – P. 213–231. [https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3597-0\\_17](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3597-0_17)
2. The genetic history of Ice Age Europe / Q. Fu [et al.] // *Nature.* – 2016. – Vol. 534, N 7606. – P. 200–205. <https://doi.org/10.1038/nature17993>
3. Identification of the remains of King Richard III / T. E. King [et al.] // *Nat. Commun.* – 2014. – Vol. 5, N 1. – Art. 5631. <https://doi.org/10.1038/ncomms6631>
4. Ганецкая, I. У. Археалагічныя даследаванні вакол касцёла Божага Цела ў Нясвіжы / I. У. Ганецкая // *Матэрыялы па археалогіі Беларусі.* – 2007. – Вып. 14. – С. 181–200.
5. Предварительные результаты анализа лицевого отдела черепа серии костяков XVII–XVIII вв. из погребений у стен костела Божьего Тела в Несвиже / Е. Л. Воронцова [и др.] // *Изв. Ин-та антропологии МГУ им. М. В. Ломоносова.* – 2018. – Вып. 5. – С. 35–40.
6. Помазанов, Н. Н. Шляхтич из Несвижа. Реконструкция лица по черепу из погребения XVII–XVIII веков у стен костела Божьего Тела / Н. Н. Помазанов // *Актуальные вопросы антропологии.* – Минск, 2020. – Вып. 15. – С. 141–150.
7. Скеп'ян, А. А. Касцёл Божага Цела ў Нясвіжы і прыкасцельная тэрыторыя як шляхецкі некропаль / А. А. Скеп'ян // *Беларусь у кантэксце еўрапейскай гісторыі: асоба, грамадства, дзяржава: у 2 ч.* – Гродна, 2019. – Ч. 2. – С. 160–164.
8. DNA extraction from aged skeletal samples for STR typing by capillary electrophoresis / R. Huel [et al.] // *Methods in Molecular Biology.* – 2012. – Vol. 830. – P. 185–198. [https://doi.org/10.1007/978-1-61779-461-2\\_13](https://doi.org/10.1007/978-1-61779-461-2_13)
9. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a / P. Underhill [et al.] // *Eur. J. Hum. Genet.* – 2015. – Vol. 23, N 1. – P. 124–131. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2014.50>
10. Rootsi, S. Y-Chromosome haplogroup I prehistoric gene flow in Europe / S. Rootsi // *Documenta Praehistorica.* – 2006. – Vol. 33. – P. 17–20. <https://doi.org/10.4312/dp.33.3>
11. Uniparental genetic heritage of belarusians: encounter of rare middle eastern matrilineages with a central European mitochondrial DNA pool / A. Kushniarevich [et al.] // *PLoS One.* – 2013. – Vol. 8, N 6. – Atr. e66499. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066499>
12. Model-based prediction of human hair color using DNA variants / W. Branicki [et al.] // *Hum Genet.* – 2011. – Vol. 129, N 4. – P. 443–454. <https://doi.org/10.1007/s00439-010-0939-8>
13. Improved eye- and skin-color prediction based on 8 SNPs / K. L. Hart [et al.] // *Croat Med. J.* – 2013. – Vol. 54, N 3. – P. 248–256. <https://doi.org/10.3325/cmj.2013.54.248>
14. The HIrisPlex system for simultaneous prediction of hair and eye colour from DNA / S. Walsh [et al.] // *Forensic Science International: Genetics.* – 2013. – Vol. 7, N 1. – P. 98–115. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.07.005>
15. Zaorska, K. Prediction of skin color, tanning and freckling from DNA in Polish population: linear regression, random forest and neural network approaches / K. Zaorska, P. Zawierucha, M. Nowicki // *Hum. Genet.* – 2019. – Vol. 138, N 6. – P. 635–647. <https://doi.org/10.1007/s00439-019-02012-w>

#### References

1. Walsh S., Kayser M. A Practical Guide to the HIrisPlex System: Simultaneous Prediction of Eye and Hair Color from DNA. *Methods in Molecular Biology*, 2016, vol. 1420, pp. 213–231. [https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3597-0\\_17](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3597-0_17)

2. Fu Q. et al. The genetic history of Ice Age Europe. *Nature*, 2016, vol. 534, no. 7606, pp. 200–205. <https://doi.org/10.1038/nature17993>
3. King T. E., Fortes G. G., Balaesque P., Thomas M. G., Balding D., Delser P. M., Neumann R., Parson W., Knapp M., Walsh S., Tonasso L., Holt J., Kayser M., Appleby J., Forster P., Ekserdjian D., Hofreiter M., Schürer K. Identification of the remains of King Richard III. *Nature Communications*, 2014, vol. 5, no. 1, art. 5631. <https://doi.org/10.1038/ncomms6631>
4. Ganeckaya I. U. Archaeological excavations around the Church of the Corpus Christi in Nesvizh. *Materyyaly pa arhealogii Belarusi* [Materials of the Archeology of Belarus], 2007, no. 14, pp. 181–200 (in Belarussian).
5. Vorontsova E. L., Pomazanov N. N., Voitekhovich A. V., Filkin I. A. Preliminary results of the analysis of the skull facial part of a series of bones from the burials of the XVII–XVIII centuries near the walls of the of the Corpus Christi Church in Nesvizh. *Izvestiya Instituta antropologii MGU im. M. V. Lomonosova* [Bulletin Institute of Anthropology, Moscow State University M. V. Lomonosov], 2018, no. 5, pp. 35–40 (in Russian).
6. Pomazanov N. N. Reconstruction of a face based on a cranium from a 17th–18th century burial near the walls of the Corpus Christi Church. *Aktual'nye voprosy antropologii* [Topical issues of Anthropology], 2020, vol. 15, pp. 141–150 (in Russian).
7. Skep'yan A. A. Corpus Christi church in Nesvizh and the church territory as a noble necropolis. *Belarus' u kontekste ěyrapeiskaj gistoryi: asoba, gramadstva, dzjarzhava: u 2 ch.* [Belarus in the context of European history: personality, society, state, in 2 vol.]. Grodna, 2019, vol. 2, pp. 160–164 (in Belarussian).
8. Huel R., Amory S., Bilić A., Vidović S., Jasaragić E., Parsons T. J. DNA extraction from aged skeletal samples for STR typing by capillary electrophoresis. *Methods in Molecular Biology*, 2012, vol. 830, pp. 185–198. [https://doi.org/10.1007/978-1-61779-461-2\\_13](https://doi.org/10.1007/978-1-61779-461-2_13)
9. Underhill P. et al. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. *European Journal of Human Genetics*, 2015, vol. 23, no. 1, pp. 124–131. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2014.50>
10. Roots S. Y-Chromosome haplogroup I prehistoric gene flow in Europe. *Documenta Praehistorica*, 2006, vol. 33, pp. 17–20. <https://doi.org/10.4312/dp.33.3>
11. Kushniarevich A. et al. Uniparental genetic heritage of belarusians: encounter of rare middle eastern matrilineages with a central European mitochondrial DNA pool. *PLoS One*, 2013, vol. 8, no. 6, art. e66499. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066499>
12. Branicki W., Liu F., van Duijn K., Draus-Barini J., Pośpiech E., Walsh S., Kupiec T., Wojas-Pelc A., Kayser M. Model-based prediction of human hair color using DNA variants. *Human Genetics*, 2011, vol. 129, no. 4, pp. 443–454. <https://doi.org/10.1007/s00439-010-0939-8>
13. Hart K. L., Kimura S. L., Mushailov V., Budimlja Z. M., Prinz M., Wurmbach E. Improved eye- and skin-color prediction based on 8 SNPs. *Croatian Medical Journal*, 2013, vol. 54, no. 3, pp. 248–256. <https://doi.org/10.3325/cmj.2013.54.248>
14. Walsh S., Liu F., Wollstein A., Kovatsi L., Ralf A., Kosiniak-Kamysz A., Branicki W., Kayser M. The HIrisPlex system for simultaneous prediction of hair and eye colour from DNA. *Forensic Science International: Genetics*, 2013, vol. 7, no. 1, pp. 98–115. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.07.005>
15. Zaorska K., Zawierucha P., Nowicki M. Prediction of skin color, tanning and freckling from DNA in Polish population: linear regression, random forest and neural network approaches. *Human Genetics*, 2019, vol. 138, no. 6, pp. 635–647. <https://doi.org/10.1007/s00439-019-02012-w>

### Информация об авторах

*Шаптуренко Марина Николаевна* – д-р биол. наук, доцент, гл. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: [marinashapturenko@gmail.com](mailto:marinashapturenko@gmail.com).

*Луговнёв Артур Владимирович* – судебный эксперт. Комитет судебных экспертиз Республики Беларусь (ул. Володарского, 2а, 220030, Минск, Республика Беларусь). E-mail: [lugovnev.art@gmail.com](mailto:lugovnev.art@gmail.com).

*Боровко Сергей Родионович* – начальник управления. Комитет судебных экспертиз Республики Беларусь (ул. Володарского, 2а, 220030, Минск, Республика Беларусь). E-mail: [s\\_borovko@mail.ru](mailto:s_borovko@mail.ru).

*Помазанов Николай Николаевич* – науч. сотрудник. Институт истории НАН Беларуси (ул. Академическая, 1, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: [pamazanau@gmail.com](mailto:pamazanau@gmail.com).

*Вакула Светлана Ивановна* – канд. биол. наук, ст. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: [svettera@yandex.ru](mailto:svettera@yandex.ru).

*Кильчевский Александр Владимирович* – академик, д-р биол. наук, профессор, заведующий лабораторией. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: [kilchev@presidium.bas-net.by](mailto:kilchev@presidium.bas-net.by).

### Information about the authors

*Shapturenko Marina N.* – D. Sc. (Biology), Assistant professor, Chief researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [marinashapturenko@gmail.com](mailto:marinashapturenko@gmail.com).

*Lugovnjov Artur V.* – Forensic expert. State Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus (2a, Volodarskii Str., 220030, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [lugovnev.art@gmail.com](mailto:lugovnev.art@gmail.com).

*Borovko Sergey R.* – Head of the Department. State Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus (2a, Volodarskii Str., 220030, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [s\\_borovko@mail.ru](mailto:s_borovko@mail.ru).

*Pamazanau Mikalai M.* – Researcher. Institute of History of the National Academy of Sciences of Belarus (1, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [pamazanau@gmail.com](mailto:pamazanau@gmail.com).

*Vakula Svetlana I.* – Ph. D. (Biology), Senior Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [svettera@yandex.ru](mailto:svettera@yandex.ru).

*Kilchevsky Alexander V.* – Academician, D. Sc. (Biology), Professor, Head of the Laboratory. Institute of Genetics and Cytology of National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: [kilchev@presidium.bas-net.by](mailto:kilchev@presidium.bas-net.by).