

**ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ
ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР
ТЮМЕНСКИЙ НАУЧНЫЙ ЦЕНТР
СИБИРСКОГО ОТДЕЛЕНИЯ
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК**

**ВЕСТНИК АРХЕОЛОГИИ, АНТРОПОЛОГИИ
И ЭТНОГРАФИИ**

Сетевое издание

**№ 3 (74)
2026**

ISSN 2071-0437 (online)

Выходит 4 раза в год

Главный редактор:

Зах В.А., д.и.н., ТюмНЦ СО РАН

Редакционный совет:

Молодин В.И., председатель совета, акад. РАН, д.и.н., Ин-т археологии и этнографии СО РАН;
Добровольская М.В., чл.-кор. РАН, д.и.н., Ин-т археологии РАН;
Бауло А.В., д.и.н., Ин-т археологии и этнографии СО РАН;
Бороффка Н., PhD, Германский археологический ин-т, Берлин (Германия);
Епимахов А.В., д.и.н., Ин-т истории и археологии УрО РАН;
Кокшаров С.Ф., д.и.н., Ин-т истории и археологии УрО РАН; Кузнецов В.Д., д.и.н., Ин-т археологии РАН;
Лаксельма А., PhD, ун-т Хельсинки (Финляндия); Матвеева Н.П., д.и.н., Тюменский ун-т;
Медникова М.Б., д.и.н., Ин-т археологии РАН; Тишкин А.А., д.и.н., Алтайский ун-т;
Томилов Н.А., д.и.н., Ин-т археологии и этнографии СО РАН;
Хлахула И., Dr. hab., ун-т им. Адама Мицкевича в Познани (Польша); Хэнкс Б., PhD, ун-т Питтсбурга (США);
Чижишева Т.А., д.и.н., Ин-т археологии и этнографии СО РАН

Редакционная коллегия:

Адаев В.Н., к.и.н., ТюмНЦ СО РАН;
Бейсенов А.З., к.и.н., Ин-т археологии им. А.Х. Маргулана (Алматы, Казахстан);
Грушин С.П., д.и.н., Алтайский ун-т; Зимина О.Ю., к.и.н., ТюмНЦ СО РАН;
Дегтярева А.Д., зам. гл. ред., к.и.н., ТюмНЦ СО РАН;
Клюева В.П., к.и.н., ТюмНЦ СО РАН; Крийска А., PhD, ун-т Тарту (Эстония);
Крубези Э., PhD, проф., ун-т Тулузы (Франция); Кузьминых С.В., к.и.н., Ин-т археологии РАН;
Куфтерин В.В., д.б.н., Ин-т этнологии и антропологии РАН;
Лычагина Е.Л., д.и.н., Пермский государственный гуманитарно-педагогический ун-т;
Мыльникова Л.Н., д.и.н., ИАЭТ СО РАН; Перерва Е.В., к.и.н., Волгоградский ун-т;
Пинхаси Р., PhD, Венский ун-т (Австрия); Пошехонова О.Е., отв. секретарь, ТюмНЦ СО РАН;
Рябогина Н.Е., к.г.-м.н., ун-т Гетеборга (Швеция); Слепченко С.М., к.б.н., ТюмНЦ СО РАН;
Ткачев А.А., д.и.н., ТюмНЦ СО РАН; Федоров Р.Ю., д.и.н., ТюмНЦ СО РАН;
Хартанович В.И., к.и.н., МАЭ (Кунсткамера) РАН; Шорин А.Ф., д.и.н., ИИиА УрО РАН

Сетевое издание «Вестник археологии, антропологии и этнографии»
зарегистрировано Федеральной службой по надзору в сфере связи, информационных технологий
и массовых коммуникаций; регистрационный номер: серия Эл № ФС77-82071 от 05 октября 2021 г.

Адрес: 625008, Червишевский тракт, д. 13, e-mail: vestnik.ipos@inbox.ru

Адрес страницы сайта: <http://www.ipdn.ru>

**FEDERAL STATE INSTITUTION
FEDERAL RESEARCH CENTRE
TYUMEN SCIENTIFIC CENTRE
OF SIBERIAN BRANCH
OF THE RUSSIAN ACADEMY OF SCIENCES**

VESTNIK ARHEOLOGII, ANTROPOLOGII I ETNOGRAFII

ONLINE MEDIA

**№ 3 (74)
2026**

ISSN 2071-0437 (online)

There are 4 numbers a year

Editor-in-Chief

Zakh V.A., Doctor of History, Tyumen Scientific Centre SB RAS (Tyumen, Russia)

Editorial Council:

Molodin V.I. (Chairman of the Editorial Council), member of the RAS, Doctor of History,
Institute of Archaeology and Ethnography SB RAS (Novosibirsk, Russia)
Dobrovolskaya M.V., Corresponding member of the RAS, Doctor of History,
Institute of Archaeology RAS (Moscow, Russia)
Baulo A.V., Doctor of History, Institute of Archaeology and Ethnography SB RAS (Novosibirsk, Russia)
Boroffka N., PhD, Professor, Deutsches Archäologisches Institut (German Archaeological Institute) (Berlin, Germany)
Chikisheva T.A., Doctor of History, Institute of Archaeology and Ethnography SB RAS (Novosibirsk, Russia)
Chlachula J., Doctor hab., Professor, Adam Mickiewicz University in Poznan (Poland)
Epimakhov A.V., Doctor of History, Institute of History and Archeology UB RAS (Chelyabinsk, Russia)
Koksharov S.F., Doctor of History, Institute of History and Archeology Ural Branch RAS (Yekaterinburg, Russia)
Kuznetsov V.D., Doctor of History, Institute of Archeology RAS (Moscow, Russia)
Hanks B., PhD, Professor, University of Pittsburgh (Pittsburgh, USA)
Lahelma A., PhD, Professor, University of Helsinki (Helsinki, Finland)
Matveeva N.P., Doctor of History, Professor, University of Tyumen (Tyumen, Russia)
Mednikova M.B., Doctor of History, Institute of Archaeology RAS (Moscow, Russia)
Tishkin A.A., Doctor of History, Altai State University (Barnaul, Russia)
Tomilov N.A., Doctor of History, Professor, Institute of Archaeology and Ethnography SB RAS (Omsk, Russia)

Editorial Board:

Adaev V.N., Candidate of History, Tyumen Scientific Centre SB RAS (Tyumen, Russia)
Beisenov A.Z., Candidate of History, Margulan Institute of Archaeology (Almaty, Kazakhstan)
Crubezy E., PhD, Professor, University of Toulouse (Toulouse, France)
Degtyareva A.D., Vice Editor-in-Chief, Candidate of History, Tyumen Scientific Centre SB RAS (Tyumen, Russia)
Grushin S.P., Doctor of History, Altai State University (Barnaul, Russia)
Kluyeva V.P., Candidate of History, Tyumen Scientific Centre SB RAS (Tyumen, Russia)
Kriiska A., PhD, Professor, University of Tartu (Tartu, Estonia)
Khartanovich V.I., Candidate of History, Museum of Anthropology and Ethnography (Kunstkamera) RAS (St. Petersburg, Russia)
Kufferin V.V., Doctor of Biology, Institute of Ethnology and Anthropology RAS (Moscow, Russia)
Kuzminykh S.V., Candidate of History, Institute of Archaeology of the RAS (Moscow, Russia)
Lychagina E.L., Doctor of History, Perm State Humanitarian and Pedagogical University (Perm, Russia)
Mylnikova L.N., Doctor of History, Institute of Archaeology and Ethnography SB RAS (Novosibirsk, Russia)
Pererva E.V., Candidate of History, University of Volgograd (Volgograd, Russia)
Pinhasi R., PhD, Professor, University of Vienna (Vienna, Austria)
Poshekhonova O.E., Assistant Editor, Tyumen Scientific Centre SB RAS (Tyumen, Russia)
Ryabogina N.Ye., Candidate of Geology, University Gothenburg (Gothenburg, Sweden)
Shorin A.F., Doctor of History, Institute of History and Archaeology UB RAS (Yekaterinburg, Russia)
Slepchenko S.M., Candidate of Biology, Tyumen Scientific Centre SB RAS (Tyumen, Russia)
Tkachev A.A., Doctor of History, Tyumen Scientific Centre SB RAS (Tyumen, Russia)
Fedorov R.Yu., Doctor of History, Tyumen Scientific Centre SB RAS (Tyumen, Russia)
Zimina O.Yu., Candidate of History, Tyumen Scientific Centre SB RAS (Tyumen, Russia)

Address: Chervishevskiy trakt, 13, Tyumen, 625008, Russian Federation; mail: vestnik.ipos@inbox.ru
URL: <http://www.ipdn.ru>

Мовсесян А.А.

МГУ имени М.В. Ломоносова, amovsessyan@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1329-5904>

НЕМЕТРИЧЕСКИЕ ПРИЗНАКИ ЧЕРЕПА И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ: СУЩЕСТВУЕТ ЛИ УНИВЕРСАЛЬНЫЙ НАБОР ПРИЗНАКОВ ДЛЯ РЕГИОНАЛЬНЫХ ПОПУЛЯЦИОННЫХ СРАВНЕНИЙ?

Аннотация. Рассматривается, в какой степени фенетические расстояния, рассчитанные по неметрическим признакам черепа, согласуются с генетическими различиями между популяциями. Материалом послужили близкие к современности краниологические серии двух частично перекрывающихся региональных групп, включающих выборки Урала и Сибири. Фенетические различия оценивались по средней мере дивергенции (MMD), а их согласованность с генетическими расстояниями F_{ST} — с помощью теста Мантеля. Помимо полного набора из 30 признаков, проводился предварительный поиск информативных подмножеств и перестановочная проверка с повторным отбором признаков, учитывающая смещение, связанное с апостериорным выбором лучшего набора. Показано, что фенетические расстояния, рассчитанные по полному набору признаков, статистически значимо коррелируют с генетическими расстояниями в обеих группах. Однако характер этой связи различается: в уральской группе наиболее устойчивый результат связан с компактным ядром признаков, тогда как в сибирской — с более широким набором из 12 признаков. Полученные результаты показывают, что оптимальный набор неметрических признаков зависит от регионального контекста и не сводится к универсальному стандарту, а его надежная оценка требует перестановочной проверки с повторным отбором признаков.

Ключевые слова: неметрические признаки черепа, средняя мера дивергенции (MMD), фенетические расстояния, генетические расстояния, тест Мантеля, перестановочная проверка, отбор признаков, Урал, Сибирь, Северная Азия.

Финансирование. Исследование выполнено в рамках государственного задания МГУ имени М.В. Ломоносова.

Цитирование: Мовсесян А.А. Неметрические признаки черепа и генетическая дифференциация: существует ли универсальный набор признаков для региональных популяционных сравнений? // Вестник археологии, антропологии и этнографии. 2026. 3. С. 153–162. <https://doi.org/10.20874/2071-0437-2026-74-3-12>

Введение

Неметрические (дискретно варьирующие) признаки черепа давно занимают важное место в палеофенетических исследованиях как источник информации о биологическом сходстве и различиях между популяциями. Уже классические работы показали, что частоты этих признаков могут использоваться для межгрупповых сопоставлений и реконструкции популяционных связей, особенно в тех случаях, когда прямые генетические данные отсутствуют или недоступны [Berry A.C. & Berry R.J., 1967; Berry, 1974]. В дальнейшем этот подход получил широкое развитие. Неметрические признаки стали широко применяться при анализе популяционного родства, миграций, локальной преемственности и биологических расстояний в различных региональных выборках.

Как было показано во многих работах, проявление неметрических признаков в значительной степени обусловлено генетическими факторами и фенотипическое разнообразие, выявляемое с помощью этих признаков, коррелирует с генетической изменчивостью популяций [Sutter & Mertz, 2004; Ossenberg et al., 2006; Manica et al., 2007; Von Cramon-Taubadel, 2009; Ricaut et al., 2010; Nikita et al., 2012; Herrera et al., 2014; Movsesian et al., 2014, 2020]. Параллельно была предложена и обоснована средняя мера дивергенции (Mean Measure of Divergence, MMD), ставшая одной из основных дистанционных мер для дискретных морфологических данных [Sjøvold, 1977].

Вместе с тем неметрические признаки черепа не следует рассматривать как прямые генетические маркеры, поскольку их вариация зависит не только от наследственности, но и от факторов развития и общей морфологии черепа [Cheverud et al., 1979; Cheverud & Buikstra, 1981]. Кроме того, отдельные признаки могут различаться по степени информативности в разных региональных контекстах. Следовательно, значение имеет не только сам факт связи между фенетическими и генетическими расстояниями, но и то, насколько устойчиво эта связь воспроизводится при использовании разных панелей признаков и в разных группах популяций.

В биоархеологической литературе неметрические признаки по-прежнему считаются одним из стандартных источников данных для оценки биологических расстояний, однако признается, что их информативность может различаться в зависимости от популяционного и регионального контекста. Поэтому остается открытым вопрос, существует ли единый наиболее информативный набор неметрических признаков, пригодный для разных регионов, или же такой набор должен определяться отдельно для каждой группы популяций. Эта проблема особенно важна для исследований, где неметрические признаки используются при расчете биологических расстояний и сопоставляются с генетическими данными. Универсальная панель могла бы служить стандартом для межрегиональных сравнений, тогда как зависимость информативности от популяционного контекста требует регионально ориентированного отбора.

Цель настоящей работы состояла в том, чтобы определить, в какой степени фенетические расстояния, рассчитанные по неметрическим признакам черепа, согласуются с генетическими расстояниями между популяциями в двух региональных группах, включающих выборки Урала и Сибири, а также выяснить, существует ли для этих групп единый наиболее информативный набор признаков или же оптимальные панели имеют регионально-специфический характер. Такой подход позволяет оценить не только общую согласованность между фенетическими и генетическими расстояниями, но и различия в распределении информативности признаков в двух макрорегиональных системах. В частности, исследование направлено на то, чтобы установить, сохраняется ли связь между MMD и F_{ST} для полной панели признаков, как она меняется при переходе к более узким подмножествам и воспроизводятся ли найденные решения после перестановочной проверки, учитывающей сам этап отбора признаков.

Материалы и методы

Материалы

По частотам 30 неметрических признаков были изучены близкие к современности краниологические серии (1607 черепов), относящиеся к двум частично перекрывающимся группам. Уральская группа включала 9 популяций уральской языковой семьи, в том числе финно-угорские и самодийские: финнов, карелов, мордву, марийцев, коми, удмуртов, манси, хантов и селькупов. Сибирская группа включала 10 популяций Северной Азии и Арктики: монголов, бурят, эвенков, хантов, селькупов, тувинцев, чукчей, алеутов, науканских эскимосов и якутов. Ввиду хорошей сохранности черепов использовался метод индивидуального подсчета: если признак был обнаружен с одной или обеих сторон, он оценивался как присутствующий [Brasili et al., 1999].

Для оценки согласованности морфологических и генетических различий частоты неметрических признаков черепа сопоставлялись с генетическими расстояниями F_{ST} , рассчитанными по аутоматическому SNP, для тех же популяций. Однако единый массив опубликованных генетических данных, охватывающий все рассматриваемые популяции, отсутствовал. Поэтому анализ проводился в рамках двух региональных групп, сформированных по доступности генетических сопоставлений: сибирской — по данным Д. Райха с соавт. [Reich et al., 2012] и уральской — по данным К. Тамбетс с соавт. [Tambets et al., 2018].

Частичное перекрытие между этими группами связано с тем, что ханты и селькупы были представлены в обоих источниках и, соответственно, вошли в обе системы сравнений.

Статистические методы

Морфологические (фенетические) различия между популяциями оценивались по показателю Mean Measure of Divergence (MMD) — средней мере дивергенции, широко используемой в биодистанционных исследованиях дискретно варьирующих признаков. Расчет проводился с использованием углового преобразования частот по схеме Freeman — Tukey и поправки на дисперсию, учитывающей объема выборки.

Согласованность между матрицами морфологических расстояний (MMD) и генетических расстояний (F_{ST}) оценивалась с помощью теста Мантеля. В качестве меры связи использовался коэффициент корреляции Пирсона между верхними треугольниками матриц. Для полной панели признаков статистическая значимость определялась перестановочным тестированием с 4999 перестановками.

Для оценки зависимости согласованности MMD и F_{ST} от числа признаков был проведен предварительный поиск подмножеств размером от 1 до 12 признаков. Для каждого k определялся набор с максимальной корреляцией между матрицами; анализировалось до 200 000 подмножеств, а при меньшем числе возможных комбинаций выполнялся полный перебор. Фиксировались максимальная корреляция, состав лучшего набора и значение p .

Поскольку выбор наилучшего набора признаков по тем же данным, на которых затем оценивается его эффективность, может приводить к завышению значимости, основная проверка проводилась с помощью перестановочной процедуры с повторным отбором признаков на каждой перестановке. Далее для краткости она обозначается как *Honest*. На исходных данных находился набор признаков с максимальной согласованностью MMD и F_{ST} ; затем популяции переставлялись, и на каждой перестановке поиск лучшего подмножества выполнялся заново. Наблюдаемая статистика сравнивалась с распределением таких максимумов.

Использовались два варианта процедуры. В первом варианте (*Honest max-over-k*) на каждой перестановке заново подбиралось оптимальное число признаков в диапазоне от $k = 1$ до $k = 12$, так что одновременно оптимизировались и размер набора, и его состав. Во втором варианте (*Honest fixed k = 12*) число признаков фиксировалось заранее на уровне 12, и на каждой перестановке заново отбиралось лучшее подмножество только этого размера. Во всех перестановочных процедурах использовалось 499 перестановок. Чтобы расчеты оставались выполнимыми, число комбинаций, просматриваемых при каждом значении k , ограничивалось случайной выборкой до 10 000 подмножеств. В процедурах *Honest* наблюдаемая статистика T_{obs} представляла собой максимальное значение коэффициента корреляции Мантеля между матрицами MMD и F_{ST} , полученное после отбора подмножества признаков по заданному правилу. В варианте *Honest max-over-k* T_{obs} соответствовало максимуму, найденному при одновременном подборе размера панели и ее состава в диапазоне $k = 1-12$. В варианте *Honest fixed k = 12* T_{obs} соответствовало максимальной корреляции для подмножеств фиксированного размера. Следовательно, T_{obs} сопоставима с коэффициентом r для полной панели как мера наблюдаемой согласованности матриц, однако, в отличие от r для полной панели, рассчитывается после этапа оптимизации состава признаков.

Для уральской группы, где перестановочная проверка выявила компактное ядро признаков, дополнительно анализировалось его последовательное расширение. Ядро сохранялось неизменным и поэтапно дополнялось новыми признаками до набора из 12 признаков. На каждом шаге фиксировались значение статистики, значение p и состав расширенного набора. Для сибирской группы такой анализ не проводился, поскольку в процедуре с подбором оптимального числа признаков наилучший результат был получен уже для 12-признакового набора.

Устойчивость результатов оценивалась по схеме поочередного исключения одной популяции (*leave-one-out*). В каждой группе по очереди исключалась одна популяция, после чего заново рассчитывалась связь между MMD и F_{ST} для полной панели, набора, выделенного при подборе оптимального числа признаков, и набора при фиксированном $k = 12$. Состав признаков на каждом шаге заново не переотбирался. Следовательно, эта процедура служила проверкой устойчивости уже выделенных наборов к изменению состава выборки, но не заменяла перестановочную проверку с повторным отбором признаков.

Все анализы выполнены в среде *R*. Полные таблицы частот неметрических признаков, матрицы F_{ST} и *R*-скрипт, обеспечивающий воспроизведение расчетов MMD, теста Мантеля, отбора подмножеств признаков, перестановочных процедур и *leave-one-out* анализа, размещены в открытом репозитории: <https://github.com/Amovsessyan/cranial-nonmetric-mmd-analysis>.

Результаты

Общая согласованность морфологических и генетических расстояний

В обеих группах полная панель неметрических признаков черепа демонстрировала статистически значимую связь с генетическими расстояниями. В уральской группе коэффициент корреляции Мантеля между матрицами MMD и F_{ST} составил $r = 0,5998$ при $p = 0,0024$, а в сибирской группе — $r = 0,5169$ при $p = 0,037$. Таким образом, уже при использовании полного набора признаков фенетические расстояния между популяциями в обеих группах статистически значимо коррелировали с генетическими расстояниями.

Предварительный поиск наиболее информативных подмножеств

Предварительный скрининг показал, что в уральской группе максимальная корреляция между матрицами MMD и F_{ST} возрастала по мере увеличения числа признаков до $k = 6$, где достигала $r_{max} = 0,8483$, после чего постепенно снижалась. В сибирской группе максимум также приходился на $k = 6$ ($r_{max} = 0,7250$), однако при последующих значениях k величина корреляции оставалась близкой к максимальной и не демонстрировала резкого падения. Форма зависимости r_{max} от числа признаков в уральской и сибирской группах представлена на рис. 1.

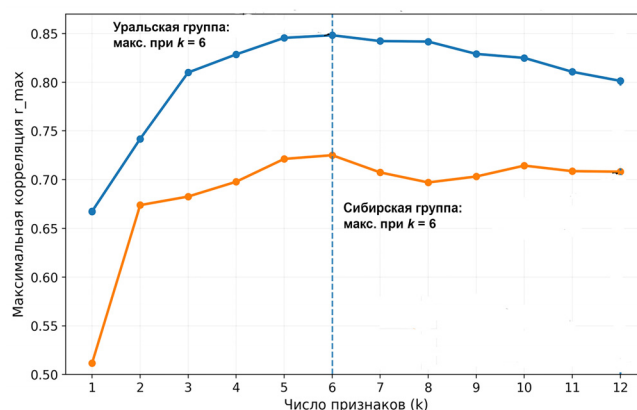


Рис. 1. Зависимость максимальной корреляции между матрицами MMD и F_{ST} (r_{max}) от числа признаков (k) в уральской и сибирской группах. Пунктирной линией отмечено значение $k = 6$, при котором в обеих группах достигается максимум предварительного скрининга.

Fig. 1. Dependence of the maximum correlation between the MMD and F_{ST} matrices (r_{max}) on the number of traits (k) in the Ural and Siberian groups. The dashed line marks $k = 6$, at which the preliminary screening reaches its maximum in both groups.

Результаты перестановочной проверки с повторным отбором признаков

Поскольку предварительный поиск лучших подмножеств признаков может завышать оценку их эффективности, на следующем этапе была выполнена перестановочная проверка с повторным отбором признаков на каждой перестановке (далее — *Honest*).

Результаты этой проверки приведены отдельно для уральской и сибирской групп. Для каждой группы представлены наборы, выделенные в процедуре *Honest* при подборе оптимального числа признаков в диапазоне $k = 1-12$ (*Honest max-over-k*), а также наборы при фиксированном числе признаков ($k = 12$). В уральской группе процедура *Honest max-over-k* выделила ядро из 6 признаков, для которого наблюдаемое значение статистики составило $T_{obs} = 0,8414$ при $p_{Honest} = 0,006$ (табл. 1).

Таблица 1

Состав панелей, выделенных перестановочной проверкой с повторным отбором признаков, в уральской группе

Table 1

Composition of the trait sets identified by the permutation test with repeated feature selection in the Ural group

Вариант панели	k	T_{obs}	p_{Honest}	Признаки
<i>Honest max-over-k</i>	6	0,8414	0,006	Multiple infraorbital foramina; Parietal notch bone; Mendosa suture traces; Tympanic dehiscence; Transverse palatine suture broken; Palatine torus
<i>Honest fixed k = 12</i>	12	0,7841	0,004	Supraorbital foramen; Fronto-temporal articulation; Parietal notch bone; Asteronic bone; Inca bone; Ossicle at lambda; Lambdoidal ossicles; Mendosa suture traces; Tympanic dehiscence; Foramen spinosum open; Transverse palatine suture broken; Palatine torus

В сибирской группе предварительный поиск показал максимальную корреляцию при $k = 6$, однако процедура *Honest max-over-k* выделила 12-признаковую панель ($T_{obs} = 0,7083$; $p_{Honest} = 0,048$). Анализ при фиксированном $k = 12$ также дал статистически значимый результат ($T_{obs} = 0,6896$; $p_{Honest} = 0,022$) (табл. 2).

Таблица 2

Панели, выделенные перестановочной проверкой с повторным отбором признаков, в сибирской группе

Table 2

Trait sets identified by the permutation test with repeated feature selection in the Siberian group

Вариант панели	k	T_{obs}	p_{Honest}	Признаки
<i>Honest max-over-k</i>	12	0,7083	0,048	Frontal foramen; Trochlear spur; Multiple infraorbital foramina; Transv. zygomatic suture traces (+5mm); Pterion form X-shaped; Epipetric bone; Parietal foramen; Interparietal process; Posterior condylar foramen; Foramen spinosum open; Pterygospinous foramen; Transverse palatine suture concave
<i>Honest fixed k = 12</i>	12	0,6896	0,022	Metopic suture; Frontal foramen; Trochlear spur; Multiple infraorbital foramina; Pterion form X-shaped; Epipetric bone; Parietal notch bone; Interparietal process; Posterior condylar foramen; Condylar facet double; Pterygospinous foramen; Transverse palatine suture broken

Сопоставление результатов для полной панели и панелей, выделенных процедурами *Honest*, показывает, что в обеих группах отобранные панели характеризуются более высоким наблюдаемым соответствием между матрицами MMD и F_{ST} , чем полная панель. Это различие наглядно представлено на рис. 2.

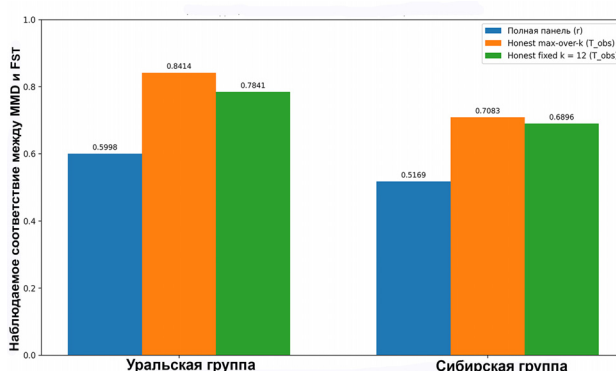


Рис. 2. Сравнение наблюдаемого соответствия между матрицами MMD и F_{ST} для полной панели признаков и решений, выделенных процедурами *Honest*, в уральской и сибирской группах (для полной панели показан коэффициент корреляции Мантеля r . Для процедур *Honest* показано T_{obs} , т.е. наблюдаемое максимальное значение корреляции Мантеля после отбора подмножества признаков по соответствующему правилу).

Fig. 2. Comparison of the observed correspondence between the MMD and F_{ST} matrices for the full trait panel and the solutions identified by the *Honest* procedures in the Ural and Siberian groups (for the full panel, the Mantel correlation coefficient r is shown. For the *Honest* procedures, T_{obs} is shown, that is, the observed maximum value of the Mantel correlation coefficient after trait subset selection according to the corresponding rule).

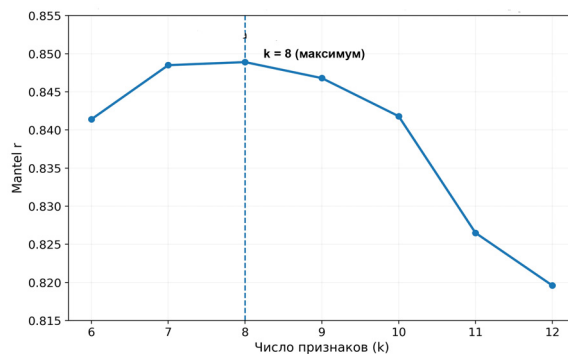


Рис. 3. Изменение статистики соответствия между матрицами MMD и F_{ST} при последовательном расширении *Honest*-ядра в уральской группе.

Fig. 3. Change in the correspondence statistic between the MMD and F_{ST} matrices during sequential expansion of the *Honest* core in the Ural group.

Поскольку в уральской группе перестановочная проверка с повторным отбором выявила компактное ядро из 6 признаков, далее было проанализировано, как меняется согласованность между матрицами MMD и F_{ST} при его последовательном расширении до 12 признаков. Переход к 7 и 8 признакам сопровождался небольшим увеличением коэффициента корреляции Мантеля, который возрастал с $r = 0,8414$ до $r = 0,8489$. Максимум достигался при $k = 8$. При дальнейшем расширении набора до 9 и 10 признаков значения оставались близкими к максимальному, тогда как при $k = 11$ –12 наблюдалось более заметное снижение. При этом во всех вариантах связь сохраняла статистическую значимость ($p = 0,001$ – $0,002$). Эти результаты показывают, что в уральской группе морфолого-генетическое соответствие определяется сравнительно компактным набором признаков (рис. 3).

В сибирской группе аналогичный анализ не проводился, поскольку в процедуре *Honest max-over-k* наилучший результат был получен уже при $k = 12$.

Анализ устойчивости результатов к изменению состава выборки

Устойчивость результатов проверялась по схеме *leave-one-out*: в каждой группе поочередно исключалась одна популяция, после чего для полной панели и двух *Honest*-наборов заново

рассчитывались коэффициент корреляции Мантеля и его значимость. Это позволяло оценить, не определяется ли наблюдаемая согласованность влиянием отдельных выборок.

LOO-анализ показал, что результаты для уральской группы устойчивы к исключению любой одной популяции. Для полной панели коэффициент корреляции Мантеля варьировал в пределах 0,546–0,719 при $p = 0,0015$ – $0,0125$, а для панелей, выделенных процедурами *Honest max-over-k* и *Honest fixed k = 12*, — в пределах 0,767–0,897 при $p = 0,0005$ – $0,0055$ и 0,739–0,831 при $p = 0,0005$ – $0,0075$ соответственно. Во всех случаях связь оставалась статистически значимой.

В сибирской группе полная панель оказалась менее устойчивой: при поочередном исключении одной популяции коэффициент корреляции изменялся в пределах 0,439–0,573, а значения p — в пределах 0,031–0,096, так что в части LOO-вариантов статистическая значимость утрачивалась. Напротив, оба набора из 12 признаков, выделенные перестановочной проверкой, сохраняли значимую связь с генетическими расстояниями при исключении любой одной популяции.

Для варианта *Honest max-over-k* коэффициент корреляции варьировал от 0,646 до 0,788 при $p = 0,001$ – $0,003$, а для варианта *Honest fixed k = 12* — от 0,639 до 0,760 при $p = 0,001$ – $0,006$. Таким образом, в сибирской группе именно отобранные наборы признаков демонстрировали более высокую устойчивость, чем полная панель.

Сопоставление наборов, выделенных в уральской и сибирской группах, показало ограниченное совпадение между ними. В процедуре *Honest max-over-k* общим признаком оказался только *Multiple infraorbital foramina*, тогда как среди наборов *Honest fixed k = 12* общими были *Parietal notch bone* и *Transverse palatine suture broken*. При учете всех *Honest*-наборов обеих групп общее пересечение включало четыре признака: *Multiple infraorbital foramina*, *Parietal notch bone*, *Foramen spinosum open* и *Transverse palatine suture broken*. Поскольку вариант *Honest max-over-k* допускает свободный выбор размера набора, а вариант *Honest fixed k = 12* предполагает сравнение только подмножеств одинакового размера, полученные пересечения следует интерпретировать с учетом этого различия.

Обсуждение

Настоящее исследование показало, что уже при использовании полной панели неметрических признаков черепа феноетические расстояния между популяциями статистически значимо коррелируют с генетическими расстояниями в обеих группах. Это указывает на возможность использования таких признаков для оценки биологических различий между популяциями, но только как феноетического, а не прямого генетического источника информации. Вместе с тем более детальный анализ показал, что распределение информативности признаков различается между регионами, а следовательно, различается и оптимальный состав панели.

В уральской группе согласованность морфологических и генетических расстояний определяется относительно компактным набором признаков. Перестановочная проверка с повторным отбором выделила ядро из 6 признаков, а анализ его последовательного расширения показал, что максимальное значение статистики достигается при $k = 8$, после чего наблюдается снижение. Это позволяет заключить, что в уральской группе популяций соответствие между морфологическими и генетическими расстояниями определяется сравнительно небольшим набором признаков, тогда как дальнейшее расширение панели не дает существенного выигрыша и, по-видимому, вносит дополнительный шум.

В сибирской группе наблюдается иная картина. Хотя предварительный скрининг показывал максимум при промежуточных значениях k , после честной перестановочной проверки наиболее надежный результат был получен для широкой панели из 12 признаков. Это указывает на более распределенную организацию соответствия, при которой информативность не сосредоточена в компактном ядре, а распределена между несколькими признаками. Иначе говоря, если для уральской группы достаточно компактной панели, то для сибирской группы воспроизводимая согласованность с генетическими расстояниями требует более широкого набора морфологических маркеров.

Вероятное объяснение этого различия связано с неодинаковым характером популяционной дифференциации. Уральская группа, по-видимому, описывается менее многомерной системой межгрупповых различий, поэтому ограниченное число признаков хорошо фиксирует основной градиент. Сибирская группа объединяет популяции с более разнородной историей, и один компактный набор уже не отражает всю вариацию; в этом случае более устойчивой оказывается широкая панель.

С этим же, по-видимому, связано и ограниченное совпадение панелей, выделенных в двух группах. Даже при учете всех *Honest*-панелей общее пересечение оказалось небольшим, тогда

как большинство информативных признаков оставалось регионально-специфичным. Такой результат указывает на то, что один и тот же признак может быть неодинаково полезен в разных контекстах. Признаки, чувствительные к тонким различиям между сравнительно близкими популяциями, не обязательно будут столь же эффективны в группах с более глубокой дифференциацией, и наоборот. Следовательно, несовпадение оптимальных панелей, вероятно, отражает не случайную нестабильность результата, а специфику самой популяционной структуры.

Вместе с тем нельзя исключать и влияние факторов, не сводимых к нейтральной генетической истории. Часть неметрических признаков черепа может в разной степени зависеть от локальных средовых, функциональных или онтогенетических условий, и поэтому их пригодность в качестве маркеров популяционной структуры может варьировать между регионами. Невхождение конкретного признака в оптимальную панель одной из групп не означает, что он биологически незначим. Скорее это говорит о том, что в данном региональном контексте его вклад в воспроизведение нейтральной генетической структуры оказался ограниченным.

Методологически важным результатом является демонстрация того, что предварительный отбор признаков может завышать оценку их эффективности. Особенно наглядно это видно на материале сибирской группы: максимум предварительного скрининга достигался при $k = 6$, однако после применения перестановочной проверки с повторным отбором наиболее воспроизводимым оказалось решение при $k = 12$. Это подчеркивает, что простая фиксация лучшего найденного набора без учета апостериорного (post hoc) отбора может приводить к чрезмерно оптимистичной оценке результата. Принципиально важным оказывается не только сам факт поиска информативных панелей, но и способ статистической проверки их надежности.

Дополнительную уверенность в полученных результатах дает анализ по схеме поочередного исключения одной популяции (*leave-one-out*). Он показал, что в уральской группе как полная панель, так и отобранные панели сохраняют статистическую значимость при исключении любой одной популяции. В сибирской группе полная панель оказалась менее стабильной, однако обе панели из 12 признаков сохраняли значимую связь с генетическими расстояниями во всех вариантах анализа. Это означает, что в сибирской группе отбор признаков повышает не только силу, но и стабильность связи между морфологическими и генетическими расстояниями, т.е. уменьшает зависимость результата от состава выборки.

Следует подчеркнуть, что MMD в настоящей работе не рассматривается как прямой аналог генетической дистанции. Это фенетическая мера различий по совокупности дискретно варьирующих признаков, каждый из которых в стандартной процедуре рассматривается как отдельный компонент итоговой дистанции без априорного весового ранжирования. Такое допущение является одновременно преимуществом и ограничением метода: оно обеспечивает простую и воспроизводимую схему межгруппового сравнения, но может сохранять в расчете вклад признаков, менее связанных с нейтральной популяционной историей. Именно поэтому в настоящем исследовании особое значение придается не только полной панели, но и регионально ориентированному отбору признаков, перестановочной проверке с повторным отбором и анализу устойчивости результатов.

В дальнейшем предложенный подход целесообразно сопоставить с многомерными методами, учитывающими корреляционную структуру признаков, например с анализом главных координат, ординационными процедурами или моделями с различным весом признаков. Это особенно важно для проверки того, в какой степени результаты, полученные на основе MMD, зависят от допущения о невзвешенном вкладе отдельных признаков. Такие методы могут дополнить анализ на основе MMD, особенно при межрегиональных сравнениях. Однако задача настоящей работы состояла не в сравнении всех возможных многомерных процедур, а в оценке того, насколько стандартная биодистанционная мера для дискретных признаков согласуется с генетическими расстояниями при использовании разных региональных панелей признаков.

Проведенный анализ имеет определенные ограничения. Во-первых, число популяций в обеих группах относительно невелико, что ограничивает мощность корреляционного анализа и может влиять на стабильность оценок. Во-вторых, при больших значениях k перебор подмножеств признаков носил выборочный характер, поэтому выделенные панели следует рассматривать как наилучшие из просмотренных, но не обязательно как глобально оптимальные. Тем не менее, поскольку одна и та же процедура применялась как к наблюдаемым данным, так и к перестановкам, это ограничение не обесценивает оценку значимости, хотя и требует осторожности при интерпретации конкретного состава панелей. В-третьих, различия в объемах выборок могут влиять на оценки MMD, что требует дополнительного контроля в будущих исследованиях.

Заключение

Полученные результаты показывают, что оптимальный состав неметрических признаков черепа зависит от регионального контекста и не сводится к единой универсальной панели. Поэтому MMD следует рассматривать не как прямой эквивалент генетических данных, а как фенетическую меру, пригодную для проверки согласованности различий по неметрическим признакам черепа с генетической дифференциацией. Для межрегиональных сопоставлений наиболее безопасной исходной стратегией остается использование полной панели из 30 признаков, поскольку именно она обеспечивает статистически значимую связь с генетическими расстояниями в обеих группах. Однако при наличии генетического эталона более предпочтителен регионально ориентированный отбор признаков, способный заметно усилить согласованность морфологических и генетических расстояний. Перестановочный подход с повторным отбором признаков позволяет оценивать значимость без смещения, связанного с апостериорным поиском наилучшего подмножества, и может применяться при анализе других региональных групп. Выделенные в настоящем исследовании панели следует рассматривать не как универсальный стандарт, а как регионально обусловленные рабочие решения.

Благодарности. Автор выражает искреннюю признательность Борису Дмитриевичу Гнеденко за квалифицированную помощь в написании и отладке R-скрипта, использованного для статистического анализа данных.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Berry A.C. The use of non-metrical variations of the cranium in the study of Scandinavian population movements // *American Journal of Physical Anthropology*. 1974. Vol. 40. № 3. P. 345–358. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330400306>
- Berry A.C., Berry R.J. Epigenetic variation in the human cranium // *Journal of Anatomy*. 1967. Vol. 101. № 2. P. 361–379.
- Brasili P., Zaccagni L., Gualdi-Russo E. Scoring of non-metric cranial traits: A population study // *Journal of Anatomy*. 1999. Vol. 195. P. 543–550. <https://doi.org/10.1046/j.1469-7580.1999.19540551.x>
- Cheverud J.M., Buikstra J.E. Quantitative genetics of skeletal nonmetric traits in the rhesus macaques on Cayo Santiago. I. Single trait heritabilities // *American Journal of Physical Anthropology*. 1981. Vol. 54. № 1. P. 43–49. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330540106>
- Cheverud J.M., Buikstra J.E., Twichell E. Relationships between non-metric skeletal traits and cranial size and shape // *American Journal of Physical Anthropology*. 1979. Vol. 50. № 2. P. 191–198. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330500207>
- Herrera B., Hanihara T., Godde K. Comparability of multiple data types from the Bering Strait region: Cranial and dental metrics and nonmetrics, mtDNA, and Y-chromosome DNA // *American Journal of Physical Anthropology*. 2014. Vol. 154. № 3. P. 334–348. <https://doi.org/10.1002/ajpa.22513>
- Irish J.D. The mean measure of divergence: Its utility in model-free and model-bound analyses relative to the Mahalanobis D2 distance for nonmetric traits // *American Journal of Human Biology*. 2010. Vol. 22. № 3. P. 378–395. <https://doi.org/10.1002/ajhb.21010>
- Manica A., Amos W., Balloux F., Hanihara T. The effect of ancient population bottlenecks on human phenotypic variation // *Nature*. 2007. Vol. 448. № 7151. P. 346–348. <https://doi.org/10.1038/nature05951>
- Movsesian A.A., Bakholdina V.Yu., Pezhemsky D.V. Biological diversity and population history of Middle Holocene hunter-gatherers from the Cis-Baikal region of Siberia // *American Journal of Physical Anthropology*. 2014. Vol. 155. № 4. P. 559–570. <https://doi.org/10.1002/ajpa.22608>
- Movsesian A.A., Mkrtchyan R.A., Simonyan H.G. The Bronze and Iron Age populations of the Armenian Highland in the genetic history of Armenians // *American Journal of Physical Anthropology*. 2020. Vol. 173. № 1. P. 158–167. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24060>
- Nikita E., Mattingly D., Lahr M.M. Sahara: Barrier or corridor? Nonmetric cranial traits and biological affinities of North African late Holocene populations // *American Journal of Physical Anthropology*. 2012. Vol. 147. № 2. P. 280–292. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21645>
- Ossenberg N.S., Dodo Y., Maeda T., Kawakubo Y. Ethnogenesis and craniofacial change in Japan from the perspective of nonmetric traits // *Anthropological Science*. 2006. Vol. 114. № 2. P. 99–115. <https://doi.org/10.1537/ase.00090>
- Reich D., Patterson N., Campbell D., Tandon A., Mazieres S., Ray N., Parra M., Rojas W., Duque C., Mesa N., García L., Triana O., Blair S., Maestre A., Dib J., Bravi C., Bailliet G., Corach D., Hünemeier T. et al. Reconstructing Native American population history // *Nature*. 2012. Vol. 488. № 7411. P. 370–374. <https://doi.org/10.1038/nature11258>
- Ricaud F.-X., Aurioi V., von Cramon-Taubadel N., Keyser C., Murail P., Ludes B., Crubézy E. Comparison between morphological and genetic data to estimate biological relationship: The case of the Egyin Gol necropolis (Mongolia) // *American Journal of Physical Anthropology*. 2010. Vol. 143. № 3. P. 355–364. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21322>
- Sjøvold T. Non-metrical divergence between skeletal populations: The theoretical foundation and biological importance of C. A. B. Smith's mean measure of divergence // *Ossa*. 1977. Vol. 4. Suppl. 1. P. 1–133.
- Sutter R.C., Mertz L. Nonmetric cranial trait variation and prehistoric biocultural change in the Azapa Valley, Chile // *American Journal of Physical Anthropology*. 2004. Vol. 123. № 2. P. 130–145. <https://doi.org/10.1002/ajpa.10311>
- Tambets K., Yunusbayev B., Hudjashov G., Ilumäe A.-M., Rootsi S., Honkola T., Vesakoski O., Atkinson Q., Skoglund P., Kushniarevich A., Litvinov S., Reidla M., Metspalu E., Saag L., Rantanen T., Karmin M., Parik J., Zhada-

nov S.I., Gubina M. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. Vol. 19. Article 139. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1522-1>

Von Cramon-Taubadel N. Congruence of individual cranial bone morphology and neutral molecular affinity patterns in modern humans // *American Journal of Physical Anthropology*. 2009. Vol. 140. № 2. P. 205–215. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21041>

Movsesian A.A.

Lomonosov Moscow State University, amovsessyan@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1329-5904>

Cranial non-metric traits and genetic differentiation: is there a universal trait set for regional population comparisons?

Summary. This study examines the extent to which phenetic distances calculated from cranial non-metric traits are concordant with genetic differences between populations and whether a single informative trait set can be identified across regions. The analysis is based on near-modern cranial series from two partly overlapping regional population groups: a Ural group including Uralic-speaking populations and a Siberian group including North Asian and Arctic populations. Morphological differences were measured using the Mean Measure of Divergence (MMD), and their correspondence with genetic distances (F_{ST}) was assessed with the Mantel test. The analysis used frequencies of 30 cranial non-metric traits and published genetic distance matrices for the two regional datasets. In addition to the full trait set, the study employed preliminary subset screening and a permutation procedure with repeated trait reselection designed to account for bias caused by post hoc selection of the best-performing subset. Phenetic distances calculated from the full trait set showed a statistically significant correlation with genetic distances in both groups. However, the pattern differed between them: in the Ural group, the most robust result was obtained with a compact core of traits, whereas in the Siberian group the most reliable result required a broader 12-trait set. These findings suggest that the informative composition of cranial non-metric traits is region-specific rather than universal and that its reliable evaluation requires permutation testing with repeated feature selection.

Keywords: cranial non-metric traits, phenetic distances, genetic distances, Mean Measure of Divergence, Mantel test, permutation testing, feature selection, Ural, Siberia, North Asia

Funding. The study was carried out within the framework of the state assignment of Lomonosov Moscow State University.

REFERENCES

- Berry, A.C. (1974). The use of non-metrical variations of the cranium in the study of Scandinavian population movements. *American Journal of Physical Anthropology*, 40(3), 345–358. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330400306>
- Berry, A.C., & Berry, R.J. (1967). Epigenetic variation in the human cranium. *Journal of Anatomy*, 101(2), 361–379.
- Brasili, P., Zaccagni, L., & Gualdi-Russo, E. (1999). Scoring of non-metric cranial traits: A population study. *Journal of Anatomy*, 195, 543–550. <https://doi.org/10.1046/j.1469-7580.1999.19540551.x>
- Cheverud, J. M., & Buikstra, J. E. (1981). Quantitative genetics of skeletal nonmetric traits in the rhesus macaques on Cayo Santiago. I. Single trait heritabilities. *American Journal of Physical Anthropology*, 54(1), 43–49. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330540106>
- Cheverud, J.M., Buikstra, J.E., & Twichell, E. (1979). Relationships between non-metric skeletal traits and cranial size and shape. *American Journal of Physical Anthropology*, 50(2), 191–198. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330500207>
- Herrera, B., Hanihara, T., & Godde, K. (2014). Comparability of multiple data types from the Bering Strait region: Cranial and dental metrics and nonmetrics, mtDNA, and Y-chromosome DNA. *American Journal of Physical Anthropology*, 154(3), 334–348. <https://doi.org/10.1002/ajpa.22513>
- Irish, J. D. (2010). The mean measure of divergence: Its utility in model-free and model-bound analyses relative to the Mahalanobis D2 distance for nonmetric traits. *American Journal of Human Biology*, 22(3), 378–395. <https://doi.org/10.1002/ajhb.21010>
- Manica, A., Amos, W., Balloux, F., & Hanihara, T. (2007). The effect of ancient population bottlenecks on human phenotypic variation. *Nature*, 448(7151), 346–348. <https://doi.org/10.1038/nature05951>
- Movsesian, A.A., Bakholdina, V.Yu., & Pezhemsky, D.V. (2014). Biological diversity and population history of Middle Holocene hunter-gatherers from the Cis-Baikal region of Siberia. *American Journal of Physical Anthropology*, 155(4), 559–570. <https://doi.org/10.1002/ajpa.22608>
- Movsesian, A.A., Mkrtchyan, R.A., & Simonyan, H.G. (2020). The Bronze and Iron Age populations of the Armenian Highland in the genetic history of Armenians. *American Journal of Physical Anthropology*, 173(1), 158–167. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24060>
- Nikita, E., Mattingly, D., & Lahr, M.M. (2012). Sahara: Barrier or corridor? Nonmetric cranial traits and biological affinities of North African late Holocene populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 147(2), 280–292. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21645>

Ossenberg, N.S., Dodo, Y., Maeda, T., & Kawakubo, Y. (2006). Ethnogenesis and craniofacial change in Japan from the perspective of nonmetric traits. *Anthropological Science*, 114(2), 99–115. <https://doi.org/10.1537/ase.00090>

Reich, D., Patterson, N., Campbell, D., Tandon, A., Mazieres, S., Ray, N., Parra, M., Rojas, W., Duque, C., Mesa, N., García, L., Triana, O., Blair, S., Maestre, A., Dib, J., Bravi, C., Bailliet, G., Corach, D., Hünemeier, T., ..., Ruiz-Linares, A. (2012). Reconstructing Native American population history. *Nature*, 488(7411), 370–374. <https://doi.org/10.1038/nature11258>

Ricaut, F.-X., Auriol, V., Von Cramon-Taubadel, N., Keyser, C., Murail, P., Ludes, B., & Crubézy, E. (2010). Comparison between morphological and genetic data to estimate biological relationship: The case of the Egyin Gol necropolis (Mongolia). *American Journal of Physical Anthropology*, 143(3), 355–364. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21322>

Sjøvold, T. (1977). Non-metrical divergence between skeletal populations: The theoretical foundation and biological importance of C.A.B. Smith's mean measure of divergence. *Ossa*, 4(Suppl. 1), 1–133.

Sutter, R.C., & Mertz, L. (2004). Nonmetric cranial trait variation and prehistoric biocultural change in the Azapa Valley, Chile. *American Journal of Physical Anthropology*, 123(2), 130–145. <https://doi.org/10.1002/ajpa.10311>

Tambets, K., Yunusbayev, B., Hudjashov, G., Ilumäe, A.-M., Rootsi, S., Honkola, T., Vesakoski, O., Atkinson, Q., Skoglund, P., Kushniarevich, A., Litvinov, S., Reidla, M., Metspalu, E., Saag, L., Rantanen, T., Karmin, M., Parik, J., Zhadanov, S. I., Gubina, M., ..., Metspalu, M. (2018). Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations. *Genome Biology*, 19, Article 139. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1522-1>

Von Cramon-Taubadel, N. (2009). Congruence of individual cranial bone morphology and neutral molecular affinity patterns in modern humans. *American Journal of Physical Anthropology*, 140(2), 205–215. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21041>

© Мовсесян А.А., 2026

Тип лицензии: CC BY 4.0

Поступила в редакцию 23.03.2026

Принята к публикации 04.06.2026

Опубликована 15.09.2026

Сведения об авторе: Мовсесян Алла Арменовна, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник, МГУ имени М.В. Ломоносова, биологический факультет, кафедра антропологии, Москва, Россия.

About the author: Movsesian, Alla A., PhD, Leading Researcher, Lomonosov Moscow State University, Faculty of Biology, Department of Anthropology, Moscow, Russia.