

<https://doi.org/10.25557/2073-7998.2023.10.48-62>

Исследование полиморфизма ядерного генома современной группы итальянцев Крыма

Макаров С.В.¹, Балинова Н.В.¹, Дзини С.², Хохлов Н.В.², Бычкова Л.С.¹, Спицына Н.Х.²

1 – ФГБНУ «Медико-генетический научный центр имени академика Н.П. Бочкова»
115522, г. Москва, ул. Москворечье, д. 1

2 – Центр физической антропологии, Институт этнологии и антропологии имени Н. Н. Миклухо-Маклая РАН
119334, г. Москва, Ленинский просп., д. 32А

В статье представлены результаты комплексного антропогенетического анализа группы современных «итальянцев Крыма», являющихся потомками итальянских мигрантов с Апеннинского полуострова с конца XVIII до начала XX вв. Генетическое исследование основано на анализе распространенности генотипов и аллелей семи аутосомных полиморфных генов (*PAH*, *TH01*, *NOS3*, *SLC6A3*, *CCR5*, *ACE*, *FABP2*) среди итальянцев Крыма и сопоставлении частот их встречаемости с мировым распределением для определения генетических характеристик изученной группы и ее положения в пространстве других мировых популяций. По данным пяти маркеров потомки итальянцев более близки европейским популяциям и ближе всего к русским, что говорит о степени метисации данной группы, как и высокий уровень гетерозиготности. По рассчитанным расстояниям для *FABP2*, *PAH*, *TH01* они тяготеют к исторической предковой популяции итальянцев Италии, но определить территориальное происхождение не представляется возможным.

Анализ фамилий «итальянцев Крыма» и их предков в качестве надежных квазигенетических маркеров показал, что большинство мигрантов (52,53%) имело северное происхождение, 27,72% мигрантов происходили из южных регионов Апеннинского полуострова, 19,75% – из центральной области Италии. Трансформации, которым подвергались во времени исконные фамилии итальянских мигрантов, отражают сложный процесс адаптации итальянских групп в Черноморско-Азовском регионе. Результаты исследования дополняют знания по этнической геномике итальянцев.

Ключевые слова: популяция, геногеография, этногеномика, итальянцы Крыма, Черноморско-Азовский регион.

Для цитирования: Макаров С.В., Балинова Н.В., Дзини С., Хохлов Н.В., Бычкова Л.С., Спицына Н.Х. Исследование полиморфизма ядерного генома современной группы итальянцев Крыма. *Медицинская генетика* 2023; 22(10): 48-62

Автор для корреспонденции: Макаров С.В.; e-mail: ecolab@med-gen.ru

Финансирование. Государственное задание Министерства науки и высшего образования.

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила 3.10.2023

Study of nuclear genome polymorphism of the modern group of Italians of Crimea

Makarov S.V.¹, Balinova N.V.¹, Zini S.², Khokhlov N.V.², Bychkovskaya L.S.¹, Spitsyna N.Kh.²

1 – Research Center for Medical Genetics
1, Moskvorechie st., Moscow, 115522, Russian Federation

2 – Centre for Physical Anthropology, Miklukho-Maclay Institute of Ethnology and Anthropology Russian Academy of Sciences
32A, Leninsky Prospekt, Moscow, 119334, Russian Federation

The article presents the results of a comprehensive anthropogenetic analysis of the group of modern “Italians of Crimea”, who are descendants of Italian migrants from the Apennine Peninsula from the late 18th – early 20th centuries. The genetic study is based on the analysis of genotype and allele prevalence of seven autosomal polymorphic genes (*PAH*, *TH01*, *NOS3*, *SLC6A3*, *CCR5*, *ACE*, *FABP2*) among the Italians of Crimea and comparison of their frequencies with the world distribution to determine the genetic characteristics of the studied group and its position in the space of other world populations. According to the data of five markers, the descendants of Italians are closer to European populations and closest to Russians, which indicates the degree of mestizatisation of this group, as well as a high level of heterozygosity. According to the calculated distances for *FABP2*, *PAH*, *TH01*, they gravitate to the historical ancestral population of Italians of Italy, but it is not possible to determine the territorial origin.

The analysis of the surnames of “Italians of Crimea” and their ancestors as reliable quasi-genetic markers showed that the majority of migrants (52.53%) were of northern origin, 27.72% of migrants originated from the southern regions of the Apennine Peninsula, and 19.75% from the central region of Italy. The transformations that the original surnames of Italian migrants underwent over time reflect the complex process of adaptation of Italian groups in the Black Sea-Azov region. The results of the study add to the knowledge on the ethnic genomics of Italians.

Keywords: population, gеногеография, ethnogenomics, Italians of Crimea, Black Sea-Azov region.

For citation: Makarov S.V., Balinova N.V., Zini S., Khokhlov N.V., Bychkovskaya L.S., Spitsyna N.Kh. Study of nuclear genome polymorphism of the modern group of Italians of Crimea. *Medical genetics [Medicinskaya genetika]*. 2023; 22(10): 48-62 (In Russ.)

Corresponding author: Makarov S.V.; e-mail: ecolab@med-gen.ru

Funding. The research was supported by the Ministry of Science and Higher Education.

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

Accepted: 3.10.2023

Введение

В г. Керчи и других городах Крымского полуострова проживает небольшая группа итальянского происхождения численностью до 200 человек. Так называемые «итальянцы Крыма» являются современными потомками итальянских мигрантов с Апеннинского полуострова, появившихся на территории Черноморско-Азовского бассейна с конца XVIII и до начала XX веков. По информации из источников, хранящихся в российских и итальянских архивах, выявлены три основные волны миграции итальянцев.

Общие политические и социальные обстоятельства, сложившиеся в Европе в конце XVIII — начале XIX веков, и благоприятная миграционная политика Российской Империи способствовали притоку мигрантов в Россию. С одной стороны, была Европа, подавленная беспощадной экспансией Бонапарта, с другой стороны — Россия, приветствующая приезд иностранных колонистов.

Иностранные мигранты ускоряли равномерное развитие территорий, поскольку являлись дополнительным рабочим потенциалом и привозили передовые, неизвестные в России технологии и методики [1]. Истоки формирования этнической группы «итальянцев Крыма» связаны с эпохой массовой колонизации территорий Северного Причерноморья и Приазовья, инициированной Екатериной II, после подписания Кучук-Кайнарджийского договора в 1774 г. и присоединения Крымского ханства к Российской Империи в 1783 году.

Первая миграция символически названа «одесской», состояла из итальянских переселенцев, обосновавшихся в конце XVIII — первой половине XIX веков в г. Одессе, возникшей в 1794 году. В период 1810–1820 гг. итальянцы второй волны «феодосийской миграции» направляются на Восток в прибрежные города Крымского полуострова. Третья «керченско-азовская» волна начинается в 1820–1830-х годах и продолжается до конца XIX века. Для части итальянских переселенцев Керчь становится постоянным местом жительства, а для большинства — лишь промежуточной остановкой на пути к другим пор-

товым городам Приазовья — Таганрогу, Мариуполю, Бердянску.

Контингент итальянских мигрантов также включал деятелей культуры и искусства. Приезжие итальянские актеры, певцы, художники, архитекторы, родом с севера и юга Италии, привнесли в города Северного Причерноморья особый итальянский стиль и колорит. Большинство итальянских мигрантов состояло из «людей моря». Шкиперы, моряки, богатые судовладельцы и торговцы, банкиры, страховщики отправлялись из регионов Апеннинского полуострова (преимущественно из нынешних итальянских регионов Лигурии и Пьемонта) в города Причерноморья и Приазовья с коммерческой целью открытия торговых путей на Восток. Жителям Апеннинского полуострова данные территории были хорошо известны еще со времен средневековой генуэзской колонизации региона. Историческая память подвигла лигурийских и генуэзских торговцев и судовладельцев XVIII–XX вв. к идее возрождения морских торговых путей и восстановления генуэзского коммерческого первенства в регионе.

С 1861 г. до конца XIX в. регистрируется новая волна итальянцев, направлявшихся в основном в Керчь. Среди них было много гарибальдийцев, расставшихся с родиной по политическим причинам, связанным с переменами, происходящими в Италии [2].

С 30-х годов XX века впервые фиксируется убыль численности. Лица, сохранившие итальянское гражданство, возвращаются в Италию. Оставшаяся часть в 1942 году была отправлена на спецпоселение в Казахстан. После Великой Отечественной войны некоторые из них остались в местах спецпоселения или переехали в другие регионы Советского Союза. Другие вернулись на историческую родину, а лица, не имеющие родных и близких в Италии, вернулись в Крым, в основном, в город Керчь, где до начала войны было сосредоточено большинство итальянских переселенцев.

Сегодня потомки итальянских мигрантов проживают в Крыму, в основном, в г. Керчи и составляют группу современных «итальянцев Крыма»,

имеющих официальный статус. Указом Президента РФ от 12 сентября 2015 г. № 458 «О внесении изменений в Указ Президента РФ от 21 апреля 2014 г. № 268 «О мерах по реабилитации армянского, болгарского, греческого, крымско-татарского и немецкого народов, государственной поддержке их возрождения и развития» [3] итальянцы официально включены в список незаконно депортированных малочисленных народов Крыма.

Исследование генетического разнообразия этнической группы итальянцев Крыма позволит рассчитать генетические расстояния от предковой популяции и изучить вопросы происхождения и развития данной группы.

Материалы и методы

Материалом нашего исследования послужил биологический материал 57 потомков «итальянцев Крыма» с получением их информированного согласия на участие в исследовании с соблюдением этических принципов, установленных Хельсинкской декларацией Всемирной медицинской ассоциации [4]. Выделение ДНК из буккального эпителия проводилось наборами Diatom DNA Prep 200 Научно-производственной фирмы «Галарт-Диагностикум».

Для анализа выбраны гены, имеющие важную функциональную значимость и представляющие особую ценность в медико-биологических исследованиях:

PAH — 30-нуклеотидные tandemные повторы (VNTR) в 3'-области в гене фенилаланингидроксилазы,

TH01 — тетрануклеотидные повторы в 1 интроне тирозингидроксилазы,

NOS3 — 27-нуклеотидный VNTR в 4 интроне эндотелиальной NO-синтазы (rs3138808),

SLC6A3 — 40-н. VNTR в 3'-области гена переносчика дофамина (*DAT1*),

CCR5 — 32-н. делеции в гене хемокинового рецептора 5 (rs333),

ACE — инсерционно-делеционный полиморфизм (indel) в 16 интроне гена ангиотензин I — превращающего фермента (rs1799752),

FABP2 — тринуклеотидный (AAT)_n VNTR во 2-м интроне белка связывающего жирные кислоты 2 (rs71595363).

Полиморфизм в гене *PAH* имеет 12 аллелей в 3'-области, обозначаемых по числу повторов от 3 до 14, в гене *TH01* насчитывает до 19 аллелей, обозначаемых по числу повторов от 4 до 31,2 (в том числе нецелочисленных). В *NOS3* VNTR обнаруживаются до 4 аллелей,

обозначаемых по числу повторов от 2 до 6 (или прежде — 4y, 4a, 4b, 4c). VNTR в 3'-области гена *SLC6A3* представляет до 9 аллелей, обозначаемых по числу повторов от 3 до 13, в гене *FABP2* — до 9 аллелей, обозначаемых по числу повторов от 8 до 16. В генах *ACE* и *CCR5* — инсерционно-делеционные полиморфизмы, их аллели обозначаются как i-инсерция или d-делеция (или как + / D32 в случае *CCR5*).

Генотипирование проводилось методом ПЦР-ПДАФ с последующим разделением амплифицированных фрагментов электрофорезом в геле и визуализацией в проходящем УФ-свете. В реакционную смесь добавлялись следующие пары праймеров:

5' - agattttaatgtttctcaccscgc - 3' и 5'-cttggaacttaagaatcccatc-3' для *PAH*,

5' - gtgggctgaaaagctcccgattat - 3' и 5'-attcaagggtatctgggctctgg-3' для *TH01*,

5'-aggccatgtagtagtccttt-3' и 5'-tctcttagtgctgtgtgcac-3' для *NOS3*,

5' - tgtgtgttagggaaacggcctgag - 3' и 5'-ttcctggaggtcacggctcaagg-3' для *SLC6A3*,

5' - cttcatcatcatcctcctgaca - 3' и 5'-tgtaggagcccagaagaga-3' для *CCR5*,

5' - ctggagaccactcccatcctttct - 3' и 5'-gatgtggccatcacattcgtagat-3' для *ACE*

и 5' - gtagtatcagtttcataagggtcacc - 3' и 5'-cagtcgtttccattgtctgtccg-3' для *FABP2* [5].

Для построения дендрограмм результатов кластеризации генетических межпопуляционных расстояний D и D_A по Нею [6, 7] и невзвешенного парного группового метода со средним арифметическим (UPGMA) [8] применялся среднесвязывающий метод (NJ) [9] и использовалась программа DISPAN (©1993 Tatsuya Ota и Университет шт. Пенсильвания, США — <http://homes.bio.psu.edu>).

Результаты и обсуждение

Результаты генотипирования по изученным генам в выборке итальянцев Крыма представлены в табл. 1.

Распределение наблюдаемых вариантов генотипов соответствует равновесному по Харди-Вайнбергу во всех случаях кроме локуса тирозингидроксилазы *TH01* ($\chi^2 = 19,06$ при d.f.=10) с некоторым превышением ($D = +0.178 \pm 0.12$) доли гетерозигот относительно ожидаемых значений.

В выборке итальянцев Крыма установлено наличие следующих генотипов: в *PAH* — 3/3, 3/8, 3/9, 3/10, 8/8, 8/9, 9/9; в *TH01* — 6/6, 6/7, 6/8, 6/9, 6/10, 7/8, 7/9, 7/10, 8/9, 9/10, 10/10; в *SLC6A3* — 9/9, 9/10, 10/10; в *FABP2* — 10/10, 10/11, 10/13, 10/14, 11/11, 11/12, 12/12; в *ACE*

и *NOS3* – все три возможных варианта, в *CCR5* del32 встречалась только в гетерозиготном состоянии.

Для определения положения изученной группы в плане близости ее генетических характеристик к другим популяциям был произведен расчет генетических

расстояний D_A по Нею [7], средней гетерозиготности (табл. 2) и составлена матрица по пяти изученным локусам: *ACE*, *NOS3*, *TH01*, *CCR5*, *SLC6A3*. По некоторым локусам был проведен отдельный анализ из-за недостатка данных или для сравнения с территориальными группами Италии.

На основе матрицы, используя среднесвязывающий метод (NJ) для кластеризации, была построена дендрограмма (рис. 1)

Результатом явилось расположение выборки итальянцев Крыма в ветви с преобладанием европейских популяций на некотором удалении от предполагаемой исходной популяции. Ближайшей по генетическому сходству оказалась популяция русских, что согласуется с имеющимися данными по характеристикам изученной группы.

Таблица 1. Частоты аллелей изученных генов в выборке итальянцев Крыма.

Table 1. Allele frequencies in Crimean Italian population.

Ген	Аллель	Частота	ошибка +/-
<i>PAH</i>	*3	0,4196	0,0466
	*8	0,2054	0,0382
	*9	0,3661	0,0455
	*10	0,0089	0,0089
	N =	56	
<i>TH01</i>	*6	0,2456	0,0403
	*7	0,1754	0,0356
	*8	0,0702	0,0239
	*9	0,2456	0,0403
	*9.3/*10	0,2632	0,0412
	N =	57	
<i>NOS3</i>	*4	0,3273	0,0447
	*5	0,6727	0,0447
	N =	55	
<i>SLC6A3</i>	*9	0,2768	0,0423
	*10	0,7232	0,0423
	N =	56	
<i>CCR5</i>	*i	0,9375	0,0229
	*del32	0,0625	0,0229
	N =	56	
<i>ACE</i>	*ins	0,5636	0,0473
	*del	0,4364	0,0473
	N =	55	
<i>FABP2</i>	*10	0,4821	0,0472
	*11	0,1964	0,0375
	*13	0,3125	0,0438
	*14	0,0089	0,0089
	N =	56	

Таблица 2. Средняя гетерозиготность (H) и ее стандартная ошибка (s.e.).

Table 2. Average heterozygosity (H) and standart error (s.e.).

#	Популяции	H	s.e.	Источник для расчета
1	Croatian:	0,407	0,112	[10–14]
2	Czech:	0,442	0,095	[15–19]
3	Hungarian:	0,418	0,106	[20–24]
4	Italy-Caucasian:	0,430	0,117	[25–29]
5	Krym-italians:	0,449	0,106	Наши данные
6	Russia-Mari:	0,414	0,101	[30, 31]
7	Russia-Russian:	0,420	0,102	[32–36]
8	Russia-Tatar:	0,406	0,110	[37]
9	Russia-Udmurt:	0,400	0,102	[38]
10	Spain-Caucasian:	0,407	0,113	[39–43]
11	Arabia:	0,439	0,130	[44–48]
12	China-Han:	0,285	0,112	[49–52]
13	India:	0,402	0,119	[25, 53–56]
14	Iranian:	0,429	0,129	[57–61]
15	Japanese:	0,306	0,123	[49, 62–65]
16	Korean:	0,293	0,122	[66–70]
17	Mongolian:	0,328	0,129	[27, 63, 71–73]
18	Pakistani:	0,345	0,128	[74–77]
19	Turkish:	0,396	0,127	[78–82]
20	SA-Amerindian:	0,290	0,140	[27, 83–86]
21	NA-Amerindian:	0,282	0,114	[27, 84, 87–89]
22	Africans:	0,417	0,120	[27, 83, 90–92]
23	Austranesian:	0,246	0,119	[27, 60, 93–95]

Анализ восстановленных родословных семей, дополненный архивными данными, показал, что процессы биологической и культурной интеграции начались со времен появления итальянских мигрантов в Черноморско-Азовском регионе. Так, 18,2% браков первых переселенцев-мужчин были смешанными, у женщин этот показатель составил 14,3%. Мужчины чаще вступали в брак с великорусскими женщинами, реже с малоросскими, местными гречанками, французенками и немками. Сходная картина распределения наблюдается и у итальянок.

В ряду потомков итальянских мигрантов количество смешанных браков увеличивается в следу-

ющем поколении до 50,0% и 48,2%, далее до 53,1% и 66,1%, 71,9% и 75%, и достигает 100% в современных семьях. При этом существенно расширяется круг брачных связей и национальный состав брачующихся. Потомки женского и мужского пола первых итальянцев-переселенцев, наравне с их предками, в основном вступали в брак с великороссами, в меньшей степени с малороссами, с греками, с французами и с немцами, но также с поляками, армянами, финнами, грузинами, татарами, узбеками, коряками и караимами [96].

В табл. 2 обращает на себя внимание тот факт, что данная группа демонстрирует максимум по величине

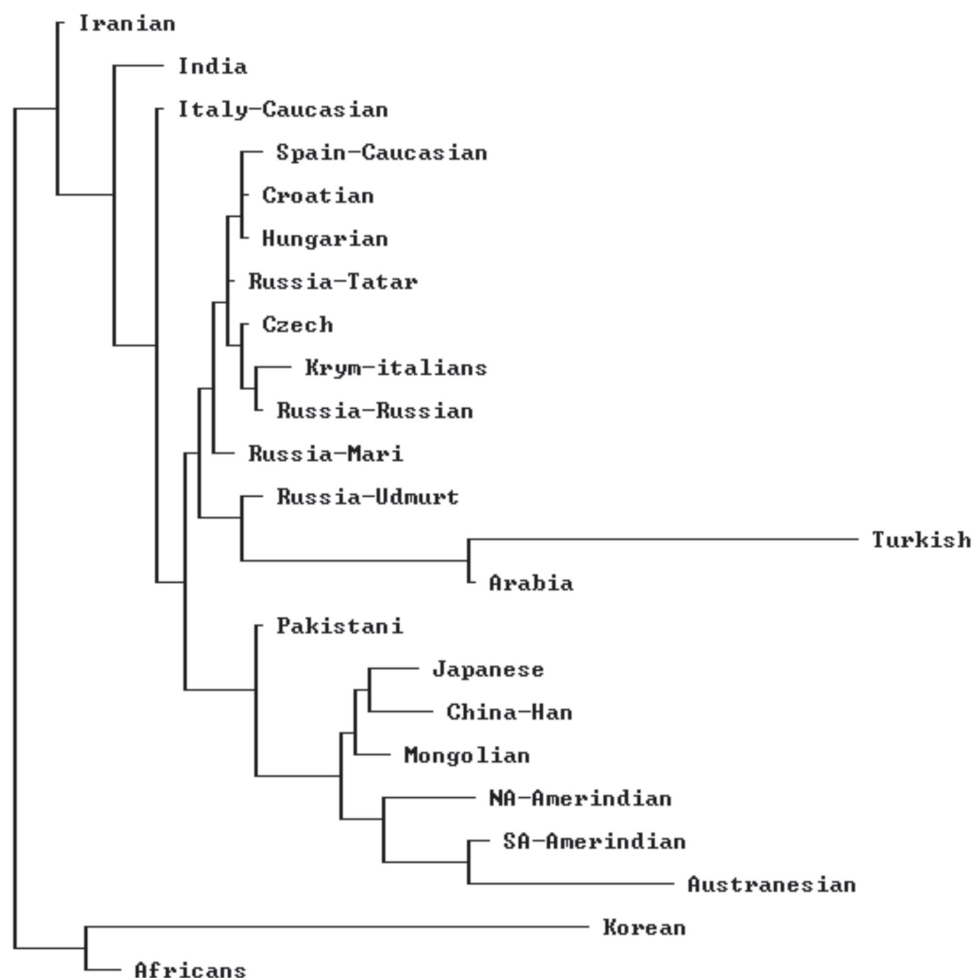


Рисунок 1. Дендрограмма по матрице генетических расстояний DA между популяциями [7] с использованием для кластеризации среднесвязывающего метода (NJ) [9] по локусам *ACE*, *NOS3*, *TH01*, *CCR5*, *SLC6A3*.

Figure 1. Dendrogram based on the matrix of genetic distances DA between populations [7] using the average linking method (NJ) for clustering [9] for the *ACE*, *NOS3*, *TH01*, *CCR5*, *SLC6A3* loci.

(0,449) средней гетерозиготности среди всех популяций сравнения, что в определенной степени может свидетельствовать о высокой доле смешанности и многокомпонентности в ее происхождении, а в числе компонентов несомненно могут быть русские и другие славянские корни.

В связи с недостаточностью данных по локусу *FABP2* по пулу популяций, использованному для пяти вышеупомянутых локусов, а также различием в наборах популяций сравнения, аналогичные процедуры построения дендрограмм были выполнены по исследованному полиморфизму отдельно, а для составления матрицы использовался метод расчета [6] для стандартных генетических расстояний *D*. Результаты построения дендрограммы для локуса *FABP2* отражает **рис. 2**.

На рис. 2 выборка итальянцев Крыма располагается относительно ближе к популяции исходного происхождения, ближайшими к ней по сходству оказываются европейские популяции и в том числе из Италии. Однако стоит заметить, что построение дендрограмм на основе одного локуса имеет меньшую надежность

и, ввиду повышения вероятности случайного совпадения, зачастую не отражает филогенетическую связь популяций.

По двум локусам *TH01* и *PAH* удалось провести сравнение с литературными данными по территориальным группам итальянцев [97, 98].

По локусу *TH01* достоверности различий обнаружено не было во всех случаях, кроме бастийцев при тестировании по отдельным аллелям (по 9-повторному аллелю *TH01*9*). По *TH01* итальянцы Крыма занимают промежуточное положение между популяциями Корсики и полуостровными Кампани (рис. 3).

Генетическая близость к популяциям о. Корсики имеет историческое объяснение. Среди первых колонистов, отправленных по указанию Екатерины II в южные регионы Российской Империи русским генеральным морским комиссаром в Италии командующим русской эскадрой в городе Ливорно графом Дмитрием Мочениго, были представители разных национальностей (греки, немцы, испанцы, шведы). Однако в основном были итальянцы из городов Лукки, Пармы, Модены, Массы, а также корсиканцы [1].

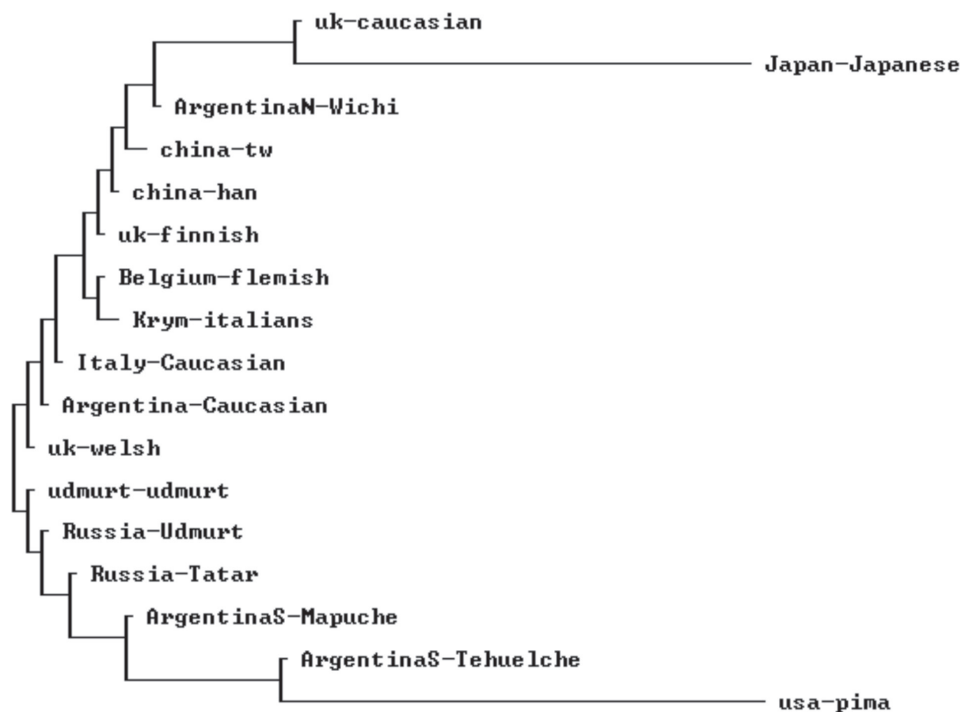


Рисунок 2. Дендрограмма по локусу *FABP2* на основе матрицы стандартных генетических расстояний (*D*) между популяциями [6] с использованием для кластеризации среднесвязывающего метода (NJ) [9].

Figure 2. Dendrogram for the *FABP2* locus based on the matrix of standard genetic distances (*D*) between populations [6] using the mean-linking (NJ) method for clustering [9].

Ближе всего итальянцы Крыма находятся к Сардинской популяции. В конце XVIII века для получения выхода к Средиземноморью и для развития торговли на побережье Черного моря Россия заключила особые соглашения с Неаполитанским и Сардинским королевствами [99], включающими в себя вышеуказанные современные регионы Италии. Особо близкие и взаимовыгодные отношения, возникшие между Россией, Неаполитанским и Сардинским королевствами, имели долгосрочные последствия, которые определили состав постоянно проживающих мигрантов, а также временно пребывающих коммерсантов итальянского происхождения в Черноморском-Азовском регионе на протяжении всего XIX века. Так, дела Таврического Губернского правления, хранящиеся в Государственном архиве Республики Крым, г. Симферополь, об иностранно-подданных гражданах, просивших и принявших русское подданство с 1831 по 1914 гг., доказывают, что большинство мигрантов итальянского происхождения, желающих стать гражданами Российской Империи, были Сардинско- и Неаполитанско- подданными. [100-103]. Также, как показывает множество исторических источников, торговцы и моряки с Апеннинского полуострова, временно пребывающие в портовых городах Северного Причерноморья и Приазовья, были в основном подданными Сардинского и/или Неаполитанского королевств. В качестве примера, приводятся данные еженедельной официальной газеты Керчь-Еникалинского градоначальства, так называемого «Полицейского листка» за 1858 год. В том году большинство кораблей и экипажей, про-

ходивших карантин в Керченском порту, приходило с Итальянского полуострова. Среди них преобладали суда, ходящие под флагом Сардинского Королевства (112 из общего количество 128) [104]. Это тенденция регулярно фиксируется до конца XIX века.

По частотам аллелей *PAH* итальянцы Крыма существенно отличаются от региональных популяций Италии и располагаются обособленно относительно итальянцев Калабрии, Кампании, Пьемонта, Апулии и Сицилии на дендрограмме на основе матрицы генетических расстояний DA (рис. 4).

Также информативным для определения территориального происхождения предков современных итальянцев Крыма оказался анализ их фамилий в качестве квазигенетических маркеров. Результаты показали, что большинство итальянских мигрантов (52,53%) имело северное происхождение, 27,72% происходили из южных регионов Апеннинского полуострова, 19,75% – из центральной области Италии [105]. Генетическое исследование современных итальянцев Крыма оставляет открытым вопрос о территориях Италии, из которых происходили их предки-мигранты. Несмотря на это, полученные результаты позволили ввести в научный оборот новую информацию по геногеографии итальянцев.

Заключение

Положение популяции современных итальянцев Крыма на основании пяти маркеров ближе к европейским популяциям, но на некотором удалении от предполагаемой исходной популяции. Ближайшей

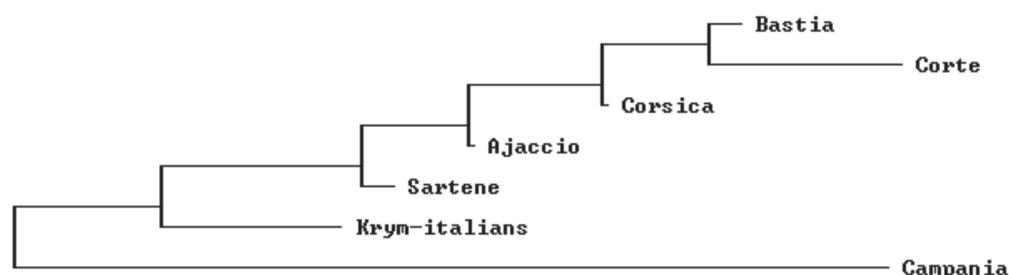


Рисунок 3. Дендрограмма на основе матрицы генетических расстояний DA по *TH01* между популяциями итальянцев Крыма (Krym-italians), Кампании, корсиканцев общей – Corsica и по округам Bastia, Corte, Ajaccio, Sartene с использованием для кластеризации среднесвязывающего метода (NJ).

Figure 3. Dendrogram based on the matrix of genetic distances DA for *TH01* between the populations of Crimean Italians (Krym-italians), Campania, general Corsicans - Corsica and for the districts of Bastia, Corte, Ajaccio, Sartene using the mean-linking method (NJ) for clustering.

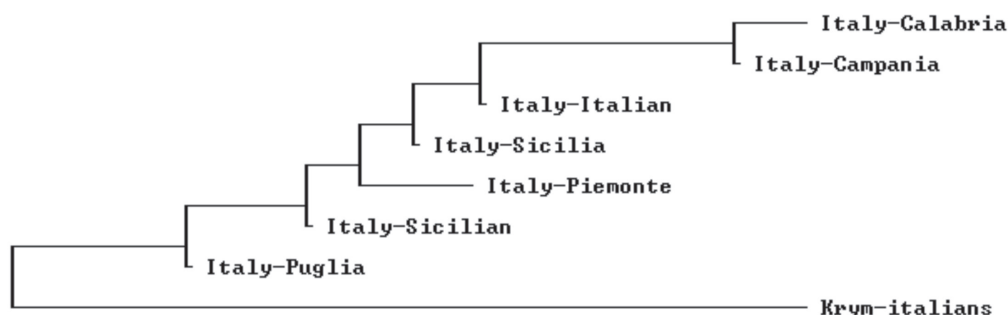


Рисунок 4. Дендрограмма на основе матрицы генетических расстояний DA по *PAH* между популяциями итальянцев Крыма и итальянцами Калабрии, Кампании, Пьемонта, Апулии и Сицилии с использованием для кластеризации среднесвязывающего метода (NJ).

Figure 4. Dendrogram based on the matrix of genetic distances DA by *PAH* between the populations of Italians of Crimea and Italians of Calabria, Campania, Piedmont, Apulia and Sicily using the mean-linking method (NJ) for clustering

по генетическому сходству по 5 маркерам оказалась популяция русских, что можно объяснить высокой долей метисации. Этот факт подтверждают исторические сведения и высокий средний уровень гетерозиготности.

На основании данных по локусам *FABP2* итальянцы более тяготеют к предковой исторической популяции, а по локусам *PAH* и *TNO1* и территориальным группам сложно сказать о происхождении данной этнической группы. Возможно, это объясняется высокой подвижностью, характерной для жизни «людей моря», представляющих большую часть мигрантов в изучаемом регионе. Их мобильность способствовала отношениям с представителями любых национальностей или этносов. Кроме того, для большинства итальянских мигрантов, являющихся де-юре и де-факто, гражданами Сардинского и Неаполитанского королевств, морская торговля была семейным делом, передаваемым из поколения в поколение. Их предки, когда-то осевшие в больших портовых городах Средиземноморья, таких как Неаполь и Генуя, могли изначально иметь любое происхождение. А следов об их исконном месте рождения не осталось в имеющихся в наличии письменных свидетельствах.

Литература

- Писаревский Г.Г. Избранные произведения по истории иностранной колонизации. Москва: ЗАО «МЧНК-пресс», 2011. с. 90-106, 117.
- Зарубин А.Г., Зарубин В.Г. Без победителей: Из истории Гражданской войны в Крыму. 2е изд., испр. и доп. — Симферополь: Антиква. 2008. с. 272.
- Указ Президента Российской Федерации от 12.09.2015 г. N 458. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <http://kremlin.ru/acts/bank/38356> 28.05.2019
- World Medical Association. World Medical Association Declaration of Helsinki: ethical principles for medical research involving human subjects. JAMA. 2013;310(20):2191-4. doi: 10.1001/jama.2013.281053.
- Akhmetova, V.L., Khusainova, R.I., Yuryev, E.B. et al. Analysis of polymorphism at nine nuclear genome DNA loci in Maris. Russ J Genet. 2006; 42:192–207. <https://doi.org/10.1134/S102279540602013X>
- Nei M. Genetic distances between populations. Am. Nat. 1972;106:283-292.
- Nei M., Tajima F., Tateno Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. II. Gene frequency data. Journal of molecular evolution. 1983;19(2):153-170.
- Sneath P.H., Sokal, R.R. Numerical Taxonomy: The Principles and Practice of Numerical Classification. 1st Edition, W. H. Freeman, San Francisco. 1973.
- Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic tree. Mol. Biol. Evol. 1987; 4:406-425.
- Devic P.S., Ristic S., Flego V. et al. Angiotensin-converting enzyme insertion/deletion gene polymorphism in lung cancer patients. Genetic testing and molecular biomarkers. 2012;16(7):722-725.
- Jelas I.G., Devic I., Karlovic D. Cloninger's temperament and character dimensions and dopaminergic genes: DAT1 VNTR and COMT Val158Met polymorphisms. Psychiatria Danubina. 2018;30(1):47-56.
- Marjanovic D., Bakal N., Pojskic N. et al. Allele frequencies for 15 short tandem repeat loci in a representative sample of Bosnians and Herzegovinians. Forensic science international. 2006;156(1):79-81.
- Ristic S., Starcevic Cizmarevi N., Brajenovic-Milic B. et al. Frequency of CCR5 gene 32-basepair deletion in Croatian normal population. Croatian medical journal. 2005;46(4):693-694.
- Zeljko H.M., Skaric-Juric T., Narancic N.S. et al. E2 allele of the apolipoprotein E gene polymorphism is predictive for obesity status in Roma minority population of Croatia. Lipids in health and disease. 2011;10:9.

15. Hubacek J.A., Dusek L., Majek O. et al. ACE I/D polymorphism in Czech first-wave SARS-CoV-2-positive survivors. *Clinica chimica acta; international journal of clinical chemistry*. 2021;519:206-209.
16. Hubacek J.A., Dusek L., Majek O. et al. CCR5Delta32 deletion as a protective factor in Czech first-wave COVID-19 subjects. *Physiological research*. 2021;70(1):111-115.
17. Schuller M., Stelcl M., Rybnieek O. et al. The eNOS gene in allergic Czech children. *Allergy*. 2002;57(4):368-369.
18. Sery O., Paclt I., Drtilkova I. et al. A 40-bp VNTR polymorphism in the 3'-untranslated region of DAT1/SLC6A3 is associated with ADHD but not with alcoholism. *Behavioral and brain functions* : BBF. 2015;11:21.
19. Simkova H., Faltus V., Marvan R. et al. Allele frequency data for 17 short tandem repeats in a Czech population sample. *Forensic science international*. 2009;4(1):e15-e17.
20. Barath A., Endreffy E., Bereczki C. et al. Endothelin-1 gene and endothelial nitric oxide synthase gene polymorphisms in adolescents with juvenile and obesity-associated hypertension. *Acta physiologica Hungarica*. 2007;94(1-2):49-66.
21. Feher A., Juhasz A., Pakaski M. et al. Association between the 9 repeat allele of the dopamine transporter 40 bp variable tandem repeat polymorphism and Alzheimer's disease. *Psychiatry research*. 2014;220(1-2):730-731.
22. Fiatal S., Szigethy E., Szeles G. et al. Insertion/deletion polymorphism of angiotensin-1 converting enzyme is associated with metabolic syndrome in Hungarian adults. *Journal of the renin-angiotensin-aldosterone system* : JRAAS. 2011;12(4):531-538.
23. Furedi S., Woller J., Padar Z. Hungarian population data for the STR systems TH01 and VWA. *International journal of legal medicine*. 1995;108(1):48-49.
24. Juhasz E., Beres J., Kanizsai S. et al. The Consequence of a Founder Effect: CCR5-del32, CCR2-64I and SDF1-3'A Polymorphism in Vlach Gypsy Population in Hungary. *Pathology oncology research* : POR. 2012;18(2):177-182.
25. Devendran A., Nampoothiri S., Shewade D.G. et al. Allele, Genotype and Haplotype Structures of Functional Polymorphic Variants in Endothelial Nitric Oxide Synthase (eNOS), Angiotensinogen (ACE) and Aldosterone Synthase (CYP11B2) Genes in Healthy Pregnant Women of Indian Ethnicity. *Journal of reproduction & infertility*. 2015;16(4):180-192.
26. Hadi F., Dato S., Carpi F.M. et al. A genetic-demographic approach reveals a gender-specific association of SLC6A3/DAT1 40bp-VNTR with life-expectancy. *Biogerontology*. 2015;16(3):365-373.
27. Martinson J.J., Chapman N.H., Rees D.C. et al. Global distribution of the CCR5 gene 32-basepair deletion. *Nature genetics*. 1997;16(1):100-103.
28. Pastore L., Vuttariello E., Sarrantonio C. et al. Allele frequency distributions at several variable number of tandem repeat (VNTR) and short tandem repeat (STR) loci in a restricted Caucasian population from south Italy and their evaluation for paternity and forensic use. *Molecular and cellular probes*. 1996;10(4):299-308.
29. Santovito A., Galli G., Ruberto S. Evaluation of the possible association of body mass index and four metabolic gene polymorphisms with longevity in an Italian cohort: a role for APOE, eNOS and FTO gene polymorphisms. *Annals of human biology*. 2019;46(5):425-429.
30. Galeeva A.R., Khusnutdinova E.K., Slominsky P.A. et al. Distribution of the 32 bp deletion in the CCR5 chemokine receptor gene in populations of the Volga-Ural region. *Russ J Genet*. 1998;34(8):976-978.
31. Zhivotovsky L.A., Akhmetova V.L., Fedorova S.A. et al. An STR database on the Volga-Ural population. *Forensic Sci Int Genet*. 2009;3(4):e133-e136.
32. Bondarenko E.A., Shadrina M.I., Grishkina M.N. et al. Genetic Analysis of BDNF, GNB3, MTHFR, ACE and APOE Variants in Major and Recurrent Depressive Disorders in Russia. *International journal of medical sciences*. 2016;13(12):977-983.
33. Chistiakov D.A., voron'ko O.E., Savost'ianov K.V. et al. Polymorphic markers of endothelial NO-synthase and angiotensin II vascular receptor genes and predisposition to ischemic heart disease. *Russ J Genet*. 2000;36(12):1440-1444.
34. Kazantseva A., Gaysina D., Malykh S. et al. The role of dopamine transporter (SLC6A3) and dopamine D2 receptor/ankyrin repeat and kinase domain containing 1 (DRD2/ANKK1) gene polymorphisms in personality traits. *Progress in neuro-psychopharmacology & biological psychiatry*. 2011;35(4):1033-1040.
35. Ryabov G.S., Kazennova E.V., Bobkova M.R. et al. Prevalence of alleles associated with HIV resistance in Russia. *Genetic testing*. 2004;8(1):73-76.
36. Zhivotovsky L.A., Malyarchuk B.A., Derenko M.V. et al. Developing STR databases on structured populations: the native South Siberian population versus the Russian population. *Forensic Sci Int Genet*. 2009;3(4):e111-e116.
37. Васильева Т.А., Петрова Н.В., Тимковская Е.Е. et al. Медико-генетическое изучение населения Республики Татарстан. Сообщение VI. Популяционно-генетическое изучение этногеографических групп татар (анализ девяти полиморфных ДНК-локусов ядерного генома). *Медицинская генетика*. 2013;12(5):3-20.
38. Bermisheva M.A., Petrova N.V., Zinchenko R.A. et al. Population study of the Udmurt population: analysis of ten polymorphic DNA loci of the nuclear genome. *Russ J Genet*. 2007;43(5):563-578.
39. Coto-Segura P., Coto E., Mas-Vidal A. et al. Influence of endothelial nitric oxide synthase polymorphisms in psoriasis risk. *Archives of dermatological research*. 2011;303(6):445-449.
40. Fiuza-Luces C., Ruiz J.R., Rodriguez-Romo G. et al. Is the ACE I/D polymorphism associated with extreme longevity? A study on a Spanish cohort. *Journal of the renin-angiotensin-aldosterone system*: JRAAS. 2011;12(3):202-207.
41. Lareu M.V., Phillips C.P., Carracedo A. et al. Investigation of the STR locus HUMTH01 using PCR and two electrophoresis formats: UK and Galician Caucasian population surveys and usefulness in paternity investigations. *Forensic science international*. 1994;66(1):41-52.
42. Otaegui D., Ruiz-Martinez J., Olaskoaga J. et al. Influence of CCR5-Delta32 genotype in Spanish population with multiple sclerosis. *Neurogenetics*. 2007;8(3):201-205.
43. Saiz P.A., Garcia-Portilla M.P., Arango C. et al. Genetic polymorphisms in the dopamine-2 receptor (DRD2), dopamine-3 receptor (DRD3), and dopamine transporter (SLC6A3) genes in schizophrenia: Data from an association study. *Progress in neuro-psychopharmacology & biological psychiatry*. 2010;34(1):26-31.
44. Al Balwi M.A., Hadadi A.I., Alharbi W. et al. Analysis of CCR5 gene polymorphisms in 321 healthy Saudis using Next Generation Sequencing. *Human immunology*. 2017;78(4):384-386.
45. Al Obaidli A., Sabbagh A., Pravin S. et al. Present day inbreeding does not forbid the forensic utility of commonly explored STR loci: a case study of native Qataris. *Forensic science international*. 2009;4(1):e11-e13.

46. Alfadhli S., Kharrat N.J., Al Tememy B. et al. Susceptible and protective endothelial nitric oxide synthase gene polymorphism in alopecia areata in the Kuwaiti population. *Autoimmunity*. 2008;41(7):522-525.
47. El Tarras A.E., Alsulaimani A.A., Awad N.S. et al. Association study between the dopamine-related candidate gene polymorphisms and ADHD among Saudi Arabia population via PCR technique. *Molecular biology reports*. 2012;39(12):11081-11086.
48. Habibullah M., Akter F., Qin X. et al. Association between Angiotensin-Converting Enzyme- Insertion/Deletion Polymorphism and Diabetes Mellitus-2 in Saudi Population. *Asian Pacific journal of cancer prevention: APJCP*. 2021;22(1):119-123.
49. Devendran A., Nampoothiri S., Shewade D.G. et al. Allele, Genotype and Haplotype Structures of Functional Polymorphic Variants in Endothelial Nitric Oxide Synthase (eNOS), Angiotensinogen (ACE) and Aldosterone Synthase (CYP11B2) Genes in Healthy Pregnant Women of Indian Ethnicity. *Journal of reproduction & infertility*. 2015;16(4):180-192.
50. Gao Y., Zhang Z., Wang Z. et al. Genetic data of 15 STR forensic loci in eastern Chinese population. *Forensic science international*. 2005;154(1):78-80.
51. Li T., Yang L., Wiese C. et al. No association between alleles or genotypes at the dopamine transporter gene and schizophrenia. *Psychiatry research*. 1994;52(1):17-23.
52. Wang F.S., Hong W.G., Cao Y. et al. Population survey of CCR5 delta32, CCR5 m303, CCR2b 64I, and SDF1 3'A allele frequencies in indigenous Chinese healthy individuals, and in HIV-1-infected and HIV-1-uninfected individuals in HIV-1 risk groups. *Journal of acquired immune deficiency syndromes*. 2003;32(2):124-130.
53. Bhaskar L.V., Thangaraj K., Wasnik S. et al. Dopamine transporter (DAT1) VNTR polymorphism and alcoholism in two culturally different populations of south India. *The American journal on addictions*. 2012;21(4):343-347.
54. Gupta A., Padh H. Analysis of CCR5 and SDF-1 genetic variants and HIV infection in Indian population. *International journal of immunogenetics*. 2015;42(4):270-278.
55. Munshi A., Rajeshwar K., Kaul S. et al. VNTR polymorphism in intron 4 of the eNOS gene and the risk of ischemic stroke in a South Indian population. *Brain research bulletin*. 2010;82(5-6):247-250.
56. Panneerchelvam S., Vanaja N., Baskar D. et al. Distribution of alleles of 12 STR loci in Tamil population (south India). *Forensic science international*. 2001;119(1):126-128.
57. Banoei M.M., Chaleshtori M.H., Sanati M.H. et al. Variation of DAT1 VNTR alleles and genotypes among old ethnic groups in Mesopotamia to the Oxus region. *Human biology*. 2008;80(1):73-81.
58. Farbood Z., Sabeti A.A., Nejatizadeh A. et al. Endothelial Nitric Oxide Synthase Gene Polymorphisms (-922A>G, -786T>C, Intron 4 b/a VNTR and 894 G>T) and Essential Hypertension: An Association Study with Haplotypes Analysis. *Biochemical genetics*. 2020;58(4):518-532.
59. Ghorbani E., Mohammadi M., Malakouti S.K. et al. Association of ACE Gene Insertion/Deletion Polymorphism with Suicidal Attempt in an Iranian Population. *Biochemical genetics*. 2021;59(1):31-41.
60. Shepard E.M., Herrera R.J. Iranian STR variation at the fringes of biogeographical demarcation. *Forensic science international*. 2006;158(2-3):140-148.
61. Tajbakhsh A., Fazeli M., Rezaee M. et al. Prevalence of CCR5delta32 in Northeastern Iran. *BMC medical genetics*. 2019;20(1):184.
62. Liu H., Nakayama E.E., Theodorou I. et al. Polymorphisms in CCR5 chemokine receptor gene in Japan. *International journal of immunogenetics*. 2007;34(5):325-335.
63. Nakatome M., Honda K., Islam M.N. et al. Amplification of DAT1 (human dopamine transporter gene) 3' variable region in the Japanese population. *Human heredity*. 1995;45(5):262-265.
64. Takahashi M., Kato Y., Miyakawa G. et al. Allele detection and population study in Japanese using two STR loci (CYP19 and HUMTH01). *International journal of legal medicine*. 1996;108(6):321-322.
65. Tobina T., Michishita R., Yamasawa F. et al. Association between the angiotensin I-converting enzyme gene insertion/deletion polymorphism and endurance running speed in Japanese runners. *The journal of physiological sciences: JPS*. 2010;60(5):325-330.
66. Cho N.S., Hwang J.H., Lee Y.A. et al. Population genetics of nine STR loci: TH01, TPOX, CSF1PO, vWA, FESFPS, F13A01, D13S317, D7S820 and D16S539 in a Korean population. *Forensic science international*. 2003;137(1):97-99.
67. Jeong S.H., Joo E.J., Ahn Y.M. et al. Association study of dopamine transporter gene and schizophrenia in Korean population using multiple single nucleotide polymorphism markers. *Progress in neuro-psychopharmacology & biological psychiatry*. 2004;28(6):975-983.
68. Jia Z., Zhang X., Kang S. et al. Association of endothelial nitric oxide synthase gene polymorphisms with type 2 diabetes mellitus: a meta-analysis. *Endocrine journal*. 2013;60(7):893-901.
69. Kang S.W., Han S.Y., Lim S.B. et al. ACE insertion/deletion polymorphism is associated with periodontal disease in Korean population. *Archives of oral biology*. 2015;60(3):496-500.
70. Oh M.D., Kim S.S., Kim E.Y. et al. The frequency of mutation in CCR5 gene among Koreans. *International journal of STD & AIDS*. 2000;11(4):266-267.
71. Choi E.J., Park K.W., Lee Y.H. et al. Forensic and population genetic analyses of the GlobalFiler STR loci in the Mongolian population. *Genes & Genomics*. 2017;39(4):423-431.
72. Gui-yan W., Yan-hua W., Qun X. et al. Associations between RAS Gene polymorphisms, environmental factors and hypertension in Mongolian people. *European journal of epidemiology*. 2006;21(4):287-292.
73. Qi G., Yin S., Zhang G. et al. Genetic and epigenetic polymorphisms of eNOS and CYP2D6 in mainland Chinese Tibetan, Mongolian, Uyghur, and Han populations. *The pharmacogenomics journal*. 2020;20(1):114-125.
74. Alvi F.M., Hasnain S. ACE I/D and G2350A polymorphisms in Pakistani hypertensive population of Punjab. *Clinical and experimental hypertension (New York, N.Y.: 1993)*. 2009;31(5):471-480.
75. Ayub H., Khan M.I., Micheal S. et al. Association of eNOS and HSP70 gene polymorphisms with glaucoma in Pakistani cohorts. *Molecular vision*. 2010;16:18-25.
76. Qadeer M.I., Amar A., Mann J.J. et al. Polymorphisms in dopaminergic system genes; association with criminal behavior and self-reported aggression in violent prison inmates from Pakistan. *PloS one*. 2017;12(6):e0173571.
77. Rakha A., Yu B., Hadi S. et al. Population genetic data on 15 autosomal STRs in a Pakistani population sample. *Legal medicine (Tokyo, Japan)*. 2009;11(6):305-307.
78. Aladag E., Tas Z., Ozdemir B.S. et al. Human Ace D/I Polymorphism Could Affect the Clinicobiological Course of COVID-19. *Journal of the renin-angiotensin-aldosterone system: JRAAS*. 2021;2021:5509280.

79. Degerli N., Yilmaz E., Bardakci F. The delta 32 allele distribution of the CCR5 gene and its relationship with certain cancers in a Turkish population. *Clinical biochemistry*. 2005; 38(3): 248-252.
80. Ozkan M., Gunay N., Sener E.F. et al. Variants in TNF and NOS3 (eNOS) genes associated with sepsis in adult patients. *The journal of gene medicine*. 2021;23(4):e3323.
81. Tokdemir M., Tuncel F.T., Vicdanli N.H. Population Genetic data for 15 Autosomal STR markers in Eastern Turkey. *Gene*. 2016;586(1):36-40.
82. Uzun M., Saglar E., Kucukyildirim S. et al. Association of VNTR polymorphisms in DRD4, 5-HTT and DAT1 genes with obesity. *Archives of physiology and biochemistry*. 2015;121(2):75-79.
83. Al Harbi E.M., Farid E.M., Gumaa K.A. et al. Genotypes and allele frequencies of angiotensin-converting enzyme (ACE) insertion/deletion polymorphism among Bahraini population with type 2 diabetes mellitus and related diseases. *Molecular and cellular biochemistry*. 2012;362(1-2):219-223.
84. Kang A.M., Palmatier M.A., Kidd K.K. Global variation of a 40-bp VNTR in the 3'-untranslated region of the dopamine transporter gene (SLC6A3). *Biological psychiatry*. 1999;46(2):151-160.
85. Kowalski T.W., Fraga L.R., Tovo-Rodrigues L. et al. New Findings in eNOS gene and Thalidomide Embryopathy Suggest pre-transcriptional effect variants as susceptibility factors. *Scientific reports*. 2016;6:23404.
86. Melo G., Uscanga K., Lopez-Armenta M. et al. Use of Investigator 24plex GO! To analyse allele frequencies of 21 autosomal STRs in the population of Veracruz state, Mexico. *Annals of human biology*. 2022;49(2):164-169.
87. Budowle B., Chidambaram A., Strickland L. et al. Population studies on three Native Alaska population groups using STR loci. *Forensic science international*. 2002;129(1):51-57.
88. Mendizabal-Ruiz A.P., Morales J., Castro M., X et al. RAS polymorphisms in cancerous and benign breast tissue. *Journal of the renin-angiotensin-aldosterone system : JRAAS*. 2011;12(2):85-92.
89. Tanus-Santos J.E., Desai M., Flockhart D.A. Effects of ethnicity on the distribution of clinically relevant endothelial nitric oxide variants. *Pharmacogenetics*. 2001;11(8):719-725.
90. Gamil S., Erdmann J., Abdalrahman I.B. et al. Association of NOS3 gene polymorphisms with essential hypertension in Sudanese patients: a case control study. *BMC medical genetics*. 2017;18(1):128.
91. Steinlechner M., Schmidt K., Kraft H.G. et al. Gabon black population data on the ten short tandem repeat loci D3S1358, VWA, D16S539, D2S1338, D8S1179, D21S11, D18S51, D19S433, TH01 and FGA. *International journal of legal medicine*. 2002;116(3):176-178.
92. Sukhodol'skaia E.M., Vasil'ev V.A., Shibalev D.V. et al. The 3'-UTR polymorphism of dopamine transporter gene in hadza and datoga males. *Mol. Boil*. 2014;48(2):254-257.
93. Benjafeld A.V., Morris B.J. Association analyses of endothelial nitric oxide synthase gene polymorphisms in essential hypertension. *American journal of hypertension*. 2000;13(9):994-998.
94. Duffy D.L., McDonald S.P., Hayhurst B. et al. Familial aggregation of albuminuria and arterial hypertension in an Aboriginal Australian community and the contribution of variants in ACE and TP53. *BMC nephrology*. 2016;17(1):183.
95. Gelernter J., Kranzler H., Lacobelle J. Population studies of polymorphisms at loci of neuropsychiatric interest (tryptophan hydroxylase (TPH), dopamine transporter protein (SLC6A3), D3 dopamine receptor (DRD3), apolipoprotein E (APOE), mu opioid receptor (OPRM1), and ciliary neurotrophic factor (CNTF)). *Genomics*. 1998;52(3):289-297.
96. Дзини С. Возникновение, формирование и динамика развития итальянского населения Крыма XIX-XXI вв.: дисс. на соискание учёной степени канд. ист. наук: 033.03.02: защищена 08.02.22: утв. 05.07.22. — М., 2022. — 184 с.
97. Giannattasio S., Dianzani I., Lattanzio P. et al. Genetic heterogeneity in five Italian regions: analysis of PAH mutations and minihaplotypes. *Human heredity*. 2001;52(3):154-159.
98. Tofanelli S., Taglioli L., Varesi L. et al. Genetic history of the population of Corsica (western Mediterranean) as inferred from autosomal STR analysis. *Human biology*. 2004;76(2):229-251.
99. Загоровский Е. А. Отношение России и Италии в XIX веке / Загоровский Е. А. Записки императорского одесского общества истории и древностей. Одесса. 1919; 33: 41-58.
100. ГКУ РК. Ф. 27. Оп. 7. Том 1. Л. 1-37. (Архивная инвентаризация. Таврическое Губернское правление. Дела 3-ого и 5-ого стола иностранно-подданных. Годы 1831-1860).
101. ГКУ РК. Ф. 27. Оп. 7. Том 2. Л. 1-169. (Архивная инвентаризация. Таврическое Губернское правление. Дела 3-ого и 5-ого стола иностранно-подданных. Годы 1860-1902).
102. ГКУ РК. Ф. 27. Оп. 7. Том 3. Л. 1-196. (Архивная инвентаризация. Таврическое Губернское правление. Дела 3-ого и 5-ого стола иностранно-подданных. Годы 1902-1914).
103. ГКУ РК. Ф. 27. Оп. 7. Том 4. Л. 1-83. (Архивная инвентаризация. Таврическое Губернское правление. Дела 3-ого и 5-ого стола иностранно-подданных. Год 1914).
104. Холева И., Николич А., Пфаф В., Померанцев Д. Объявления Керчь-Еникальского градоначальства. Полицейский листок. Официальная газета Керчь-Еникальского градоначальства. Керчь: 5-го января 1858 г. — 28-го декабря 1858 г.
105. Дзини С., Хохлов Н.В. Анализ фамилий представителей современной этнической группы итальянцев Крыма и их предков в качестве квазигенетических маркеров. *Вестник антропологии*. 2023; 2:308-324.

References

1. Pisarevskij G.G. Izbrannye proizvedeniya po istorii inostranno kolonizatsii [Selected works on the history of foreign colonization]. Moskva: ZAO «MSNK-press», 2011. P. 90-106, 117. (In Russ.)
2. Zarubin A.G., Zarubin V.G. Bez pobeditelej: Iz istorii Grazhdanskoj vojny v Krymu. 2e izd., ispr. i dop. [Without winners: From the history of the Civil War in Crimea. 2nd ed., rev. and add.].— Simferopol': Antikva. 2008. P. 272. (In Russ.)
3. Ukaz Prezidenta Rossijskoj Federacii ot 12.09.2015 g. N 458. [Decree of the President of the Russian Federation dated September 12, 2015 N 458]. Available at: <http://kremlin.ru/acts/bank/38356> (In Russ.)
4. World Medical Association. World Medical Association Declaration of Helsinki: ethical principles for medical research involving human subjects. *JAMA*. 2013;310(20):2191-4. doi: 10.1001/jama.2013.281053.
5. Akhmetova, V.L., Khusainova, R.I., Yuryev, E.B. et al. Analysis of polymorphism at nine nuclear genome DNA loci in Maris. *Russ J Genet*. 2006; 42:192-207. <https://doi.org/10.1134/S102279540602013X>
6. Nei M. Genetic distances between populations. *Am. Nat*. 1972;106:283-292.

7. Nei M., Tajima F., Tateno Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. II. Gene frequency data. *Journal of molecular evolution*. 1983;19(2):153-170.
8. Sneath P.H., Sokal, R.R. *Numerical Taxonomy: The Principles and Practice of Numerical Classification*. 1st Edition, W. H. Freeman, San Francisco. 1973.
9. Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic tree. *Mol. Biol. Evol.* 1987; 4:406-425.
10. Devic P.S., Ristic S., Flego V. et al. Angiotensin-converting enzyme insertion/deletion gene polymorphism in lung cancer patients. *Genetic testing and molecular biomarkers*. 2012;16(7):722-725.
11. Jelas I.G., Devic I., Karlovic D. Cloninger's temperament and character dimensions and dopaminergic genes: DAT1 VNTR and COMT Val158Met polymorphisms. *Psychiatria Danubina*. 2018;30(1):47-56.
12. Marjanovic D., Bakal N., Pojskic N. et al. Allele frequencies for 15 short tandem repeat loci in a representative sample of Bosnians and Herzegovinians. *Forensic science international*. 2006;156(1):79-81.
13. Ristic S., Starcevic Cizmarevi N., Brajenovic-Milic B. et al. Frequency of CCR5 gene 32-basepair deletion in Croatian normal population. *Croatian medical journal*. 2005;46(4):693-694.
14. Zeljko H.M., Skaric-Juric T., Narancic N.S. et al. E2 allele of the apolipoprotein E gene polymorphism is predictive for obesity status in Roma minority population of Croatia. *Lipids in health and disease*. 2011;10:9.
15. Hubacek J.A., Dusek L., Majek O. et al. ACE I/D polymorphism in Czech first-wave SARS-CoV-2-positive survivors. *Clinica chimica acta; international journal of clinical chemistry*. 2021;519:206-209.
16. Hubacek J.A., Dusek L., Majek O. et al. CCR5Delta32 deletion as a protective factor in Czech first-wave COVID-19 subjects. *Physiological research*. 2021;70(1):111-115.
17. Schuller M., Stelcl M., Rybníček O. et al. The eNOS gene in allergic Czech children. *Allergy*. 2002;57(4):368-369.
18. Sery O., Paclt I., Drtilkova I. et al. A 40-bp VNTR polymorphism in the 3'-untranslated region of DAT1/SLC6A3 is associated with ADHD but not with alcoholism. *Behavioral and brain functions* : BBF. 2015;11:21.
19. Simkova H., Faltus V., Marvan R. et al. Allele frequency data for 17 short tandem repeats in a Czech population sample. *Forensic science international*. *Forensic Sci Int Genet*. 2009;4(1):e15-e17.
20. Barath A., Endreffy E., Bereczki C. et al. Endothelin-1 gene and endothelial nitric oxide synthase gene polymorphisms in adolescents with juvenile and obesity-associated hypertension. *Acta physiologica Hungarica*. 2007;94(1-2):49-66.
21. Feher A., Juhasz A., Pakaski M. et al. Association between the 9 repeat allele of the dopamine transporter 40 bp variable tandem repeat polymorphism and Alzheimer's disease. *Psychiatry research*. 2014;220(1-2):730-731.
22. Fialat S., Szigethy E., Szeles G. et al. Insertion/deletion polymorphism of angiotensin-I converting enzyme is associated with metabolic syndrome in Hungarian adults. *Journal of the renin-angiotensin-aldosterone system* : JRAAS. 2011;12(4):531-538.
23. Furedi S., Woller J., Padar Z. Hungarian population data for the STR systems TH01 and VWA. *International journal of legal medicine*. 1995;108(1):48-49.
24. Juhasz E., Beres J., Kanizsai S. et al. The Consequence of a Founder Effect: CCR5-del32, CCR2-64I and SDF1-3'A Polymorphism in Vlach Gypsy Population in Hungary. *Pathology oncology research* : POR. 2012;18(2):177-182.
25. Devendran A., Nampoothiri S., Shewade D.G. et al. Allele, Genotype and Haplotype Structures of Functional Polymorphic Variants in Endothelial Nitric Oxide Synthase (eNOS), Angiotensinogen (ACE) and Aldosterone Synthase (CYP11B2) Genes in Healthy Pregnant Women of Indian Ethnicity. *Journal of reproduction & infertility*. 2015;16(4):180-192.
26. Hadi F., Dato S., Carpi F.M. et al. A genetic-demographic approach reveals a gender-specific association of SLC6A3/DAT1 40bp-VNTR with life-expectancy. *Biogerontology*. 2015;16(3):365-373.
27. Martinson J.J., Chapman N.H., Rees D.C. et al. Global distribution of the CCR5 gene 32-basepair deletion. *Nature genetics*. 1997;16(1):100-103.
28. Pastore L., Vuttariello E., Sarrantonio C. et al. Allele frequency distributions at several variable number of tandem repeat (VNTR) and short tandem repeat (STR) loci in a restricted Caucasian population from south Italy and their evaluation for paternity and forensic use. *Molecular and cellular probes*. 1996;10(4):299-308.
29. Santovito A., Galli G., Ruberto S. Evaluation of the possible association of body mass index and four metabolic gene polymorphisms with longevity in an Italian cohort: a role for APOE, eNOS and FTO gene polymorphisms. *Annals of human biology*. 2019;46(5):425-429.
30. Galeeva A.R., Khusnutdinova E.K., Slominsky P.A. et al. Distribution of the 32 bp deletion in the CCR5 chemokine receptor gene in populations of the Volga-Ural region. *Russ J Genet*. 1998;34(8):976-978.
31. Zhivotovsky L.A., Akhmetova V.L., Fedorova S.A. et al. An STR database on the Volga-Ural population. *Forensic Sci Int Genet*. 2009;3(4):e133-e136.
32. Bondarenko E.A., Shadrina M.I., Grishkina M.N. et al. Genetic Analysis of BDNF, GNB3, MTHFR, ACE and APOE Variants in Major and Recurrent Depressive Disorders in Russia. *International journal of medical sciences*. 2016;13(12):977-983.
33. Chistiakov D.A., voron'ko O.E., Savost'ianov K.V. et al. Polymorphic markers of endothelial NO-synthase and angiotensin II vascular receptor genes and predisposition to ischemic heart disease. *Russ J Genet*. 2000;36(12):1440-1444.
34. Kazantseva A., Gaysina D., Malykh S. et al. The role of dopamine transporter (SLC6A3) and dopamine D2 receptor/ankyrin repeat and kinase domain containing 1 (DRD2/ANKK1) gene polymorphisms in personality traits. *Progress in neuro-psychopharmacology & biological psychiatry*. 2011;35(4):1033-1040.
35. Ryabov G.S., Kazennova E.V., Bobkova M.R. et al. Prevalence of alleles associated with HIV resistance in Russia. *Genetic testing*. 2004;8(1):73-76.
36. Zhivotovsky L.A., Malyarchuk B.A., Derenko M.V. et al. Developing STR databases on structured populations: the native South Siberian population versus the Russian population. *Forensic Sci Int Genet*. 2009;3(4):e111-e116.
37. Vasilyeva T.A., Petrova N.V., Timkovskaya E.E. et al. Mediko-geneticheskoye izucheniye naseleniya Respubliki Tatarstan. Soobshcheniye VI. Populyatsionno-geneticheskoye izucheniye etnogeograficheskikh grupp tatar (analiz devyati polimorfnykh DNK-lokusov yadernogo genoma) [Medical genetic study of the population of the Republic of Tatarstan. VI. Population genetic study of ethnogeographical groups of Tatars (analysis of nine polymorphic DNA loci of the nuclear genome)]. *Meditsinskaya genetika* [Medical genetics]. 2013;12(5):3-20. (In Russ.)

38. Bermisheva M.A., Petrova N.V., Zinchenko R.A. et al. Population study of the Udmurt population: analysis of ten polymorphic DNA loci of the nuclear genome. *Russ J Genet.* 2007;43(5):563-578.
39. Coto-Segura P., Coto E., Mas-Vidal A. et al. Influence of endothelial nitric oxide synthase polymorphisms in psoriasis risk. *Archives of dermatological research.* 2011;303(6):445-449.
40. Fiuza-Luces C., Ruiz J.R., Rodriguez-Romo G. et al. Is the ACE I/D polymorphism associated with extreme longevity? A study on a Spanish cohort. *Journal of the renin-angiotensin-aldosterone system: JRAAS.* 2011;12(3):202-207.
41. Lareu M.V., Phillips C.P., Carracedo A. et al. Investigation of the STR locus HUMTH01 using PCR and two electrophoresis formats: UK and Galician Caucasian population surveys and usefulness in paternity investigations. *Forensic science international.* 1994;66(1):41-52.
42. Otaegui D., Ruiz-Martinez J., Olaskoaga J. et al. Influence of CCR5-Delta32 genotype in Spanish population with multiple sclerosis. *Neurogenetics.* 2007;8(3):201-205.
43. Saiz P.A., Garcia-Portilla M.P., Arango C. et al. Genetic polymorphisms in the dopamine-2 receptor (DRD2), dopamine-3 receptor (DRD3), and dopamine transporter (SLC6A3) genes in schizophrenia: Data from an association study. *Progress in neuro-psychopharmacology & biological psychiatry.* 2010;34(1):26-31.
44. Al Balwi M.A., Hadadi A.I., Alharbi W. et al. Analysis of CCR5 gene polymorphisms in 321 healthy Saudis using Next Generation Sequencing. *Human immunology.* 2017;78(4):384-386.
45. Al Obaidli A., Sabbagh A., Pravin S. et al. Present day inbreeding does not forbid the forensic utility of commonly explored STR loci: a case study of native Qataris. *Forensic science international. Genetics.* 2009;4(1):e11-e13.
46. Alfadhli S., Kharrat N.J., Al Tememy B. et al. Susceptible and protective endothelial nitric oxide synthase gene polymorphism in alopecia areata in the Kuwaiti population. *Autoimmunity.* 2008;41(7):522-525.
47. El Tarras A.E., Alsulaimani A.A., Awad N.S. et al. Association study between the dopamine-related candidate gene polymorphisms and ADHD among Saudi Arabia population via PCR technique. *Molecular biology reports.* 2012;39(12):11081-11086.
48. Habibullah M., Akter F., Qin X. et al. Association between Angiotensin-Converting Enzyme- Insertion/Deletion Polymorphism and Diabetes Mellitus-2 in Saudi Population. *Asian Pacific journal of cancer prevention: APJCP.* 2021;22(1):119-123.
49. Devendran A., Nampoothiri S., Shewade D.G. et al. Allele, Genotype and Haplotype Structures of Functional Polymorphic Variants in Endothelial Nitric Oxide Synthase (eNOS), Angiotensinogen (ACE) and Aldosterone Synthase (CYP11B2) Genes in Healthy Pregnant Women of Indian Ethnicity. *Journal of reproduction & infertility.* 2015;16(4):180-192.
50. Gao Y., Zhang Z., Wang Z. et al. Genetic data of 15 STR forensic loci in eastern Chinese population. *Forensic science international.* 2005;154(1):78-80.
51. Li T., Yang L., Wiese C. et al. No association between alleles or genotypes at the dopamine transporter gene and schizophrenia. *Psychiatry research.* 1994;52(1):17-23.
52. Wang F.S., Hong W.G., Cao Y. et al. Population survey of CCR5 delta32, CCR5 m303, CCR2b 64I, and SDF1 3'A allele frequencies in indigenous Chinese healthy individuals, and in HIV-1-infected and HIV-1-uninfected individuals in HIV-1 risk groups. *Journal of acquired immune deficiency syndromes.* 2003;32(2):124-130.
53. Bhaskar L.V., Thangaraj K., Wasnik S. et al. Dopamine transporter (DAT1) VNTR polymorphism and alcoholism in two culturally different populations of south India. *The American journal on addictions.* 2012;21(4):343-347.
54. Gupta A., Padh H. Analysis of CCR5 and SDF-1 genetic variants and HIV infection in Indian population. *International journal of immunogenetics.* 2015;42(4):270-278.
55. Munshi A., Rajeshwar K., Kaul S. et al. VNTR polymorphism in intron 4 of the eNOS gene and the risk of ischemic stroke in a South Indian population. *Brain research bulletin.* 2010;82(5-6):247-250.
56. Panneerchelvam S., Vanaja N., Baskar D. et al. Distribution of alleles of 12 STR loci in Tamil population (south India). *Forensic science international.* 2001;119(1):126-128.
57. Banoei M.M., Chaleshtori M.H., Sanati M.H. et al. Variation of DAT1 VNTR alleles and genotypes among old ethnic groups in Mesopotamia to the Oxus region. *Human biology.* 2008;80(1): 73-81.
58. Farbood Z., Sabeti A.A., Nejatizadeh A. et al. Endothelial Nitric Oxide Synthase Gene Polymorphisms (-922A>G, -786T>C, Intron 4 b/a VNTR and 894 G>T) and Essential Hypertension: An Association Study with Haplotypes Analysis. *Biochemical genetics.* 2020;58(4):518-532.
59. Ghorbani E., Mohammadi M., Malakouti S.K. et al. Association of ACE Gene Insertion/Deletion Polymorphism with Suicidal Attempt in an Iranian Population. *Biochemical genetics.* 2021;59(1):31-41.
60. Shepard E.M., Herrera R.J. Iranian STR variation at the fringes of biogeographical demarcation. *Forensic science international.* 2006;158(2-3):140-148.
61. Tajbakhsh A., Fazeli M., Rezaee M. et al. Prevalence of CCR5delta32 in Northeastern Iran. *BMC medical genetics.* 2019;20(1):184.
62. Liu H., Nakayama E.E., Theodorou I. et al. Polymorphisms in CCR5 chemokine receptor gene in Japan. *International journal of immunogenetics.* 2007;34(5):325-335.
63. Nakatome M., Honda K., Islam M.N. et al. Amplification of DAT1 (human dopamine transporter gene) 3' variable region in the Japanese population. *Human heredity.* 1995;45(5):262-265.
64. Takahashi M., Kato Y., Miyakawa G. et al. Allele detection and population study in Japanese using two STR loci (CYP19 and HUMTH01). *International journal of legal medicine.* 1996;108(6):321-322.
65. Tobina T., Michishita R., Yamasawa F. et al. Association between the angiotensin I-converting enzyme gene insertion/deletion polymorphism and endurance running speed in Japanese runners. *The journal of physiological sciences: JPS.* 2010;60(5): 325-330.
66. Cho N.S., Hwang J.H., Lee Y.A. et al. Population genetics of nine STR loci: TH01, TPOX, CSF1PO, vWA, FESFPS, F13A01, D13S317, D7S820 and D16S539 in a Korean population. *Forensic science international.* 2003;137(1):97-99.
67. Jeong S.H., Joo E.J., Ahn Y.M. et al. Association study of dopamine transporter gene and schizophrenia in Korean population using multiple single nucleotide polymorphism markers. *Progress in neuro-psychopharmacology & biological psychiatry.* 2004;28(6):975-983.
68. Jia Z., Zhang X., Kang S. et al. Association of endothelial nitric oxide synthase gene polymorphisms with type 2 diabetes mellitus: a meta-analysis. *Endocrine journal.* 2013;60(7):893-901.
69. Kang S.W., Han S.Y., Lim S.B. et al. ACE insertion/deletion polymorphism is associated with periodontal disease in Korean population. *Archives of oral biology.* 2015;60(3):496-500.

70. Oh M.D., Kim S.S., Kim E.Y. et al. The frequency of mutation in CCR5 gene among Koreans. *International journal of STD & AIDS*. 2000;11(4):266-267.
71. Choi E.J., Park K.W., Lee Y.H. et al. Forensic and population genetic analyses of the GlobalFiler STR loci in the Mongolian population. *Genes & Genomics*. 2017;39(4):423-431.
72. Gui-yan W., Yan-hua W., Qun X. et al. Associations between RAS Gene polymorphisms, environmental factors and hypertension in Mongolian people. *European journal of epidemiology*. 2006;21(4):287-292.
73. Qi G., Yin S., Zhang G. et al. Genetic and epigenetic polymorphisms of eNOS and CYP2D6 in mainland Chinese Tibetan, Mongolian, Uyghur, and Han populations. *The pharmacogenomics journal*. 2020;20(1):114-125.
74. Alvi F.M., Hasnain S. ACE I/D and G2350A polymorphisms in Pakistani hypertensive population of Punjab. *Clinical and experimental hypertension (New York, N.Y.: 1993)*. 2009;31(5):471-480.
75. Ayub H., Khan M.I., Micheal S. et al. Association of eNOS and HSP70 gene polymorphisms with glaucoma in Pakistani cohorts. *Molecular vision*. 2010;16:18-25.
76. Qadeer M.I., Amar A., Mann J.J. et al. Polymorphisms in dopaminergic system genes; association with criminal behavior and self-reported aggression in violent prison inmates from Pakistan. *PloS one*. 2017;12(6):e0173571.
77. Rakha A., Yu B., Hadi S. et al. Population genetic data on 15 autosomal STRs in a Pakistani population sample. *Legal medicine (Tokyo, Japan)*. 2009;11(6):305-307.
78. Aladag E., Tas Z., Ozdemir B.S. et al. Human Ace D/I Polymorphism Could Affect the Clinicobiological Course of COVID-19. *Journal of the renin-angiotensin-aldosterone system: JRAAS*. 2021;2021:5509280.
79. Degerli N., Yilmaz E., Bardakci F. The delta 32 allele distribution of the CCR5 gene and its relationship with certain cancers in a Turkish population. *Clinical biochemistry*. 2005;38(3):248-252.
80. Ozkan M., Gunay N., Sener E.F. et al. Variants in TNF and NOS3 (eNOS) genes associated with sepsis in adult patients. *The journal of gene medicine*. 2021;23(4):e3323.
81. Tokdemir M., Tuncel F.T., Vicdanli N.H. Population Genetic data for 15 Autosomal STR markers in Eastern Turkey. *Gene*. 2016;586(1):36-40.
82. Uzun M., Saglar E., Kucukyildirim S. et al. Association of VNTR polymorphisms in DRD4, 5-HTT and DAT1 genes with obesity. *Archives of physiology and biochemistry*. 2015;121(2):75-79.
83. Al Harbi E.M., Farid E.M., Gumaa K.A. et al. Genotypes and allele frequencies of angiotensin-converting enzyme (ACE) insertion/deletion polymorphism among Bahraini population with type 2 diabetes mellitus and related diseases. *Molecular and cellular biochemistry*. 2012;362(1-2):219-223.
84. Kang A.M., Palmatier M.A., Kidd K.K. Global variation of a 40-bp VNTR in the 3'-untranslated region of the dopamine transporter gene (SLC6A3). *Biological psychiatry*. 1999;46(2):151-160.
85. Kowalski T.W., Fraga L.R., Tovo-Rodrigues L. et al. New Findings in eNOS gene and Thalidomide Embryopathy Suggest pre-transcriptional effect variants as susceptibility factors. *Scientific reports*. 2016;6:23404.
86. Melo G., Uscanga K., Lopez-Armenta M. et al. Use of Investigator 24plex GO! To analyse allele frequencies of 21 autosomal STRs in the population of Veracruz state, Mexico. *Annals of human biology*. 2022;49(2):164-169.
87. Budowle B., Chidambaram A., Strickland L. et al. Population studies on three Native Alaska population groups using STR loci. *Forensic science international*. 2002;129(1):51-57.
88. Mendizabal-Ruiz A.P., Morales J., Castro M., X et al. RAS polymorphisms in cancerous and benign breast tissue. *Journal of the renin-angiotensin-aldosterone system: JRAAS*. 2011;12(2):85-92.
89. Tanus-Santos J.E., Desai M., Flockhart D.A. Effects of ethnicity on the distribution of clinically relevant endothelial nitric oxide variants. *Pharmacogenetics*. 2001;11(8):719-725.
90. Gamil S., Erdmann J., Abdalrahman I.B. et al. Association of NOS3 gene polymorphisms with essential hypertension in Sudanese patients: a case control study. *BMC medical genetics*. 2017;18(1):128.
91. Steinlechner M., Schmidt K., Kraft H.G. et al. Gabon black population data on the ten short tandem repeat loci D3S1358, VWA, D16S539, D2S1338, D8S1179, D21S11, D18S51, D19S433, TH01 and FGA. *International journal of legal medicine*. 2002;116(3):176-178.
92. Sukhodol'skaia E.M., Vasil'ev V.A., Shibalev D.V. et al. The 3'-UTR polymorphism of dopamine transporter gene in hadza and datoga males. *Mol. Boil*. 2014;48(2):254-257.
93. Benjafield A.V., Morris B.J. Association analyses of endothelial nitric oxide synthase gene polymorphisms in essential hypertension. *American journal of hypertension*. 2000;13(9):994-998.
94. Duffy D.L., McDonald S.P., Hayhurst B. et al. Familial aggregation of albuminuria and arterial hypertension in an Aboriginal Australian community and the contribution of variants in ACE and TP53. *BMC nephrology*. 2016;17(1):183.
95. Gelernter J., Kranzler H., Lacobelle J. Population studies of polymorphisms at loci of neuropsychiatric interest (tryptophan hydroxylase (TPH), dopamine transporter protein (SLC6A3), D3 dopamine receptor (DRD3), apolipoprotein E (APOE), mu opioid receptor (OPRM1), and ciliary neurotrophic factor (CNTF)). *Genomics*. 1998;52(3):289-297.
96. Zini S. Vozniknovenie, formirovanie i dinamika razvitiya ital'janskogo naselenija Kryma XIX-XXI vv. [The emergence, formation and dynamics of development of the Italian population of Crimea in the 19th-21st centuries]: diss. na soiskanie uchjonoj stepeni kand. ist. nauk: 033.03.02: zashhishhena 08.02.22: utv. 05.07.22. — M., 2022. — 184 P. (In Russ.)
97. Giannattasio S., Dianzani I., Lattanzio P. et al. Genetic heterogeneity in five Italian regions: analysis of PAH mutations and minihaplotypes. *Human heredity*. 2001;52(3):154-159.
98. Tofanelli S., Taglioli L., Varesi L. et al. Genetic history of the population of Corsica (western Mediterranean) as inferred from autosomal STR analysis. *Human biology*. 2004;76(2):229-251.
99. Zagorovskij E. A. Otnoshenie Rossii i Italii v XIX veke / Zagorovskij E. A. Zapiski imperatorskogo odesskogo obshhestva istorii i drevnostej. [The relationship between Russia and Italy in the 19th century / Zagorovsky E. A. Notes of the Imperial Odessa Society of History and Antiquities]. 1919; 33: 41-58. (In Russ.)
100. GKU RK. F. 27. Op. 7. Tom 1. L. 1-37. (Arhivnaja inventarizacija. Tavricheskoe Gubernskoe pravlenie. Dela 3-ogo i 5-ogo stola inostranno-poddannyh. Gody 1831-1860). [GKU RK. F. 27. Op. 7. Volume 1. L. 1-37. (Archival inventory. Tauride Provincial Government. Affairs of the 3rd and 5th tables of foreign subjects. Years 1831-1860)] (In Russ.)
101. GKU RK. F. 27. Op. 7. Tom 2. L. 1-169. (Arhivnaja inventarizacija. Tavricheskoe Gu bernskoe pravlenie. Dela 3-ogo i 5-ogo stola inostranno-poddannyh. Gody 1860-1902) [GKU RK. F. 27. Op. 7. Volume 2. L. 1-169. (Archival inventory. Tauride Gubernian

- government. Affairs of the 3rd and 5th table of foreign subjects. Years 1860-1902)]. (In Russ.)
102. GKU RK. F. 27. Op. 7. Tom 3. L. 1-196. (Arhivnaja inventarizacija. Tavricheskoe Gubernskoe pravlenie. Dela 3-ogo i 5-ogo stola inostranno-poddannyh. Gody 1902-1914) [GKU RK. F. 27. Op. 7. Volume 3. L. 1-196. (Archival inventory. Tauride Provincial Government. Affairs of the 3rd and 5th tables of foreign subjects. Years 1902-1914)]. (In Russ.)
103. GKU RK. F. 27. Op. 7. Tom 4. L. 1-83. (Arhivnaja inventarizacija. Tavricheskoe Gubernskoe pravlenie. Dela 3-ogo i 5-ogo stola inostranno-poddannyh. God 1914). [GKU RK. F. 27. Op. 7. Volume 4. L. 1-83. (Archival inventory. Tauride Provincial Government. Affairs of the 3rd and 5th tables of foreign subjects. Year 1914)]. (In Russ.)
104. Holeva I., Nikolich A., Pfaf V., Pomerancev D. Ob#javlenija Kerch'-Enikal'skogo gradonachal'stva. Policejskij listok. Oficial'naja gazeta Kerch'-Enikal'skogo gradonachal'stva. Kerch': 5-go janvarja 1858 g. — 28-go dekabrja 1858 g. [Announcements of the Kerch-Yenikalsky city administration. Police leaflet. Official newspaper of the Kerch-Yenikalsk city administration. Kerch: January 5, 1858 — December 28, 1858] (In Russ.)
105. Zini S., Khohlov N.V. Analiz familij predstavitelej sovremennoj jetnicheskoy gruppy ital'jancev Kryma i ih predkov v kachestve kvazigeneticheskikh markerov.[An analysis of the surnames of the members of the modern ethnic group of italians of Crimea and their ancestors as quasi-genetic marke].Vestnik antropologii.[Herald of Anthropology] 2023; 2:308-324. (In Russ.)