Временной генетический срез центральноазиатских степей и происхождение скифов

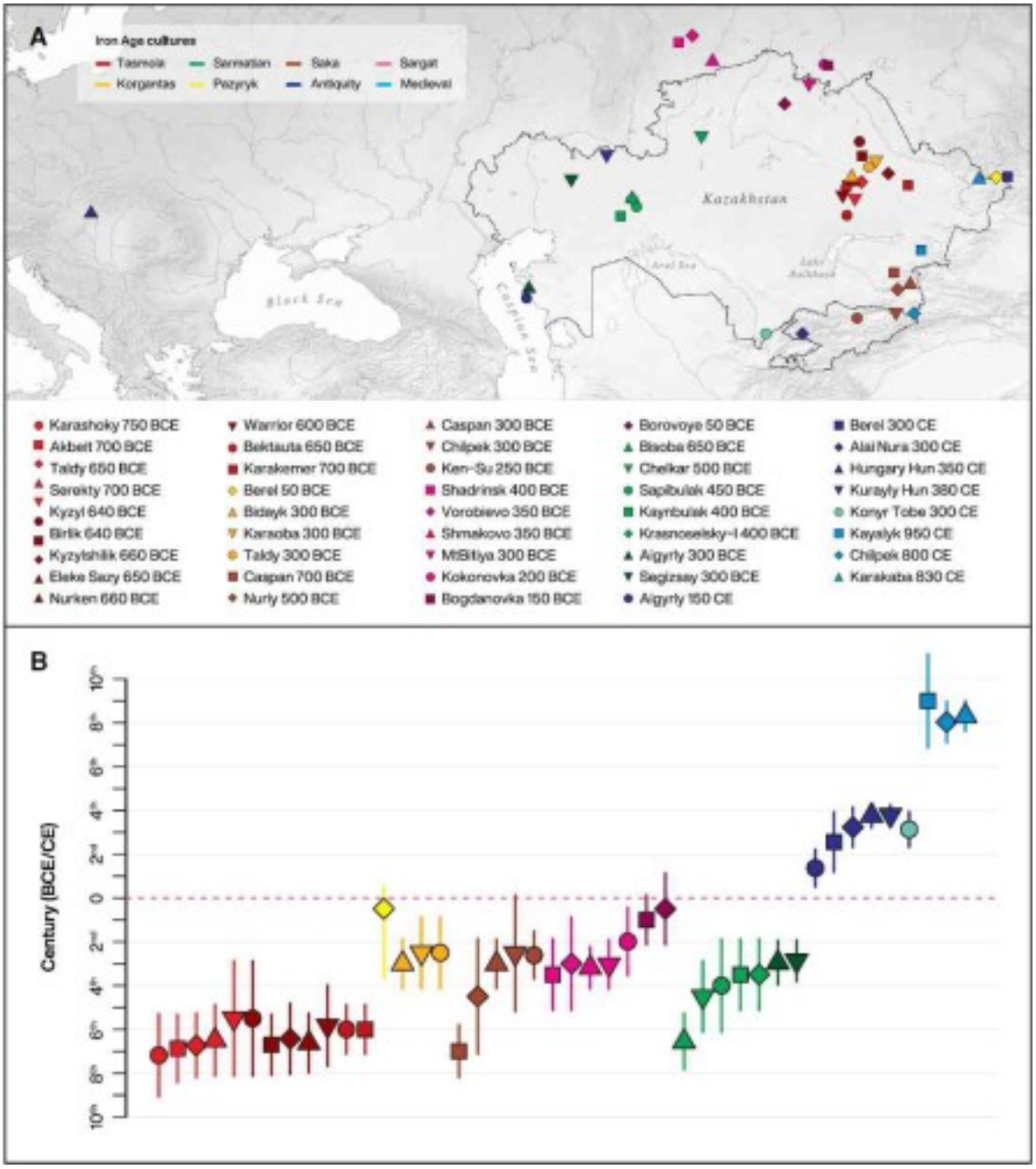
Путем анализа 111 древних геномов от бронзового века до средних веков из центральноазиатских степей специалисты проследили источники формирования групп степных кочевников железного века, которых ассоциируют с культурами скифов. Они выявили эпизоды крупных генетических смешений в позднем бронзовом веке, сформировавших субстрат для двух основных источников генофонда скифов – на Алтае и на Южном Урале. Обнаружили также следы поздних генетических потоков с востока, отражающих распространение кочевых империй в первых веках н.э. Наконец, описали заметную гомогенность популяции современных казахов, в отличие от генетического разнообразия в прошлом.

Переход к первому тысячелетию до н.э. отличался появлением множества кочевых скотоводческих культур на пространстве евразийских степей – от Алтая до причерноморско-каспийского региона. На основании значительной культурной общности эти племена традиционно объединяют под общим названием скифы. Основные черты их образа жизни – смена оседлого скотоводства на кочевое, развитие технологий оружия и верховой езды (скифы изобрели седло и конскую упряжь), иерархическое общество с выделением военной элиты. Существует несколько гипотез возникновения скифов на переходе от бронзового века к железному, в том числе рассматривается их происхождение из понто-каспийских степей, из казахских степей.

Статья с новыми данными по древней ДНК скифов опубликована в журнале Science Advances. Ее основные авторы представляют Институт наук об истории человека Общества Макса Планка в Йене, Германия и несколько научных организаций Казахстана, среди авторов также российские специалисты из Института этнологии и антропологии РАН.

Для лучшего понимания генетической структуры кочевых культур железного века и демографических событий, связанных с их возникновением и упадком, авторы предс тавили геномные данные 111 индивидов, найденных на 39 археологических сайтах центральноазиатских степей (на территории Казахстана, Кыргызстана и России); они ассоциировались как со скифскими, так и с иными культурами. Эти данные охватывают временной период от восьмого века до н.э. до четвертого века н.э., включая трех индивидов из средних веков. В работе также получены новые полногеномные данные от 96 современных казахов, принадлежащих к нескольким родам трех жузов.

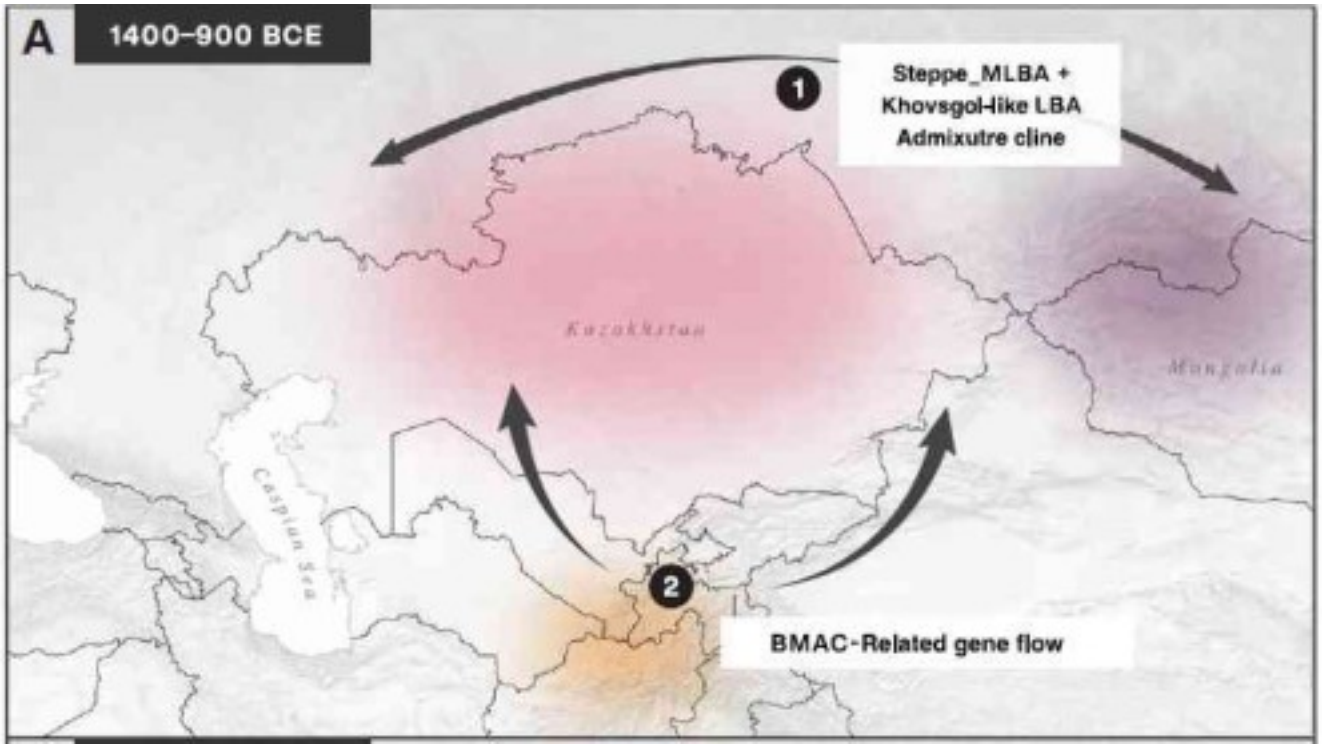
Геномы 177 древних индивидов были изучены по DNA capture технологии на панели 1240K (охвачены 1 233 013 SNP). После контроля качества оставили данные 111 индивидов, геномы которых были секвенированы с покрытием не менее 1,5x. Геномы 96 современных казахов были изучены на панели Affymetrix Axiom Genome-wide HumanOrigins SNP-chip (“HO”). Полученные данные объединили с ранее опубликованными по древним и современным геномам.



A. Карта показывает географическое расположение 39 археологических сайтов, с которых происходят 117 генетически изученных индивидов. B. Датировки изученных образцов (радиоуглеродные, калиброваные). Цвет образцов соответствует культуре на легенде.

Данные анализа главных компонент, ADMIXTURE и других анализов указывают на то, что на переходе от бронзового к железному веку, когда оседлые группы населения сменились кочевыми племенами, в центральноазиатских степях произошли существенные генетические изменения. В отличие от относительно гомогенных по генетической структуре степных популяций средней и поздней бронзы (steppe_MLBA), популяции железного века (в первом тысячелетии до н.э.) демонстрируют смешение генетических потоков из трех источников: с востока, с запада и с юга Евразии.

Основным восточноевразийским генетическим источником авторы считают скотоводов культуры Хувсгел в Монголии, основным западноевразийским источником – степные популяции средней и поздней бронзы (steppe_MLBA), наряду с этим в геномы кочевников железного века вошел генетический компонент Бактрийско-Маргианского археологического комплекса (BMAC), цивилизации бронзового века на территории Турана (Туркменистан-Узбекистан-Таджикистан-Афганистан). Смешение этих компонентов происходило от 1400 до 900 лет до н.э., образовав на карте Евразии западно-восточную клину. Группы населения в разных частях этой клины имеют разное соотношение восточноевразийского и западноевразийского компонентов в геноме. На этом субстрате происходили дальнейшие демографические события.

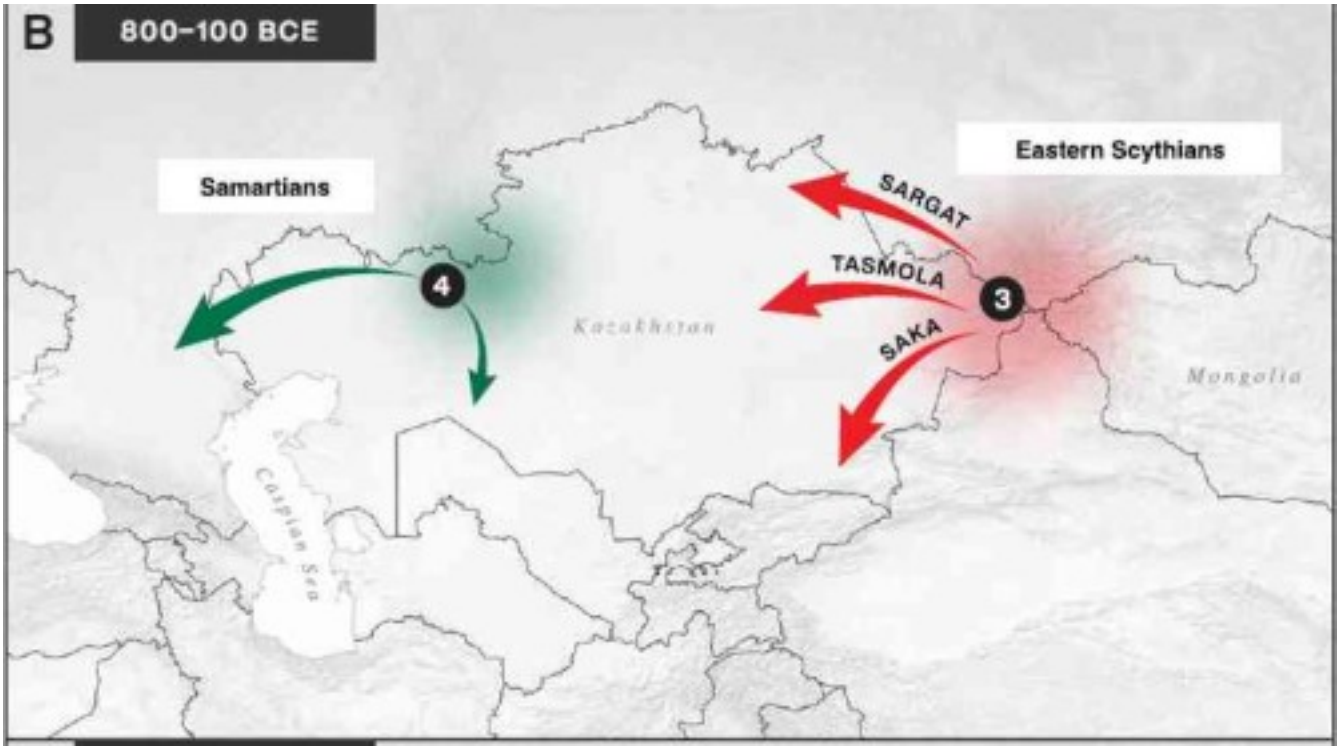


На следующем этапе (800 – 100 лет до н.э.) основным генетическим источником степных кочевых групп выступает Алтай, где были найдены самые ранние скифские захоронения. Авторы считают, что отсюда берут начало корни популяций, ассоциированных с культурами восточных скифов, такими как Сака (Saka_Kazakhstan_600BCE) и тасмолинская (Tasmola_650BCE), распространенные на территории южного, центрального и восточного Казахстана. Этот генетический профиль сохраняется и в среднем и позднем железном веке (пазырыкская культура, Pazyryk_Berel_50BCE).

Индивиды, ассоциированные с оседлой саргатской культурой в лесостепной зоне к северу от казахских степей, частично перекрываются с кластером тасмолинской/пазырыкской культур, хотя сдвигаются к Западной Евразии.

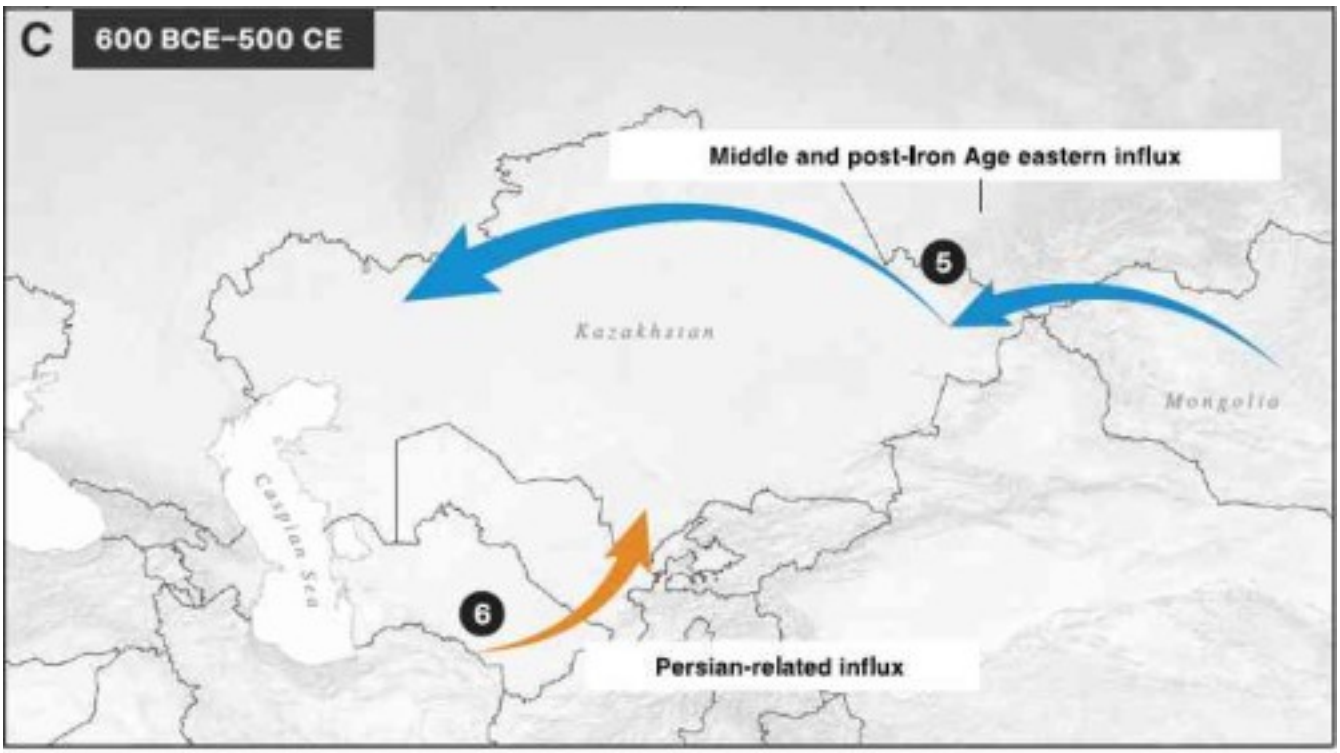
Кроме того, как показывают анализы PCA и ADMIXTURE, в геномах представителей этих скифских культур прослеживаются и генетические компоненты иранского неолита и Кавказа. Исследователи датировали эпизоды смешения, используя программу DATES, и выявили раннее формирование основного генофонда скифов — от 1000 до 1500 лет до н.э.

Одновременно возникает западный генетический источник на Южном Урале, из которого происходит генофонд групп сарматов, распространившийся на запад от Урала до понто-каспийских степей. Авторы отмечают, что индивиды, ассоциированные с культурой сарматов, генетически гомогенны, несмотря на то, что занимают широкий географический ареал и большой временной период (различают ранних и поздних сарматов, восточных и западных сарматов). Новые данные по семи захоронениям сарматов из Центрального и Западного Казахстана (Sarmatians_450BCE) показывают, что этот генофонд был широко распространен в регионе уже в раннем сарматском периоде.



B. Формирование генофондов восточных скифов и западных сарматов и распространение их по степи.

В переходный период от железного века к средним векам исследователи наблюдали новые генетические изменения. Начиная с С 1-го тысячелетия н.э. и позже отмечаются восточноевразийские генетические потоки. Этот период соответствует упадку и исчезновению скифской культуры и распространением в восточноевразийской степи империй степных кочевников, таких как хунну и сяньби. Одновременно имел место небольшой генетический поток из Ирана, вероятно, связанный с экспансией персидской цивилизации.



C. Новый источник восточноевразийского генетического компонента, который смешивается с генофондом скифов и доминирует в период империй хунну-сяньби. С юга добавляется иранский компонент.

Анализ геномных данных современных казахов (методами PCA, ADMIXTURE, и CHROMOPAINTER/fineSTRUCTURE) продемонстрировал относительную гомогенность популяции, вне зависимости от географического проживания и принадлежности к одному из трех жузов (старшему, среднему и младшему). Дополнительно авторы сгруппировали казахов по принадлежности к жузам и провели Globetrotter анализ. Он подтвердил, что все три группы сходны по композиции предковых популяций и по времени смешения. В генофонде современных казахов найдены признаки смешения западных, южных и восточных евразийских источников, что происходило между 1342 и 1544 годами н.э.

Итак, исследование показало, что кочевые племена железного века центральноазиатских степей формировались в ходе интенсивного смешения, вероятно, за счет того, что предшествующие степные популяции среднего и позднего бронзового века взаимодействовали с соседними популяциями. Проверяя гипотезы происхождения скифов, авторы не получили подтверждения гипотезы понто-каспийских степей. Гипотеза казахских степей больше соответствует полученным результатам. Но скорее, данные говорят о двух источниках: Алтай и Южный Урал, и о процессах диффузии и смешения между ними. Авторы проследили как формирование, так и упадок скифских культур, на смену которым пришли империи кочевников хунну и сяньби. Что касается современных казахов, то их заметная генетическая однородность, по мнению авторов, стала следствием брачной стратегии.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Guido Alberto Gnecchi-Ruscone, Elmira Khussainova, Nurzhibek Kahbatkyzy et al. Ancient genomic time transect from the Central Asian Steppe unravels the history of the Scythians // Science Advances 26 Mar 2021: Vol. 7, no. 13, eabe4414, DOI: 10.1126/sciadv.abe4414

Текст статьи в свободном доступе https://advances.sciencemag.org/content/7/13/eabe4414