

Генетики и антропологи о скифах

Исследуя останки из захоронений степных кочевников железного века – скифов – методами краниоскопии (анализ изменчивых признаков черепов) и методами анализа древней ДНК, антропологи и генетики пришли к сопоставимым результатам. Те и другие специалисты обнаруживают близость кочевников культуры скифов к культурам кочевников бронзового века Восточной Европы. Антропологическими и генетическими методами у носителей скифской культуры выявляется также центральноазиатский (антропологи) либо восточноазиатско-сибирский (генетики) вклад. Что касается прародины скифов – европейские или азиатские степи – то по этому вопросу специалисты пока не пришли к единому мнению.

Почти одновременно вышли три статьи с исследованиями носителей культуры [скифов](#) – кочевых и полукочевых племен, населяющих степи Евразии – две статьи генетических и одна антропологическая. В узком смысле скифами называют кочевников степей Причерноморья, появившихся в седьмом веке до н.э., ориентируясь на описание Геродота (V век до н. э.) и других античных авторов. Однако в широком смысле к скифскому миру относят все племена кочевых скотоводов, которые в первом тысячелетии до н.э. широко распространились по евразийской степи от Алтая до Карпат. Относительно происхождения скифской культуры существуют две гипотезы: одна считает ее прародиной Северное Причерноморье, другая – Центральную Азию. О генетических корнях скифов до сих пор не было ясного представления.

Генетика западных и восточных скифов

Одна статья [опубликована в журнале Nature Communication](#), ведущий автор Иоахим Бургер из Института эволюционной биологии Университета Майнца, Германия, в ее соавторах д.и.н. Вячеслав Молодин из Института археологии и этнографии СО РАН, Новосибирск. В этой работе представлены данные анализа митохондриальной ДНК 96 индивидов и полногеномные данные 8 индивидов из обширного географического региона, который ассоциируют со скифской культурой. Все изученные образцы географически можно поделить на западные и восточные. Несмотря на то, что западный и восточный регионы разделены на 2000 – 3500 км, археологические данные показывают поразительное сходство в образе жизни и культуре населяющих их кочевых и полукочевых племен. Задача работы, по определению авторов, состояла в том, чтобы оценить степень, до которой эти группы генетически родственны между собой, и узнать, имеют ли они общее происхождение. А также исследовать их демографическую историю и генетические связи с ныне живущими популяциями.

В западной части евразийской степи образцы были представлены Северным Кавказом (8-6 вв. до н.э., начало скифского периода), классическими скифами из Волго-Донского региона (3 в. до н.э.) и образцами культуры ранних сарматов из Покровки на юго-западном Урале (5-6 вв. до н.э.). В восточной части евразийской степи взяли образцы из Восточного Казахстана (Жевакино-Чиликта, 9-7 вв. до н.э.), из культуры Aldy Bel в Туве (7-6 вв. до н.э.) и из культуры Тагар в Минусинском бассейне (5 в. до н.э.). По географическому положению и хронологии образцы поделили на семь групп, которые представлены на рисунке.

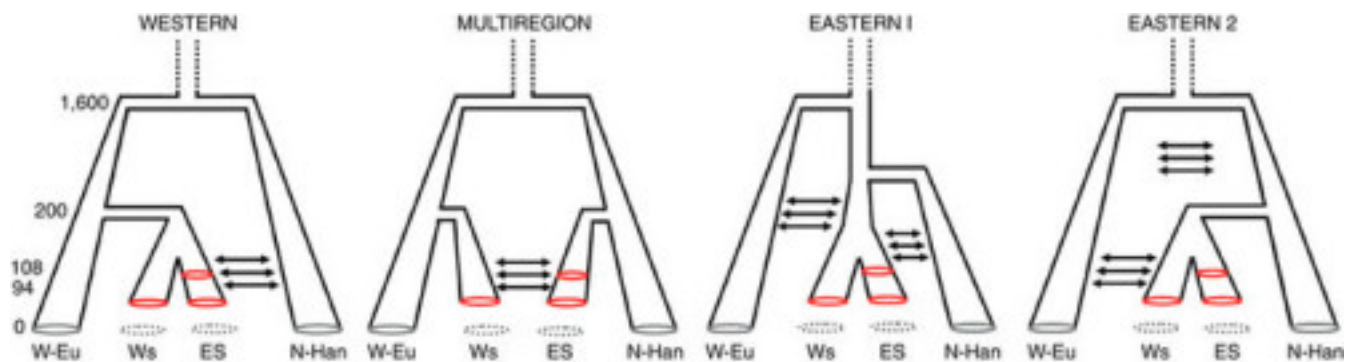
Полногеномные данные (по полногеномной панели проанализировали 1 233 553 SNP) были получены по 6 индивидам, из них 2 принадлежат к популяции ранних сарматов с Южного Урала (PR9, PR3, 6-5 в. до н.э.), 2 из восточного Казахстана относятся к пазырыкскому периоду (Be9, Be11, 4-3 вв. до н.э.) и 2 – из кургана Аржан-2 в Туве (A10, A17, 7-6 вв. до н.э.). Для образца Be9 и двух дополнительных образцов из Казахстана (Is2 и Ze6, 9-7 вв. до н.э.) было проведено секвенирование с низким покрытием (0,3x).



Местоположение изученных образцов (желтым обозначены образцы, изученные в данной работе, зеленым – данные, взятые из литературы). Группы образцов (#): #1 – начало скифского периода, 8-6 вв. до н.э. (n=4); #2 – классическая скифская эпоха, 7-6 вв. до н.э. (n=19); #3 – ранние сарматские популяции, 6-5 вв. до н.э. (n=11); #4 – Казахстан, Жевакино-Чиликта, 9-7 вв. до н.э. (n=11); #5 – культура Aldy Bel (7-6 вв. до н.э. (n=15); #6 – культура Пазырык, 4-3 вв. до н.э. (n=71); #7 – культура Тагар/Тес, 8 в. до н.э. (n=16); Буква G указывает на образцы, для которых были получены полногеномные данные, черная – на образцы, которые были изучены по полногеномной панели SNP, серая – на те, для которых было проведено секвенирование.

Анализируя данные по восточным группам скифов, авторы использовали подход approximate Bayesian computation (ABC), чтобы проверить связь между ранними (группа #4 Жевакино-Чиликта и группа #5: Aldy Bel) и поздними (группа #6 Пазырык) скифскими периодами на востоке. Анализ показал, что и ранние, и поздние группы, наиболее вероятно произошли из одной популяции, которая распространялась в течение этого периода. Сценарий их происхождения из двух разных популяций статистически отвергнут.

Далее авторы, исходя из того, что генетическое расстояние между восточными и западными популяциями скифов довольно мало ($F_{ST}=0.01733$), использовали метод ABC для проверки их происхождения из одной популяции. На этот раз модель показала, что, наиболее вероятно, западные и восточные скифы возникли независимо из двух разных популяций и в течение 1 тыс. до н.э. и те, и другие активно распространялись. Модель также выявила постоянный генетический поток генов между группами кочевников железного века. Именно этот поток привел к уменьшению генетического расстояния, то есть к генетическому сходству западных и восточных скифов.



Модели происхождения западных и восточных скифов: западная модель, мультирегиональная и два варианта восточной модели. W-Eu – западные евразийцы; WS – западные группы скифов; ES – восточные группы скифов; N-Han – популяция Хань в Китае. Наиболее вероятной оказалась мультирегиональная модель. Горизонтальные стрелки обозначают генетические потоки.

Митохондриальные гаплогруппы, найденные у кочевников железного века, доминируют в современных популяциях как в Западной (HV, N1, J, T, U, K, W, I, X), так и в Восточной Евразии (A, C, D, F, G, M, Y, Z).

По полногеномным SNP маркерам авторы провели анализ PCA, в который включили 8 образцов восточных скифов, 167 древних геномов и 777 современных геномов.

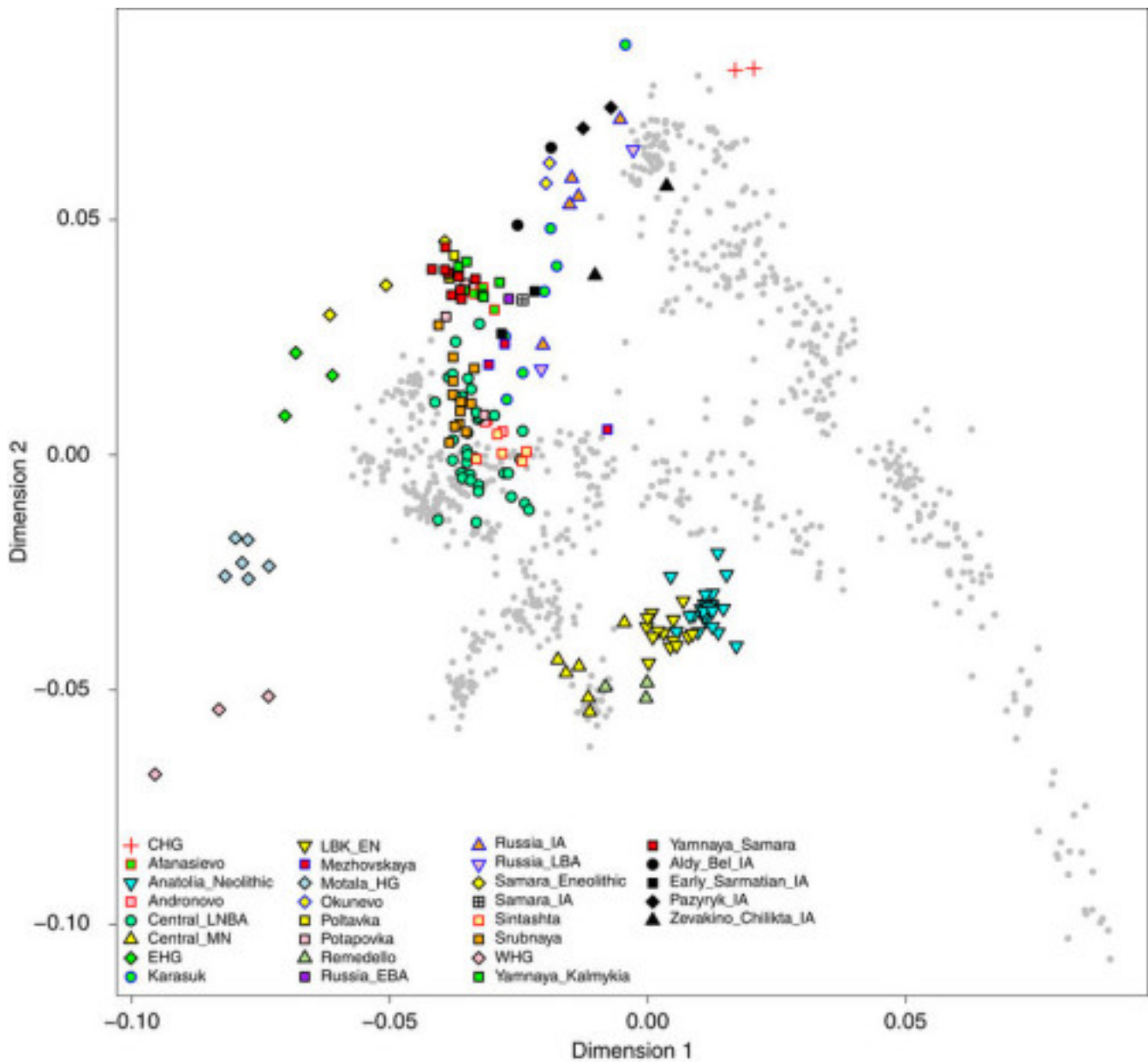


График анализа главных компонент по полногеномным SNP маркерам изученных образцов степных кочевников (обозначены черными символами) на фоне других древних геномов (популяции обозначены цветными символами) и современных геномов (серые точки).

Результаты показали, что группы кочевников железного века из Южного Урала и Казахстана, по культурным особенностям сходные с классической культурой скифов Северного Причерноморья, располагаются недалеко друг от друга, то есть связаны между собой и генетическим сходством. Ближе всего к ним находятся популяции позднего бронзового века и железного века из России, позднего неолита и бронзового века из Центральной Европы, популяции энеолита из Самары, популяции [ямной](#) и [срубной](#) культур бронзового века.

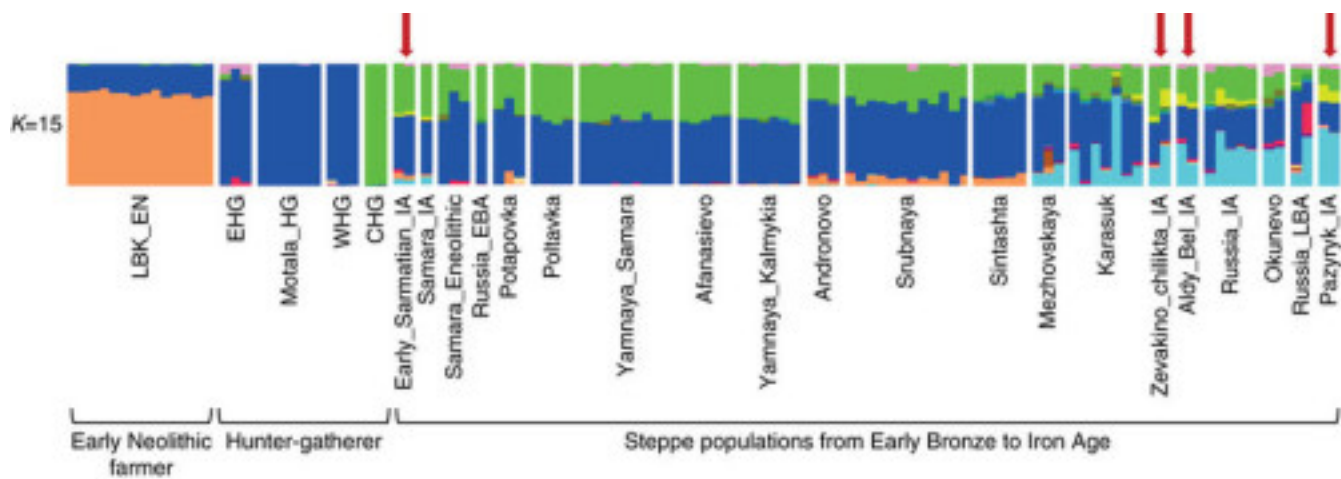


График ADMIXTURE по полногеномным данным при K=15 (заданное число предковых популяций). Популяции степных кочевников железного века обозначены красными стрелками.

На графике сравнения предковых компонентов (ADMIXTURE) все степные популяции железного века (обозначены красными стрелками) демонстрируют компонент европейских охотников-собирателей (синий) и кавказских охотников-собирателей (зеленый), в более восточных популяциях имеется сибирский компонент (голубой) и небольшая доля восточноазиатского компонента (желтый).

В итоге, авторы статьи определяют наиболее вероятное происхождение степных кочевников железного века из носителей ямной культуры (кочевников бронзового века), которые принесли с собой генетический вклад кавказских охотников-собирателей и восточноевропейских охотников-собирателей. Этот микс, как пишут авторы, сформировался в европейских степях и распространился в Центральную Азию и Сибирь. В генетическую композицию скифов влился также компонент Восточной Азии – Северной Сибири.

Источник:

Ancestry and demography and descendants of Iron Age nomads of the Eurasian Steppe

Martina Unterländer et al.

Nature Communication, [статья в свободном доступе](#)

Митохондриальный геном причерноморских скифов

Другая статья, [в журнале Scientific reports](#), посвящена анализу только митохондриальной ДНК и только скифов Причерноморья. Ее основные авторы из Института антропологии Университета Адама Мицкевича в Познани, Польша, а в число соавторов входит Алексей Никитин, Grand Valley State University в Мичигане, США. В статье представлены данные по 19 полным секвенированным древним митохондриальным геномам из региона Северного Причерноморья. Авторы определяют свою задачу как изучение происхождения причерноморских скифов по материнским линиям и их генетической связи с другими группами скифской культуры.

Изученные в работе образцы были получены при раскопках курганов, крипт и захоронений в земле на территории нижнего Днестра, нижнего и среднего Днепра и в Крыму. Всего было изучено 29 образцов, 21 с территории Молдовы и 8 – Украины. Извлечение и анализ мтДНК были проведены в Археологической исследовательской лаборатории Университета Адама Мицкевича в Познани (Польша) и в Лаборатории археогенетики Университета Grand Valley State University в Мичигане (США). В анализ вошли данные по 19 успешно секвенированным образцам мтДНК.

Из них 6 образцов (31.6%) принадлежали к гаплогруппе U5 (U5a2a1, U5a1a1, U5a1a2b, U5a2b, U5a1b, U5b2a1a2); 2 образца (10.5%) к гаплогруппе J (J1c2 и J2b1aб); по одному образцу было представлено гаплогруппами N1b1a, W3a, T2b, A, D4j2, F1b, M10a1a1 и H8c.

По частотам митохондриальных гаплогрупп причерноморских скифов и других древних популяций Европы и Азии был

проведен анализ главных компонент.

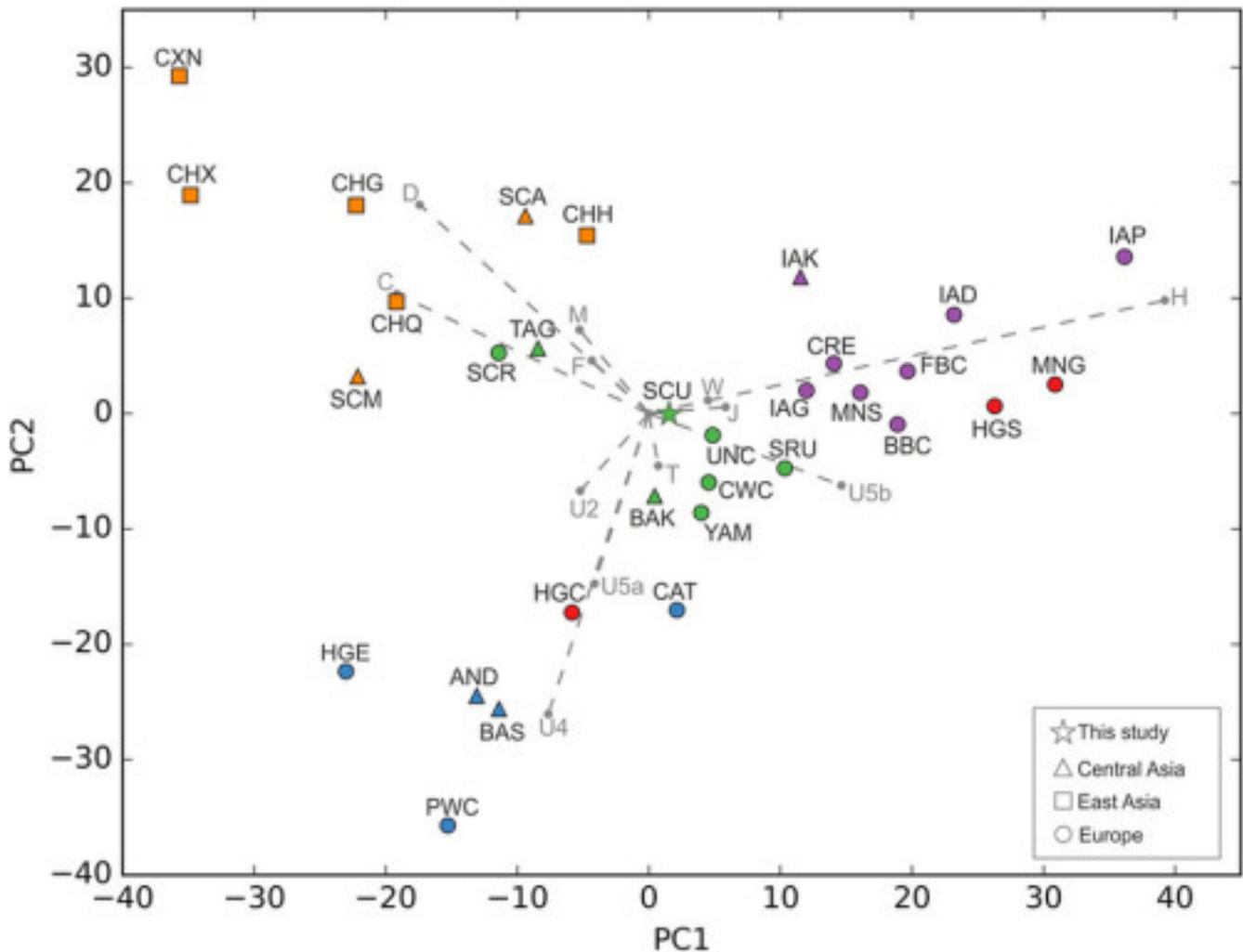


График анализа главных компонент по частотам митохондриальных гаплогрупп. Изученные образцы причерноморских скифов (SCU) обозначены зеленой звездочкой. Разными цветами показаны пять кластеров, обозначения популяций – в тексте.

На графике главных компонент популяции сгруппированы в пять кластеров.

Первый кластер (зеленый): BAK – Казахстан, бронзовый век; CWC – культура шнуровой керамики; SCR – скифы из России; SCU – скифы из Украины и Молдовы (в данной работе); SRU – срубная культура; TAG – культура Тагар; UNC – унетичская культура; YAM – ямная культура;

Второй кластер (красный): HGG – охотники-собиратели Центральной Европы; HGS – охотники-собиратели Южной Европы; MNG – средний неолит Германии;

Третий кластер (голубой): AND – андроновская культура; BAS – бронзовый век Сибири; CAT – катакомбная культура; HE – охотники-собиратели Восточной Европы; PWC – культура ямочной керамики;

Четвертый кластер (фиолетовый): BBC – культура колоковидных кубков; CRE – минойская культура Крита; FBC – культура воронковидных кубков; IAD – железный век Дании; IAG – железный век Германии; IAK – железный век Казахстана; IAP – железный век Польши; MNS – средний неолит Южной Европы;

Пятый кластер (оранжевый): CHH – западный Хань, Китай; CHG – Gavaerg, Китай; CHQ – Quin to Western Jin, Китай; CHX – Xiaohu, Xinjiang, Китай; CXN – Xiongnu, Монголия; SCA – сибирские скифы с Алтая; SCM – культура Пазырык, Монголия.

Группа изученных причерноморских скифов (зеленая звездочка на графике) оказалась расположена близко к культуре [шнуровой керамики](#) европейского неолита, к популяциям бронзы Восточной и Центральной Европы (срубной, ямной и унетичской культурам), к популяциям бронзового века Азии (бронза Казахстана), а также к популяциям, именуемым скифами из России, и культуре Тагар из Южной Сибири. Популяции пазырькской культуры из Монголии и Алтая расположились далеко от причерноморских скифов и группируются с другими популяциями Центральной и Восточной Азии.

Авторы вычислили генетические расстояния F_{st} между разными популяциями. Они показали, что изученные причерноморские скифы генетически ближе всего к популяциям срубной, унетичской и ямной культуры, и далеки от популяций европейского неолита, ближневосточного неолита и ближневосточных охотников-собирателей.

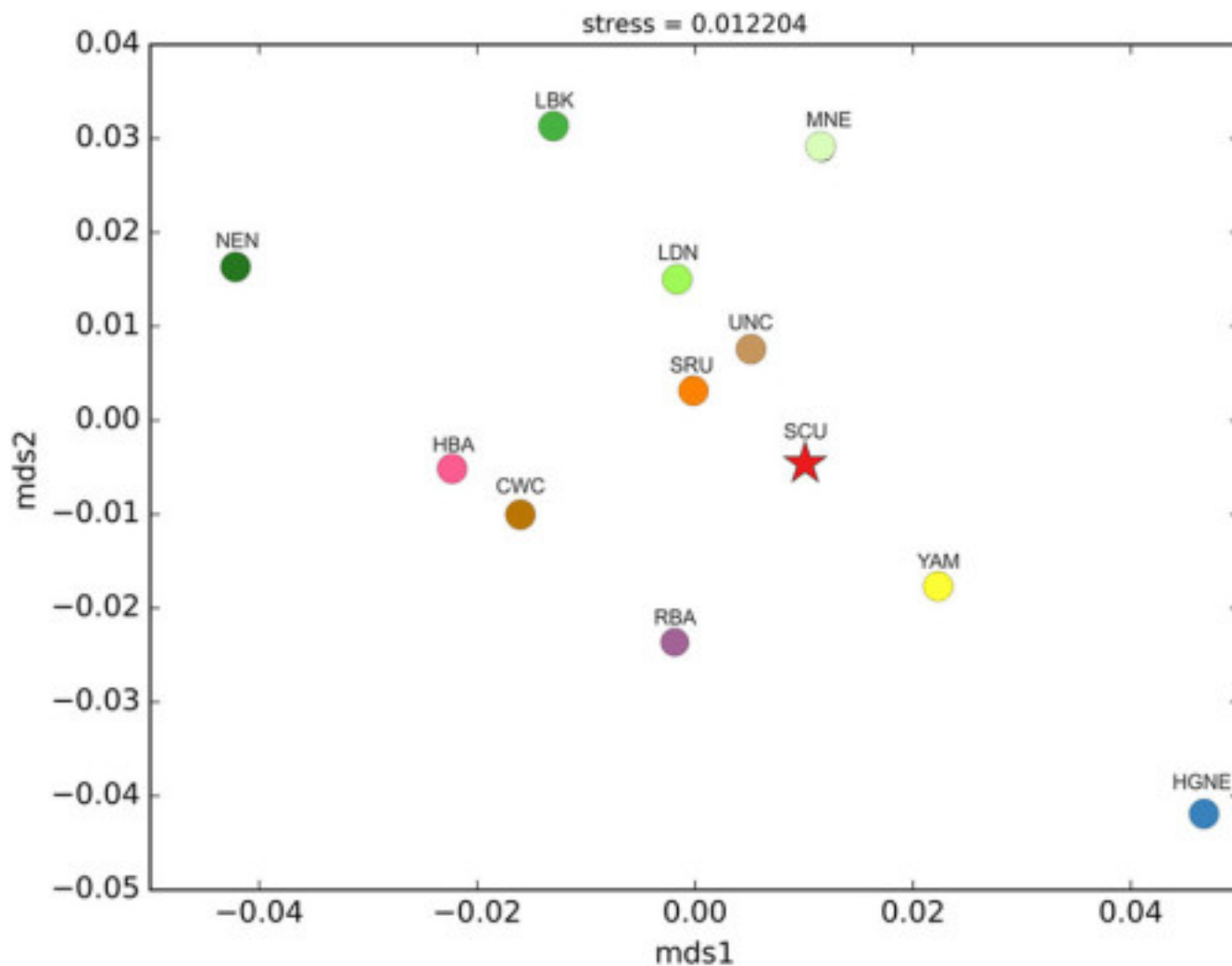
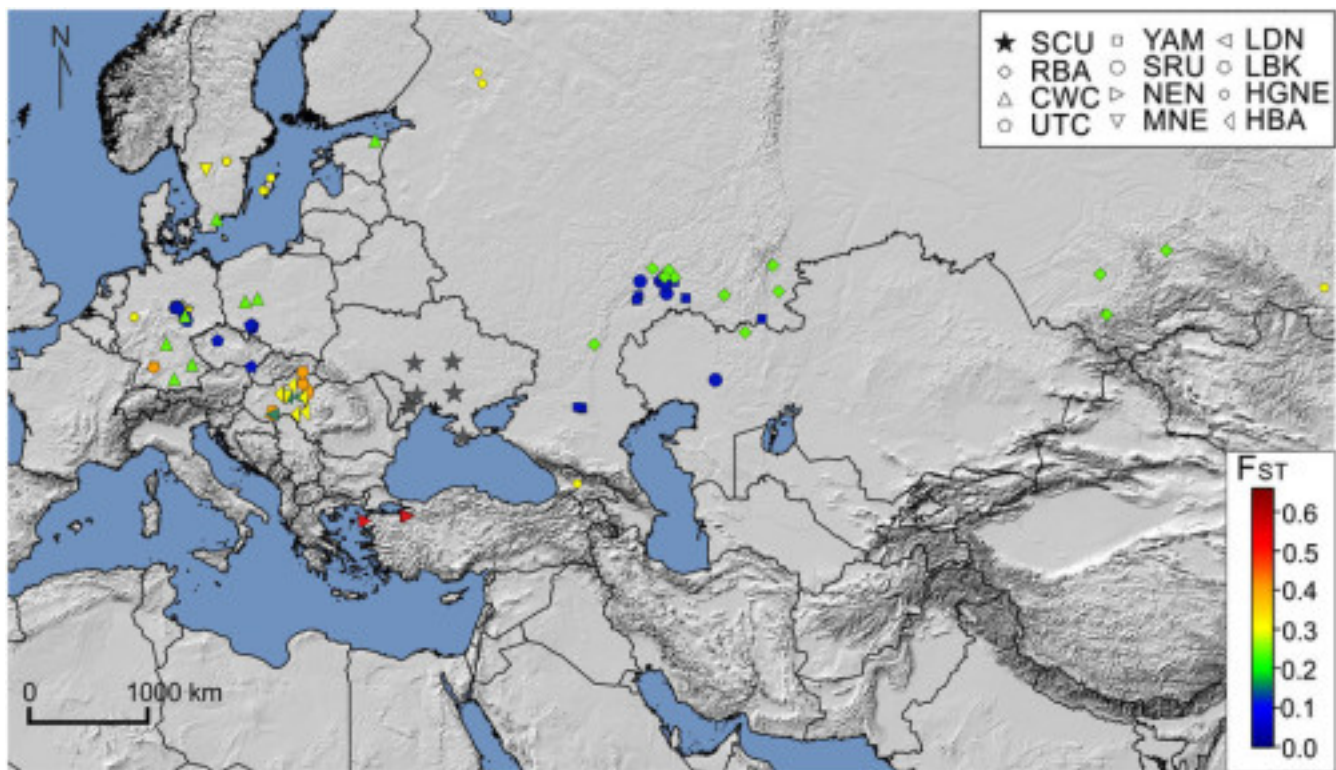


График MDS на основе генетических расстояний F_{st} по полным митохондриальным геномам. CWC – культура шнуровой керамики; HBA – популяции бронз. века Венгрии; HGNE – охотники-собиратели Северной и Восточной Европы; LBK – культура линейно-ленточной керамики; LDN – поздняя данубийская культура; MNE – культуры среднего неолита; NEN – ближневосточный неолит; RBA – культуры бронзового века из России; SRU – срубная культура; UNC – унетичская культура; YAM – ямная культура; SCU – скифы из Украины, Молдовы и Ростова-на-Дону.



Градиент генетических расстояний F_{st} в соответствии с цветовой шкалой. Обозначения популяций как на предыдущем рисунке.

Авторы подразделяют митохондриальные линии изученных скифов Причерноморья на три группы, в соответствии с их происхождением. Первая группа маркируется гаплогруппой U5, что предполагает генетический вклад европейских охотников-собирателей. Анализ гаплогруппы U5 в других популяциях показал, что наиболее вероятными источниками передачи этой линии в популяцию причерноморских скифов являются культуры бронзового века срубная (1900-1200 лет до н.э.) и ямная (3300-2700 лет до н.э.), ареал которых находился в понто-каспийском регионе, а также популяции бронзового века алтайского региона, такие как Карасук (1500-800 лет до н.э.).

Вторая группа объединена гаплогруппами H, J, T, W and N1b, что связывает ее с ранними неолитическими земледельцами. Присутствие N1b1a (распространенной в неолитической Анатолии) у скифов может быть связано с миграцией популяций вдоль южной границы понто-каспийского региона. Линии T2b, W3a и J2b1a6 у скифов выявляют их связи с культурами бронзового века (срубная, синташта, ямная и межовская), а также с трипольской культурой восточноевропейского энеолита.

Наиболее четко выявляется родство причерноморских скифов со срубной культурой. Это согласуется с археологической гипотезой о том, что люди срубной культуры мигрировали несколькими волнами из Волго-Уральского региона во второй половине второго тысячелетия до н.э., где их потомки и дали начало скифам около 7 века до н.э.

Третья группа включает гаплогруппы A, D, M10 и F восточноазиатского происхождения, которые присутствуют в образцах мезолита, неолита, бронзы и железного века Южной Сибири и Алтая. Авторы подчеркивают, что распространение их по степному поясу Евразии значительно облегчалось кочевым образом жизни степных племен.

Источник:

Diverse origin of mitochondrial lineages in Iron Age Black Sea Scythians

Anna Juras et al.

Scientific reports, [статья в открытом доступе](#)

Итак, обе генетические статьи находят источник происхождения популяции скифов (степных кочевников железного века) в популяциях степных культур бронзового века. В первой статье это ямная культура, во второй – более поздняя срубная культура. Поскольку между носителями этих культур многие специалисты усматривают родство, между этими результатами нет противоречия. Но поскольку статья Unterländer et al охватывает весь степной пояс Евразии, она выявляет дополнительный восточноазиатско-сибирский компонент в генетической композиции скифов.

текст Надежды Маркиной

Слово антропологам

Третья статья, опубликованная [в журнале American Journal of Physical Anthropology](#), написана антропологами – Аллой Арменовной Мовсесян, ведущим научным сотрудником кафедры антропологии биологического ф-та МГУ, и Варварой Юрьевной Бахолдиной, профессором той же кафедры. Ее обзор для сайта сделала по нашей просьбе д.б.н. **Алла Арменовна Мовсесян**.

Авторы статьи исследовали краниологические серии позднескифских племен Северного Причерноморья для выявления возможной генетической преемственности между скифами и популяциями бронзового века Восточной Европы и Центральной Азии. Для сравнительного анализа древних популяций были использованы дискретно-варьирующие, неметрические признаки, отражающие анатомические вариации в строении черепа человека (например, дополнительные или непостоянные отверстия, непостоянные швы, отростки, кости в родничках и швах черепа). Предполагается, что эти признаки имеют наследственную природу и могут служить косвенной характеристикой генофонда популяций, поскольку было обнаружено, что матрицы генетических расстояний между популяциями, построенные по неметрическим признакам, коррелируют с матрицами генетических расстояний между теми же популяциями, построенными по данным о молекулярно-генетических маркерах.

По частотам 32 неметрических признаков было изучено 323 черепа из пяти позднескифских могильников с территории Крыма и Нижнего Поднепровья. Для сравнения были привлечены краниологические серии, относящиеся к различным культурам эпохи бронзы: ямная, катакомбная и срубная культуры (Восточная Европа) и окуневская и андроновская культуры (Центральная Азия).

Вычисление генетических расстояний между группами выявило генетическую общность позднескифского населения Северного Причерноморья. При сравнении скифских серий с населением эпохи бронзы было обнаружено сходство скифов с локальной популяцией эпохи бронзы, относящейся к срубной культуре Поднепровья. Кроме того, две скифские группы оказались близки к населению окуневской культуры Хакасии. Авторы высказывают предположение, что генофонд скифов был сформирован в результате взаимодействия местных племен с популяциями, мигрировавшими в регион Северного Причерноморья из Центральной Азии. В работе выявлено также генетическое сходство между восточно-европейскими и центрально-азиатскими популяциями эпохи бронзы, что может указывать на высокую степень мобильности степных кочевников.

Источник:

Nonmetric cranial trait variation and the origins of the Scythians

Movsesian AA, Bakholdina VY

American Journal of Physical Anthropology, 2017 Mar;162(3):589-599. doi: 10.1002/ajpa.23159. Epub 2017 Jan 24. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ajpa.23159/full#references>