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 века 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 за 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 Минисинском бассейне (5 в. до н.э.). По географическому положению и хронологии образцы поделили на семь групп, которые представлены на рисунке.

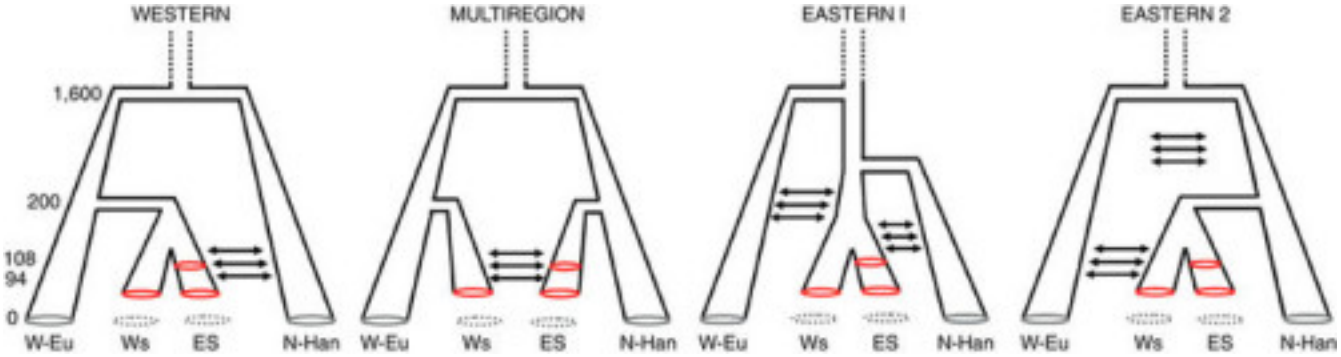
Полногеномные данные (по полногеномной панели проанализировали 1 233 553 SNP) были получены по 6 индивидам, из них 2 принадлежат к популяции ранних сарматов с Южного Урала (PR9, PR3, 6-5 в. до н.э.), 2 из восточного Казахстана относятся к пазырыкскому периоду (Be9, Be11, 4-3 вв. до н.э.) и 2 – из кургана 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.

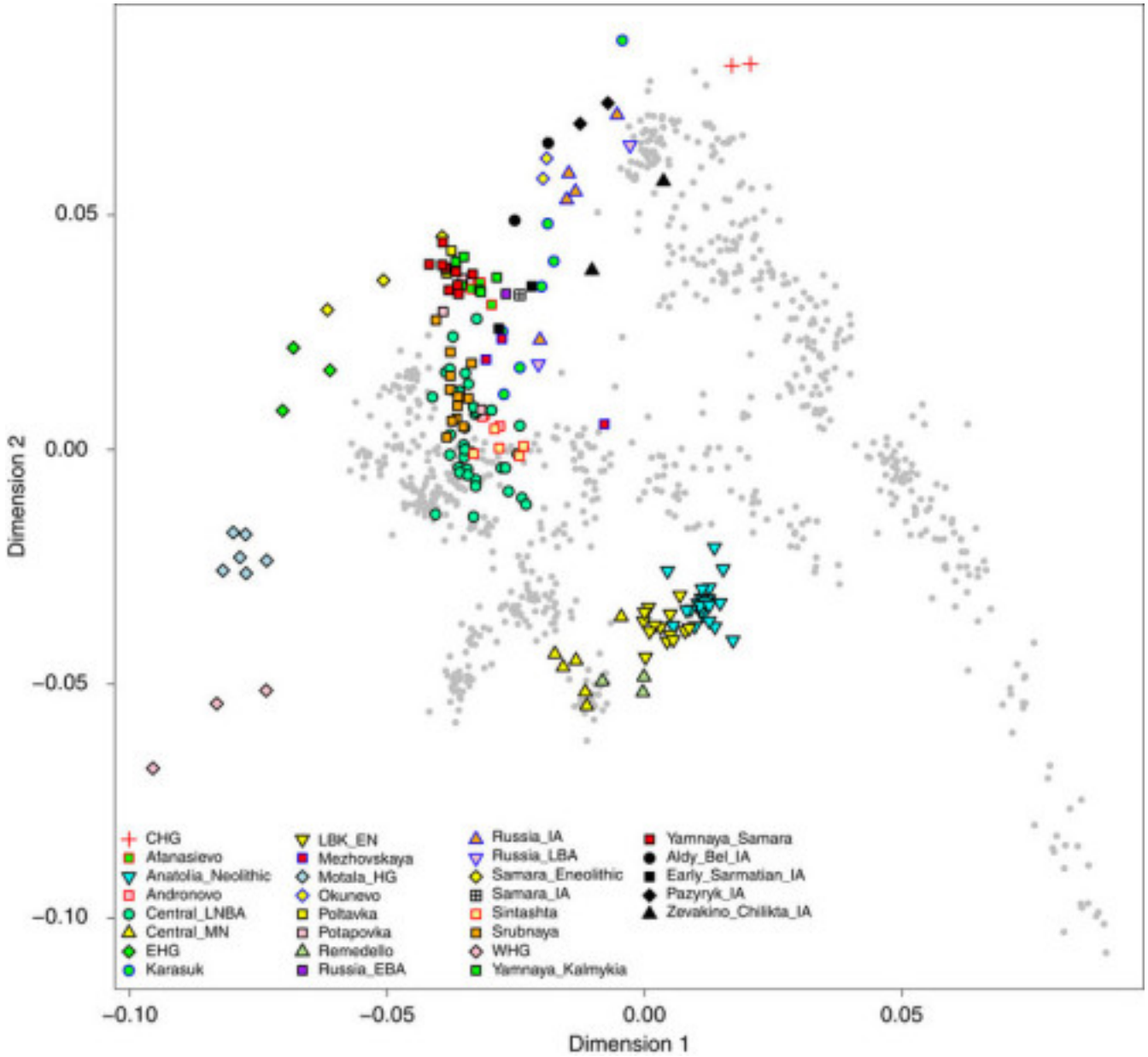


График анализа главных компонент по полногеномным SNP маркерам изученных образцов степных кочевников (обозначены черными символами) на фоне других древних геномов (популяции обозначены цветными символами) и современных геномов (серые точки).

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.

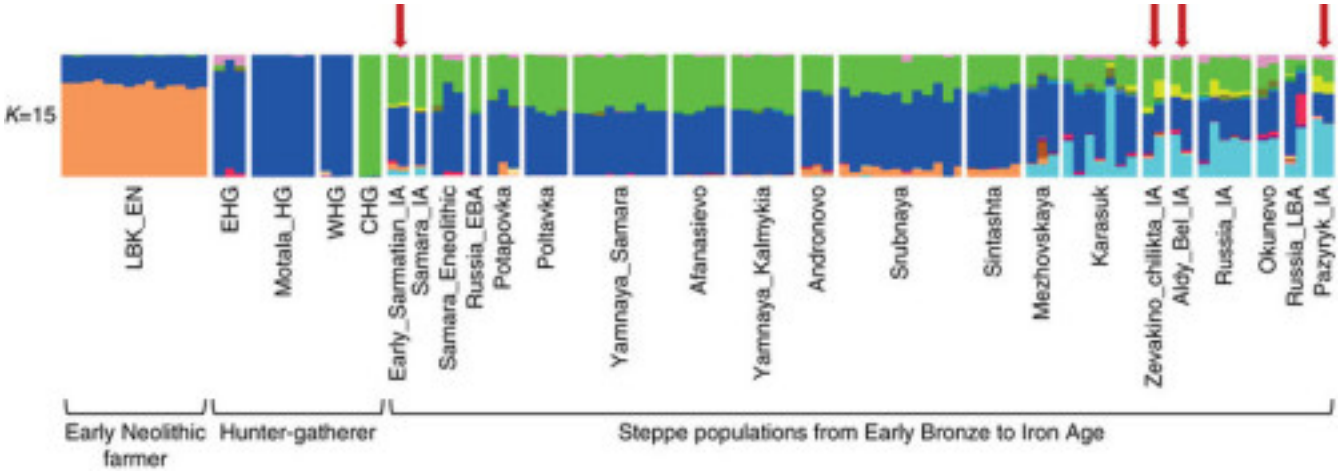


График ADMIXTURE по полногеномным данным при K=15 (заданное число предковых популяций). Популяции степных кочевников железного века обозначены красными стрелками.

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 Unterla¨nder 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 Универистета 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 J2b1a6); 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.

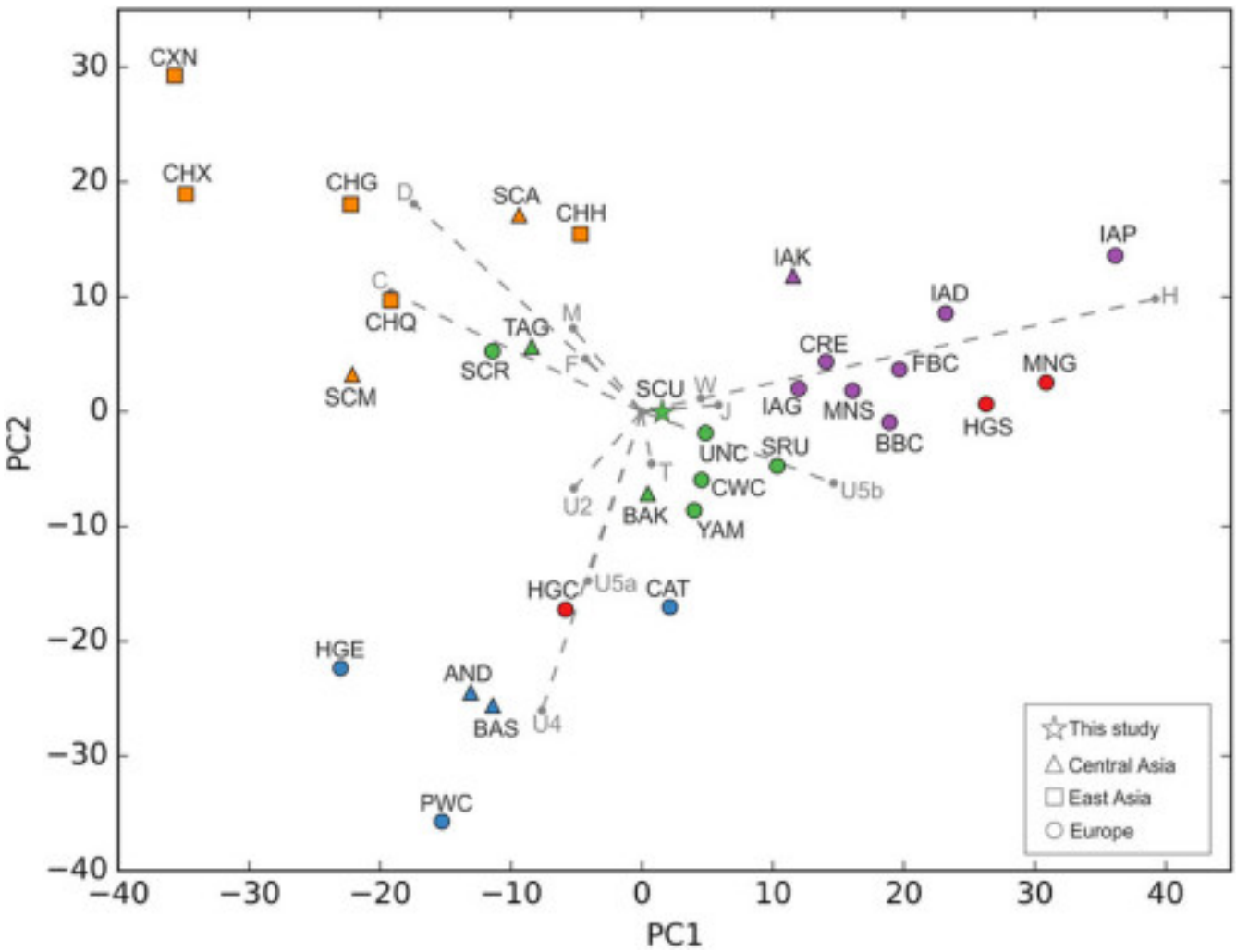


График анализа главных компонент по частотам митохондриальных гаплогрупп. Изученные образцы причерноморских скифов (SCU) обозначены зеленой звездочкой. Разными цветами показаны пять кластеров, обозначения популяций – в тексте.

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 – унетицкая 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 Казахстан; 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 — Xiaohe, 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 унетицкой культурам), к популяциям бронзового века Азии (бронза Казахстана), а также к популяциям, именуемым скифами из России, и культуре Тагар из Южной Сибири. Популяции пазырыкской культуры из Монголии и Алтая расположились далеко от причерноморских скифов и группируются с другими популяциями Центральной и Восточной Азии.

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

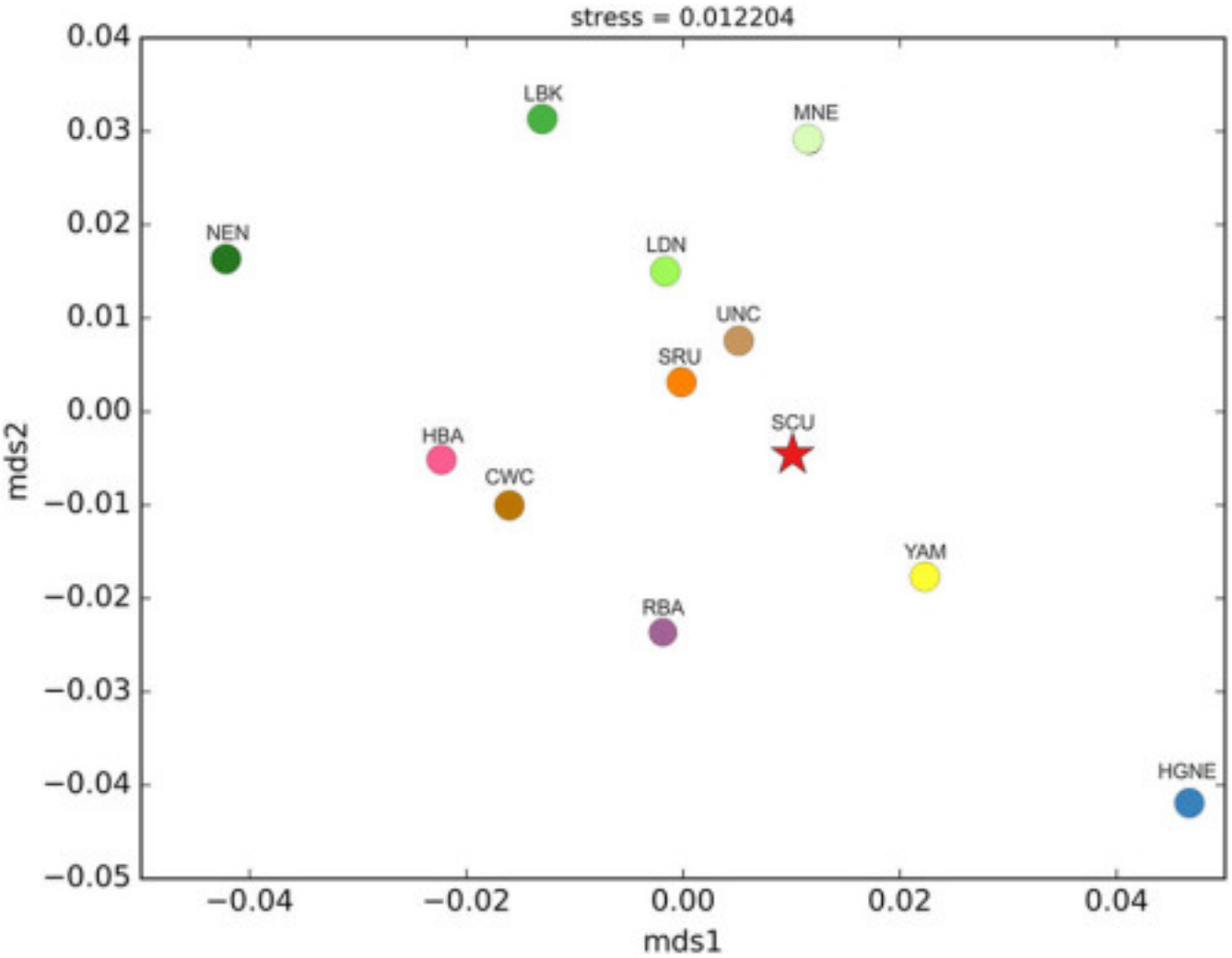
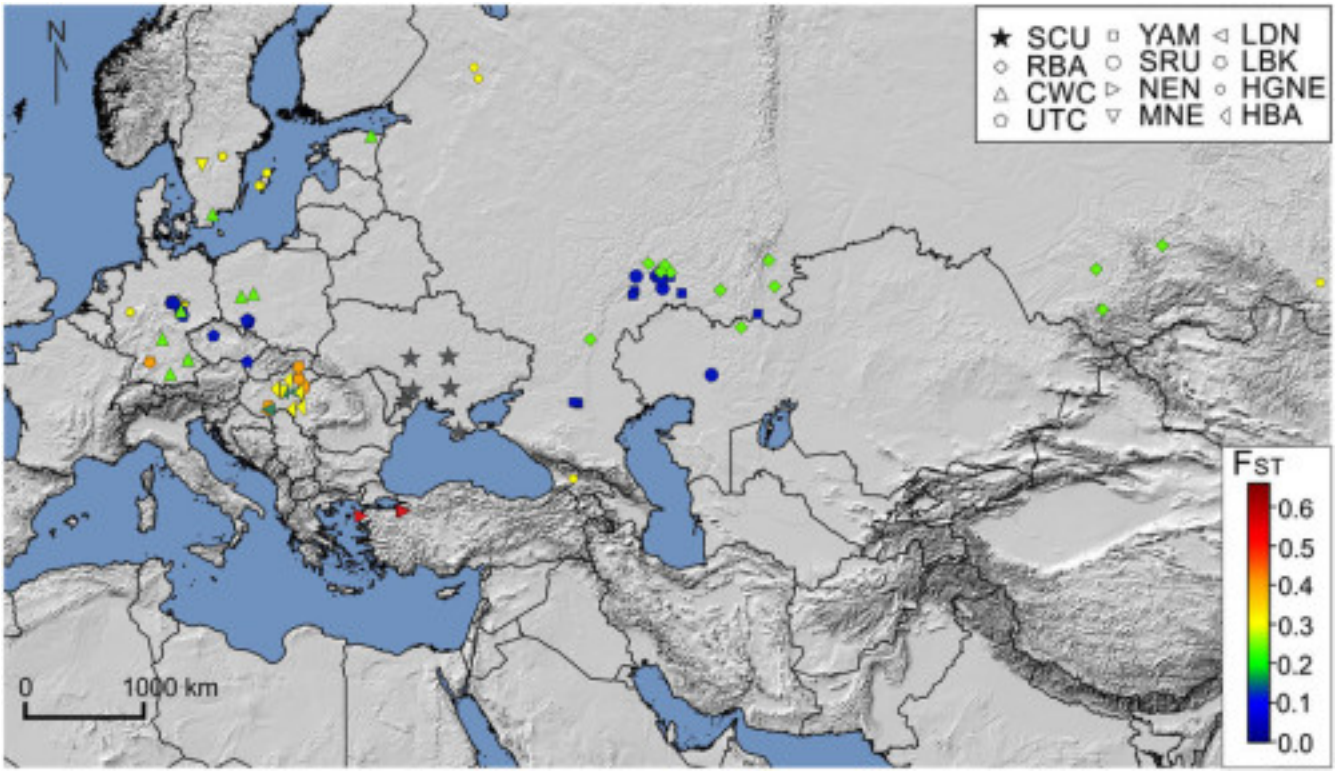


График MDS на основе генетических расстояний Fst по полным митохондриальным геномам. CWC – культура шнуровой керамики; HBA – популяции бронз. века Венгрии; HGNE – охотники-собиратели Северной и Восточной Европы; LBK – культура линейно-ленточной керамики; LDN – поздняя данубийская культура; MNE – культуры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



Градиент генетических расстояний Fst 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 Unterla¨nder 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 Antropology, 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 Antropology, 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