

## Популяционная история Карпатской котловины в бронзовом веке

Анализ 20 геномов бронзового века из Карпатской котловины (3530 — 1620 до н.э.) привел исследователей к новым выводам о популяционной динамике этого региона. У группы индивидов, ассоциированных с культурой *Kisapostag*, обнаружена очень высокая (около 46%) доля генетического компонента охотников-собирателей. Авторы считают, что ее источником могла быть еще не определенная популяция в Восточной Европе, внесшая вклад в популяции Центральной Европы и Балтийского региона. Выявлен патрилокальный характер социального устройства общества культуры *Kisapostag* с экзогамией по материнской линии. Показана генетическая преемственность между ней и последующей культурой инкрустированной керамики.

В новой статье, [опубликованной в виде препринта](#), исследуются полногеномные данные 20 древних индивидов из Карпатской котловины, охватывающие период от 3530 до 1620 лет до н.э. Останки этих индивидов найдены на археологическом сайте Балатонкерестур (*Balatonkeresztúr*) в западной Венгрии, где были раскрыты три археологических горизонта бронзового века. Их датировки составляют 2500-2200 до н.э. (культура *Somogyvár-Vinkovci*), 2200-1900 до н.э. (культура *Kisapostag*) и 1900-1450 до н.э. (культура инкрустированной керамики), авторы именуют их *Vk-I*, *Vk-II* и *Vk-III*, соответственно. В работе также проанализированы данные из множественного захоронения позднего медного века баденской культуры (3600-2800 до н.э.) с археологического сайта *Balatonlelle-Rádpusztá*.

Секвенирование древних геномов проведено с покрытием от 0,008 до 0,17x, анализом охвачены 3000 SNP ядерной ДНК и вся митохондриальная ДНК. Для анализа археологических и геномных данных авторы использовали свой собственный биоинформатический подход, который они назвали *PAPline* (*Performing Archaeogenetic Pipeline*); данный метод нацелен на анализ данных секвенирования последнего поколения. Биоархеологический анализ они дополнили радиоуглеродным анализом изотопов стронция.

В слое *Vk-I* находились останки одного мужчины, который отличался ультрадолихокранным черепом, в отличие от большинства индивидов слоев *Vk-II* и *Vk-III* с брахиокранными черепами. В слоях *Vk-II* и *Vk-III* найдены останки обоих полов, при этом мужчины доминировали (78%), что указывает на гендерные особенности захоронений. В слое *Vk-II* были захоронены три подростка (16-19 лет) и семь взрослых, они были распределены по двум группам могил – А и В, а также один ребенок, в стороне от остальных. В слое *Vk-III* находилась одна могила с останками восьми индивидов разных возрастов. Анализ индивидов из *Vk-II* и *Vk-III* выявил родственные связи по отцовским линиям, что указывает на преимущественно патрилокальную структуру общества. Большая часть Y-хромосом в *Vk-II* и *Vk-III* относится к гаплогруппе I2a-L1229, которая характерна для Среднеевропейской равнины. По разнообразию гаплогрупп мтДНК индивиды из *Vk-II* похожи на население современной Польши и ее окрестностей, а индивиды из *Vk-III* более разнообразны.

В древних геномах исследовали аллели пигментации, которые продемонстрировали различия между индивидами из трех горизонтов. У мужчины из *Vk-I* найдены варианты светлой пигментации – аллели, обеспечивающие голубые глаза и светлые волосы. Индивиды из слоя *Vk-II* по аллелям более сходны с неолитическими европейцами, у них преобладают аллели темной пигментации, хотя и светлые встречаются. Индивиды из слоя *Vk-III* по аллелям пигментации разнообразны – от темных, до светлых, в том числе присутствует вариант, отвечающий за рыжие волосы.



Реконструкция внешнего облика женщины (образец S13) из группы Вк-II. Ее положение при захоронении отличается от положения остальных индивидов Вк-II. Она, вероятно, имела высокий социальный статус (бронзовые украшения в волосах).

Авторы также описали несколько генетических аномалий. Так, у ребенка из слоя Вк-II найдена анеуплоидия ХУУ, описанная как синдром Якоба (возможно, это было причиной его отдельного от других погребения). Обнаружены патологические мутации в мтДНК, в том числе мутация, вызываемая синдромом Лебера – невропатию с полной потерей зрения.

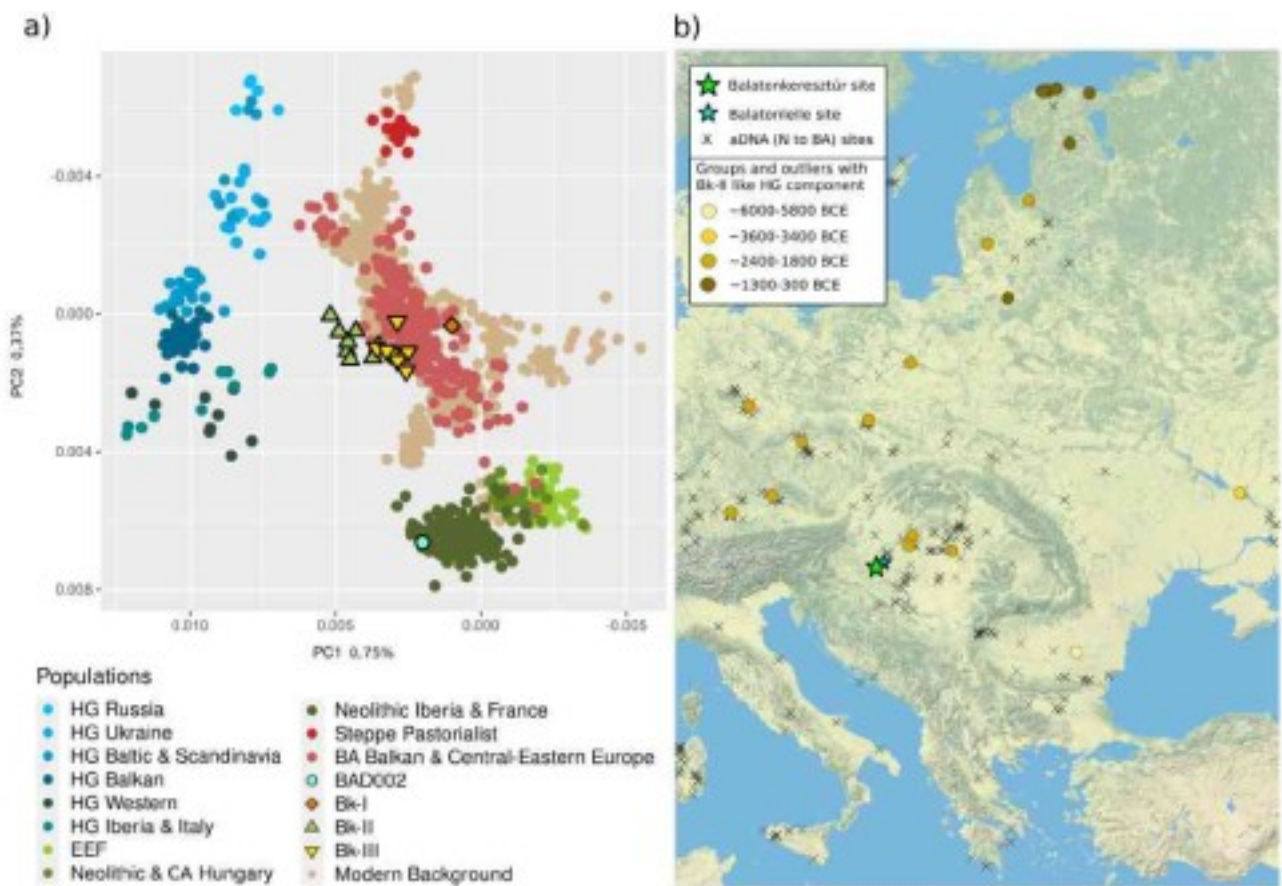
По геномным данным провели анализ главных компонент индивидов из Балканской котловины в контексте других древних и современных популяций. На графике РСА индивид Вк-I четко отделяется от Вк-II и Вк-III, в то время как группа Вк-II заметно сдвинута к группе охотников-собирателей.

Методы Admixture и qpAdm выявили в геноме Вк-I около 17% компонента охотников-собирателей, 40% — европейских земледельцев и 43% степного компонента. Такая геномная композиция характерна для среднего европейца бронзового века. По мнению авторов, наиболее вероятно, Вк-I происходит из того же источника, что и представители культуры колоковидной керамики на юго-востоке Польши.

В составе геномов индивидов Вк-III соотношение компонентов меняется: вклад охотников-собирателей составляет уже 42%, вклад европейских земледельцев 41%, и 17% остается на степной компонент. Авторы не могут исключить того, что популяция Вк-I все же частично являлась предковой для Вк-II, но такое изменение спектра в геноме с радикальным увеличением доли охотников-собирателей говорит о том, что имела место внешняя миграция. В качестве ее вероятных источников рассматривают представителей неолитической культуры воронковидных кубков в Швеции, культуры колоковидной керамики на юго-востоке Польши.

У индивидов Вк-III состав предковых компонентах в геноме сдвигается: 29% охотников-собирателей, 46% европейских земледельцев и 25% степного компонента. При этом, по результатам анализа qpAdm, основная предковая популяция для Вк-III – это Вк-II (53%).

В поиске источника высокой доли компонента охотников-собирателей у индивидов Вк-II авторы рассмотрели ранее опубликованные материалы, обратив внимание на образцы-аутлайеры, выбивающиеся из основной группы европейцев бронзового века по высокой доле компонента охотников-собирателей. С использованием методов  $f_4$  статистики и  $f_3$  статистики они попытались оценить их возможное родство с индивидами Вк-II. Эти образцы-аутлайеры с высокой долей НГ, показанные на рисунке справа, как пишут авторы, демонстрируют вероятное происхождение этого компонента в регионе между Карпатами и Днепром или Черным морем, откуда он распространяется на северо-запад до Балтики. В результате, образцы бронзового века с Балтики формируют кластер с Вк-II и Вк-III, вероятно, они связаны через общий источник компонента охотников-собирателей.



а. График PCA на основе 590 SNP. Образцы из Карпатской котловины показаны обведенными цветными значками, другие древние образцы – необведенными цветными значками; современные популяции показаны теньевыми точками. б. Кругками показаны генетические аутлайеры из опубликованных исследований, имеющих высокую долю HG компонента, сходную с таковой у индивидов Bk-II.

Таким образом, авторы полагают, что миграционный путь популяции с высоким компонентом охотников-собирателей простирался от Болгарии до Балтики через восточную границу Карпатской котловины. Предки Bk-II, вероятно, ответвились от этого миграционного пути и начали продвижение на запад, по крайней мере около 2500 до н.э., впоследствии смешавшись с другими группами. Авторы отмечают, что этому сценарию соответствует филогеография мтДНК U4b1b1 гаплогруппы. При этом анализ изотопов стронция из моляров указал на то, что индивиды из группы Bk-II родились и выросли в непосредственной близости от сайта Балатонкерестур. Авторы предполагают, что это не первое поколение людей, ассоциированных с культурой Kisapostag.

Исследователи упоминают, что Карпатская котловина в конце медного века была населена представителями баденской культуры, и их генетическая композиция в основном была представлена компонентом ранних земледельцев с очень небольшим увеличением доли охотников-собирателей по сравнению с предшествующей неолитической популяцией. Новые данные показывают, что в бронзовом веке в этом регионе появляется группа людей, несущая высокую долю компонента охотников-собирателей. Эта доля, вероятно, была получена от ранее не определенной популяции в Восточной Европе, которая внесла вклад в популяции Центральной Европы и Балтийского региона вдоль миграционного пути на северо-запад Европы. Так, авторы пишут, что полученные данные хорошо соответствуют происхождению популяции Bk-II из области Среднего Днепра, особенно если рассматривать индивида I4110 из Деревки I (украинский неолит) как одного из ранних носителей этого геномного профиля.

Популяция Bk-III, по всей вероятности, по большей части была прямым потомком популяции Bk-II, таким образом, в регионе отмечалась не только культурная, но и генетическая преемственность в течение почти 500 лет. Авторы выдвигают версии причин смерти восьми индивидов из Bk-III, захороненных в общей могиле. При отсутствии на костях признаков насильственной смерти, наиболее убедительной представляется версия эпидемии.

*текст Надежды Маркиной*

**Источник:**

Dániel Gerber et al. Interdisciplinary analyses of Bronze Age communities from Western Hungary reveal complex population histories  
// bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2022.02.03.478968>

<https://www.researchgate.net/publication/358404215> Interdisciplinary analyses of Bronze Age communities from Western Hungary reveal complex population histories