

Чильдебаева Айнаш Еркеновна  
Факультет археогенетики, Институт эволюционной  
антропологии имени Макса Планка, Лейпциг, Германия  
Факультет антропологии, Университет Канзаса, Лоуренс,  
Канзас, США

ainash\_childebayeva@eva.mpg.de  
Мусралина Ляззат Зенураиновна  
archak@gmail.com

Джансугурова Лейла Булатовна  
leylad@mail.ru

Лаборатория популяционной генетики, Институт генетики и  
физиологии, Алматы, Казахстан  
Усманова Эмма Радиковна

Карагандинский университет им. Е. А. Букетова  
Караганда, Казахстан

Южно-Уральский государственный университет, Челябинск,  
Россия  
emmadervish2004@mail.ru

### **Изучение генетики древних популяций, населявших Казахстан. Опыт международного сотрудничества**

**Аннотация:** в статье представлена информация по палеогенетическим исследованиям казахстанского археологического материала от эпохи энеолита до средних веков в сотрудничестве отечественных институтов с международными командами из Дании и Германии. Описана методология анализа палео-ДНК.

**Ключевые слова:** палеогенетика, патогенетика, эпоха бронзы, степная Евразия.

*Генетическое исследование по необходимости, по существу своему всегда исторично, но оно всё же не то же самое, что историческое исследование. Генетика ставит себе задачей изучение происхождения явлений, история – изучение их развития. Генетика предшествует истории, она прокладывает путь для истории.*

*Владимир Пропп*

*Цель и задачи палеогенетики.* Область древней ДНК начала интенсивно развиваться в течение последних 20-30 лет. В 1984 году ученые впервые смогли получить генетическую информацию вымершего в конце XIX века подвита зебры под названием квагга (Higuchi et al. 1984). Данное исследование впервые показало возможность выделения ДНК из древних костных останков. С тех пор прошло почти 40 лет, и на данный момент ДНК десятков тысяч древних людей и наших близких родственников Неандертальцев и Денисовцев, было получено и изучено учеными палеогенетиками (Green et al. 2006; Haak et al. 2015; Meyer et al. 2012).

Целью многих исследований в области древней ДНК является понимание генетического профиля доисторических популяций в пространстве и времени (Pickrell and Reich 2014). Современные достижения в молекулярной биологии, в особенности массовое параллельное секвенирование и связанные с этим разработки в области биоинформатики, позволили реконструировать полные геномы, а также генотипировать информативные части генома доисторических индивидов (Orlando et al. 2021). Благодаря этим инновациям исследования древней ДНК человека располагают уникальной возможностью генетически характеризовать людей, которые жили несколько сотен или даже тысяч лет назад, и, таким образом, отслеживать временные изменения в генетических профилях популяций из различных географических регионов.

При достаточно больших размерах выборки на временную когорту появляется возможность отслеживать изменения частоты аллелей в течение длительных периодов времени, чтобы понять, коррелируют ли эти изменения с адаптацией к новым или изменяющимся условиям среды, изменениям в диете и т.д. (Mathieson et al. 2015; Childebayeva et al. 2022). Дополнительно, генетические данные могут быть использованы для исследований на индивидуальном или внутригрупповом уровнях, включая, анализ по установлению генетического пола, фенотипирование или определение генетического родства для восстановления родословных (Mittnik et al. 2019; Fowler et al. 2021).

Кроме того, благодаря современным технологиям и накопленным базам данных по древним возбудителям заболеваний человека и животных, достаточно информативным является анализ древних патогенных организмов, обнаруживаемых в археологических останках. Анализ ДНК древних патогенов дает возможность не только реконструировать историю древних эпидемий, искать предшественников современных возбудителей инфекционных заболеваний, но и раскрывать основы социального и экономического взаимодействия древних популяций человека.

Два последние десятилетия характеризуются стремительным ростом знаний об археотектонике древних и современных геномов. Проведение полногеномных ассоциативных исследований (GWAS) однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) с детальным фенотипированием больших выборок людей привело к идентификации тысяч локусов, связанных со сложными признаками и заболеваниями (Visscher P.M. et al., 2017). В этой связи все более актуальными становятся исследования древних фенотипов, определяющих не только внешние черты, характеризующие облик объекта, но и эволюцию полигенных признаков, определяющих заболевания и адаптацию древних людей к изменяющимся условиям внешней среды, а также к смене образа жизни, питания, культуры и экономического типа хозяйствования (Fortes G.G. et al., 2013; Wilkin S. et al., 2021; Irving-Pease E.K. et al. 2021).

*Методология.* Если первые исследования древней ДНК использовали метод полимеразной цепной реакции (ПЦР) для детекции генетического материала, новые методы больше не нацелены на отдельные регионы человеческого генома. Вместо этого, создаются так называемые «геномные библиотеки» в идеале использующие все молекулы ДНК, извлеченные из фрагмента кости или зуба древнего индивида (Meyer and Kircher 2010). Такие геномные библиотеки ДНК амплифицируются, то есть ферментативно копируются миллионы раз, и могут использоваться как постоянный источник генетической информации. Далее, библиотеки секвенируют на платформах генетического секвенирования, таких как Illumina HiSeq 4000, чтобы произвести миллионы так называемых «считываний»

отдельных молекул ДНК, то есть фактических последовательностей нуклеотидов. Типом секвенирования, используемым в древней геномике, чаще всего является секвенирование “методом дробовика” или “shotgun” секвенирование, что является неприцельным подходом, поскольку нет никакого различия между ДНК из самого образца (эндогенного – в нашем случае человеческого – ДНК), и всеми другими источниками ДНК – из микробов, грибов, растений и животных. Явление, которое особенно часто встречается в почвенных археологических образцах.

Полученные считывания после секвенирования собираются биоинформатическими методами путем сопоставления с последовательностью референсных геномов (reference mapping). Этот шаг требует значительных вычислительных ресурсов и может быть сравним с поиском конкретного предложения в библиотеке, полной книг, с дополнительным усложнением того, что это делается параллельно миллионы раз. После этапа сборки считываний остается только человеческое ДНК. В результате появляется возможность оценить общее количество молекул ДНК человека, извлеченных из кости или зуба (эндогенное ДНК), которое используется для оценки успеха извлечения ДНК из образца.

Основываясь на общей сохранности образца, процент эндогенной ДНК человека может варьироваться от 0% или 0,01% (очень низкий) до 90% (очень высокий), что определяет, какой тип анализа экономически целесообразен для данного образца. Если количество ДНК велико, то образец может использоваться для полного секвенирования генома в высоком охвате, например 30 раз.

Если количество эндогенного ДНК является низким или ниже определенного порогового значения, применяются более сложные методы, которые сначала обогащают определенные регионы человеческого генома методом захвата геномных участков изучаемой области перед секвенированием (Haak et al. 2015; Mathieson et al. 2015; Fu et al. 2013). Методы захвата концентрируют количество ДНК в определенных регионах интереса и могут генерировать генетические данные из менее хорошо сохранившихся образцов, что позволяет анализировать

большое количество индивидов, принадлежащих определенному периоду времени или археологической культуре.

Большие размеры выборки являются ключевыми для решения вопросов, связанных с древней демографией, и, в частности, для анализа генов, находящихся в процессе селекции. В исследованиях древней ДНК часто используется метод обогащения 1,2 миллиона полиморфизмов в геноме человека, которые являются информативными для популяционной генетики, селекции, фенотипов, а также здоровья человека (Mathieson et al. 2015). Также, часто обогащаются митохондриальные геномы и Y-хромосомы у индивидов мужского пола (Rohrlach et al. 2021; Fu et al. 2013).

Кроме анализа ДНК человека, проводятся исследования ДНК древних патогенных микроорганизмов и вирусов. Для данного типа анализа проводится скрининг полногеномного материала на наличие фрагментов ДНК патогенов. Далее, ДНК патогена обогащается при помощи гибридизационного захвата ДНК. В некоторых случаях, наличие ДНК древнего патогена определяется при помощи quantitative real-time PCR (ПЦР) с использованием праймеров к отдельным генам патогена. Оценка копийности в данном случае используется для определения эндо- или экзогенного статуса патогена.

*Палеогенетические исследования древних культур Казахстана.* На сегодняшний день было проведено несколько исследований генетики популяций, населявших территорию древнего Казахстана (Narasimhan et al. 2019; de Barros Damgaard et al. 2018; Damgaard et al. 2018; Gneocchi-Ruscione et al. 2021; Jeong et al. 2019). Данные исследования охватили различные временные периоды, начиная с эпохи энеолита и заканчивая средними веками.

По данным, представленным в публикациях, было выявлено, что генетический профиль популяций, населявших территорию нынешнего Казахстана, подвергся значительным изменениям. Самые древние индивиды, от которых были получены генетические данные, относятся к ботайской культуре эпохе энеолита и характеризуется наличием одомашненных лошадей, давших начало современной дикой лошади Пржевальского (de Barros Damgaard et al. 2018; Jeong et al. 2019;

Librado et al. 2021). Люди ботайской культуры имеют генетический профиль с высоким содержанием так называемого древнего Северо-Евразийского компонента (Jeong et al. 2019), представленного охотниками-собираателями Сибири из памятников Афонтова Гора 3 и Мальта жившими 17 и 24 тысячи лет назад (Raghavan et al. 2014). Данный компонент в основном ассоциируется с индивидами и археологическими культурами, населявшими “лесо-тундровую” экологическую зону (Jeong et al. 2019), такими как представители окуневской культуры (de Barros Damgaard et al. 2018).

В эпоху ранней бронзы генетический профиль меняется. Индивиды этого времени могут быть охарактеризованы представителями так называемого “степного” генетического профиля, который был ранее описан у древних людей из Самарской области и Калмыкии. Данные индивиды были археологически отнесены к ямному культурному комплексу и скотоводческой экономике (Allentoft et al. 2015; Naak et al. 2015). «Степной» генетический профиль характеризуется смесью компонентов более древних предков, один из которых лучше всего представлен 8000-летними охотниками-собираателями из Восточной Европы из Карелии и Самарской области (восточно-европейские охотники-собиратели), а другой – охотниками-собираателями из южных регионов современной Грузии и Ирана (охотники-собиратели Кавказа) (Naak et al. 2015; Jones et al. 2015). Также, имеется небольшая доля (примерно 10%) двух дополнительных компонентов, один из которых относится к охотникам-собираателям из Западной и Центральной Европы (западноевропейские охотники-собиратели), а другой – к ранним европейским и анатолийским фермерам (Lazaridis et al. 2016; Mathieson et al. 2018).

В период среднего бронзового века происходит миграция культуры шнуровой керамики с территории Восточной Европы в Азию, которая характеризуется в азиатском проявлении как Афанасьевская культура. Генетический профиль индивидов афанасьевской культуры близок к «степному» и практически неотличим от индивидов ямной культуры.

Поздний бронзовый век характеризуется археологическими культурами, относящимися к андроновской

культурной общности типа Синташта, Петровка, Абашево (Damgaard et al. 2018; de Barros Damgaard et al. 2018). Генетика индивидов позднего бронзового века отличается присутствием степного компонента в высоком количестве, и практически неотличимым от представителей ямной и афанасьевской культур.

Ранний железный век с его кочевой культурой жизнеобеспечения демонстрирует дальнейшее изменение генетического профиля. Западный генетический компонент, представленный индивидами «степного» генетического профиля, так называемый центрально-степной компонент конца бронзового века, начинает смешиваться с генетическим профилем Восточной Азии (Ховсгол, Монголия бронзового века) и южной Азии (Бактрийско-Маргианский археологический комплекс) (Gnecchi-Ruscione et al. 2021). Данное смешение является генетической основой известных культур раннего железного века, носителями которых являются скифы, саки, сарматы (Gnecchi-Ruscione et al. 2021).

Временные периоды, следующие после раннего железного века изучены меньше с точки зрения археогенетики. Дальнейшие исследования необходимы для понимания динамики генетических изменений населения, жившего в средние века и в новое время, чтобы связать их с генетическим профилем современного населения Казахстана.

*Патогенетика. Результаты и планы по исследованию.* Какие болезни были распространены у древних людей? То, что они болели, очевидно. А вот чем? Как шло развитие эпидемий, с какой частотой, по каким маршрутам, по каким континентам двигались опасные для человеческой жизни болезни? Большое значение для осмысления появления и распространения массового, прогрессирующего инфекционного заболевания в пределах определённой территории у представителей древних культурных сообществ, а также выяснение закономерностей в формировании эпидемиологических очагов имеет изучение наследственных механизмов развития патологических признаков. Ниже представляем результаты работ Лаборатории популяционной генетики, Института генетики и физиологии, Алматы, Казахстан.

На основе археологических находок с территории современного Казахстана, датированных от периода раннего железного века до средних веков, был проведен анализ древних патогенных организмов в костном материале людей. Скрининг на патогенные организмы выявил наличие 36 древних штаммов патогенных микроорганизмов и вирусов в изученных палео-ДНК.

Установлено, что самыми распространенными патогенами древнего мира эпохи бронзы и железного века были микроорганизмы, вызывающие кариес, заболевания десен и других мягких тканей ротовой полости (*Treponema denticola*, *Streptococcus mutans*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus gordonii*, *Tannerella forsythia*, *Veillonella parvula* и др.). У отдельных индивидов отмечены паразитарные заболевания, такие как гельминтоз, передаваемые через животных опасные инфекционные заболевания микробной (сальмонеллез, брюшной тиф, чума) и вирусной (гепатит В) природы. РСА-анализ древних популяций человека, у представителей которых определено носительство множественных и значимых патогенов, позволяет отметить богатство детерминированных во времени миграций древнего населения с Востока и Запада в Центрально-Евразийский регион и социально-экономических связей, при этом особое значение имеет система Горного Алтая как перекрестка миграционных путей (Джансугурова и др. 2020).

Биоинформационная обработка была проведена с учетом всех имеющихся в литературе и специализированных базах данных о древних и современных геномах. Детальный анализ последовательностей ДНК древних штаммов вируса гепатита В и филогенетический анализ с включением всех известных древних и современных штаммов вируса показал, что казахстанские древние штаммы HBV (некрополь Акбейт, Центральный Казахстан, некрополь Берел, Восточный Казахстан) характеризуются генотипом D, что определяет родственность циркулирующим в Евразии современным штаммам HBV (A и D генотипы) (Kocher A. et al. 2021).

Реконструкция древних геномов *Y. pestis* и филогенетический анализ показали, что штамм *Y. pestis* из

некрополя Кызыл (раннежелезный век, Центральный Казахстан) имеет генетическое родство с распространенными в Евразии в бронзовом веке штаммами, для которых подтверждено присутствие предкового, менее инфекционного варианта *plA* гена. Установлено, что некоторые древние линии, в том числе образец из некрополя Кызыл, в результате протяженных делеций лишены генов, ответственных за вирулентность (ген адгезии *uarC*), уклонение от иммунной системы хозяина (гены флагеллинов *flgB* и *fliZ*) и эффективную трансмиссию чумной палочки от блох (гены *ymt* и *YPM1*). При этом наиболее обширная делеция (~83 kb), включающая потерю генов системы секреции типа VI (T6SS), в частности T6SS-G, характеризует штамм *Y. pestis* из некрополя Кызыл, что связано с ослаблением его вирулентности (Andrades Valtueña A. et al., 2022).

Имеющиеся полногеномные данные древних образцов позволяют получать информацию об особенностях фенотипов, определяющих родственные связи между древними популяциями, об эволюционной адаптации полигенных признаков к изменяющимся условиям среды и сменой образа жизни и питания (Fortes G.G. et al., 2013; Wilkin S. et al., 2021; Irving-Pease E.K. et al. 2021). Среди этих исследований наиболее часто выводимыми комплексными признаками являются пигментация, рост, особенности метаболизма, метаболические признаки, иммуногенность к патогенам и распространенным заболеваниям.

До сегодняшнего дня не проводились системные исследования, связанные с изучением фенотипических характеристик древних индивидов, заселявших территорию Казахстана и прилегающих территорий России и Кыргызстана. Наши дальнейшие исследования будут сосредоточены на анализе имеющихся данных полногеномного секвенирования по SNVs, связанных с внешним видом (цвет кожи, глаз или волос), с эволюционирующими признаками обмена веществ (способность переваривать лактозу, алкоголь, адаптация к метаболизму жирных кислот, метаболизм витамина D), а также с восприимчивостью к развитию заболеваний (предрасположенность к сердечно-сосудистым заболеваниям, целиакии, особенности иммунитета и устойчивость к

инфекционным заболеваниям). Надеемся, что полученные данные позволят охарактеризовать фенотипы и получить новые данные об образе жизни кочевых популяций, заселявших Центрально-Евразийскую степь от эпохи энеолита до эпохи раннего средневековья.

*Совместное международное сотрудничество.*  
Исследования популяционной генетики людей и динамики патогенов древних популяций, населявших территорию Казахстана, проводились и проводятся Казахстанскими учеными совместно с международными группами, начиная с 2014 года. В период с 2014 по 2016 гг. Институтом генетики и физиологии была реализована специальная программа исторических исследований «Народ в потоке истории». В рамках этой программы в Институте общей генетики и цитологии в 2014 году была создана уникальная Лаборатория популяционной генетики, ориентированная на междисциплинарные исследования и усиление научно-доказательной базы национальной истории Казахстана с использованием современных возможностей молекулярно-генетического анализа, при консультативной помощи Svante Paabo и Johannes Krause от Сообщества Институтов Макса Планка (Институт эволюционной Антропологии и Институт науки об истории человечества). Исследования продолжились в рамках следующей целевой междисциплинарной программы «История и культура Великой Степи» (2018-2020) и ряда грантовых проектов (2018-2022). Материал собирали в сотрудничестве с Институтом археологии им. А.Х. Маргулана в г. Алматы, различными музейными организациями и научно-исследовательскими организациями, а также через прямое общение с археологами (З. Самашев, В. Зайберт, А. Бейсенов, А. Бисембаев, и др.).

По результатам совместной работы, были опубликованы следующие статьи:

Ch. Jeong, ... N. Kahbatkyzy, ... O. Ixan, E. Khussainova, B. Bekmanov, V. Zaibert, ... L. Djansugurova, E. Balanovska, S. Schiffels, W. Haak, D. Reich and J. Krause. Characterizing the genetic history of admixture across inner Eurasia // Nature Ecology & Evolution. 2019. - Vol.3. - P. 966-976.

<https://doi.org/10.1038/s41559-019-0878-2> WOS:000470917200021  
IF=19.100. Q1. Процентиль – 99% CI=66 (Web of Science Core  
Collection)

Gnecchi-Ruscone G.A., Khussainova E., Kahbatkyzy N.,  
Musralina L., Spyrou M.A., ... Iksan O., Garshin A., Zhaniyazov Z.,  
Bekmanov B., Kitov E., Samashev Z., Beisenov A., ...  
Djansugurova L., Jeong C., Krause J. Ancient genomic time transect  
from the Central Asian Steppe unravels the history of the Scythians.  
*Science Advances*. 2021 Mar 26;7(13):eabe4414. doi:  
10.1126/sciadv.abe4414. IF=14.96. Q1. Процентиль – 96% CI=17  
(Web of Science Core Collection) CI=13 (Scopus)

Kocher A., ... Musralina L., ...Khussainova E., Djansugurova  
L.B., Beisenov A.Z., Samashev ...Herbig A., Haak W., Krause J.,  
and Kühnert D. Ten millennia of hepatitis B virus evolution //  
*Science*. – 2021. - Vol. 374, Is. 6564. – P. 182-188. doi:  
10.1126/science.abi5658. Epub 2021 Oct 7. WOS:000704920400041  
IF=63.714. Q1. Процентиль – 99% CI=13 (Web of Science Core  
Collection) CI=12 (Scopus)

Andrades Valtueña A., ... Musralina L., Aron F., Beisenov A.,  
...Djansugurova L.B., ... Khussainova E., Kitov E., ...Haak W.,  
Krause J., Herbig A. Stone Age *Yersinia pestis* genomes shed light  
on the early evolution, diversity, and ecology of plague //  
*Proceedings of Natural Academy of Science USA*. 2022 Apr  
26;119(17):e2116722119. doi: 10.1073/pnas.2116722119. Epub  
2022 Apr 11. WOS:000796327900001 IF=11.205. Q1. Процентиль  
– 96%. CI=2 (Web of Science Core Collection) CI=5 (Scopus)

Spyrou, M.A., Musralina, L., Gnecchi Ruscone, G.A., Kocher  
A., Borbone P.-G., Valeri I. Khartanovich V.I., Buzhilova A.,  
Djansugurova L., Bos K.I., Kuhnert D., Haak W., Slavin Ph., Krause  
J. The source of the Black Death in fourteenth-century central  
Eurasia // *Nature*. – 2022. – V. 606. – P. 718–724.  
<https://doi.org/10.1038/s41586-022-04800-3>  
WOS:000811501700004 IF=69.504. Q1. CI=8 (Web of Science  
Core Collection) CI=6 (Scopus)

В 2015 году САИ с целью сбора образцов по палео-ДНК  
костных останков человека культур эпохи бронзы и ранних  
кочевников посетила группа исследователей и ассистентов из

Дании и Норвегии: Peter de Barros Damgaard (Geneticist from Centre for Geogenetics, Denmark); Sturla Ellingvåg, (Leader of Explico Research Team); Bettina Heyerdahl (Ambassador); Kåre-Leif Hollevik (Translator); Vegard Strømsodd (Organizer); Anna Sara Fjeld, Fredrik Widerøe (Assistants). На палеогенетический анализ было отобрано около трех десятков образцов. Был заключен меморандум на проведение совместных исследований между Карагандинским государственным университетом им. академика Е. А. Букетова и Center for GeoGenetics, Natural History Museum of Denmark, University of Copenhagen Eske Willerslev, Director. Кстати, в ходе работы ученые САИ познакомились и подружились с Helene Elisabeth Heyerdahl, дочерью легендарного норвежского путешественника Тура Хейердала, который впервые высказал идею о глобальных коммуникациях в древности, и, в частности, о связи культур степной Евразии с культурами Западной Европы (рис. 1).

Вместе с карагандинскими археологами в исследованиях участвовали команды казахстанских археологов: Павлодарский государственный университет им. С. Торайгырова, Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова. Куратором проекта являлась научный сотрудник САИ Э.Р. Усманова.

Результатом палеогенетических исследований явились две первые основательные работы с участием казахстанских археологов, опубликованных в 2018 в топовом мировом журнале Nature: 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes // Nature. – 2018. – Vol. 557; Ancient hepatitis B viruses from the Bronze Age to the Medieval period. Nature, 557(7705), pp.418 – 433. Археологические находки «заговорили» на языке палеогеномов.

Новый этап участия археологов Сарыаркинского археологического института в палеогенетических исследованиях обозначился в 2022 году. Приоритет был отдан патогенетике. Предстоит узнать каким болезням были подтверждены жители казахстанских степей в эпоху бронзы, реконструировать пути распространения инфекций. В этот раз предстоит работать со знаменитым немецким институтом из Лейпцига – Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology.

Меморандум о сотрудничестве был подписан со стороны Карагандинского университета им. академика Е. А. Букетова ректором Н.О. Дулатбековым и директором САИ В.Г. Ломаном (рис. 2), со стороны Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology – Johannes Krause, Director. В 2022 году, как и в 2015 году в коллаборации с карагандинскими археологами работают команды казахстанских археологов: Торайгыров университет (Павлодар); Костанайский региональный университет им. А. Байтурсынова. Куратор проекта: научный сотрудник САИ Э.Р. Усманова (рис. 3). Проект получил пилотное название «Изучение популяционной генетики и распространение патогенов народонаселения эпохи бронзы Казахстана». Специалисты-генетики отобрали несколько десятков образцов костных останков (зубы) из погребений конца III тыс. до н.э. – II тыс. до н.э. Северного и Центрального Казахстана (рис. 4).

*Послесловие.* Карагандинской археологической школе присущи отличительные черты новаторства и творчества в археологических изысканиях. В этом есть немаловажная заслуга В. В. Евдокимова – археолога, доктора исторических наук, профессора Карагандинского университета им. академика Е. А. Букетова, одного из основоположника карагандинской археологической школы (Бедельбаева, Усманова, 2017, с. 186 – 193). Валерий Валентинович предлагал свободу выбора в поиске научной истины. Это был его стиль работы с неоднозначным по характеру, коллективом археологов САИ при Карагандинском университете. Он мудро предлагал выбирать то, что интересно в науке, не требовал, делал допущения и помогал определиться в исследовательских темах. Спустя десятилетия мы ощутили, как важно было выбирать самим свою стезю в науке, ошибаясь, путаясь в научных штудиях, и наконец, находя главный ход в изысканиях.

Одним из видов творческого отношения к археологическим исследованиям были тематические семинары. Валерий Валентинович был учеником известного советского археолога В. Ф. Генинга. А это означало точность дефиниций, понимание раскопа как «текста», который надо читать по буквам и слогам, умение оригинально интерпретировать

артефакт. Эти семинары заложили в нас основу изучения предмета с разных сторон, научили использовать статистические методы и описывать предмет по его признакам существования. Артефакт в его системе предназначения. Цифры и числа, которые представляют предмет. Отчасти поэтому наша карагандинская школа археологии, которую В.В. Евдокимов развивал и питал идеями, заметно отличается от других школ в Казахстане. Валерий Валентинович был признанным специалистом по истории и археологии племен эпохи бронзы степной Евразии. Большинство карагандинских археологов – это «бронзовики». Отсюда поистине огромный информационный потенциал присутствует в предметной, антропологической и палеозоологической коллекциях, которые хранятся в фондах САИ.

Карагандинские археологи продолжают развивать эту традицию, заложенную В.В. Евдокимовым, в активном познании археологического ресурса. И потому появление команды палеогенетиков в САИ стало закономерным явлением в нашей научной действительности. Антропологические материалы из сотен погребальных памятников эпохи бронзы и ранних кочевников, расположенных в Северном и Центральном Казахстане, содержат бесценную информацию о древнем степном народонаселении. Мобильность, пути миграции людей, взаимовлияние, взаимообмены, факторы воздействия степных культур на культуры Западной Европы, места встречи и расставаний представителей разных культур, распространение болезней, диета – это то, что можно «прочитать» по древнему геному. Палеогенетика – это революционный метод познания закономерности и формирования социально-культурных процессов, генетического кода в сообществах прошедшего и современного времени.



Рис. 1. Карагандинские археологи и команда исследователей по палеогенетике из Дании и Норвегии. Караганда, 2015. Фото Э.Р. Усмановой



Рис. 2. Встреча генетиков с руководством Карагандинского университета им. Е.А. Букетова и САИ(слева направо): А.Е. Чильдебаева, Н.О. Дулатбеков (ректор), Л.З. Мусралина, В.Г. Ломан (директор). Караганда, 2022. Фото Э.Р. Усмановой



Рис. 3. Посещение Института эволюционной антропологии. Научный сотрудник САИ Э.Р. Усманова. Лейпциг, Германия, 2022. Фото А.Е. Чильдебаевой



Рис. 4. Археологи САИ и генетики (слева направо): И.А. Кукушкин, А.Е. Чильдебаева, Е.А. Дмитриев, Л.З. Мусралина, М.В. Бедельбаева. Караганда, музей археологии и этнографии САИ, 2022. Фото Э.Р. Усмановой

## ЛИТЕРАТУРА

*Бедельбаева М.В., Усманова Э.Р.* Археологическое наследие Центрального Казахстана: изучение и сохранение. – Алматы: Научно-исследовательский центр истории и археологии «Бегазы-Тасмола», 2017 – Т. 1. – С. 186–195.

*Джансугурова Л.Б., Мусралина Л.З., Хусаинова Э.М., Бекманов Б.О., Самашев З.С. Некки-Русконе Г.А., Краузе Й.* Палеогенетический анализ костных останков людей, представляющих Хунно-Сяньбийский пласт Береля Казахстанской части Алтая // Мир большого Алтая. Международный научный журнал. 2020. – № 6 (2). – С. 949–958.

*Allentoft, Morten E., Martin Sikora, Karl-Göran Sjögren, Simon Rasmussen, Morten Rasmussen, Jesper Stenderup, Peter B. Damgaard, et al.* 2015. “Population Genomics of Bronze Age Eurasia.” *Nature* 522 (7555): 167–72.

*Andrades Valtueña A., Neumann G.U., Spyrou M.A., Musralina L., Aron F., Beisenov A., Belinskiy A.B., Bos K.I., Buzhilova A., Conrad M., Djansugurova L.B., Dobeš M., Ernée M., Fernández-Eraso J., Frohlich B., Furmanek M., Haluszko A., Hansen S., Harney É., Hiss A.N., Hübner A., Key F.M., Khussainova E., Kitov E., Kitova A.O., Knipper C., Kühnert D., Lalueza-Fox C., Littleton J., Massy K., Mittnik A., Mujika-Alustiza J.A., Olalde I., Papac L., Penske S., Peška J., Pinhasi R., Reich D., Reinhold S., Stahl R., Stäuble H., Tukhbatova R.I., Vasilyev S., Veselovskaya E., Warinner C., Stockhammer P.W., Haak W., Krause J., Herbig A.* Stone Age Yersinia pestis genomes shed light on the early evolution, diversity, and ecology of plague. *Proc Natl Acad Sci USA* (Q1, процентиль - 96%, IF=11.205). 2022 Apr 26;119(17):e2116722119. doi: 10.1073/pnas.2116722119.

*Barros Damgaard, Peter de, Rui Martiniano, Jack Kamm, J. Víctor Moreno-Mayar, Guus Kroonen, Michaël Peyrot, Gojko Barjamovic, et al.* 2018. “The First Horse Herders and the Impact of Early Bronze Age Steppe Expansions into Asia.” *Science* 360 (6396): eaar7711.

*Childebayeva, Ainash, Adam Benjamin Rohrlach, Rodrigo Barquera, Maïté Rivollat, Franziska Aron, András Szolek, Oliver Kohlbacher, et al.* 2022. “Population Genetics and Signatures of

Selection in Early Neolithic European Farmers.” *Molecular Biology and Evolution* 39 (6). <https://doi.org/10.1093/molbev/msac108>.

*Damgaard, Peter de Barros, Nina Marchi, Simon Rasmussen, Michaël Peyrot, Gabriel Renaud, Thorfinn Korneliussen, J. Victor Moreno-Mayar, et al.* 2018. “137 Ancient Human Genomes from across the Eurasian Steppes.” *Nature* 557 (7705): 369–74.

*Fortes G.G., Speller C.F., Hofreiter M., King T.E.* Phenotypes from ancient DNA: approaches, insights and prospects // *Bioessays*. – 2013. – V.35(8). – P. 690-695. doi: 10.1002/bies.201300036.

*Fowler, Chris, Iñigo Olalde, Vicki Cummings, Ian Armit, Lindsey Büster, Sarah Cuthbert, Nadin Rohland, Olivia Cheronet, Ron Pinhasi, and David Reich.* 2021. “A High-Resolution Picture of Kinship Practices in an Early Neolithic Tomb.” *Nature* 601 (7894): 584–87.

*Fu, Qiaomei, Alissa Mittnik, Philip L. F. Johnson, Kirsten Bos, Martina Lari, Ruth Bollongino, Chengkai Sun, et al.* 2013. “A Revised Timescale for Human Evolution Based on Ancient Mitochondrial Genomes.” *Current Biology: CB* 23 (7): 553–59.

*Gnecchi-Ruscone, Guido Alberto, Elmira Khussainova, Nurzhibek Kahbatkyzy, Lyazzat Musralina, Maria A. Spyrou, Raffaella A. Bianco, Rita Radzeviciute, et al.* 2021. “Ancient Genomic Time Transect from the Central Asian Steppe Unravels the History of the Scythians.” *Science Advances* 7 (13). <https://doi.org/10.1126/sciadv.abe4414>.

*Green, Richard E., Johannes Krause, Susan E. Ptak, Adrian W. Briggs, Michael T. Ronan, Jan F. Simons, Lei Du, et al.* 2006. “Analysis of One Million Base Pairs of Neanderthal DNA.” *Nature* 444 (7117): 330–36.

*Haak, Wolfgang, Iosif Lazaridis, Nick Patterson, Nadin Rohland, Swapan Mallick, Bastien Llamas, Guido Brandt, et al.* 2015. “Massive Migration from the Steppe Was a Source for Indo-European Languages in Europe.” *Nature* 522 (7555): 207–11.

*Higuchi, R., B. Bowman, M. Freiburger, O. A. Ryder, and A. C. Wilson.* 1984. “DNA Sequences from the Quagga, an Extinct Member of the Horse Family.” *Nature* 312 (5991): 282–84.

*Irving-Pease E.K., Muktupavela R., Dannemann M., Racimo F.* Quantitative Human Paleogenetics: What can Ancient DNA Tell

us About Complex Trait Evolution? // *Frontiers in Genetics*. - 2021. – V. 12 (703541) DOI: 10.3389/fgene.2021.703541

*Jeong, Choongwon, Oleg Balanovsky, Elena Lukianova, Nurzhibek Kahbatkyzy, Pavel Flegontov, Valery Zaporozhchenko, Alexander Immel, et al.* 2019. “The Genetic History of Admixture across Inner Eurasia.” *Nature Ecology & Evolution* 3 (6): 966–76.

*Jones, Eppie R., Gloria Gonzalez-Forbes, Sarah Connell, Veronika Siska, Anders Eriksson, Rui Martiniano, Russell L. McLaughlin, et al.* 2015. “Upper Palaeolithic Genomes Reveal Deep Roots of Modern Eurasians.” *Nature Communications* 6 (1): 1–8.

*Kocher A., Papac L., Barquera R., Key F.M., Spyrou M.A., Hübler R., Prüfer K., Rohrlach A.B., Aron F., Stah R., Wissgott A., Mittnik A., Villalba-Mouco V., Neumann G.U., Rivollat M., van de Loosdrecht M.S., Majander K., Tukhbatova R.I., Musralina L., Ghalichi A., Penske S., Sabin S., Miche M., Gretzinger J., Nelson E.A., Ferraz T., Nägele K., Parker C., Keller M., Guevara E.K., Feldman M., Eisenmann S., Skourtanioti E., Giffin K., Gneccchi Ruscone G.A., Friederich S., Schimmenti V., Tejedor-Rodríguez C., García-Martínez de Lagrán Í., Arcusa-Magallón H., Garrido-Pena R., Royo-Guillén J.I., Khartanovich V., Karapetian M.K., Chaplygin M.S., Kufterin V.V., Khohlov A.A., Chizhevsky A.A., Stashenkov D.A., Kochkina A.F., Rottier S., Kacki S., Saintot S., Kaverzneva E., Belinskiy A.B., Velemínský P., Limburský P., Kostka M., Chinique de Armas Y., Hernandez Godoy S.T., Hernández-Zaragoza D.I., Binder D., Lefranc Ph., Kantorovich A.R., Maslov V.E., Lai L., Zoledziewska M., Beckett J.F., Langová M., Danielisová A., Sperduti A., Beckett S., Salter S.J., von Heyking K., Burger R.L., Salazar L.C., Amkreutz L., Navruzbekov M., Rosenstock E., Alonso-Fernández C., Slavchev V., Kalmykov A.A., Atabiev B.Ch., Batieva E., Calmet M.A., Llamas B., Schultz M., Krauß R., Jiménez-Echevarría J., Francken M., Shnaider S., Altena E., Van de Vijver K., Fehren-Schmitz L., Tung T.A., Lössch S., Dobrovolskaya M., Makarov N., Read C., Van Twest M., Sagona C., Ramsl P.C., Akar M., Yener K.A., Ballesterio E.C., Cucca F., Mazzarello V., Utrilla P., Rademaker K., Fernández-Domínguez E., Baird D., Semal P., Márquez-Morfín L., Roksandic M., Steiner H., Salazar-García D.C., Shishlina N., Erdal Y.S., Hallgren F., Boyadzhiev Y., Boyadzhiev K., Küßner M., Sayer D., Onkamo P., Skeates R., Buzhilova A., Khussainova E., Djansugurova*

L.B., Beisenov A.Z., Samashev Z., Massy K., Rojo-Guerra M., Mannino M., Moiseyev V., Mannermaa K., Balanovsky O., Deguilloux M.-F., Reinhold S., Hansen S., Kitov E.P., Dobeš M., Ernée M., Meller H., Warinner C., Schiffels S., Stockhammer Ph.W., Bos K., Posth C., Herbig A., Haak W., Krause J., and Kühnert D. Ten millennia of hepatitis B virus evolution // Science. – 2021. – Vol, 374, Is. 6564. P. 182-188.

Lazaridis, Iosif, Dani Nadel, Gary Rollefson, Deborah C. Merrett, Nadin Rohland, Swapan Mallick, Daniel Fernandes, et al. 2016. “Genomic Insights into the Origin of Farming in the Ancient Near East.” *Nature* 536 (7617): 419–24.

Librado, Pablo, Naveed Khan, Antoine Fages, Mariya A. Kusliy, Tomasz Suchan, Laure Tonasso-Calvière, Stéphanie Schiavinato, et al. 2021. “The Origins and Spread of Domestic Horses from the Western Eurasian Steppes.” *Nature* 598 (7882): 634–40.

Mathieson, Iain, Songül Alpaslan-Roodenberg, Cosimo Posth, Anna Szécsényi-Nagy, Nadin Rohland, Swapan Mallick, Iñigo Olalde, et al. 2018. “The Genomic History of Southeastern Europe.” *Nature* 555 (7695): 197–203.

Mathieson, Iain, Iosif Lazaridis, Nadin Rohland, Swapan Mallick, Nick Patterson, Songül Alpaslan Roodenberg, Eadaoin Harney, et al. 2015. “Genome-Wide Patterns of Selection in 230 Ancient Eurasians.” *Nature* 528 (7583): 499–503.

Meyer, Matthias, and Martin Kircher. 2010. “Illumina Sequencing Library Preparation for Highly Multiplexed Target Capture and Sequencing.” *Cold Spring Harbor Protocols* 2010 (6): db.prot5448.

Meyer, Matthias, Martin Kircher, Marie-Theres Gansauge, Heng Li, Fernando Racimo, Swapan Mallick, Joshua G. Schraiber, et al. 2012. “A High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual.” *Science* 338 (6104): 222–26.

Mitnik, Alissa, Ken Massy, Corina Knipper, Fabian Wittenborn, Ronny Friedrich, Saskia Pfrenkle, Marta Burri, et al. 2019. “Kinship-Based Social Inequality in Bronze Age Europe.” *Science* 366 (6466): 731–34.

Narasimhan, Vagheesh M., Nick Patterson, Priya Moorjani, Nadin Rohland, Rebecca Bernardos, Swapan Mallick, Iosif

Lazaridis, et al. 2019. “The Formation of Human Populations in South and Central Asia.” *Science* 365 (6457). <https://doi.org/10.1126/science.aat7487>.

Orlando, Ludovic, Robin Allaby, Pontus Skoglund, Clio Der Sarkissian, Philipp W. Stockhammer, Maria C. Ávila-Arcos, Qiaomei Fu, et al. 2021. “Ancient DNA Analysis.” *Nature Reviews Methods Primers* 1 (1): 1–26.

Pickrell, Joseph K., and David Reich. 2014. “Toward a New History and Geography of Human Genes Informed by Ancient DNA.” *Trends in Genetics*. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2014.07.007>.

Raghavan, Maanasa, Pontus Skoglund, Kelly E. Graf, Mait Metspalu, Anders Albrechtsen, Ida Moltke, Simon Rasmussen, et al. 2014. “Upper Palaeolithic Siberian Genome Reveals Dual Ancestry of Native Americans.” *Nature* 505 (7481): 87–91.

Rohrlach, Adam B., Luka Papac, Ainash Childebayeva, Maité Rivollat, Vanessa Villalba-Mouco, Gunnar U. Neumann, Sandra Panske, et al. 2021. “Using Y-Chromosome Capture Enrichment to Resolve Haplogroup H2 Shows New Evidence for a Two-Path Neolithic Expansion to Western Europe.” *Scientific Reports* 11 (1): 15005.

ViSScher P.M., Wray N.R., Zhang Q. et al. 10 Years of GWAS discovery: Biology, Function, and Translation. // *Am. J. Hum. Genet.* - 2017. – V.101. – P. 5–22. doi: 10.1016/j.ajhg.2017.06.005

Wilkin S., Ventresca Miller A., Fernandes R. et al. Dairying enabled Early Bronze Age Yamnaya steppe expansions. *Nature*. – 2021. – V.598. – P. 629–633. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03798-4>

Andrades Valtueña A., Neumann G.U., Spyrou M.A., Musralina L., ..., Beisenov A., ..., Herbig A. Stone Age Yersinia pestis genomes shed light on the early evolution, diversity, and ecology of plague. *Proc Natl Acad Sci USA* (Q1, процентиль - 96%, IF=11.205). 2022 Apr 26;119(17):e2116722119. doi: 10.1073/pnas.2116722119.

*Примечание. Работа выполнена при финансовой поддержке гранта: AP09261083 «Транскультурные коммуникации в эпоху поздней бронзы (Западная Сибирь – Казахстан – Центральная Азия)».*

Проект «Изучение этногенетической истории населения Казахстана» (науч. рук.: Джансугурова Л.Б.) в ПЦФ «Народ в потоке истории» на 2014-2016 гг. (гос. заказ)

Проект «Анализ знаковых феноменов, представляющих раннюю историю Великой степи для решения вопросов этногенеза казахов» в рамках программно-целевого финансирования в НТП BR05233709 «История и культура Великой степи» на 2018-2020 гг.

Грантовый проект «Анализ генетической связи между потомками протоказахской популяции аргын и древними костными останками гуннского периода из Венгрии» на 2015-2017 гг.

Грантовый проект AP08856654 «Палеогенетический анализ патогенных микроорганизмов в археологических останках человека, представляющих центрально-евразийский регион» (2020-2022).

Также, финансирование было получено в рамках отечественного грантового проекта AP14871103 «Фенотипический анализ древних индивидов, представляющих раннюю историю заселения Центрально-Евразийской степи».

**Аннотация:** Мақалада «Сарыарқа» археологиялық институтының, Еуразия даласының қола дәуіріндегі халықтың қоныстануы туралы палео-ДНҚ зерттеулер бойынша бірлескен жобалары туралы ақпарат берілген. Палео-ДНҚ талдауының әдістемесі сипатталған.

**Кілт сөздер:** палеогенетика, патогенетика, қола дәуірі, далалық Еуразия.

**Annotation:** Paper is presented an information about joint paleo-DNA projects dedicated to the Bronze Age population of the Steppe Eurasia of the Saryarka Archaeological Institute.

**Key words:** paleogenetics, pathogenetics, Bronze Age, Eurasia steppe.