

Министерство культуры Самарской области
Самарский государственный социально-педагогический университет
Самарский областной историко-краеведческий музей им. П.В. Алабина

ТРУДЫ
VI (XXII) ВСЕРОССИЙСКОГО
АРХЕОЛОГИЧЕСКОГО СЪЕЗДА
в Самаре

Том III

Ответственные редакторы:
академик РАН А.П. Дервянко,
академик РАН Н.А. Макаров,
доктор исторических наук О.Д. Мочалов

Самара 2020

чению датировками от 190 до 218 тыс. лет. Слой 3 охарактеризован 2 датировками, определяющими возраст слоя в интервале ~210–220 тыс. лет. Возраст наиболее раннего эпизода, в котором фиксируются следы пребывания человека в слоях 4 и 5 по результатам датирования определен

330–360 тыс. лет. Этот возраст отражает время заселения района в этап существования небольшой теплой урунджиской трансгрессии Каспийского моря (Свиточ, 2015) в условиях начального потепления МИС 9.

Исследование выполнено при поддержке грантов РФФИ 19–09–00006 (археологические исследования) и 19–05–01004 (геохронологические исследования).

Список литературы

Деревянко А.П., Рыбалко А.Г., Зенин В.Н., Янина Т.А. Исследования раннепалеолитической стоянки Дарвагчай-Залив-4 в Дагестане. Археология, этнография и антропология Евразии, 46(2): 3–15, 2018.

Кандыба А.В., Рыбалко А.Г. Ранний палеолит Юго-Восточного Дагестана (по материалам памятника Дарвагчай-залив-4) // Изв. Алт. гос. ун-та. Сер. История, политология.

2016. 2 (90). С. 210–214.

Курбанов Р.Н., Янина Т.А., Мюррей Э.С., Семиколеных Д.В., Свистунов М.И., Штыркова Е.И. Возраст карангатской трансгрессии Черного моря // Вестник Московского университета, Серия география. 2019. № 6. С. 29–40.

Свиточ А.А. Палеогеография большого Каспия // Вестник Московского университета. Серия 5. География. 2015.

ПРЕДВАРИТЕЛЬНЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ОСТЕОЛОГИЧЕСКИХ МАТЕРИАЛОВ ОТ ДРЕВНИХ ЛОШАДЕЙ ИЗ ПОСЕЛЕНИЙ НОВОИЛЬНИКА-III И VI (КУЛУНДИНСКАЯ СТЕПЬ)

© 2020 г. М.А. Куслий^{1,2,3} (kusliy.maria@mcb.nsc.ru), Н. Хан¹, А.А. Тишкин², К.Ю. Кирюшин², А. Фаж¹, Н.В. Воробьева³, А.С. Графодатский³, Л. Орландо¹

¹Университет Тулузы III, Тулуза, Франция;

²Алтайский государственный университет, Барнаул, РФ;

³Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН, Новосибирск, РФ

Аннотация. Анализ ДНК 37 остеологических образцов от лошадей из поселений Новоильника-III и VI позволил определить, что они в основном являлись кобылами. Изучение полногеномных паттернов вариации ДНК у пяти из них указывает на возможное сходство с лошадьми из поселения энеолита Ботай (Казахстан). Ни одна из особей не принадлежала генетическим линиям верхнего палеолита *Equus lenensis* или *Equus ovodovi*. Более глубокое секвенирование геномов древних лошадей обеспечит проверку и расширение полученных результатов.

Ключевые слова: Кулундинская степь, энеолит, лошади, молекулярно-генетический анализ.

Время и географическое место формирования центра одомашнивания лошадей до сих пор остаются спорными. Пока самые ранние археологические свидетельства об уздании, доения и содержания в загонках таких животных выявлены на поселении Ботай, расположенном на севере Центрального Казахстана (Olsen, 2003. С. 83–104; Outram et al., 2009. С. 1332–1335; и др.). Секвенирование полных геномов ботайских коней показало, что они являлись предками современных лошадей Пржевальского (Gaunitz et al., 2018).

В этом сообщении представлены предварительные результаты молекулярно-генетического анализа древней ДНК 37 остеологических образцов из энеолитических поселений Новоильника-III и VI, расположенных в Кулундинской степи (Хабарский район Алтайского края). Раскопки этих археологических памятников осуществлялись под руководством К.Ю. Кирюшина с 2010 по 2014 г. Оказалось, что среди обнаруженных остатков фауны доминировали кости лошадей (Васильев и др., 2011; Кирюшин и др., 2015; и др.). По остеологическим материалам трудно сделать однозначный вывод о том, являлись ли эти кони одомашненными. Поэтому проводились молекулярно-генетические исследования.

На территории Сибири существовали, как минимум, четыре типа генетических линий лошадей начиная с верхнего палеолита: *Equus lenensis* (Schubert et al., 2014; Librado et al., 2017; Gaunitz et al., 2018); *Equus ovodovi* (Vilstrup et

al., 2013); предки *Equus przewalskii* (Gaunitz et al., 2018) и современных домашних лошадей (Librado et al., 2017). Поскольку они все могут быть идентифицированы генетически (Fages et al., 2019), то проводилось выделение древней ДНК из 8 плюсневых костей и 10 зубов лошадей из поселения Новоильника-III, а также из одной пирамидальной части височной кости и 18 зубов лошадей из Новоильники-VI. Выделенная ДНК подвергалась мягкой ферментативной обработке смесью урацил-ДНК-гликозилазы и ДНК гликозилазы-лиазы для частичного устранения влияния постмортального повреждения ДНК на последующие анализы (Rohland et al., 2015). Были приготовлены библиотеки ДНК с тремя индексами, их парноконцевое неглубокое секвенирование осуществлялось на секвенаторах Illumina. Последовательности ДНК выравнивались на референсный геном лошади EquCab3 (Kalbfleisch et al., 2018), используя программу Paleomix (Schubert et al., 2014. С. 1056) и оптимальные условия картирования (Schubert et al., 2012). Фракция последовательностей ДНК, которая может быть уверенно каптирована на референсный геном лошади, предоставила оценку содержания эндогенной ДНК. Проанализированная пирамидальная часть височной кости показала самый высокий уровень (~76,2%), а некоторые зубы – примерно 39,3–46,1%. Различия в сохранности ДНК между образцами зубов лошадей из памятников Новоильника-III и VI не обнаружены.

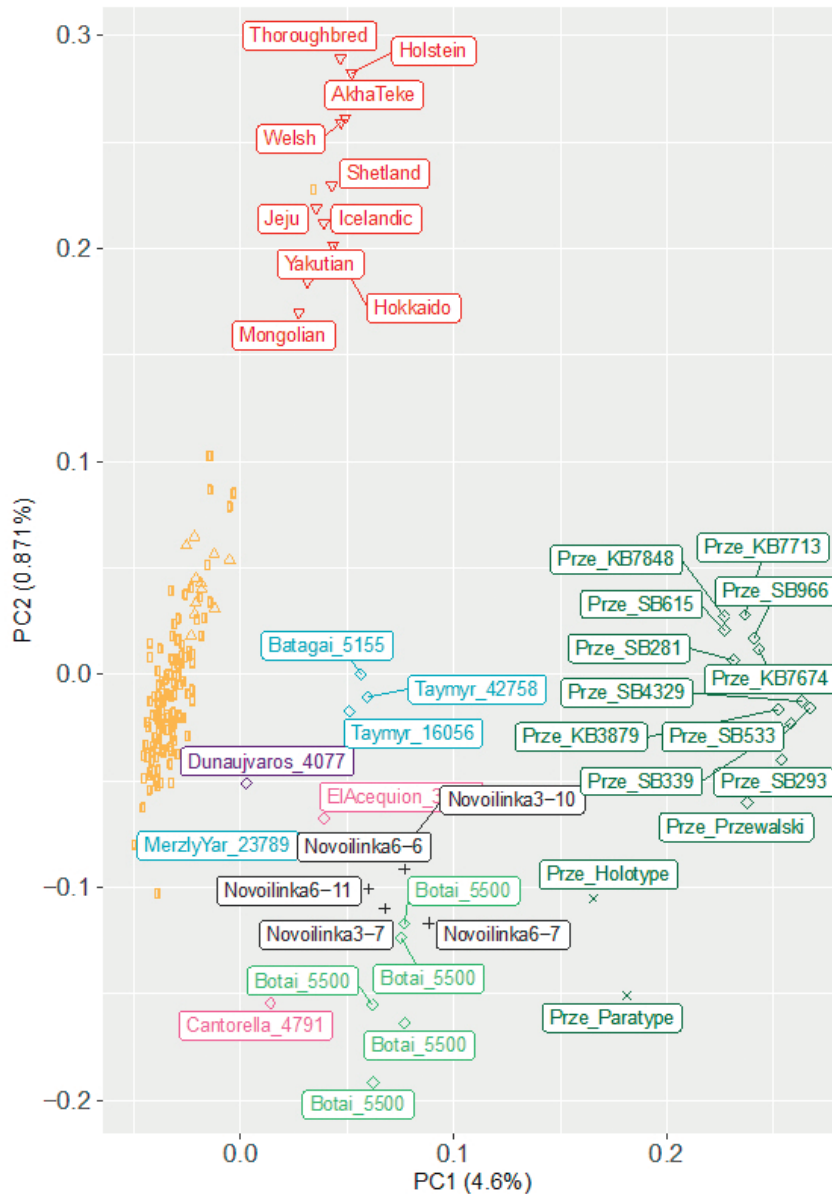


Рис. 1. Анализ главных компонент пяти образцов из поселений Новоильинка-III и VI, для которых получены полные геномы с $\sim 0,25X$ глубиной покрытия.

Информация о последовательностях древней ДНК с малой глубиной покрытия была дополнена результатами конвейерной обработки последовательностей через Zonkey (Schubert et al., 2017), которая подтвердила, что все проанализированные образцы принадлежат лошадям, исключая *Equus ovodovi* в качестве возможной линии. Кроме того, фракция прочтений, выровненных на аутосомы и X-хромосомы, помогла оценить пол 33 проанализированных образцов. Оказалось, что в выборке преобладали кобылы, которые встречались в два раза чаще, чем жеребцы в обоих памятниках. Соотношение полов в современных диких стадах лошадей Пржевальского является сбалансированным (Mlikovsky, 1988). Поэтому люди, проживавшие на поселениях Новоильинка-III и VI, либо предпочитали специально охотиться на кобыл, либо в табунах было больше женских особей, чем жеребцов.

Дальнейшее секвенирование генома методом дробовика или случайного фрагментирования проводилось, чтобы охарактеризовать полногеномные вариации ДНК у двух образцов из поселения Новоильинка-III и у трех из Новоильинки-VI, которые показали значительное содер-

жание эндогенной ДНК. Полученных данных секвенирования оказалось достаточно, чтобы собрать полные геномы лошадей со средней глубиной покрытия ($\sim 0,25X$). Хотя секвенирование ДНК исследуемых образцов еще продолжается, объем имеющейся информации позволил предварительно оценить родственность популяций лошадей из поселений Новоильинка-III и VI (рис. 1), используя метод главных компонент (Meisner, Albrechtsen, 2018). Эти исследуемые кони в значительной степени отличались от линий современных домашних лошадей и *Equus przewalskii*, а также от архаичных лошадей, которые жили в Иберии в III тыс. до н. э. (Fages et al., 2019) и от линии *Equus lenensis* (Schubert et al., 2014. С. 1056, Librado et al., 2017; Gaunitz et al., 2018). Они не делятся по поселениям, что свидетельствует о наличии практически идентичных популяций лошадей, которые ближе всего к ботайским (по главным компонентам 2 и 3), а также относительно близки по всем трем главным компонентам к венгерской лошади из Дунайвароша, образец которой датируется концом III тыс. до н. э., и предположительно представляет собой смесь пред-

ковых линий, включавших ботайских и современных одомашненных лошадей (Gaunitz et al., 2018).

Необходимо дальнейшее секвенирование, чтобы уточнить филогенетический статус коней из поселений Новоильинка-III и VI, особенно их предполагаемое генетическое родство с ботайскими лошадьми. Ближайшая цель заключается в характеристике последовательностей полных геномов исследуемых пяти образцов с минимальной средней глубиной покрытия 2 раза. Целевое обогащение участков генома, ассоциированных с разными мастями, размерами корпуса и скоростью бега (Cruz-Davalos et al., 2017), поможет определить ключевые фенотипиче-

ские признаки лошадей этих популяций. Уже имеющиеся данные секвенирования будут подвергнуты автоматической конвейерной обработке metaBIT, предназначенной для определения метагеномного содержимого выделенной ДНК (Louvel et al., 2016). Обнаружено, что в одном зубе из Новоильинки-VI преобладает ДНК *Erysipelothrix tonillarum*, которая относится к патогенному роду, вызывающему заболевания у экономически важных домашних животных (в основном, у свиней). Необходима дальнейшая работа, чтобы выяснить, могла ли эта инфекция вызвать гибель животного, и как бактериальный геном отличается от генома современных представителей линии *Erysipelothrix*.

Работа выполнена при частичной финансовой поддержке Российского научного фонда (проект № 16–18–10033) и Initiative d'Excellence Chaires d'attractivité, Университет Тулузы III (OURASI), при реализации исследовательских проектов Villum Fonden miGENEPI и CNRS PRC. Тема получила финансирование от Европейского исследовательского совета (the European Research Council (ERC)) в рамках исследовательской и инновационной программы Horizon 2020 Европейского Союза (грантовое соглашение 681605) и выполняется the ERC PEGASUS consortium.

Список литературы

- Васильев С.К., Кирюшин К.Ю., Ситников С.М., Семибратов В.П. Фаунистические остатки из поселения Новоильинка-3 (по материалам раскопок 2010 года) // Проблемы археологии, этнографии, антропологии Сибири и сопредельных территорий. 2011. Т. XVII. С. 147–151.
- Кирюшин К.Ю., Гайдученко Л.Л., Силантьева М.М., Черных Д.В., Даньшин О.В., Ситников С.М., Соломонова М.Ю., Бирюков Р.Ю., Сперанская Н.Ю. Комплексные исследования поселения Новоильинка-VI в 2014 г. // Вестник алтайской науки. 2015. № 1 (23). С. 70–75.
- Cruz-Dávalos D.I. et al. Experimental conditions improving in-solution target enrichment for ancient DNA // Molecular ecology resources. 2017. Т. 17. № 3. С. 508–522.
- Fages A. et al. Tracking five millennia of horse management with extensive ancient genome time series // Cell. 2019. Т. 177. № 6. С. 1419–1435. e31.
- Gaunitz C. et al. Ancient genomes revisit the ancestry of domestic and Przewalski's horses // Science. 2018. Т. 360. № 6384. С. 111–114.
- Kalbfleisch T.S. et al. Improved reference genome for the domestic horse increases assembly contiguity and composition // Communications biology. 2018. Т. 1. № 1. С. 1–8.
- Librado P. et al. Ancient genomic changes associated with domestication of the horse // Science. 2017. Т. 356. № 6336. С. 442–445.
- Louvel G. et al. meta BIT, an integrative and automated metagenomic pipeline for analysing microbial profiles from high-throughput sequencing shotgun data // Molecular ecology resources. 2016. Т. 16. № 6. С. 1415–1427.
- Meisner J., Albrechtsen A. Inferring population structure and admixture proportions in low-depth NGS data // Genetics. 2018. Т. 210. № 2. С. 719–731.
- Mlikovsky J. Secondary sex ratio in the Przewalski horse *Equus przewalskii* // International Journal of Mammalian Biology. 1988. Т. 53. С. 92–101.
- Olsen S.L. The exploitation of horses at Botai, Kazakhstan // Prehistoric steppe adaptation and the horse. Cambridge: McDonald Inst. For Archaeol. Res., 2003. P. 83–104.
- Outram A.K. et al. The earliest horse harnessing and milking // Science. 2009. Т. 323. № 5919. С. 1332–1335.
- Rohland N. et al. Partial uracil–DNA–glycosylase treatment for screening of ancient DNA // Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences. 2015. Т. 370. № 1660. С. 20130624.
- Schubert M. et al. Improving ancient DNA read mapping against modern reference genomes // BMC genomics. 2012. Т. 13. № 1. С. 178.
- Schubert M. et al. Characterization of ancient and modern genomes by SNP detection and phylogenomic and metagenomic analysis using PALEOMIX // Nature protocols. 2014. Т. 9. № 5. С. 1056.
- Schubert M. et al. Prehistoric genomes reveal the genetic foundation and cost of horse domestication // Proceedings of the National Academy of Sciences. 2014. Т. 111. № 52. С. E5661–E5669.
- Schubert M. et al. Zonkey: A simple, accurate and sensitive pipeline to genetically identify equine F1-hybrids in archaeological assemblages // Journal of Archaeological Science. 2017. Т. 78. С. 147–157.
- Vilstrup J.T. et al. Mitochondrial phylogenomics of modern and ancient equids // PloS one. 2013. Т. 8. № 2. e55950.

Ашель Кавказа: радиометрическое датирование и палеоэкологические реконструкции <i>В.Б. Дороничев, Л.В. Голованова</i>	222
Нейтронная и синхротронная визуализация объектов культурного наследия: Средневековые кресты-энколпионы <i>И.Е. Зайцева, Е.С. Коваленко, К.М. Подурец, М.М. Мурашев, Э.А. Грешников</i>	224
Палеонтологические материалы из палеолита Монголии в контексте палеофаунистических комплексов Северной Евразии <i>А.М. Клементьев, А.М. Хаценович, Е.П. Рыбин, Б. Гунчинсурен</i>	226
Исследование ювелирных изделий из раскопок могильника Левоподкумский 1 (химико-технологический аспект) <i>Д.А. Колесник (Столярова)</i>	228
Геоархеология бассейна реки Селенги <i>М.В. Константинов</i>	232
Мультидисциплинарные исследования памятников ранних алан II–IV вв. н. э. на Северном Кавказе <i>Д.С. Коробов, Е.С. Булыгина, М.В. Добровольская, В.Ю. Малашев, Т.Ю. Шведчикова, И.К. Решетова, З.Х. Царикаева, Й. Фассбиндер, С.Ю. Фризен, Н.В. Слободова, Ф.С. Шарко, А.В. Недолужко</i>	234
Новые данные об абсолютном возрасте стоянки Оби-Рахмат (ОСЛ-датирование) <i>А.И. Кривошапкин, К.Й. Томсен, Р.Н. Курбанов, Н.А. Таратунина, Э.Ш. Мюррей</i>	236
Хронология палеолита Северной Евразии: результаты и проблемы <i>Я.В. Кузьмин</i>	238
Опыт применения петромагнитных методов в археологических исследованиях <i>Е.П. Кулакова, И.Е. Дедов, С.В. Шнайдер, Р.Н. Курбанов</i>	239
Природные климатические аномалии и стратегии жизнеобеспечения древнего человека на территории Восточной Европы в голоцене <i>М.А. Кулькова</i>	241
Климатические изменения и культурные трансформации на рубеже II–I тыс. до н. э. в Северном Причерноморье: междисциплинарный подход <i>М.А. Кулькова, М.Т. Кашуба, А.М. Кульков, М.А. Стрельцов</i>	244
Технология изготовления асбестовой керамики эпох неолита – раннего металла Северо-Запада России и источники сырья по данным минералого-геохимического анализа <i>М.А. Кулькова, А.М. Кульков, М.А. Стрельцов, Д.В. Герасимов</i>	246
Люминесцентная хронология стоянки Дарвагчай-залив-4 (Дагестан) <i>Р.Н. Курбанов, Т.А. Янина, А.Г. Рыбылко, А.В. Кандыба, Э.С. Мюррей, Н.О. Видулова</i>	248
Предварительные результаты молекулярно-генетического анализа остеологических материалов от древних лошадей из поселений Новоильинка-III и VI (Кулундинская степь) <i>М.А. Куслий, Н. Хан, А.А. Тишкин, К.Ю. Кирюшин, А. Фаж, Н.В. Воробьева, А.С. Графодатский, Л. Орландо</i>	249
Проведение неинвазивных исследований конструирования древней керамики <i>В.Г. Ломан</i>	252
Перспективы применения космогенного датирования в археологических исследованиях <i>М.С. Лукьянычева, Е.П. Кулакова, Р.Н. Курбанов</i>	254
Человек, почвообразование, осадконакопление в пойме реки Деркул (Западный Казахстан) в голоцене <i>Т.Б. Мамиров, Д.А. Гаврилов</i>	256
Позднекротовская (черноозерская) популяция могильника Тартас 1 (Барабинская лесостепь): механизмы интеграции с южным населением по данным биоархеологии <i>Ж.В. Марченко, С. Райнхольд, А.Е. Гришин, О.В. Батанина, Д.В. Поздняков</i>	258
Новые данные о строении лессово-почвенных серий Таджикистана <i>О.А. Мещерякова, Е.П. Кулакова, П.М. Сосин, Р.Н. Курбанов</i>	260
Из опыта изучения степных курганов методами археологии и естественных наук (по данным Оренбуржья) <i>Н.Л. Моргунова</i>	261
Особенности формирования почв на поселении «Орошаемое» в Нижнем Заволжье в голоцене <i>А.Ю. Овчинников</i>	263
Биоархеологические подходы к изучению материалов андроновских могильников Алтая <i>Д.В. Папин, А.С. Пилипенко, С.В. Святко</i>	264
Новые данные об адаптации населения Пермского Прикамья в раннем железном веке <i>М.Л. Перескоков</i>	265