

## **Etude paléogénétique de deux sépultures collectives du Néolithique (Mont-Aimé, Bassin parisien, 3500-3000 av. J.-C.)**

En France, deux courants culturels sont entrés en contact dès le Néolithique ancien (6000-4700 av .J.-C.): le courant Méditerranéen par le Sud et le courant Danubien par l'Est. Dans le cadre de ce travail de thèse, nous avons étudié deux sépultures collectives du Bassin parisien qui pourraient se trouver au point de rencontre de ces deux courants ; il s'agit des hypogées 1 et 2 du Mont-Aimé (Marne, France) utilisées à la fin du Néolithique (3500-3000 av. J.C.).

Dans ces deux ensembles funéraires souterrains de construction analogue, des analyses génétiques ont été réalisées sur 30 des sujets inhumés. L'étude de STR (*Short Tandem Repeats*) autosomaux a permis la caractérisation du sexe des individus ainsi que la détermination de liens de proche parenté. L'analyse de STR et de SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*) du chromosome Y a non seulement permis de retracer les lignées paternelles mais aussi de comparer ces dernières à celles portées par d'autres populations anciennes et modernes. Enfin, le séquençage de la totalité de la molécule d'ADN mitochondrial a, de la même manière, permis l'étude de lignées maternelles.

L'analyse combinée des données archéologiques et de l'ADN nucléaire a révélé les détails de la chronologie du site et démontré la présence de parentés génétiques au sein et entre les deux hypogées. Ces résultats contribuent ainsi à notre compréhension des similarités de structure entre les deux sépultures collectives, utilisées par des générations successives d'individus.

L'étude des lignées uniparentales a montré une diversité d'haplotypes mitochondriaux caractéristiques du Néolithique européen mais a également mis en lumière l'homogénéité des haplotypes du chromosome Y, dont aucun n'est retrouvé dans d'autres populations anciennes ou modernes. Ce résultat suggère la présence, dans la population Néolithique du Bassin Parisien, de groupes humains porteurs de lignées maternelles typiques de la période et de lignées paternelles alors déjà rares et aujourd'hui disparues.

Si la présence de ces lignées masculines, vraisemblablement issues du Paléolithique européen, ne permet pas de rattacher le groupe d'individus du Mont-Aimé à l'un ou l'autre des deux courants de migration européens, elle démontre la persistance d'un groupe d'hommes encore génétiquement non-assimilés à la fin du Néolithique. Ces analyses révèlent donc une histoire personnelle, celle de lignées paternelles demeurées majoritaires dans un groupe humain, alors même que celui-ci était progressivement incorporé à une population de nouveaux arrivants.

**Mots clés :** ADN ancien / Néolithique / Sépultures collectives / Marqueurs génétiques humains / Europe / France / Bassin parisien

## **Paleogenetic study of two collective burials of Neolithic (Mont-Aimé, Paris Basin, 3500-3000 BC)**

In France, two cultural currents came into contact from the early Neolithic (6000-4700 BC): the Mediterranean current from the south and the Danubian current from the east. As part of this thesis work, we studied two multiple burials in the Paris Basin which could be located at the meeting point of these two currents; these are hypogeum 1 and 2 of Mont-Aimé (Marne, France) used at the end of the Neolithic (3500-3000 BC).

In these two underground burial complexes of similar construction, genetic analyzes were carried out on 30 of the buried subjects. The study of autosomal STRs (Short Tandem Repeats) allowed the characterization of the sex of individuals as well as the determination of close family ties. The analysis of STR and SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) of the Y chromosome has not only made it possible to trace the paternal lines but also to compare them with those carried by other ancient and modern populations. Finally, the sequencing of the entire mitochondrial DNA molecule has similarly enabled the study of maternal lines.

Combined analysis of archaeological data and nuclear DNA revealed details of the site's chronology and demonstrated the presence of genetic relatedness within and between the two hypogea. These results thus contribute to our understanding of the structural similarities between the two collective burials, used by successive generations of individuals.

The study of uniparental lineages has shown a diversity of mitochondrial haplotypes characteristic of the European Neolithic but also shed light on the homogeneity of the Y chromosome haplotypes, none of which is found in other ancient or modern populations. This result suggests the presence, in the Neolithic population of the Paris Basin, of human groups carrying maternal lines typical of the period and paternal lines that were already rare and now extinct.

If the presence of these male lineages, probably from the European Paleolithic, does not allow the group of individuals from Mont-Aimé to be linked to one or the other of the two European migration currents, it demonstrates the persistence of a group of men still genetically unassimilated at the end of the Neolithic. These analyzes, therefore, reveal a personal history, that of paternal lines which remained in the majority in a human group, even though the latter was gradually incorporated into a population of newcomers.

**Keywords:** ancient DNA / Neolithic / Collective burials / Human genetic markers / Europe / France / Paris basin