



**HAL**  
open science

## La vallée de la Seine : un espace génétiquement structurant à la fin de la Protohistoire

Claire-Élise Fischer, Marie-Hélène Pemonge, Stéphane Rottier, Mélanie Pruvost, Marie-France Deguilloux

### ► To cite this version:

Claire-Élise Fischer, Marie-Hélène Pemonge, Stéphane Rottier, Mélanie Pruvost, Marie-France Deguilloux. La vallée de la Seine : un espace génétiquement structurant à la fin de la Protohistoire. Bertrand Bonaventure; Stéphane Carrara. Axes fluviaux et territoires à l'âge du Fer. Actes du 44e colloque international de l'Association française pour l'étude de l'âge du Fer (Lyon, 21-23 mai 2020), Collection AFEAF (4), AFEAF, pp.25-38, 2022, 978-2-9567407-3-5. halshs-03984131

**HAL Id: halshs-03984131**

**<https://shs.hal.science/halshs-03984131v1>**

Submitted on 12 Feb 2023

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

# La vallée de la Seine : un espace génétiquement structurant à la fin de la Protohistoire

Claire-Elise Fischer, Marie-Hélène Pemonge, Stéphane Rottier,  
Mélania Pruvost et Marie-France Deguilloux

La période protohistorique constitue le décor de profondes transformations biologiques et culturelles des populations d'Europe de l'Ouest. Le III<sup>e</sup> millénaire av. n. è. est ainsi marqué par la diffusion de deux entités culturelles majeures : la culture de la céramique cordée, à l'est, et le Campaniforme, à l'ouest. Ces changements culturels sont accompagnés de migrations importantes de groupes humains porteurs d'une ascendance dite 'Yamnaya', *i.e.* des pasteurs venus des steppes pontiques et caspiennes (Olalde *et al.* 2018). Ce renouvellement de populations se manifeste de façon claire au niveau des marqueurs génétiques uniparentaux (à savoir l'ADN mitochondrial pour les lignées maternelles, et le chromosome Y pour les lignées paternelles), via l'émergence de nouvelles lignées mitochondriales (Brandt *et al.* 2013) et un remplacement drastique des lignées paternelles en Europe de l'Ouest (Allentoft *et al.* 2015 ; Haak *et al.* 2015). La période qui fait suite à ces changements, l'âge du Bronze, se caractérise par la mise en place de nombreux réseaux d'échanges, à la fois biologiques et culturels (Patterson *et al.* 2022). Du point de vue de l'archéologie, plusieurs complexes régionaux sont ainsi identifiés, tel celui de l'Atlantique sur la façade ouest de l'Europe, et semblent perdurer jusqu'au Second âge du Fer. Plusieurs groupes culturels sont définis pour le Premier âge du Fer comme, par exemple, le Hallstatt en Europe centrale, parfois considéré comme point d'émergence de ce Premier âge du Fer, ou le complexe médio-Atlantique, à l'ouest, qui semble s'inscrire dans la continuité de celui de l'âge du Bronze. Le Second âge du Fer, autrefois considéré comme une entité unique qui aurait émergé en Europe centrale et en Bohême avant de se diffuser sur une large partie de l'Europe (de la Hongrie à la façade Atlantique), est désormais considéré comme pluriel. Ces deux façons d'appréhender l'Europe à l'âge du Fer posent ainsi de nombreuses questions, à commencer par l'origine des individus. En effet, bien que les récentes études mettent en évidence une diversité claire des cultures de l'âge du Fer (voir Pierrevelcin *et al.* 2020), cette diversité semble accompagnée d'une certaine

unité sous-jacente, notamment artistique avec, comme exemple le plus manifeste, le thème des dragons affrontés (voir Ginoux 2007). Ce dualisme pousse à s'interroger sur les mécanismes biologiques et culturels potentiellement responsables de ces convergence/partages et divergences culturelles : en d'autres termes, quelle est l'implication respective des phénomènes de migration, de contacts et d'acculturation dans ces observations ? Il est intéressant de noter que si les réseaux d'échanges sont bien documentés au niveau archéologique, ils ne le sont pas encore, ou très peu, au niveau biologique.

L'étude présentée ici ambitionne d'apporter un regard inédit sur la diversité biologique de groupes datés de l'âge du Fer, au travers de l'approche archéogénétique, au sein d'un espace géographique défini : la vallée de la Seine et ses marges (fig. 1). Pour représenter cette région, trois nécropoles du Second âge du Fer ont été ciblées : Barbuise - *Les Grèves de Frecul* (GDF), Gurgy - *Les Noisats* (GLN) et Urville-Nacqueville - *Les Dunes* (UN).

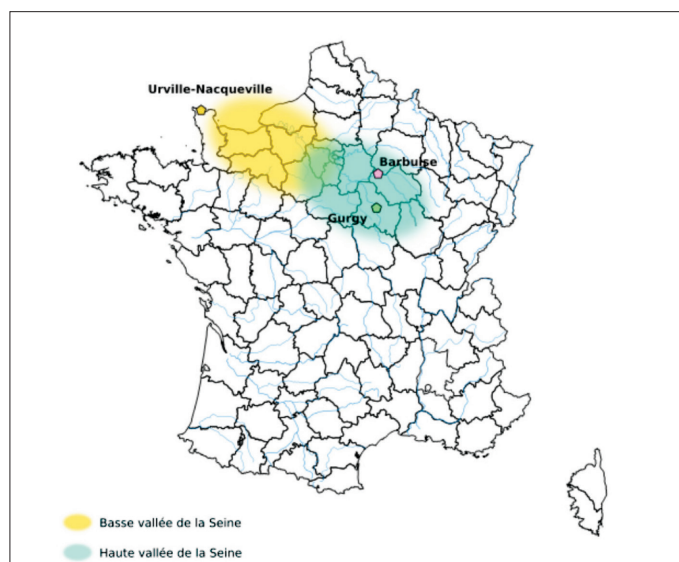


Fig. 1. Localisation des sites et définition de l'espace géographique.

## Une géographie culturelle en regard de la géographie physique

La Seine est un axe fluvial majeur, qui oriente les flux de communication depuis l'ensemble du Bassin parisien vers la Manche et les Îles Britanniques ; puis, en retour, des provinces Atlantiques vers les Pays du Rhin supérieur et du Val de Saône, permettant ainsi une ouverture vers la Méditerranée. Le bassin de la Seine, structuré par ce réseau fluvial, est non seulement un croisement des voies de communication mais aussi, et surtout, un carrefour pour les différents complexes culturels. Dès l'âge du Bronze ancien (entre 2300 et 1600 av. n. è.), on observe l'influence des cultures d'origines atlantiques avec la diffusion de marqueurs culturels tels que des poignards ou des haches en bronze ou encore l'élaboration de tumulus qui atteignent la Haute-Seine, en aval de la ville de Troyes. Plus à l'est, les marqueurs présentent des affinités avec ceux de la vallée de la Saône ainsi qu'au niveau du plateau suisse et du bassin du Rhône. Au cours du <sup>xiv</sup><sup>e</sup> siècle av. n. è., l'Aube et l'Yonne vont être marqués par l'arrivée de nouvelles influences culturelles issues du Rhin supérieur ce qui se traduit par un renouvellement des traits culturels (céramique, pratiques funéraires...) potentiellement en lien avec l'arrivée de nouvelles populations (résumé par Mordant *et al.* 2018). Enfin, à la fin de l'âge du Bronze, une bipartition du bassin de la Seine est observée : l'est semble soumis à une influence orientale alors que le long de la basse vallée de la Seine, ce sont les influences atlantiques qui prédominent (fig. 2).

Cette partition culturelle va persister et les régions de la Basse-Seine et de la Haute-Seine vont évoluer distinctement, rythmées par les différentes dynamiques culturelles. Cependant, il n'existe pas de barrière géographique entre ces régions et les échanges entre les sphères occidentales et orientales restent possibles via la Seine.

Néanmoins, ce constat invite à considérer la haute Seine et la basse Seine comme deux espaces géographiques et culturels distincts, c'est pourquoi ils seront traités en deux parties. En effet,

au Premier âge du Fer la haute vallée de la Seine, va s'inscrire dans le domaine culturel hallstattien occidental alors que la basse vallée de la Seine et la plupart des départements côtiers le long de la Manche vont faire partie intégrante du complexe médio-atlantique.

### La haute vallée de la Seine

Le site de Barbuise (GDF, Aube), est localisé sur la rive droite de la Seine alors que Gurgy (GLN, Yonne) est sur l'Yonne (principal affluent gauche de la Seine). Ce positionnement géographique revêt une certaine importance, plaçant les deux sites dans des réseaux d'échanges en partie différents, orientés respectivement vers le Rhin et vers la Méditerranée. La haute vallée de la Seine fait partie, au Premier âge du Fer, du domaine hallstattien occidental (fig. 2). Les limites géographiques de ce complexe culturel sont vastes et correspondent au domaine Nord-Alpin, de la Bohême jusqu'à l'Est de la France en passant par la Suisse occidentale et le Sud de l'Allemagne (fig. 2). Le phénomène le plus emblématique de ce complexe est celui des tombes princières. Parmi les plus connues de la région, celle de Vix, découverte en 1953 (Joffroy 1953), et celle de Lavau, (Dubuis *et al.* 2015) ont confirmé l'importance des réseaux d'échanges à cette époque, avec la présence, au sein de la tombe de la « Princesse de Vix », d'un cratère en bronze d'origine italique de Grande Grèce et de récipients étrusques. La tombe de Lavau (<sup>v</sup><sup>e</sup> siècle av. n. è.) représente, à bien des égards, la transition entre le premier et le Second âge du Fer. En effet, de par son architecture, cette tombe fait partie des dernières sépultures princières de tradition hallstattienne, alors que certains éléments mobiliers et immobiliers sont porteurs de nouveautés (Dubuis 2018 ; Garcia 2018 ; Verger 2018). Ainsi, certains spécialistes n'hésitent pas à dire de la sépulture de Lavau que « [...] c'est 'encore' le Premier âge du Fer et 'déjà' le Second âge du Fer » (Dubuis 2018, p. 243). Au Second âge du Fer, la haute vallée de la Seine fait donc partie intégrante du « monde celtique » (Buchsenschutz 2010).

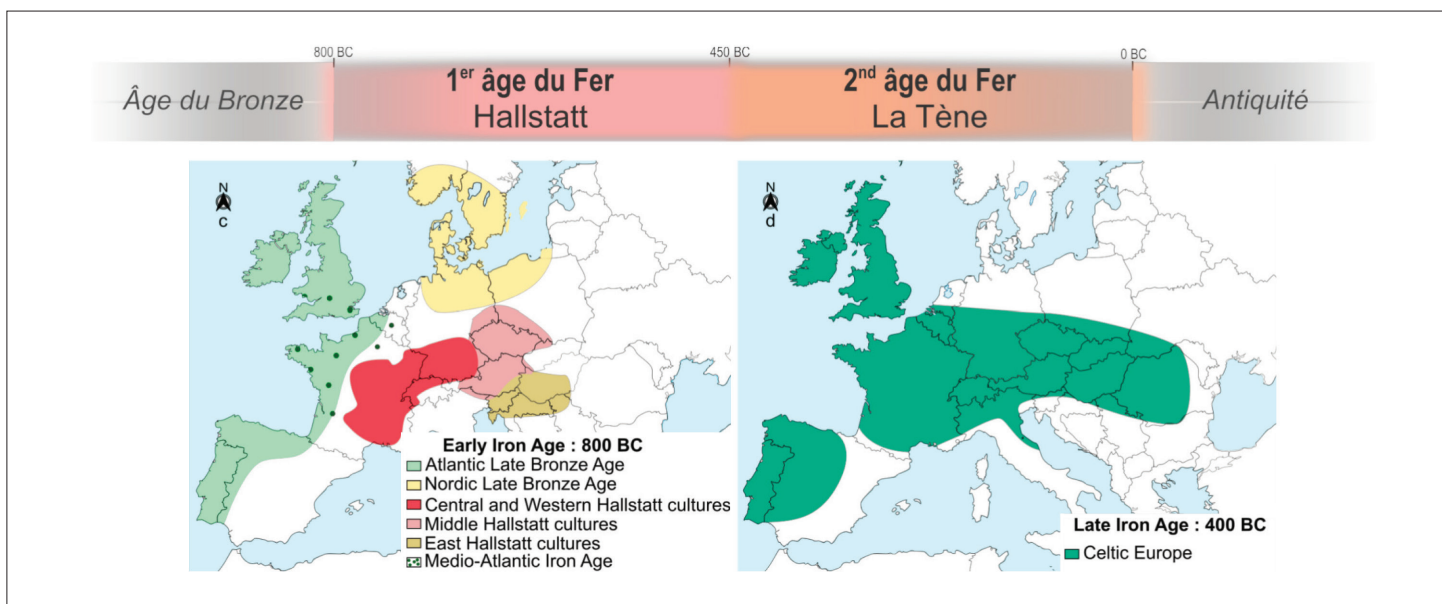


Fig. 2. L'Europe à l'âge du Fer. L'Europe à l'âge du Fer. Ici, l'Europe celtique est définie à partir des langues celtiques. D'après "CELTES - Encyclopædia Universalis", n.d. ; Cunliffe, Koch 2010 ; Milcent, 2006.

## La basse vallée de la Seine

Dès l'âge du Bronze, cette région est imprégnée des cultures atlantiques. Outre cette composante « atlantique », il est important de noter qu'il existe des liens très forts avec l'Angleterre, en particulier le sud-est, qui ont conduit certains chercheurs à proposer un complexe Manche-Mer du Nord (fig. 2) (Marcigny, Talon 2009). Ces connexions culturelles perdurent tout au long des âges du Fer, comme en témoignent de nombreux marqueurs, tels que les objets métalliques, les céramiques, les habitats circulaires ou encore les pratiques funéraires (Godard 2013). Les régions côtières le long de l'Atlantique et de la Manche sont d'ailleurs, au Premier âge du Fer, englobées dans un complexe dit médio-atlantique (Milcent 2006).

Au Second âge du Fer, la basse vallée de la Seine, de même que la majorité de l'Europe, est associée aux cultures dites celtiques. Comme pour la haute vallée de la Seine, des disparités existent et mettent en avant la variabilité des groupes observés. Les pratiques funéraires constituent, à bien des égards, un aspect révélateur des différences entre des groupes régionaux contemporains et peuvent renseigner non seulement sur les choix culturels mais aussi sur l'organisation sociale du groupe.

## Diversité culturelle et diversité biologique

Si une documentation variée et abondante existe concernant la diversité culturelle des groupes celtiques du Second âge du Fer en Europe (voir par exemple Pierrelvein *et al.* 2020), force est de constater que jusqu'à très récemment, leur identité biologique (génétique) était méconnue. Le vaste domaine géographique considéré fait que la documentation accessible reste inégale entre les régions. Cela est vrai pour les données génomiques récemment acquises, qui ont majoritairement concerné des groupes de Grande-Bretagne (Patterson *et al.* 2022) et d'Espagne (Olalde *et al.* 2019). En ce qui concerne le territoire de la Gaule ainsi que ses habitants, des données ont nouvellement été acquises (Brunel *et al.* 2020 ; Fischer *et al.* 2022 ; Patterson *et al.* 2022).

## Matériel et Méthodes

### Matériel

Les trois sites ayant fait l'objet d'analyses paléogénétiques et paléogénomiques sont : Barbuise - *Les Grèves de Frécul* et Gurgy - *Les Noisats*, situés dans la haute vallée de la Seine et de l'Yonne, et Urville-Nacqueville - *Les Dunes*, localisé dans le prolongement de la basse vallée de la Seine (fig. 3). La présentation des sites proposée ici est inégale mais révèle la disparité des données disponibles. Ainsi, pour les sites de Barbuise et de Gurgy seuls les rapports de fouilles disponibles ont pu être exploités.

### Barbuise - Les Grèves de Frécul

Le site de Barbuise (Aube), sur la rive droite de la Seine, a été occupé entre le V<sup>e</sup> et le III<sup>e</sup> siècle av. n. è. Cette nécropole est un grand ensemble funéraire, composé de plusieurs enclos regroupés par trois ou quatre, ces groupes étant eux-même espacés de plusieurs centaines de mètres, à intervalles réguliers parallèlement à la rive droite du cours actuel de la Seine. Les ensembles qui nous intéressent ici ont livré plus d'une centaine de sépultures. Ces ensembles funéraires se développent par ailleurs en limite nord du complexe funéraire du Bronze final de Barbuise et La Saulsotte (Rottier *et al.* 2012).

### Gurgy - Les Noisats

Cette nécropole, occupée entre le III<sup>e</sup> et le I<sup>er</sup> s. av. n. è., se situe dans le département de l'Yonne (89), sur la rive droite de la rivière. Il s'agit d'un tumulus d'environ 700 m<sup>2</sup> qui a livré 40 individus répartis au sein de 35 sépultures. Notons que le tumulus a été arasé et qu'il ne reste que les sépultures les plus profondes et les plus tardives (Mordant, Rottier 2004) ; les individus découverts et analysés ne représentent donc vraisemblablement pas le groupe dans son ensemble.

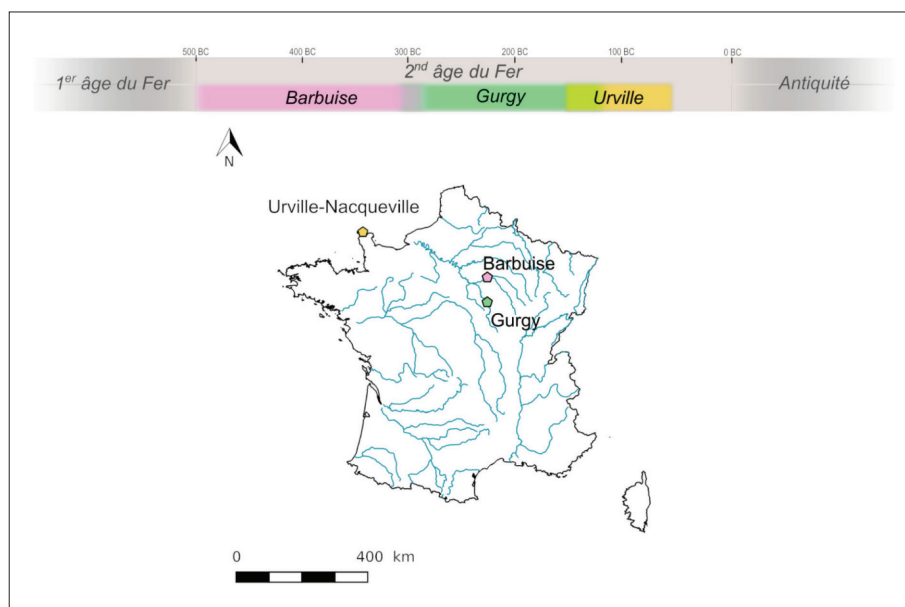


Fig. 3. Localisation des sites et temps d'occupation.

### **Urville-Nacqueville - Les Dunes**

Le site, occupé entre 120 et 80 av. n. è., se situe en Basse-Normandie, dans le département de la Manche (50) à une dizaine de kilomètres à l'ouest de la ville de Cherbourg. Contrairement aux autres ensembles funéraires de la région, regroupant généralement moins de 40 sépultures par ensemble (Chanson *et al.* 2011), la nécropole d'Urville-Nacqueville a livré 111 sépultures pour une surface d'environ 1 000 m<sup>2</sup>. Elle présente par ailleurs la particularité de combiner deux types de traitement du corps : la crémation et l'inhumation (Lefort *et al.* 2015). Au vu des premières analyses, il semble que la crémation soit plutôt réservée à des individus adultes alors que l'inhumation concerne plutôt les immatures même si on note quelques exceptions. Certains adultes jeunes ([16-30] ans) présentent une flexion plus ou moins marquée des membres inférieurs, qui rappelle une position que l'on observe outre-Manche, et plus particulièrement dans le Dorset, pour les sépultures dites « durotriges » (Fitzpatrick 2011). Ceci est un élément supplémentaire à la documentation des relations qui existent entre Urville-Nacqueville et les Îles Britanniques.

## **Méthodes**

### **Approche paléogénétique : marqueurs uni-parentaux**

Cette méthode cible les marqueurs uni-parentaux, à savoir l'ADN mitochondrial, d'une part, permettant de retracer l'histoire des lignées maternelles et le chromosome Y, d'autre part, retraçant l'histoire des lignées paternelles.

Nous avons ainsi ciblé 18 Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) sur l'ADN mitochondrial et 10 SNPs sur le chromosome Y (Rivollat *et al.* 2015 ; Fischer *et al.* 2019). Ces SNPs sont des variations d'un seul nucléotide sur la séquence ADN qui permettent de caractériser des lignées ou haplogroupes. Nous avons aussi séquencé la région HVR-1 de l'ADN mitochondrial, permettant ainsi de définir les différents haplotypes.

Pour cette analyse, nous avons sélectionné un grand nombre d'individus dans chacune des nécropoles, afin de caractériser le pool génétique des communautés et par là-même documenter certains aspects de leur fonctionnement social. Un total de 136 individus a ainsi été ciblé : 46 pour Barbuise, 40 pour Gurgy et 50 pour Urville-Nacqueville.

### **Approche paléogénomique : Génomes faible couverture**

Depuis maintenant plus d'une décennie, la recherche en paléogénétique bénéficiant des avancées en séquençage à haut débit, a fait un spectaculaire bond en avant, permettant désormais d'avoir accès à des génomes entiers, partiels ou « genome-wide » (Shendure *et al.* 2017). Pour cette étude, nous avons choisi de travailler sur des génomes à faible couverture.

Nous avons sélectionné 73 individus au sein des sites de Barbuise (N=28), Gurgy (N=18) et Urville-Nacqueville (N=27), en nous basant, entre autres, sur les résultats obtenus sur les marqueurs uni-parentaux qui sont de bons indices de la

conservation de l'ADN. Ces génomes partiels ont été couplés à ceux obtenus par M. Pruvost et S. Brunel qui couvrent le Néolithique, l'âge du Bronze et l'âge du Fer pour trois grandes régions françaises, à savoir le Nord, l'Est et le Sud (Brunel *et al.* 2020 ; Fischer *et al.* 2022).

### **Méthodes statistiques**

#### • Marqueurs uni-parentaux

Afin de discuter des affinités génétiques des groupes d'Urville-Nacqueville (UN), Gurgy (GLN) et Barbuise (GDF) entre eux mais aussi avec les populations anciennes d'Europe, nous avons réalisé plusieurs analyses descriptives en utilisant les données publiées (Fischer *et al.* 2019) que nous avons actualisées. La base de données est composée de 2562 séquences mitochondriales datées du Paléolithique à l'âge du Fer (42 500 – 80 cal. BC). Nous avons sélectionné 1531 individus avec une séquence HVRI exploitable, divisés en 32 groupes chronologiques, géographiques et culturels. Les proportions d'haplotypes (ADNmt) partagés ainsi que les distances génétiques entre populations (Fst) ont été calculées grâce au logiciel Arlequin (v.3.5.1.2 ; Excoffier, Lischer 2010). Des analyses en composantes principales (ACP) basées sur les fréquences d'haplogroupes mitochondriaux ont été réalisées en prenant en compte les principaux haplogroupes identifiés chez les populations européennes anciennes : H, H1, HV, I, J, K, N1a, N\*, T, U4, U5a, U5b, U8, U\*, V, W, X et « autres ». Les ACP ont été calculées grâce au logiciel R (v. 3.5.3) et au package FactoMineR (Lê *et al.* 2008).

#### • Génomes faible couverture

Les génomes partiels obtenus nous ont permis de conduire différents types d'analyses : analyses en composantes principales permettant de visualiser des proximités génétiques entre individus, mais également analyses de type f-statistiques permettant de mesurer le métissage et les ancestralités partagées entre les populations/individus d'intérêt à partir des fréquences alléliques (Patterson *et al.* 2012).

Nous avons séparé les analyses et utilisé deux jeux de données différents en fonction des questions. Pour les analyses réalisées avec les populations actuelles (ACP, f3), qui permettent de tester notamment la continuité entre les populations de l'âge du Fer et les populations modernes, nous avons utilisé la base de données « Human Origins », typée sur 600 000 SNPs. Pour les analyses réalisées avec les populations anciennes (f3, f4, qpAdm), nous permettant d'adresser les questions de métissage, nous avons utilisé la base de données mise en ligne par D. Reich<sup>1</sup>.

1 <https://reich.hms.harvard.edu/downloadable-genotypes-present-day-and-ancient-dna-data-compiled-published-papers>



## Résultats et discussions

### Marqueurs uni-parentaux

#### *Diversité maternelle et paternelle*

Concernant le site d'Urville-Nacqueville, une forte diversité mitochondriale a été mise en évidence. Sur les 51 individus analysés, 43 haplogroupes ont pu être déterminés et ont révélés une grande variabilité incluant H, H1, H2, H3, H5, H6/8, H11, U4, U5a, U5b, I, K1, T1, T2, V et W. Les séquences HVR-1 (ou haplotypes) ont pu être déterminées pour 27 individus. Au total, 16 haplogroupes et 27 haplotypes distincts ont pu être mis en évidence (Fischer *et al.*, 2019). Concernant la diversité du chromosome Y, les 17 hommes identifiés appartiennent à la lignée R\* ou R1b (M343) (Fischer *et al.* 2019). Cependant, la résolution des SNPs ciblés pour le chromosome Y ne nous permet pas d'explorer plus en détails la phylogénie du chromosome Y, notamment d'affiner la phylogénie de la lignée R1b, qui est la lignée prédominante en Europe à partir de 4500 BP (Haak *et al.* 2015).

À Gurgy, sur les 40 individus analysés, 28 ont livré des résultats exploitables. Un total de neuf haplogroupes (incluant H, H1, H3, HV, J1, J2, K, U5a et T2) et de treize haplotypes a pu être déterminé. La diversité mitochondriale est plus faible que celle observée à Urville-Nacqueville, mais cela peut être expliqué par le fait que ces deux nécropoles accueillent des communautés distinctes, à savoir une communauté cosmopolite à Urville-Nacqueville et une communauté plus locale et moins diversifiée à Gurgy (Fischer *et al.* 2019 ; Fischer *et al.* 2020). Comme pour le groupe d'Urville-Nacqueville, tous les hommes identifiés appartiennent aux lignées paternelles R\* ou R1b (Fischer *et al.* 2019).

Enfin, pour Barbuise, sur les 46 individus analysés, 34 haplogroupes et 20 haplotypes ont pu être identifiés. Parmi ces haplogroupes, nous observons les lignées H, H1, I, N1a, U4, X. C'est, à notre connaissance, la première fois que l'haplogroupe N1a, typique des groupes néolithiques issus du courant danubien, est observé au sein de groupes postérieurs au Néolithique. La lignée paternelle a pu être spécifiée pour 10 des individus et, comme pour Urville-Nacqueville et Gurgy, tous les individus appartiennent aux lignées paternelles R\* ou R1b. L'ensemble de ces données constitue à ce jour la documentation la plus complète de lignées maternelles et paternelles de communautés datées de l'âge du Fer.

#### *Héritage maternel des groupes de l'âge du Fer en France*

Pour l'analyse en composante principale (ACP ; fig. 4), nous avons compilé les fréquences d'haplogroupes observés au sein des trois sites avec les fréquences observées pour les groupes anciens européens. L'ACP construite avec les PC 1 (20,19 %) et PC 3 (11,20 %) permet de les séparer de façon chronologique (fig. 4b). La plus grande part de variation de fréquences des haplogroupes mitochondriaux permet de distinguer les chasseurs-cueilleurs européens du Paléolithique et Mésolithique (HG ; en bleu), les

groupes du Néolithique (EN, MN, LN, Cardial, Epicardial ; en noir) et de l'âge du Bronze (en orange). Ces derniers se distinguent respectivement par la présence d'haplogroupes particuliers, tel N1a (une lignée spécifique du courant Danubien), ou les lignées U4, I et U5a caractéristiques des populations de l'âge du Bronze et héritées des pasteurs Yamnaya venus des steppes pontiques et caspiennes (Allentoft *et al.* 2015 ; Haak *et al.* 2015). Les populations de l'âge du Fer (en rose pour l'Europe, en rouge pour la France) forment un ensemble mitochondrial cohérent et semblent proches de ceux de l'âge du Bronze, à l'exception des groupes d'Allemagne (N=11) et des Scythes (N=19).

La position relative des groupes de l'âge du Fer est fortement influencée par les proportions de H, H1 et J1 (respectivement 39,53 %, 0 % et 6,97 % pour Urville-Nacqueville ; 32,14 %, 25 % et 10,71 % pour Gurgy et 37,14 %, 5,71 % et 0 % pour Barbuise). La position d'Urville-Nacqueville et de Barbuise, plus proche des groupes de l'âge du Bronze, s'explique par les proportions d'haplogroupes U4 (4,65 % et 14,28 % respectivement) et I (4,65% et 14,28 % respectivement) qui ne sont pas retrouvés à Gurgy. Par ailleurs, Barbuise présente une particularité par rapport à Urville-Nacqueville et Gurgy, puisqu'aucun individu n'est porteur de l'haplogroupe U5a.

L'ACP construite avec les PC 1 (20,19 %) et PC 2 (13,26 %) permet de séparer les groupes en fonction de leur répartition chronologique mais également géographique (fig. 4a). On remarque ainsi que les groupes du Sud-Ouest de l'Europe (Espagne, Portugal ou péninsule Ibérique) ont tendance à se rapprocher, quelle que soit la période chronologique, confirmant une forte continuité maternelle dans cette région (Szécsényi-Nagy *et al.* 2017).

De façon intéressante, les individus inhumés à Gurgy se situent proche des groupes de la péninsule Ibérique, suggérant ainsi de potentiels liens avec cette région, liens qui ont déjà été mis en évidence pour le Néolithique (Rivollat *et al.* 2015) et pour les périodes plus récentes (Fischer *et al.* 2019). Urville-Nacqueville semble occuper une position intermédiaire entre les groupes du Néolithique d'Allemagne et ceux du Campaniforme (notamment ceux d'Allemagne et de Grande-Bretagne) et de l'âge du Bronze, position influencée par la proportion de H (39,53 %) mais aussi de U4 (4,65 %) et de U5a (6,97 %). Enfin, la position de Barbuise, elle aussi intermédiaire entre les groupes européens du Néolithique ancien et de l'âge du Bronze, s'explique par la présence de N1a (5,7 %), qui, comme nous l'avons précisé, est caractéristique des populations du Néolithique, notamment du courant LBK, mais aussi par les proportions de U4 (14,28 %) et de I (14,28 %). Les trois nécropoles de l'âge du Fer français occupent ainsi des positions diverses au sein de l'ACP, mettant en évidence des compositions génétiques maternelles différentes et des affinités géographiques particulières.

La MDS basée sur les distances génétiques entre populations (Fst), permet de préciser les affinités entre groupes culturels (fig. 5). Ainsi, une continuité génétique mitochondriale plus importante (i.e. des distances génétiques faibles) est perçue entre les groupes néolithiques du Bassin parisien et d'Urville-Nacqueville et Gurgy qu'avec le groupe de Barbuise. De la même façon, la continuité mitochondriale semble plus importante

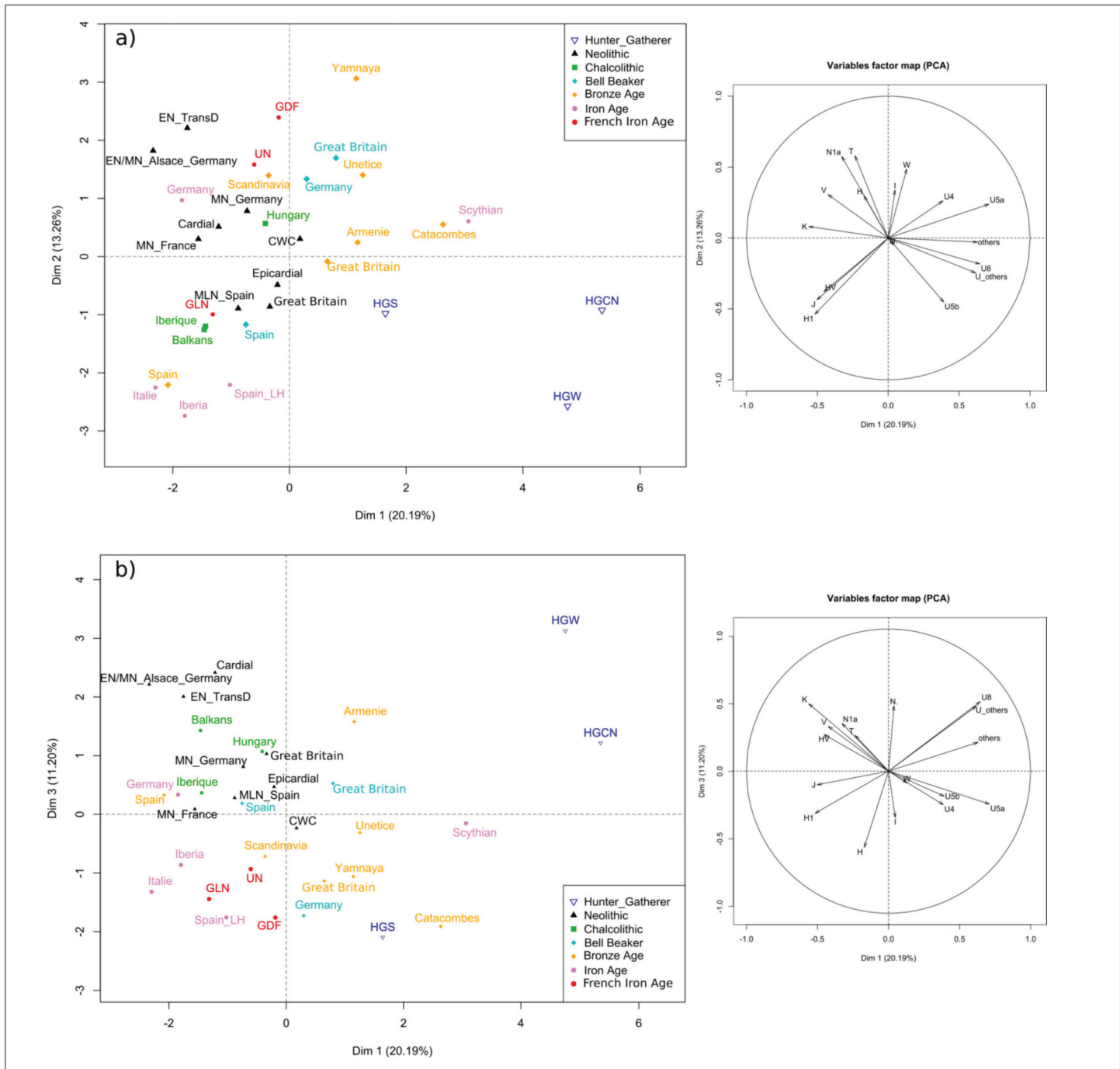


Fig. 4. ACP réalisée à partir des fréquences d'haplogroupes mitochondriaux. CWC : Culture cordée ; EN/MN\_Alsace\_Germany : Néolithique ancien et moyen d'Alsace et d'Allemagne ; EN\_TransD : Néolithique ancien de transdanubie ; GDF : Barbuise ; GLN : Gurgy ; HGCN : chasseurs-cueilleurs d'Europe centrale ; HGS : Chasseurs-cueilleurs d'Europe du sud ; HGW : chasseurs-cueilleurs d'Europe de l'ouest ; MLN\_Spain : Neolithique moyen et final d'Espagne ; MN\_France : Neolithique moyen de France ; MN\_Germany : Néolithique moyen d'Allemagne ; Spain\_LH : La Hoya ; UN : Urville-Nacqueville.

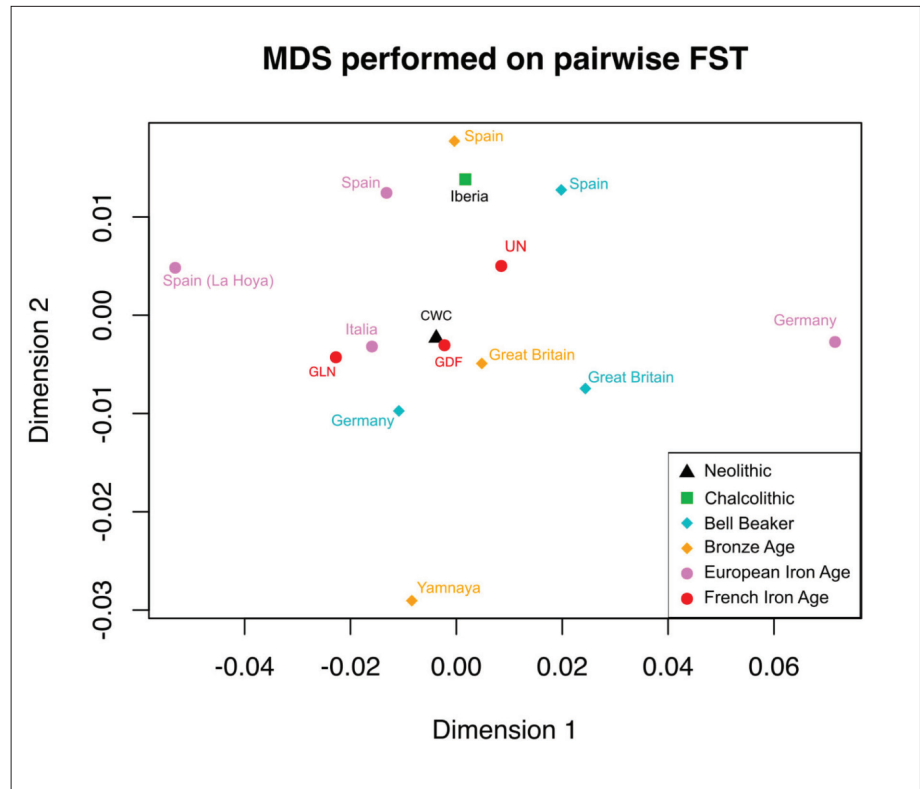


Fig. 5. Analyses multidimensionnelles réalisées à partir d’une matrice de distance génétique entre les groupes. CWC : Culture cordée ; GDF : Barbuise ; GLN : Gurgy ; UN : Urville-Nacqueville.

entre les populations néolithiques du Sud-Ouest de l’Europe, notamment l’Espagne, et les populations d’Urville-Nacqueville et de Gurgy par rapport à Barbuise. Par ailleurs, une continuité mitochondriale plus importante est observée entre les groupes néolithiques d’Europe Centrale (majoritairement représentée par l’Allemagne) et les groupes d’Urville-Nacqueville et de Gurgy par rapport à Barbuise, et ce malgré la présence de l’haplogroupe N1a à Barbuise. Les résultats mettent aussi en avant un fort impact des populations porteuses de l’ancestralité ‘Yamnaya’ à Urville-Nacqueville et à Gurgy et plutôt faible à Barbuise. Enfin, les résultats confirment une proximité génétique maternelle entre Urville-Nacqueville et la Grande-Bretagne et ce dès les périodes anciennes, notamment le Néolithique, confirmant ainsi l’existence de liens biologiques et culturels forts de part et d’autre de la Manche, et ce, sur le temps long. De façon intéressante, les données acquises confirment en parallèle une forte proximité maternelle entre Urville-Nacqueville et l’Espagne qui semble se mettre en place dès le Néolithique et qui confirme les liens mis en évidence le long de la côte Atlantique.

Au niveau du territoire français, pour l’âge du Fer, il est intéressant de noter que la plus importante distance génétique est mesurée entre Gurgy et Barbuise qui sont pourtant issus de la même zone géographique. Les résultats attestent que ces deux sites sont intégrés à des réseaux d’échanges biologiques différents. Le groupe de Barbuise ne semble pas entretenir d’échanges avec le Sud, contrairement à Gurgy - *Les Noisats* (Rivollat *et al.* 2015 ; Fischer *et al.* 2019). Ces données témoignent d’une forte hétérogénéité des pools mitochondriaux entre communautés à l’échelle intra-régionale, ce qui invite à réfléchir à la composition des groupes funéraires analysés, l’origine de ses individus, les modes de recrutement... avant d’intégrer les données acquises dans des études à plus vaste échelle.

### Données génomiques

Parmi les 73 individus sélectionnés, seuls douze présentaient suffisamment d’ADN endogène (i.e.  $\geq 15\%$ ) pour obtenir des génomes à faible couverture. Les données obtenues, couplées à celles générées par l’ANR Ancestra, nous permettent d’obtenir un pool génomique composé de 41 individus de l’âge du Fer, répartis au sein de cinq espaces géographiques : l’Alsace, le Bassin parisien, le Nord, la Normandie et l’Occitanie (fig. 6).

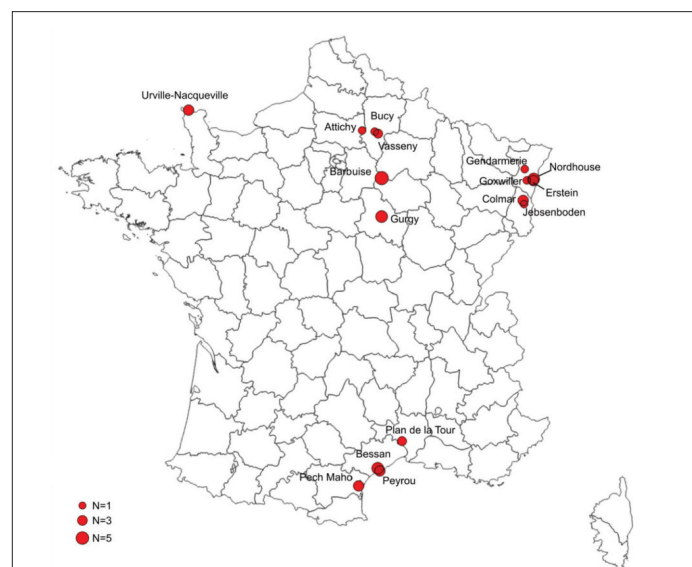


Fig. 6. Localisation des sites : cette étude et ceux publiés par Brunel *et al.* 2020.



### Comparaison avec les populations modernes

L'ACP regroupant les individus avec les populations modernes d'Europe et du Proche-Orient, permet de confirmer que les génomes anciens caractérisés pour les groupes de l'âge du Fer européen s'intègrent dans la variabilité génétique des populations modernes européennes (fig. 7). Ce constat indique une certaine continuité génétique entre les populations de l'âge du Fer et les populations actuelles, comme cela a déjà été discuté dans le cas de la nécropole d'Urville- Nacquerville (Fischer *et al.* 2018) et pour d'autres régions, comme l'Angleterre (Schiffels *et al.* 2016) et la péninsule Ibérique (Olalde *et al.* 2019). En effet, la répartition des individus de l'âge du Fer semble corrélée à celle observée pour les populations modernes de la même aire géographique (fig. 7).

Les 41 individus de l'âge du Fer échantillonnés sur le territoire actuel français se répartissent au sein de l'ACP de la même façon que la population française moderne. Cependant, il est important de noter que la variabilité de la population française actuelle est assez mal caractérisée et que les données sont, pour l'instant, peu nombreuses (N=61). De plus, l'absence d'information précise concernant l'origine géographique des individus français modernes de l'échantillon, ne permet pas de discuter de potentielles continuités génétiques régionales (mieux connue pour les lignées maternelles ; Dubut *et al.* 2004 ; Richard *et al.* 2007). Or, cette donnée semble indispensable

lorsque l'on considère la taille du territoire français et sa situation géographique qui la place comme une zone carrefour en Europe de l'Ouest. Ce statut de carrefour est d'ailleurs illustré sur l'ACP par une large répartition des individus français, entre ceux d'Angleterre et d'Espagne. De surcroît, la géographie physique a un impact important sur la géographie culturelle, les espaces géographiques et culturels étant souvent fortement liés (via les réseaux d'échange ; fig. 2). L'influence de la géographie physique et culturelle est d'ailleurs détectable pour les individus de l'âge du Fer, les individus de la moitié nord de la France étant plutôt proches des populations anglaises alors que ceux de la moitié sud ont des affinités particulières avec les populations de la péninsule ibérique.

### Comparaison avec les populations anciennes européennes

L'ACP regroupant les populations anciennes caractérisées au niveau génomique (fig. 8) permet de distinguer de façon notable les populations néolithiques de France (astérisques bleus) et campaniformes de la péninsule Ibérique (n'ayant pas reçu l'influence des pasteurs des steppes) des individus Yamnaya (porteurs de la composante des steppes ; étoiles roses). Les individus campaniformes d'Angleterre, d'Europe de l'Est et d'Europe centrale (losanges) et ceux de l'âge du Bronze français

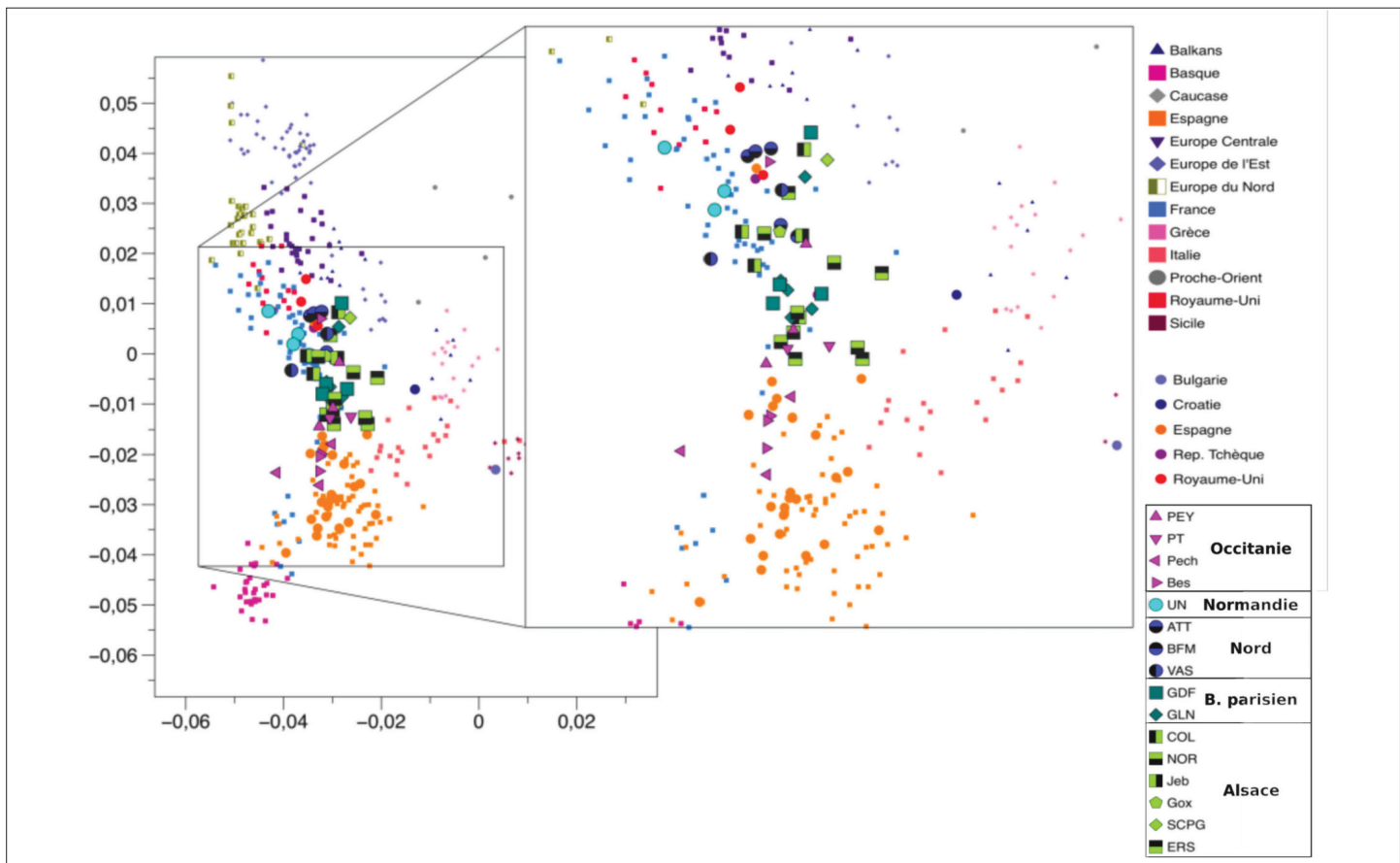


Fig. 7. ACP construite à partir des données génomiques mettant en évidence une certaine continuité entre les populations de l'âge du Fer et les population modernes en Europe. PEY : Peyrou ; PT : Plan de la Tour ; Pech : Pech Maho ; Bes : Bessan La Monediere ; UN : Urville-Nacquerville ; ATT : Attichy-Bitry ; BFM : Bucy ; VAS : Vasseny ; GDF : Barbuise ; GLN : Gurgy ; COL : Colmar ; NOR : Nordhouse ; Jeb : Jebensboden ; Gox : Goxwiller ; SCPG : Sainte-Croix en Plaine ; ERS : Erstein.

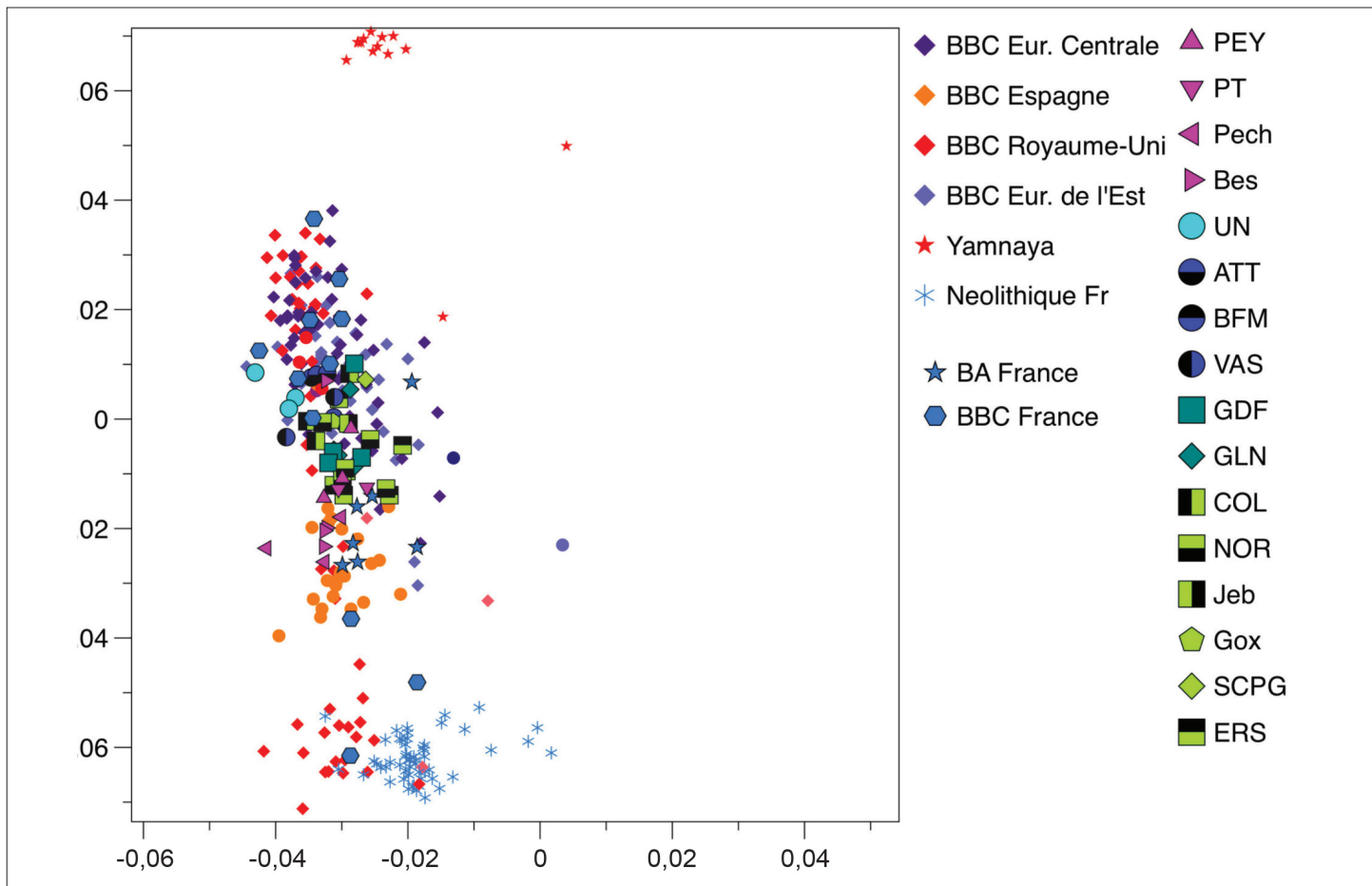


Fig. 8. ACP construite à partir des données génomiques représentant les groupes du Néolithique à l'âge du Fer en Europe. BBC : Campaniforme ; BA : âge du Bronze ; PEY : Peyrou ; PT : Plan de la Tour ; Pech : Pech Maho ; Bes : Bessan La Monediere ; UN : Urville-Nacqueville ; ATT : Attichy-Bitry ; BFM : Bucy ; VAS : Vasseny ; GDF : Barbuise ; GLN : Gurgy ; COL : Colmar ; NOR : Nordhouse ; Jeb : Jebesenboden ; Gox : Goxwiller ; SCPG : Sainte-Croix en Plaine ; ERS : Erstein.

(étoiles bleues) ainsi que de l'âge du Fer occupent une position intermédiaire entre les individus porteurs de cette ancestralité des Steppes et ceux qui en sont dépourvus. Les individus de l'âge du Fer du sud de la France (en mauve) sont proches de ceux de l'âge du Bronze de la même région et renforcent donc l'idée d'une continuité génétique des groupes de la région, entre les deux périodes. Ce résultat, conforté à la fois par l'étude des marqueurs uni-parentaux et des génomes faible couverture plaide en faveur d'une transition culturelle liée à des changements économiques locaux progressifs plutôt qu'à un afflux massif des groupes allochtones (Fischer *et al.* 2022).

Cette ACP met aussi en évidence le gradient Nord-Sud lié à la composante Yamnaya (diminuant progressivement vers le Sud ; Olalde *et al.* 2018). Si ce gradient est connu pour les populations du Campaniforme et de la Culture Cordée (Juras *et al.* 2018 ; Olalde *et al.* 2018), c'est la première fois qu'il est mis en évidence pour les populations de l'âge du Fer (Fischer *et al.* 2022). En effet, les individus de l'âge du Fer d'Angleterre et de Normandie sont plus proches des groupes campaniformes ayant une forte proportion d'ancestralité Yamnaya alors que ceux du Sud de la France sont plus proches de ceux de la péninsule Ibérique (fig. 8),

région où l'impact des pasteurs des Steppes est moins important (Olalde *et al.* 2018, Olalde *et al.* 2019).

Des  $f_3$  statistiques de type  $f_3$  (*Mbuti* ; *IAFr*, *Population ancienne française*) ont été réalisées afin de préciser les degrés de proximité génétique entre groupes anciens à l'échelle du territoire français. Les résultats, présentés sous la forme d'une carte de chaleur (fig. 9), mettent en évidence une proximité génétique entre les différents groupes du Néolithique, ainsi qu'une rupture génétique entre ces groupes et ceux de l'âge du Bronze et de l'âge du Fer. Cependant, nous n'observons pas de rupture entre les populations de l'âge du Bronze (BA France) et celles de l'âge du Fer en France (IAFr), renforçant ainsi l'idée d'une continuité génétique entre les groupes (Fischer *et al.* 2022), tel que précédemment proposé sur la base des lignées maternelles (Fischer *et al.* 2018).

### Un ou des groupes de l'âge du Fer en France ?

Les observations réalisées à partir de l'ACP (i.e. une structuration des groupes en lien avec la géographie) semblent être corrélées aux données archéologiques qui mettent en évidence des affinités particulières entre régions voisines. Dans le cas

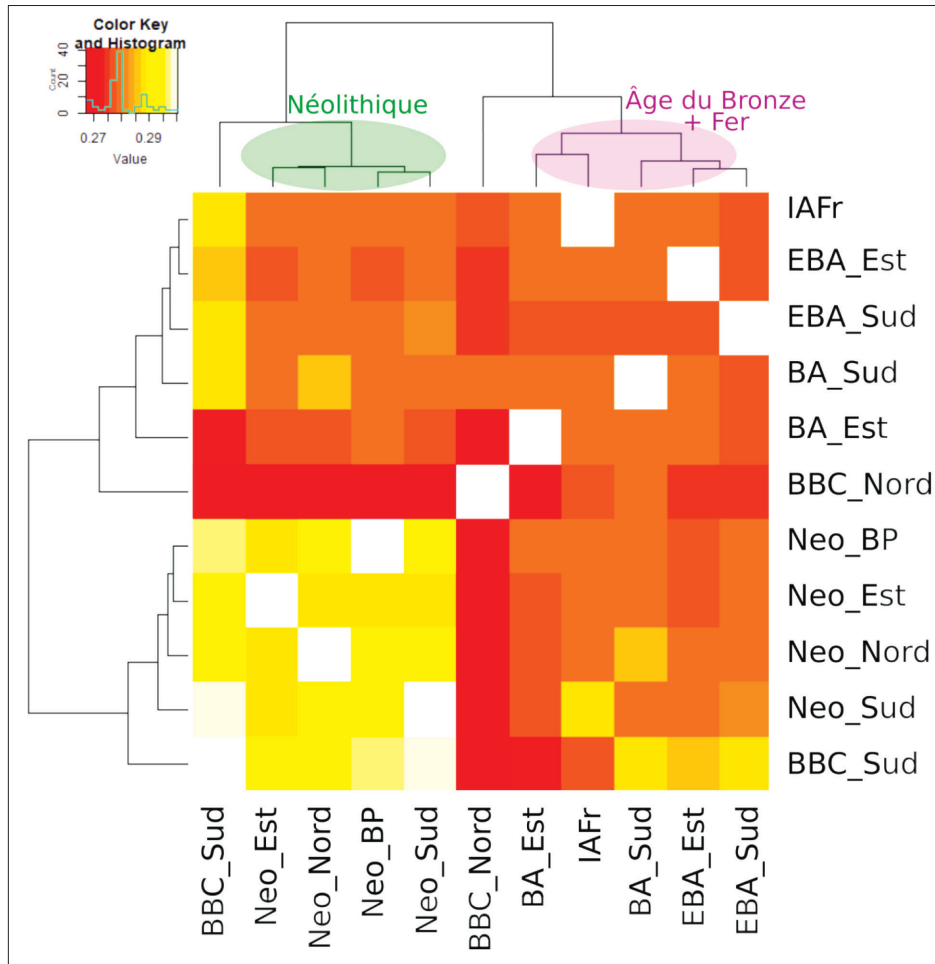


Fig. 9. Carte de chaleur réalisée à partir d’une matrice de proximité génomique entre les groupes et mettant en évidence une rupture entre les groupes du Néolithique et de l’âge du Bronze et une continuité entre les groupes de l’âge du Bronze et ceux de l’âge du Fer en France. BBC : Campaniforme ; EBA : Bronze ancien ; BA : Bronze ; Neo : Neolithique ; IAFr : âge du Fer en France.

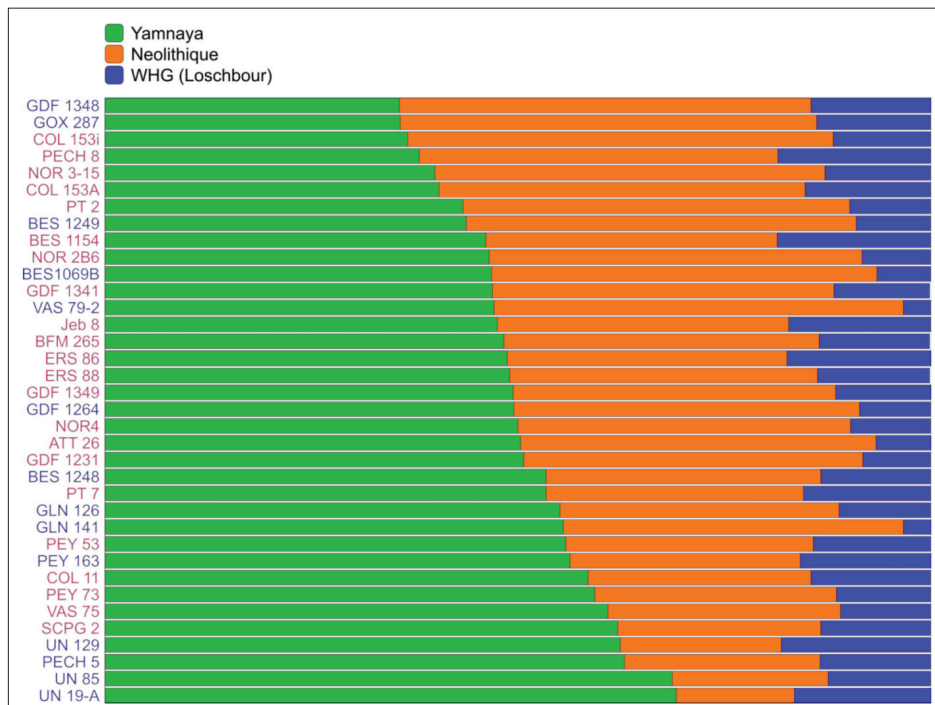


Fig. 10. Proportion des trois composantes ancestrales (Chasseur-cueilleur en bleu, Néolithique en orange et Steppes en vert) pour chaque individu. Les noms en bleu représentent les individus de sexe masculin et ceux en rose les individus de sexe féminin.

d'Urville-Nacqueville, les données archéologiques témoignent d'échanges transmanche (notamment via la présence de bâtiments de plan circulaire, l'importation de lignite et la position pseudo Durotriges de certains défunts : Lefort *et al.* 2015) qui sont confirmées par les différents tests réalisés. En effet, les analyses mettent en avant une forte proximité entre les groupes de l'âge du Fer d'Angleterre et de Normandie, liée à une forte proportion de composante Yamnaya et confirmant ainsi l'idée que les échanges culturels documentés archéologiquement de part et d'autre de la Manche s'accompagnent d'un flux de gènes important (Marcigny 2011 ; Fischer *et al.* 2018 ; Fischer *et al.* 2022 ; Patterson *et al.* 2022). Cependant, ces résultats méritent d'être nuancés car obtenus sur des individus qui présentent des particularités : il s'agit de trois hommes, qui plus est adultes et inhumés dans une position pseudo Durotriges. Or, nous savons que sur ce site, cette pratique semble concerner un nombre limité d'individus (sûrement en lien avec un statut social particulier) puisque les adultes sont habituellement incinérés. De plus, cette position très particulière du corps, qui atteste vraisemblablement d'échanges transmanche, pose la question de l'origine géographique de ces individus par rapport aux autres adultes du site. Ainsi, la proximité très forte observée avec l'Angleterre pourrait s'expliquer par les spécificités de ces individus.

À l'échelle de la haute vallée de la Seine (Gurgy et Barbuise), les données ne permettent pas de différencier les sites en fonction des composantes ancestrales mais les analyses mettent en évidence que le Bassin parisien est la région où la composante néolithique est la plus importante (fig. 10), ce qui est concordant avec les données obtenues pour l'ADN mitochondrial avec, notamment à Barbuise, la présence de lignées N1a. Cependant, l'absence de différenciation au niveau génomique entre les sites de Gurgy et Barbuise peut aussi s'expliquer par un faible nombre d'individus disponibles par site (N=4 et N=5, respectivement).

## Conclusion

Les résultats obtenus à partir des marqueurs uni-parentaux indiquent que la diversité culturelle observée entre sites (i.e. nécropole à Urville-Nacqueville, tumulus à Gurgy, nécropole à enclos à Barbuise) pouvait être corrélée à une diversité des pools génétiques, eux-mêmes directement impactés par (i) le « rôle » joué par le site dans le paysage (e.g. un port pour Urville-Nacqueville, un tumulus probablement lié à une ferme pour Gurgy) et (ii) leur intégration au sein de différents complexes culturels et réseaux d'échanges.

Le site d'Urville-Nacqueville, situé dans les marges de la basse vallée de la Seine, est un site portuaire tourné vers la Manche et vers l'Atlantique, ce qui se reflète au niveau génétique par des affinités plus marquées avec les groupes de ces régions et

qui, au niveau génomique, se traduit par une forte proximité de ces individus avec leurs contemporains d'Angleterre. Cependant, rappelons que ce résultat mérite d'être nuancé, étant donné que les données génomiques acquises pour ce site proviennent uniquement d'hommes adultes inhumés dans une position pseudo Durotriges. Nous souhaitons d'ailleurs insister sur un point qui nous semble essentiel pour discuter de ce site. Le grand nombre d'individus analysés pour les marqueurs uniparentaux a permis d'attester que ce groupe correspond à une population cosmopolite. Cependant, malgré l'important nombre d'individus, et le fait qu'on puisse raisonnablement considérer que les immatures reflètent la population globale, une partie de la population est inaccessible. En effet, les adultes ont été majoritairement incinérés, et, à ce jour, les analyses ne permettent pas de travailler sur l'ADN à partir d'ossements brûlés.

Les sites localisés autour de la haute vallée de la Seine ont montré, grâce aux données populationnelles obtenues sur l'ADN mitochondrial, des affinités différentes avec les groupes voisins. Gurgy, situé sur l'Yonne, semble tourné vers les échanges avec le sud (notamment la péninsule Ibérique, comme cela a déjà été démontré pour le Néolithique : Rivollat *et al.* 2015) alors que Barbuise (Seine), entretient des affinités plus marquées avec l'est (Allemagne). Si ces différences ne sont actuellement pas retrouvées au niveau génomique, il faut noter l'échantillon restreint à disposition (N= 62 ADNmt et N= 9 génomes à faible couverture pour le Bassin parisien) et des données de comparaison plus parcellaires (e.g. N= 11 ADNmt et N=1 génome pour l'Allemagne) limitant sans aucun doute les interprétations.

À une échelle plus vaste que la vallée de la Seine et ses marges, l'obtention d'un nombre important de données génomiques pour des groupes datés de l'âge du Fer et répartis de la pointe du Cotentin jusqu'au Languedoc, a permis de démontrer l'existence d'une structuration génétique, en lien avec la structuration géographique et culturelle des communautés (e.g. complexe Manche – Mer du Nord et complexe ibero-languedocien).

Enfin, si les résultats obtenus pointent tout l'intérêt de mener des analyses populationnelles afin d'avoir accès aux pools génétiques les plus représentatifs possible des populations ciblées, il reste primordial de s'inquiéter de l'existence de modalités de recrutement spécifiques pouvant venir impacter ces pools génétiques. Plusieurs critères nous semblent ainsi essentiels pour discuter de la représentativité du groupe analysé vis-à-vis de la population dans son ensemble : les données ostéobiographiques (âge au décès, sexe, pathologies...) et le contexte funéraire général (l'individu est-il traité selon une « norme » ? Est-il inhumé dans une position particulière ou avec du mobilier qui le distingue des autres individus ?). Ce regard pluridisciplinaire et prudent constitue une condition indispensable à l'étude des populations anciennes, que ce soit pour discuter de leur structuration sociale et/ou de leurs dynamiques migratoires.

## Bibliographie

- Allentoft *et al.* 2015: Allentoft M.E., Sikora M., Sjögren K.G., Rasmussen S., Rasmussen M., Stenderup J., Damgaard P.B., Schroeder H., Ahlström T., Vinner L., Malaspinas A.S., Margaryan A., Higham T., Chivall D., Lynnerup N., Harvig L., Baron J., Casa P. Della, Dąbrowski P., Duffy P.R., Ebel A. V., Epimakhov A., Frei K., Furmanek M., Gralak T., Gromov A., Gronkiewicz S., Grupe G., Hajdu T., Jarysz R., Khartanovich V., Khokhlov A., Kiss V., Kolář J., Kriiska A., Lasak I., Longhi C., McGlynn G., Merkevicius A., Merkyte I., Metspalu M., Mkrtychyan R., Moiseyev V., Paja L., Pálfi G., Pokutta D., Pospieszny Ł., Douglas Price T., Saag L., Sablin M., Shishlina N., Smrčka V., Soenov V.I., Szeverényi V., Tóth G., Trifanova S. V., Varul L., Vicze M., Yepiskoposyan L., Zhitenev V., Orlando L., Slicheritz-Pontén T., Brunak S., Nielsen R., Kristiansen K., Willerslev E., Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522 (7555), 167-172.
- Brandt *et al.* 2013 : Brandt G., Haak W., Adler C.J., Roth C., Szécsényi-Nagy A., Karimnia S., Möller-Rieker S., Meller H., Ganslmeier R., Friederich S., Dresely V., Nicklisch N., Pickrell J.K., Sirocko F., Reich D., Cooper A., Alt K.W., Ancient DNA reveals key stages in the formation of Central European mitochondrial genetic diversity. *Science*, 342 (6155), 257-261.
- Brunel *et al.* 2020 : Brunel S., Andrew Bennett E., Cardin L., Garraud D., Emam H.B., Beylier A., Boulestin B., Chenal F., Ciesielski E., Convertini F., Dedet B., Desbrosse-Degobertiere S., Desenne S., Dubouloz J., Duday H., Escalon G., Fabre V., Gaillardat E., Gandelin M., Gleize Y., Goepfert S., Guilaine J., Hachem L., Ilett M., Lambach F., Maziere F., Perrin B., Plouin S., Pinard E., Praud I., Richard I., Riquier V., Roure R., Sendra B., Thevenet C., Thiol S., Vauquelin E., Vergnaud L., Grange T., Geigl E.M., Pruvost M., Ancient genomes from present-day France unveil 7,000 years of its demographic history. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 117 (23), 12791-12798.
- Buchsenschutz 2010 : Buchsenschutz O., Les Celtes de l'Age du fer dans le nord de la France. In Clottes J., *La France préhistorique : un essai d'histoire*. Paris (La Maison des roches), 434-460.
- CELTES - Encyclopædia Universalis, <https://www.universalis.fr/encyclopedie/celtes/> [consulté le 30/04/2022].
- Chanson *et al.* 2011: Chanson K., Delalande A., Jahier I., Texier M., Ropars A., Vauterin C.-C., Cherel A.-F., Corde D., Coussirat M., Langlois J.-Y., Lepaumier H., Pluton S., Les pratiques funéraires à l'Âge du fer en Basse-Normandie : premiers éléments de réflexion. In Barral Ph., Dedet B., Delrieu F. dir. *Gestes funéraires en Gaule au Second Age du Fer, Actes du XXXIII<sup>e</sup> colloque international de l'AFEAF, Caen, 20-24 mai 2009*. Besançon, 51-83 (Presses universitaires de Franche-Comté).
- Cunliffe, Koch 2010 : Cunliffe B.W., Koch J.T., *Celtic from the West: alternative perspectives from archaeology, genetics, language, and literature*. Oxbow (Celtic Studies Publications 15).
- Dubuis *et al.* 2015 : Dubuis B., Josset D., Millet É., Villenave C., La tombe princière du Ve siècle avant notre ère de Lavau « ZAC du Moutot » (Aube). *Bulletin de la Société préhistorique française*, 112 (2), 371-374.
- Dubuis 2018 : Dubuis B., Autour de la tombe princière de Lavau : la représentation des élites au V<sup>e</sup> siècle avant notre ère, in Dohrmann N., Riquier V. dir., *Archéologie dans l'Aube, des premiers paysans au prince de Lavau*. Catalogue de l'exposition de Troyes (Hôtel-Dieu-le-Comte, du 5 mai 2018 au 29 septembre 2019), Gand, 234-245.
- Dubut *et al.* 2004 : Dubut V., Chollet L., Murail P., Cartault F., Béraud-Colomb E., Serre M., Mogentale-Profizi N., mtDNA polymorphisms in five French groups: Importance of regional sampling. *European Journal of Human Genetics*, 12 (4), 293-300.
- Excoffier, Lischer 2010 : Excoffier L., Lischer H.E.L., Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10 (3), 564-567.
- Fischer *et al.* 2018 : Fischer C.-E., Lefort A., Pemonge M.-H., Couture-Veschambre C., Rottier S., Deguilloux M.-F., The multiple maternal legacy of the Late Iron Age group of Urville-Nacqueville (France, Normandy) documents a long-standing genetic contact zone in northwestern France. *PLOS ONE*, 13 (12), 1-19.
- Fischer *et al.* 2019 : Fischer C.-E., Pemonge M.-H., Santos F., Houzelot H., Couture-Veschambre C., Lefort A., Rottier S., Deguilloux M.-F., Multi-scale archaeogenetic study of two French Iron Age communities: From internal social- to broad-scale population dynamics. *Journal of Archaeological Science Reports*, 27, 1-9.
- Fischer *et al.* 2020 : Fischer C.-E., Houzelot H., Pemonge M.-H., Couture-Veschambre C., Lefort A., Rottier S., Deguilloux M.-F., Unité et diversité au Second âge du Fer dans la moitié nord de la France : apports de la paléogénétique. In Pierrevelcin G., Kysela J., et Fichtl S. dir. *Unité et diversité du monde celtique – Unity and Diversity in the Celtic World, Actes du 42<sup>e</sup> colloque international de l'AFEAF, Prague, 10-13 mai 2018*, Paris, 67-70 (Afeaf 2).
- Fischer *et al.* 2022 : Fischer C.-E., Pemonge M.-H., Ducoussau I., Arzelier A., Rivollat M., Santos F., Barrand Emam H., Bertaud A., Beylier A., Ciesielski E., Dedet B., Desenne S., Duday H., Chenal F., Gaillardat E., Goepfert S., Gorgé O., Gorgues A., Kuhnle G., Lambach F., Lefort A., Mauduit A., Maziere F., Oudry S., Paresys C., Pinard E., Plouin S., Richard I., Roth-Zehner M., Roure R., Thevenet C., Thomas Y., Rottier S., Deguilloux M.-F., Pruvost M., Origin and mobility of Iron Age Gaulish groups in present-day France revealed through archaeogenomics. *iScience*, 25 (4), 1-30.
- Fitzpatrick 2011 : Fitzpatrick A.P., Les pratiques funéraires de l'Age du fer tardif dans le Sud de l'Angleterre. In Barral, P. Dedet B., Delrieu F., Giraud P., Le Goff I., Marion S. dir. *Gestes funéraires en Gaule au Second Age du Fer, Actes du XXXIII<sup>e</sup> colloque international de l'AFEAF, Caen, 20-24 mai 2009*. Besançon, 15-30 (Presses universitaires de Franche-Comté).
- Garcia 2018 : Garcia D., Lavau et les résidences celtiques vus de la Méditerranée. In N. Dohrmann N., Riquier V. dir., *Archéologie dans l'Aube, des premiers paysans au prince de Lavau*. Catalogue de l'exposition de Troyes (Hôtel-Dieu-le-Comte, du 5 mai 2018 au 29 septembre 2019), Gand, 294-298.
- Ginoux 2007 : Ginoux N., *Le thème symbolique de «la paire de dragons» sur les fourreaux celtiques (IV<sup>e</sup>-II<sup>e</sup> siècles avant J.-C.): Etude iconographique et typologie*. BAR Publishing.
- Godard 2013 : Godard C., L'implantation des habitations circulaires en Bretagne et en Normandie à l'âge du Fer : un échange d'hommes et de savoirs. *RAO*, 30, 165-186.
- Haak *et al.* 2015 : Haak W., Lazaridis I., Patterson N., Rohland N., Mallick S., Llamas B., Brandt G., Nordenfelt S., Harney E.,



- Stewardson K., Fu Q., Mittnik A., Bánffy E., Economou C., Francken M., Friederich S., Pena R.G., Hallgren F., Khartanovich V., Khokhlov A., Kunst M., Kuznetsov P., Meller H., Mochalov O., Moiseyev V., Nicklisch N., Pichler S.L., Risch R., Rojo Guerra M.A., Roth C., Szécsényi-Nagy A., Wahl J., Meyer M., Krause J., Brown D., Anthony D., Cooper A., Alt K.W., Reich D., Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature*, 522 (7555), 207-211.
- Joffroy 1953 : Joffroy R., Note préliminaire sur la découverte d'une tombe à char de l'époque hallstaliennne à Vix (Côte-d'Or). *Gallia*, 11 (1), 19-24.
- Juras *et al.* 2018 : Juras A., Chyleński M., Ehler E., Malmström H., Żurkiewicz D., Włodarczak P., Wilk S., Peška J., Fojtik P., Králík M., Libera J., Bagińska J., Tunia K., Klochko V.I., Dabert M., Jakobsson M., Koško A., Mitochondrial genomes reveal an east to west cline of steppe ancestry in Corded Ware populations. *Scientific Reports*, 8 (1), 1-10.
- Lê *et al.* 2008 : Lê S., Josse J., Husson F., FactoMineR: An R package for multivariate analysis. *Journal of Statistical Software*, 25 (1), 1-18.
- Lefort *et al.* 2015 : Lefort A., Baron A., Blondel F., Méniel P., Rottier S., Artisanat, commerce et nécropole. Un port de La Tène D1 à Urville-Nacqueville. In Olmer F., Roure R. dir. *Les Gaulois au fil de l'eau, Actes du 37<sup>e</sup> colloque international de l'AFEAF, Montpellier, 8-11 mai 2013*. Bordeaux, 481-514 (Mémoires Ausonius 39).
- Marcigny, Talon 2009 : Marcigny C., Talon M., Sur les rives de la Manche. Qu'en est-il du passage de l'âge du Bronze à l'âge du Fer à partir des découvertes récentes ? In Roulière-Lambert M.-J., Daubigny A., Milcent P.-Y. dir., *De l'âge du Bronze à l'âge du Fer en France et en Europe occidentale (X<sup>e</sup>-VII<sup>e</sup> siècle av. J.-C.). La moyenne vallée du Rhône aux âges du Fer, Actes du XXX<sup>e</sup> colloque de l'AFEAF, co-organisé avec l'APRAB, Saint-Romain-en-Gal, 26-18 mai 2006*. Dijon, 385-403 (RAE 27).
- Marcigny 2011 : Marcigny C., Les relations transmanche durant l'âge du Bronze entre 2300 et 800 avant notre ère. In Bodinier B. dir., *Les Anglais en Normandie*. 47-54 (Congrès des Sociétés Historiques et Archéologiques de Normandie 16).
- Milcent 2006 : Milcent P.-Y., Premier âge du Fer médio-atlantique et genèse multipolaire des cultures matérielles laténiennes. In Vitali D. dir. *Celtes et Gaulois, l'Archéologie face à l'Histoire, 2 : la Préhistoire des Celtes, Actes de la table ronde de Bologne-Monterenzio, 2005*. Glux-en-Glenne, 1-25 (Bibracte).
- Mordant, Rottier 2004 : Mordant C., Rottier S., *Gurgy « Les Noisats » (Yonne)*. Rapport final d'Opération Archéologique, SRA Dijon.
- Mordant *et al.* 2018 : Mordant C., Augereau A., Millet É., La Seine, une artère majeure du Bassin Parisien. In Dohrmann N., et Riquier V. dir., *Archéologie dans l'Aube. Des premiers paysans au Prince de Lavau*. Catalogue de l'exposition de Troyes (Hôtel-Dieu-le-Comte, du 5 mai 2018 au 29 septembre 2019), Gand, 22-29.
- Olalde *et al.* 2018 : Olalde I., The Beaker phenomenon and the genomic transformation of northwest Europe. *Nature*, 555 (7695), 190-196.
- Olalde *et al.* 2019 : Olalde I., The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years. *Science*, 363 (6432), 1230-1234.
- Patterson *et al.* 2012 : Patterson N., Moorjani P., Luo Y., Mallick S., Rohland N., Zhan Y., Genschoreck T., Webster T., Reich D., Ancient admixture in human history. *Genetics*, 192 (3), 1065-1093.
- Patterson *et al.* 2022 : Patterson N., Large-scale migration into Britain during the Middle to Late Bronze Age. *Nature*, 601 (7894), 588-594.
- Pierrevelcin *et al.* 2020 : Pierrevelcin G., Kysela J., et Fichtl S. dir. *Unité et diversité du monde celtique – Unity and Diversity in the Celtic World, Actes du 42<sup>e</sup> colloque international de l'AFEAF, Prague, 10-13 mai 2018*, Paris (Afeaf 2).
- Richard *et al.* 2007 : Richard C., Pennarun E., Kivisild T., Tambets K., Tolk H.V., Metspalu E., Reidla M., Chevalier S., Giraudet S., Lauc L.B., Peričić M., Rudan P., Claustres M., Journel H., Dorval I., Müller C., Villems R., Chaventré A., Moisan J.P., An mtDNA perspective of French genetic variation. *Annals of Human Biology*, 34 (1), 68-79.
- Rivollat *et al.* 2015 : Rivollat M., Mendisco F., Pemonge M.H., Safi A., Saint-Marc D., Brémond A., Couture-Veschambre C., Rottier S., Deguilloux M.F. 2015. When the waves of European neolithization met: First paleogenetic evidence from early farmers in the Southern Paris Basin. *PLoS ONE*, 10 (4), 1-16
- Rottier *et al.* 2012 : Rottier S., Piette J., Mordant C., Gratuze B., Leahy R., Méniel P., Roscio M., Archéologie funéraire du Bronze final dans les vallées de l'Yonne et de la haute Seine : les nécropoles de Barbey, Barbuise et La Saulsotte. Dijon (Art, Archéologie & Patrimoine)
- Schiffels *et al.* 2016 : Schiffels S., Haak W., Paajanen P., Llamas B., Popescu E., Loe L., Clarke R., Lyons A., Mortimer R., Sayer D., Tyler-Smith C., Cooper A., Durbin R., Iron Age and Anglo-Saxon genomes from East England reveal British migration history. *Nature Communications*, 7 (1), 1-9.
- Shendure *et al.* 2017 : Shendure J., Balasubramanian S., Church G.M., Gilbert W., Rogers J., Schloss J.A., Waterston R.H., DNA sequencing at 40: Past, present and future. *Nature*, 550 (7676), 345-353.
- Szécsényi-Nagy *et al.* 2017 : Szécsényi-Nagy A., Roth C., Brandt G., Rihuete-Herrada C., Tejedor-Rodríguez C., Held P., García-Martínez-De-Lagrán Í., Arcusa Magallón H., Zesch S., Knipper C., Bánffy E., Friederich S., Meller H., Bueno Ramírez P., Barroso Bermejo R., De Balbín Behrmann R., Herrero-Corral A.M., Flores Fernández R., Alonso Fernández C., Jiménez Echevarria J., Rindlisbacher L., Oliart C., Fregeiro M.I., Soriano I., Vicente O., Micó R., Lull V., Soler Díaz J., López Padilla J.A., Roca De Togores Muñoz C., Hernández Pérez M.S., Jover Maestre F.J., Lomba Maurandi J., Avilés Fernández A., Lillios K.T., Silva A.M., Magalhães Ramalho M., Oosterbeek L.M., Cunha C., Waterman A.J., Roig Buxó J., Martínez A., Ponce Martínez J., Hunt Ortiz M., Mejías-García J.C., Pecero Espin J.C., Cruz-Auñón Briones R., Tomé T., Carmona Ballester E., Cardoso J.L., Araújo A.C., Liesau Von Lettow-Vorbeck C., Blasco Bosqued C., Ríos Mendoza P., Pujante A., Royo-Guillén J.I., Esquembre Beviá M.A., Dos Santos Goncalves V.M., Parreira R., Morán Hernández E., Méndez Izquierdo E., Vega Y Miguel J., Menduiña García R., Martínez Calvo V., López Jiménez O., Krause J., Pichler S.L., Garrido-Pena R., Kunst M., Risch R., Rojo-Guerra M.A., Haak W., Alt K.W., The maternal genetic make-up of the Iberian Peninsula between the Neolithic and the Early Bronze Age. *Scientific Reports*, 7 (1), 1-15.
- Vergier 2018 : Vergier S., La place de l'Aube dans les réseaux d'échanges entre l'Europe tempérée et la Méditerranée (VII<sup>e</sup>-V<sup>e</sup> siècle av. n. è.). In N. Dohrmann N., Riquier V. dir., *Archéologie dans l'Aube, des premiers paysans au prince de Lavau*. Catalogue de l'exposition de Troyes (Hôtel-Dieu-le-Comte, du 5 mai 2018 au 29 septembre 2019), Gand, 284 -293.

## Auteurs

Claire-Elise Fischer, Post-Doctorante, Department of Archaeology, University of York, King's Manor Exhibition Square, York YO1 7EP, United Kingdom ; [claire-elise.fischer@york.ac.uk](mailto:claire-elise.fischer@york.ac.uk)

Marie-Hélène Pemonge, Ingénieure d'études CNRS, UMR 5199-PACEA, CNRS, Université de Bordeaux, Bat B8 Allée Geoffroy Saint-Hilaire 33615 Pessac Cedex, France ; [marie-helene.pemonge@u-bordeaux.fr](mailto:marie-helene.pemonge@u-bordeaux.fr)

Stéphane Rottier, Maître de Conférence, UMR 5199-PACEA, CNRS, Université de Bordeaux, Bat B8 Allée Geoffroy Saint-Hilaire 33615 Pessac Cedex, France ; [stephane.rottier@u-bordeaux.fr](mailto:stephane.rottier@u-bordeaux.fr)

Mélanie Pruvost, Chercheuse CNRS, UMR 5199-PACEA, CNRS, Université de Bordeaux, Bat B8 Allée Geoffroy Saint-Hilaire 33615 Pessac Cedex, France ; [melanie.pruvost@u-bordeaux.fr](mailto:melanie.pruvost@u-bordeaux.fr)

Marie-France Deguilloux, Maître de Conférence, UMR 5199-PACEA, CNRS, Université de Bordeaux, Bat B8 Allée Geoffroy Saint-Hilaire 33615 Pessac Cedex, France ; [marie-france.deguilloux@u-bordeaux.fr](mailto:marie-france.deguilloux@u-bordeaux.fr)

## Résumé

Les preuves archéologiques d'échanges, que ce soit le long de la côte Atlantique, de part et d'autre de la Manche ou bien encore le long de fleuves sont nombreuses. Ces dernières années, le renouvellement des méthodes, notamment en paléogénomique, a livré des données biologiques permettant de discuter des dynamiques de peuplement. À l'âge du Fer, certains fleuves sont reconnus comme permettant de relier différents complexes culturels entre eux. C'est, entre autres, le cas de la Seine qui part de Bourgogne et se jette dans la Manche et qui se divise en deux parties : la haute et la basse vallées de la Seine. Au cours du III<sup>e</sup> millénaire, une bipartition géographique et culturelle est observée le long de cet axe. À l'âge du Bronze final, la haute vallée de la Seine est incluse dans le complexe nord-alpin alors que la basse vallée fait partie intégrante du complexe Manche-Mer du Nord. Cette géographie culturelle perdure au Premier âge du Fer, la haute vallée étant associée au complexe hallstattien occidental et la basse vallée au complexe médio-Atlantique. Cependant, aucune barrière géographique ne permet de séparer ces deux entités et les contacts et échanges sont nombreux, comme l'illustre les données archéologiques. Mais qu'en est-il des contacts et des potentiels échanges biologiques ? L'obtention de données paléogénomiques pour des nécropoles du Second âge du Fer, en amont et en aval du bassin de la Seine, permet de (re)discuter du rôle des grands cours d'eau dans la structuration et la dynamique des peuplements et des territoires. Les résultats obtenus mettent en évidence une structuration génétique des groupes inhumés, en fonction de leur localisation le long de cet axe. En effet, les individus situés en aval partagent plus d'affinités avec les populations contemporaines du Sud de l'Angleterre alors que les individus localisés en amont sont plus proches des populations de l'Est de la France et occupent une position intermédiaire entre le Nord et le Sud de la France. Ces résultats, couplés aux données archéologiques, apportent de nouveaux éléments pour discuter de l'influence de la Seine sur la structuration génétique des populations.

## Abstract

Archaeological evidence of interaction, whether along the Atlantic coast, on either side of the English Channel or along rivers, is numerous. Over the last few years, the development of new methods, particularly in palaeogenomics, has made it possible to obtain biological data that can be used to discuss settlement dynamics. During the Iron Age, several rivers are known to have linked different cultural complexes together. This is the case, for example, of the Seine, which flows from Burgundy into the English Channel and is divided into two parts: the upper and lower Seine valleys. During the 3<sup>rd</sup> millennium, a geographical and cultural bipartition is observed along this axis. During the Late Bronze Age, the upper Seine valley was included in the Haguenau culture, while the lower valley was an integral part of the Channel-North Sea complex. This cultural geography continues into the Early Iron Age, with the upper valley being associated with the Western Hallstattian complex and the lower valley with the Mid-Atlantic complex. However, no geographical barrier keeps these two entities apart and there were numerous contacts and exchanges, as illustrated by the archaeological data. But what about contacts and potential biological exchanges? Paleogenomic data for Late Iron Age cemeteries located along this river allow us to (re)discuss the importance of the major rivers in the formation and dynamics of settlements and territories. The results obtained highlight a genetic structure of the buried groups, according to their location along this axis. Indeed, individuals located in the lower Seine valley share more affinities with contemporary populations in the south of England, whereas individuals located in the upper Seine valley are closer to populations in eastern France and occupy an intermediate position between northern and southern France. These results, coupled with archaeological data, provide new elements to address the influence of the Seine on the genetic structure of populations.