



## 4TH INTERNATIONAL COLLOQUIUM OF GENEALOGY, HERALDRY, AND VEXILLOLOGY (ICGHV4)

June 5 2025, Vilnius, Lithuania, [www.icghv.com](http://www.icghv.com)

Theme: “Heads of State: Ancestry, Coats of Arms,  
and Flags”



### TRACING THE ROOTS: THE GENETIC DISTINCTIVENESS AND ANCIENT ANCESTRY OF THE LITHUANIAN POPULATION

#### **Doc Dr Alina Urnikytė (Vilnius University)**

Summary (in English)

Each culture has its own origin stories. There are various theories about the origin of Lithuanians: Roman, Gothic, Greek, Indian, or Sarmatian. Some of these theories were believed not because of scientific facts, but because they served the needs of the society at the time. However, modern science has emerged and continues to help trace the ancestry not only of Lithuanians but also of other nations more comprehensively and accurately. The Lithuanian population is a very interesting subject for genetic research but remained a “blank spot” on the genetic map of European populations for many years.

Some sources suggest that since the Neolithic period, no other ethnic group has replaced the inhabitants of the Lithuanian territory, and it is likely that the current Lithuanian population has preserved the gene pool of their ancient ancestors. This hypothesis was tested by analyzing genomic data from 399 Lithuanians obtained by whole-genome scanning, covering approximately 700,000 genetic variants, alongside 284 ancient genomes from different historical periods. These ancient genomes were collected from the Levant (11,800–2,000 BCE), Anatolia (6,500–3,700 BCE), the Caucasus (11,400–900 BCE), Iran, Europe (11,400–900 BCE), and the Eurasian steppes (6,800–200 BCE).

The study revealed the uniqueness of the modern Lithuanian genome, identifying genetic components inherited from ancestors of three distinct prehistoric periods: pre-Neolithic hunter-gatherers, Early to Middle Bronze Age steppe pastoralists, and Late Neolithic to Bronze Age Europeans. Additionally, three groups of hunter-gatherers contributed to forming the core genetic component of the Lithuanian population: Western European hunter-gatherers, Scandinavian hunter-gatherers, and, to a lesser extent, Eastern hunter-gatherers. However, the most significant genetic influence in the Lithuanian genome comes from Western hunter-gatherers who lived before the Neolithic period.

The modern “Lithuanian genome” illustrates the complex history of the Lithuanian population, shaped by the mixing of different ancestral groups during various historical periods.

Thus, the Lithuanian genome is ancient and unique. Lithuanians stand out by having the highest genetic component from hunter-gatherers originating in the West: “We have the largest share of ancient Western genetic components. Lithuanians have preserved their genetic uniqueness over many centuries, despite adverse historical events and widespread deadly diseases. It can be said that the Lithuanian population is distinguished from other European nations by its greater genetic isolation.”

*CV: Dr. Alina Urnikytė leads the Population Genomics Laboratory at the Institute of Translational Health Research, Faculty of Medicine, Vilnius University. In 2018, she defended her PhD thesis in the field of biomedical sciences, focusing on human population genomics*

*with a particular emphasis on uncovering the genetic origins of Lithuanians. Her main research areas include fundamental genomic and translational genomic studies of human populations, aiming to elucidate microevolutionary processes within populations, explore genetic predispositions to specific abilities and complex diseases, investigate the molecular mechanisms of disease pathogenesis, and study human adaptation to changing environmental conditions.*

Summary (in Lithuanian)

## **KILMĖS PAIEŠKOS: LIETUVOS POPULIACIJOS GENETINIS IŠSKIRTINUMAS IR SENOVĖS PROTĖVIAI**

Kiekviena kultūra turi savo pasakojimus apie ištakas. Lietuvių kilmės teorijų yra įvairių: romėniškoji, gotiškoji, graikų, indų, ar sarmatų. Kai kuriomis iš jų buvo tikima ne dėl mokslinių faktų, o todėl, kad jos buvo reikalingos to meto visuomenei. Tačiau atsiradęs šiuolaikinis mokslas padėjo ir vis dar padeda išsamiau ir tiksliau atsekti ne tik lietuvių, bet ir kitų tautų protėvių kilmę. Lietuvos populiacija yra labai įdomus genetinių tyrimų objektas, tačiau daug metų tarsi „balta dėmė“ Europos populiacijų gentiniame žemėlapyje.

Kai kurie šaltiniai teigia, kad nuo neolito laikotarpio Lietuvos teritorijos gyventojų nepakeitė jokia kita etninė grupė ir tikėtina kad dabartinės Lietuvos gyventojai išsaugojo savo senųjų protėvių genų fondą. Ši hipotezė buvo patikrinta analizuojant 399 lietuvių genominius duomenis, kurie buvo gauti skenuojant visą genomą, t. y. apie 700 000 genetinių variantų, su skirtingų istorinių laikotarpių 284 senovės genomais, kurie buvo surinkti iš Levanto (11,8–2 tūkst. m. pr. kr.), Anatolijos (6,5–3,7 tūkst. m. pr. kr.), Kaukazo (11,4–0,9 tūkst. m. pr. kr.), Irano, Europos (11,4–0,9 tūkst. m. pr. kr.) ir Eurazijos stepių (6,8–0,2 tūkst. m. pr. kr.).

Tyrimas atskleidė šiuolaikinių lietuvių genomo išskirtinumą – nustatyti genetiniai komponentai priklausantys protėviams iš trijų skirtingų priešistorės laikotarpių: prieš neolitą medžiotojams-rinkėjams, ankstyvojo ir vidurio bronzos amžiaus Stepių pastoralistams ir vėlyvojo Neolito bronzos amžiaus europiečiams. Be to, nustatytos trys medžiotojų-rinkėjų grupės turėjusios įtakos formuojant Lietuvos populiacijos pagrindinį genetinį komponentą: Vakarų Europos medžiotojai-rinkėjai, medžiotojai-rinkėjai iš Skandinavijos ir kiek mažiau rytų medžiotojai-rinkėjai. Tačiau didžiausią genetinį pėdsaką lietuvių genome paliko prieš neolitą gyvenę vakarų medžiotojai-rinkėjai. Šiuolaikinis „lietuvių genomai“ parodo sudėtingą lietuvių populiacijos istoriją, kai maišėsi skirtingos protėvių grupės skirtingais istoriniais laikotarpiais.

Taigi, mūsų, lietuvių genomai yra senas ir unikalus. Mes išsiskiriame tuo, kad turime didžiausią genetinį komponentą iš medžiotojų-rinkėjų, atėjusių iš Vakarų: „Turime daugiausia senovės Vakarų pasaulio genetinių komponentų. Lietuviai išsaugojo savo genomo unikalumą per daugybę amžių, nepaisant nepalankių istorinių įvykių ir tuo metu paplitusių mirtinų ligų. Galima teigti, kad Lietuvos gyventojai išsiskiria iš kitų Europos tautų savo didesniu izoliuotumu.

***CV:** Dr. Alina Urnikytė vadovauja Vilniaus universiteto Medicinos fakulteto Transliacinių sveikatos tyrimų instituto Populiacijų genomikos laboratorijai. 2018 m. apgynė biomedicinos mokslų srities medicinos krypties daktaro disertaciją Vilniaus universitete žmogaus populiacijų genomikos temoje ypatingą dėmesį skiriant lietuvių genetinės kilmės išaiškinimui. Pagrindinės mokslinių tyrimų kryptys apima fundamentinius žmogaus populiacijų genominius ir transliacinės genomikos tyrimus siekiant išaiškinti ne tik populiacijose vykstančius mikroevoliucinius procesus, bet ir atsakyti į klausimus apie genetinį polinkį į specifinius*

*gebėjimus bei sudėtingas ligas, ligų patogenezės molekulinis mechanizmus ir žmogaus prisitaikymo galimybes kintant aplinkos sąlygoms.*