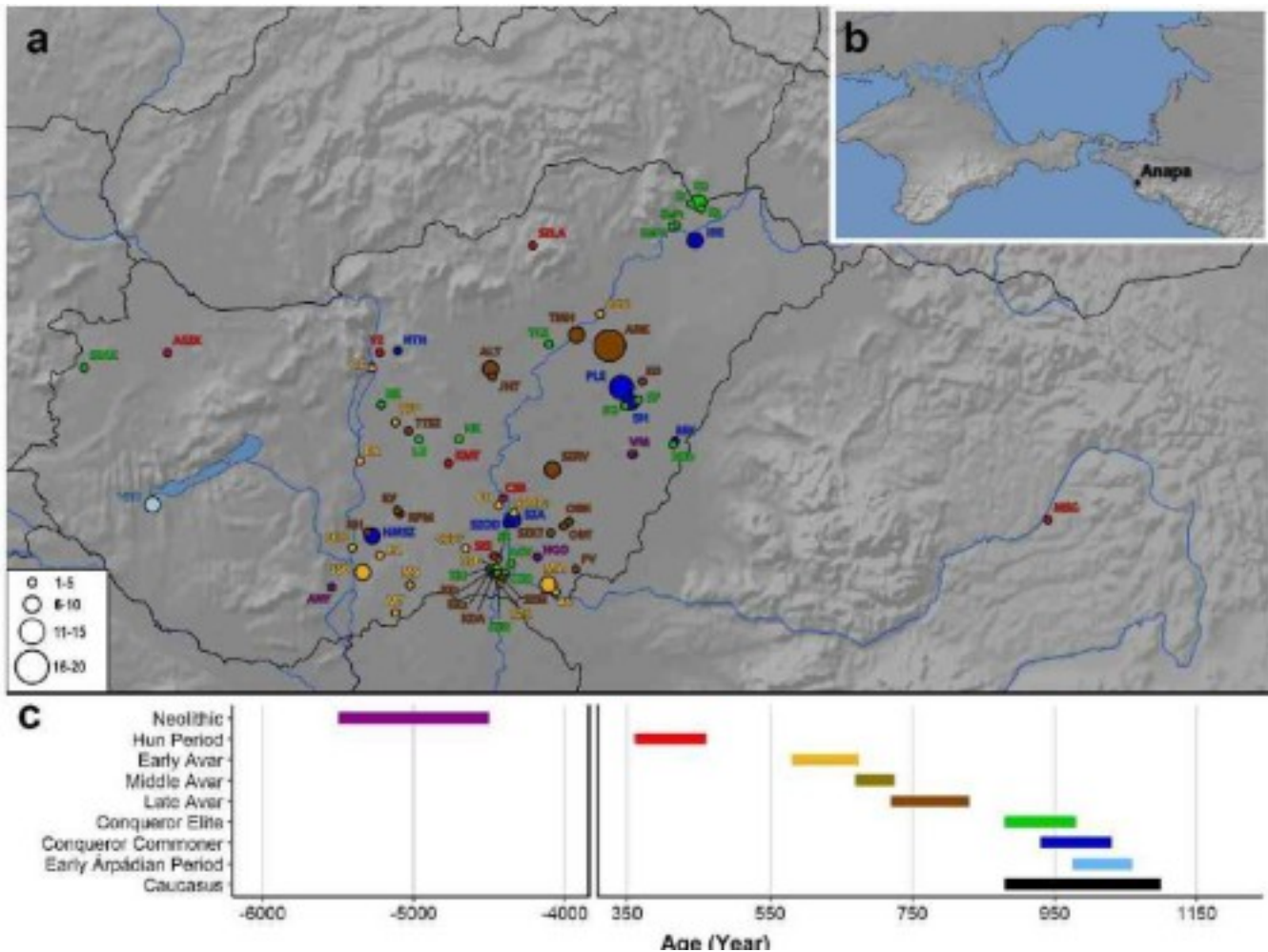


Полногеномный анализ о происхождении гуннов, аваров и мадьяров

Исследованы древние геномы из Карпатского региона (Среднедунайская низменность), относящиеся к периодам гуннов, аваров и венгерских завоевателей (мадьяров). При этом выделены три «миграционных ядра», представляющие каждый период. Предположительно, «миграционные ядра» как гуннов, так и аваров происходят с территории современной Монголии и восходят к Империи хунну. Что касается ядра мадьяров, то оно происходит из смешения манси, ранних сарматов и потомков поздних хунну. Вместе с тем, обнаружение генетического компонента гуннов во многих аварских и мадьярских образцах говорит о связях между этими тремя группами кочевых племен. Помимо «миграционных ядер», в каждом периоде найдены генетические резиденты Карпатского региона европейского происхождения.

Гунны, авары и венгерские завоеватели (мадьяры) – кочевые племена, вторгавшиеся на Среднедунайскую низменность тремя независимыми волнами между V и IX веками н.э. По историческим данным, все эти группы прибыли из Азии, хотя их точное происхождение и отношения с другими древними и современными популяциями остается под вопросом. Эти волны кочевников значительно повлияли на культуру и генофонд населения Карпатского региона. Наиболее яркий пример – это лингвистические особенности венгров, чей язык происходит из региона к востоку от Урала, и его связывают с нашествием мадьяров в конце IX века н.э. Вместе с тем, средневековые венгерские хроники связывают происхождение венгров с европейскими гуннами, которые испытали последующее влияние миграций аваров и мадьяров. Появление гуннов в Европе относят к 370 году н.э., чему предшествовал распад азиатской империи хунну, происходящими с территории Китая. С другой стороны, появление аваров в Европе в VI веке совпадает с распадом Жужаньского каганата. Отсюда следует гипотеза о родстве хунну и гуннов, также как жужаней и аваров.

В статье, [опубликованной на сайте препринтов](#), изучены полногеномные данные индивидов периодов гуннов (9 образцов), аваров (143 образца) и мадьяров (113 образцов), все они взяты со Среднедунайской низменности, большая часть – с равнины Альфельд, к востоку от Дуная, которая является западным продолжением евразийской степи.



Расположение изученных образцов (размер кружка соответствует числу образцов) и хронология по периодам.

По результатам секвенирования генетики провели анализ главных компонент, в котором данные по древним геномам проецировались на данные по современным популяциям. Большая часть древних геномов тяготеет к современным европейским популяциям, так что на графике эти образцы формируют клину с юга на север (европейскую, EU-клину) вдоль оси второго компонента. Вдоль этой клины авторы выделили пять ядерных кластеров (от EU_Core1 до EU_Core5). В кластер EU_Core1 вошли лангобарды из Венгрии, индивиды железного века, имперского периода и средних веков из Италии, минойцы и микенцы из Греции. В кластеры EU_Core2,3 и 4 – лангобарды и индивиды бронзового века из Венгрии, Чехии и Германии. Кластер EU_Core5 образован венгерскими скифами.

Анализ ADMIXTURE выявил градиентный сдвиг геномных компонентов вдоль указанной клины. С юга на север увеличивается компонент древних северных евразийцев (ANE) и западных охотников-собирателей (WHG) и уменьшаются компоненты иранских земледельцев и ранних европейских земледельцев. Анализ также показал, что сходные геномы присутствовали в Европе и на Среднедунайской низменности до миграционного периода (кластеры EU_Core1 и 5 имели такие же паттерны для индивидов периода Римской империи из Италии и скифов железного века из Венгрии). Авторы отмечают большое разнообразие средневековых венгерских популяций вдоль EU-клины и рассматривают их как локальные популяции.

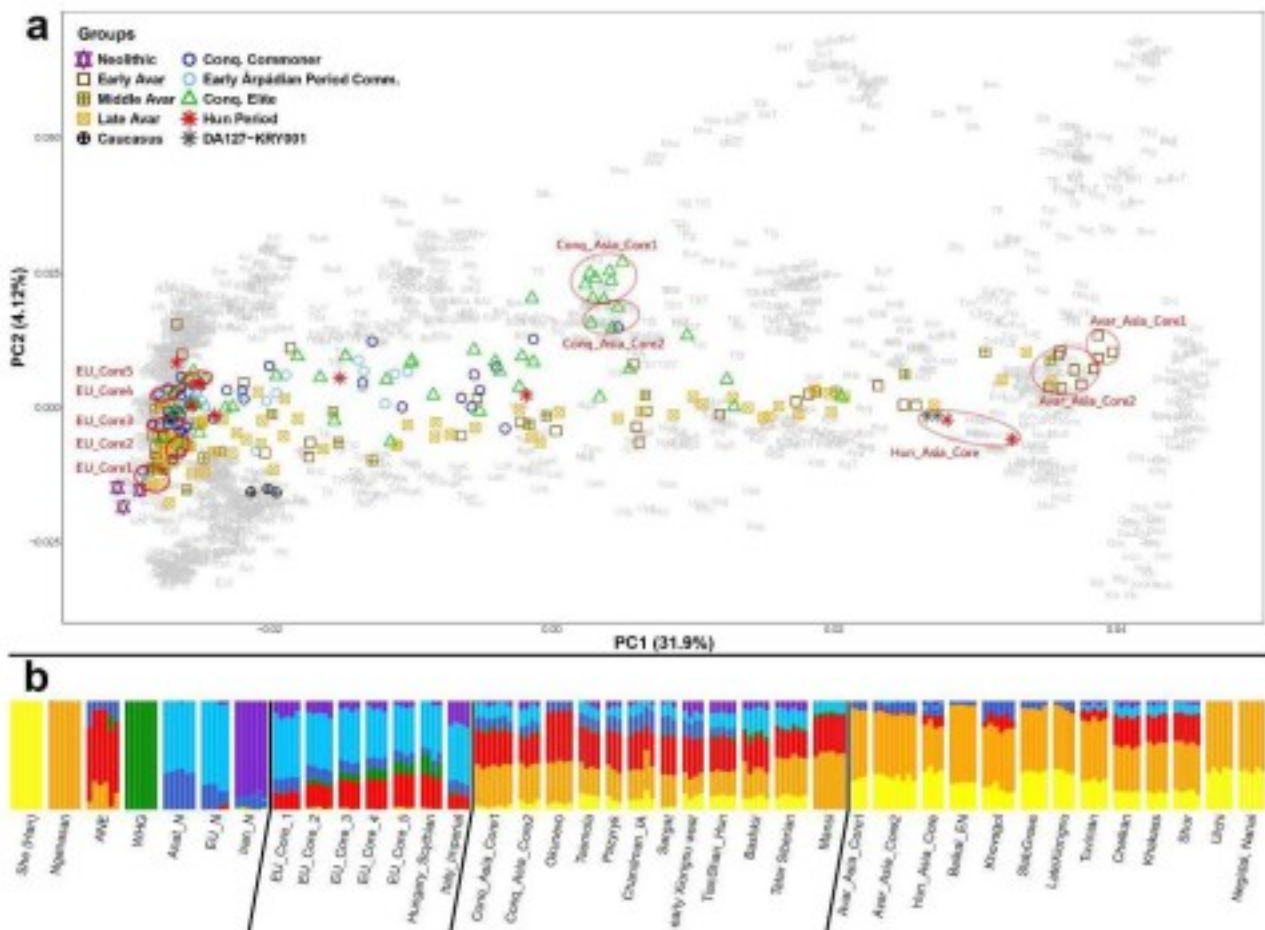


График анализа PCA. 271 древних геномов спроецированы на современные популяции Евразии (серые точки). Отмечены генетические клины, сформированные образцами периодов мадяров и аваров. Генетические кластеры обведены красным. b. График анализа ADMIXTURE (k=7), в него включены популяции, на графике PCA обведенные красным.

Вдоль оси первого главного компонента авторы выделяют клину гуннов, Hun-клину. Применение qpAdm метода показало, что происхождение индивидов, входящих в ядерный гуннский кластер (Hun_Asia_Core), моделируется из ранних азиатских хунну и поздних европейских гуннов. Вместе с тем, моделирование происхождения демонстрирует значительное влияние сарматов на европейских гуннов.

Анализ Y-хромосомных гаплогрупп шести индивидов Hun-клины выявил четырех носителей гаплогруппы R1a1a1b2 (R1a-Z93) и одного носителя гаплогруппы Q. Это показывает, что данные гаплогруппы могут быть общими для европейских гуннов и с наибольшей вероятностью происходят от хунну.

Образцы аварского периода формируют на графике PCA аварскую, Avar-клину, тянущуюся от Европы до Азии. В ней выделяется ядерный кластер Avar_Asia_Core. Образцы из этого кластера группируются вместе с образцами из региона Байкала (энеолитические образцы со стоянок Шаманка и Локомотив), а также из Монголии. Анализ ADMIXTURE показывает, что в геномах кластера Avar_Asia_Core преобладают компоненты нганасанов и китайцев хань, в которых прослеживается линия древних северных евразийцев (ANE), в то время как иранский и WHG компоненты полностью отсутствуют. Из этого следует, что аварское ядро Avar_Asia_Core происходит из Восточной Азии, наиболее вероятно, из Монголии.

По результатам f3 статистики две группы Avar_Asia_Core имели общий генетический дрейф с представителями линии древней северной Азии (ANA), подобно ранним хунну и индивидам культуры плиточных могил (культура древних монголов конца бронзового – начала железного века). Из этого авторы делают вывод о глубоком общем происхождении европейских гуннов и аваров. Моделирование показало, что ядро Avar_Asia_Core представляет очень древние монгольские до бронзового века геномы с 90% ANA происхождением.

Образцы периода венгерских завоевателей формируют на графике PCA мадярскую, Conq-клину, она расположена к северу от аварской клины. В группу Conq_Asia_Core вошли 6 мужчин и 6 женщин, причем 11 из 12 человек принадлежат к мадярской элите, в соответствии с археологическим контекстом. На графике PCA группа Conq_Asia_Core близка к

современным башкирам и поволжским татарам, а среди древних образцов – к восточным скифам, западным хунну и тянь-шаньским гуннам. В соответствии с f3 статистикой, основные источники ядра Conq_Asia_Core – это степные популяции средней-поздней бронзы и предки современных нганасан, они разделяют общий генетический дрейф с популяциями Сибири, говорящими на уральских языках: нганасаны, манси, селькупы и энеты. Следовательно, популяция Conq_Asia_Core имела общее эволюционное прошлое с лингвистическими родственниками современных венгров, авторы работы исследовали их на примере манси.

Происхождение ядра Conq_Asia_Core моделируется так: 50% манси, 35% сарматов и 15% сибирских скифов/хунну/хань. Применив специальный DATES анализ для оценки времени смешения, исследователи показали, что смешение манси и сарматов произошло около 643-431 до н.э., в ранний сарматский период, а смешение манси-скифов/хань случилось около 217-315 н.э., в период пост-хунну, ранних хань. Большая часть индивидов мадьярской клины является потомками смешения иммигрантов и локальных популяций, остальные индивиды, в основном принадлежащие к элите, проецируются на аварскую клину

Итак, полученные генетические данные показывают, что основная страта как европейских гуннов, так и аваров, возникла из области бывшей Империи хунну, с территории нынешней Монголии, и обе группы генетически восходят к хунну. Северные хунну переместились из Монголии во втором веке н.э., и в ходе их миграции на запад сарматы были одной из крупнейших групп, с которыми они столкнулись. Предполагается формирование смешанной гунно-сарматской культуры в Уральском регионе перед тем, как гунны двинулись в Европу. В изученных образцах гуннов заметен значительный сарматский компонент. Тем не менее, авторы подчеркивают, что генетические данные находятся в соответствии с хуннским происхождением европейских гуннов. В образцах гуннского периода они также выявили компоненты готов и других германских племен, что не противоречит историческим источникам.

Что касается аваров, генетические данные согласуются с происхождением аварской элиты из Жужаньского каганата, в геномах элиты сохранился древний восточноазиатский след. Вместе с тем, лишь половина индивидов аварской клины входит в ядро Avar_Asia_Core, что указывает на генетически различное происхождение аваров. Моделирование показало, что авары инкорпорировали группы хунну/гунну и иранского происхождения.

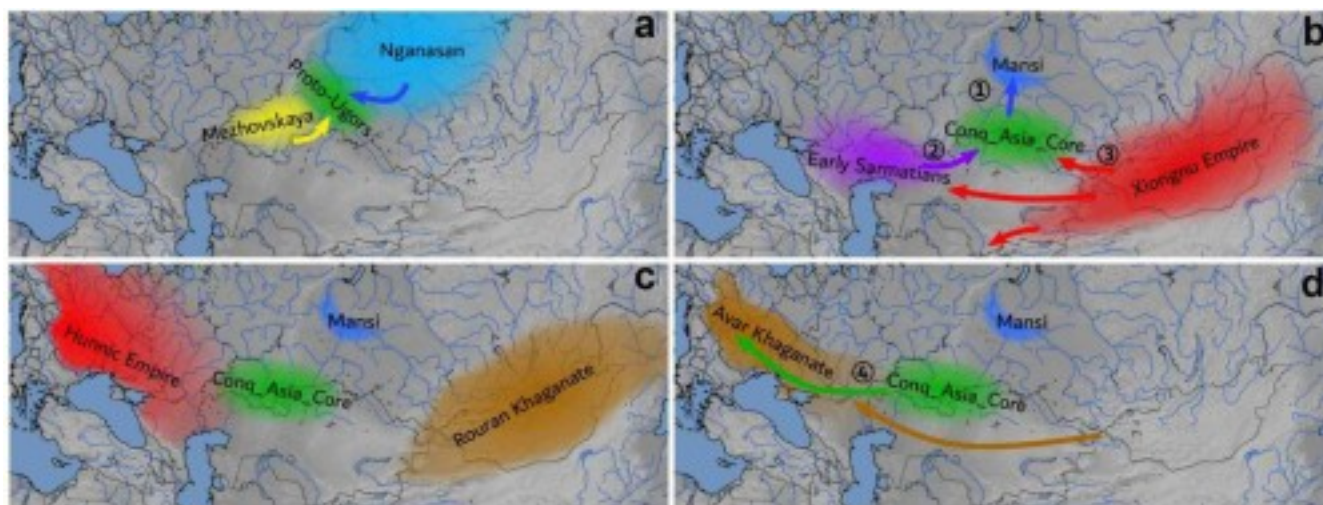


Схема популяционных событий, предложенная авторами. а. Формирование протоугорского генофонда из смешения популяций межовской культуры и нганасан в поздней бронзе. б. 1. Отделение манси в течение железного века; 2. Протомадьяры смешались с ранними сарматами (643-431 до н.э.) и 3. с ранними гуннами (217-315 н.э.). с. К V веку потомки хунну Империя хань генетически проникают в популяции Восточной Европы, и на бывшей территории хунну возникает Жужаньский каганат. d. К середине VI века Аварский каганат занимает территорию бывшей Империи хань, поглощая ее популяции. 4. К X веку мадьяры, ассоциируются с остатками обеих империй по ходу их миграций и в Карпатском регионе.

Мадьяры, прибывшие в Карпатский регион после аваров, имели другой генетический профиль с высокой долей компонентов западноевразийской степи. Их геномы были близки к современным башкирам и татарам, что подтверждается и однородительскими линиями. Генофонд мадьяров был сформирован несколькими событиями смешения, из которых наиболее важным было смешение представителей межовской культуры (поздней бронзы Урала) с линией нганасан, оно привело к формированию протоугорского генофонда. Протоугорские группы могли быть частью ранних скифо-сибирских обществ в поздней бронзе – раннем железном веке в степной зоне северного Казахстана, пишут авторы.

Генетические данные подтверждают лингвистическую модель, согласно которой мадьяры и манси имеют общую раннюю историю. Потом манси мигрировали к северу, вероятно в железном веке, и в изоляции сохранили свои геномы бронзового века. Напротив, мадьяры остались в степной-лесной зоне и смешались с ираноязычными ранними сарматами, что объясняет присутствие иранских слов в венгерском языке. Это смешение, вероятно, случилось, когда сарматы начали приобретать силу и поглощать своих соседей, перед тем как заняли причерноморско-каспийские степи.

Данные нескольких методов анализа указывают на то, что предки мадьяров смешивались с группами из Монголии, несущими генетический компонент хань (линии ANA), который определяется у ранних европейских гуннов. По мнению авторов, эту генетическую связь стоит рассмотреть в контексте исторических сведений о гунну-венгерских отношениях. Надо исследовать, как она относится к данным из средневековых венгерских хроник о том, что гунны – предки мадьярской элиты. Основная гипотеза о прародине мадьяров в Уральском регионе не противоречит их генетической близости к ранним сарматам, смешение с ними могло иметь место вдоль миграционного пути гуннов. Наконец, большое число генетических аутлайеров среди мадьяров, так же как и среди аваров, говорит о том, что эти группы кочевых племен складывались из генетически перекрывающихся популяций.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Zoltán Maróti et al. bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2022.01.19.476915>

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.01.19.476915v1>