

Генетические корни древних венгров прослеживаются на Южном Урале

Исследование геномов периода раннего средневековья на Южном Урале в сравнении с геномами IX-X веков со Среднедунайской низменности продемонстрировало генетическую связь венгерских завоевателей – мадьяр, с популяциями к западу и к востоку от Уральских гор. Статья венгерских и российских специалистов [опубликована в журнале Scientific Reports](#).

Уральский регион был вовлечен в многочисленные миграции, внесшие вклад в формирование населения Европы. Археологические и лингвистические данные указывают на то, что этногенез венгров берет начало в Уральском регионе. Венгерский язык принадлежит к угорской ветви уральской языковой семьи, которая сложилась к востоку от Уральских гор между 1000 и 500 годами до н.э. В соответствии с историческими источниками после VI века н.э. часть этой популяции мигрировала на Западный Урал, а в первой трети IX века группа людей с Западного Урала пересекла Волгу и поселилась неподалеку от земель Хазарского каганата в бассейне Днепра и Днестра. В конце IX века предки современных венгров завоевывают территорию на Среднедунайской низменности.

В данной работе была поставлена цель дополнить археологические данные о населении Уральского региона периода раннего средневековья исследованием древней ДНК и связать их с данными по древним геномам Среднедунайской низменности. Изучены 36 останков из нескольких уральских захоронений. Одно из них — Уелги, расположено в Челябинской области, к востоку от Уральских гор, относится к кушнаренковской культуре (конец VIII – начало XI вв.), по археологическим признакам оно наиболее близко к культурам X века древних венгров. По археологическим чертам захоронение в Уелги близко к сrostкинской культуре на Алтае, по-видимому, носители этой культуры мигрировали из Минусинской котловины через Барабинскую степь и Северный Казахстан на Восточный Урал. Другие захоронения относятся к культурам раннего средневековья в среднем течении Камы, к западу от Урала. В их числе неволинская культура VIII-IX вв., которую непосредственно связывают с миграцией на запад предков венгров. Мадьяры были представлены 9 образцами из захоронений X в. со Среднедунайской низменности.



Расположение изученных в работе археологических сайтов с Южного Урала и Среднедунайской низменности с вероятными миграционными путями и гипотетической прародиной венгров. На врезках показаны артефакты соответствующих археологических культур. Регион к востоку от Уральских гор: захоронение Уелги (1); Регион к западу от Уральских гор: (2), (3), (4), (5). Венгерские завоеватели (мадьяры) на Среднедунайской низменности: (6), (7), (8), (9), (10). Карта Института Археологии, Будапешт, Венгрия. Фото Сергей Боталов, Attila Türk.

Среди 45 индивидов, из останков которых выделили ДНК, было 29 мужчин и 16 женщин. Генетики полностью секвенировали мтДНК и провели таргетное секвенирование ядерной ДНК, проанализировав 3122 SNP; изучили митохондриальные, а для мужчин — Y-хромосомные профили.

Детальный анализ захоронения Уелги показал, что в нем выделяются три временных горизонта, соответствующих IX, IX-X и X-XI векам. Сопоставляя митохондриальные и Y-хромосомные гаплотипы из трех горизонтов, авторы нашли в линиях мтДНК больше разнообразия, чем в Y-хромосомных линиях. Большинство Y-хромосом мужчин, захороненных в разных горизонтах Уелги, относится к одной гаплогруппе N1a1. Это свидетельствует об эндогамном и в большей степени патрилокальном характере популяции.

Секвенирование мтДНК показало, что в спектре гаплогрупп с Южного Урала присутствуют как восточноевропейские, так и западноевропейские митохондриальные линии. Несколько линий мтДНК связывают индивидов из захоронений к востоку и к западу от Уральских гор. Так, образцы из Уелги (Восточный Урал) и Сухого лога (Западный Урал) входят в один кластер на главной ветви гаплогруппы А. Другие образцы из восточного и западных захоронений расположены на одних ветвях гаплогрупп D4j2 и U4d2.

По Y-хромосомным линиям образцы с Восточного и Западного Урала обнаруживают еще большее сходство между собой. По гаплогруппам они распределяются так: 83.3% принадлежит к гаплогруппе N, 5.5% — к гаплогруппе G2a, 5.5% — к гаплогруппе J2 и 5.5% — к гаплогруппе R1b.

Авторы провели анализ главных компонент по частоте гаплогрупп мтДНК 50 древних и 64 современных популяций. На графике PCA образцы раннего средневековья с Восточного и Западного Урала расположились между европейскими и азиатскими популяциями. Образцы с Западного Урала (RUS_Cis-Ural) оказались ближе всего к венгерским завоевателям — мадьярам (HUN_med.Hun), а образцы с Восточного Урала (RUS_Uyelgi) расположились между популяциями железного века центральноазиатских степей (C-Asia_IAge), популяцией бронзового века из Минусинской котловины (RUS_BrAge.Min), популяциями железного века из Казахстана (KAZ_BrAge-IAge) и восточноевропейскими скифами (E-EU_IAge_Scyth). Из

современных популяций к образцам с Восточного и Западного Урала ближе всего некоторые финноугорские народы, такие как ханты и манси.

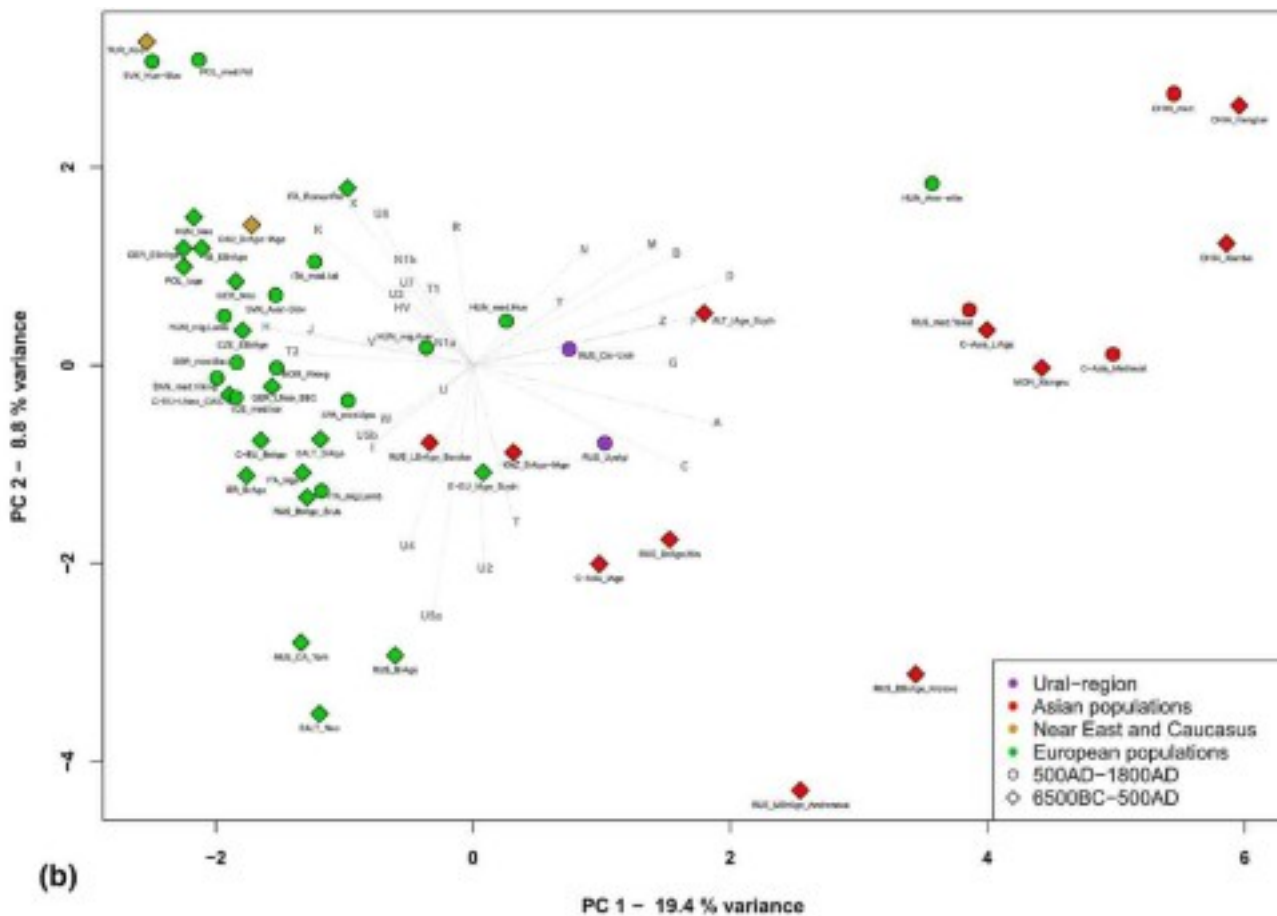


График анализа главных компонент по частоте гаплогрупп мтДНК изученных популяций с восточного Урала (RUS_Uyelgi) и Западного Урала (RUS_Cis-Ural) в контексте популяций Азии (красный цвет), Ближнего Востока и Кавказа (коричневый цвет), Европы (зеленый цвет) разных периодов: ромбики – 6500 до н.э. – 500 н.э., кружки – 500-1800 н.э.

Генетическая связь средневековых популяций Западного Урала и мадьяр по однопородительским линиям наследования подтвердилась также методом генетических расстояний и методом многомерного шкалирования.

Состав материнских линий в изученных 36 образцах Уральского региона говорит о смешении западных и восточных компонентов. Митохондриальные гаплогруппы европейского происхождения (N1a1a1a1a, H40b) имеются во всех горизонтах; гаплогруппы восточного происхождения (C4a1a6, A12a, C4a2a1) встречаются в самом молодом горизонте, что говорит о недавнем смешении восточного компонента с уральской популяцией. Генетические связи между популяцией раннего средневековья Восточного Урала и мадьярами X века на Среднедунайской низменности прослеживаются по нескольким митохондриальным линиям. N1a1a1a1a, самая частая в Уелги гаплогруппа, преобладает у мадьяр; в пределах гаплогруппы U4d2 в Уелги и у мадьяр общие митохондриальные гаплотипы; в пределах гаплогруппы T2b4h гаплотипы Уелги и мадьяр расположены на одной ветви.

Что касается Y-хромосомных линий, то они более гомогенны и соответствуют гаплогруппам Волго-Уральского региона. Большинство мужчин из Уелги принадлежит к Y-хромосомной гаплогруппе N, к субветви N-M46, которая широко распространена от Восточной Сибири до Скандинавии. Семь образцов из Уелги принадлежат к субветви N-Y24365, которая сегодня встречается исключительно в Татарстане, Башкортостане и Венгрии. Анализ STR гаплотипов показал, что некоторые образцы близки к гаплотипам башкир, хантов, венгров, татар.

Аутосомные данные демонстрируют в популяции Уелги частоту аллелей, сходную с современными популяциями Урала и Западной Сибири, лингвистически и исторически родственными венграм. Исследователи провели анализ главных компонент по аутосомным геномным данным пяти образцов из Уелги, в которых проанализировали 10,928 SNP. Они расположились между европейскими и азиатскими популяциями, наиболее близки к ним оказались современные манси, селькупы, башкиры,

сибирские татары. С учетом лингвистики они находятся между уралоязычными популяциями и тюркоязычными популяциями Центральной степи. Анализ ADMIXTURE выявил в средневековых образцах с Восточного Урала спектр предковых популяций сходный с манси и иртыше-барабинскими татарами, а также некоторыми древними геномами из региона Центральной степи.

Исходя из полученных в работе результатов, авторы приходят к выводу, что возможным источником происхождения венгерских завоевателей – мадьяр, могла быть популяция, родственная популяции Уелги к востоку от Уральских гор. Таким образом, генетические данные согласуются с археологическими, лингвистическими и историческими.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Veronika Csáky et al. Early medieval genetic data from Ural region evaluated in the light of archaeological evidence of ancient Hungarians // Scientific Reports, (2020) 10:19137, <https://doi.org/10.1038/s41598-020-75910-z>

[Статья в свободном доступе](#)