

Центр пам'ятокознавства Національної Академії наук України
і Українського Товариства охорони пам'яток історії та культури
Інститут археології Національної Академії наук України
Центр охорони та досліджень пам'яток археології
управління культури Полтавської облдержадміністрації

СТАРОЖИТНОСТІ ЛІВОБЕРЕЖНОГО ПОДНІПРОВ'Я

2012

Збірник наукових праць

Київ-Полтава
Центр пам'ятокознавства НАН України і УТОПІК
2012

УДК 902.572.575

© А. Чёз, П. Данго, Б.Г. Менде
(г. Будапешт)

АРХЕОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ МАТЕРИАЛОВ САЛТОВСКОЙ И ДРЕВНЕВЕНГЕРСКОЙ КУЛЬТУР

(предварительное сообщение)

Представлены результаты изучения образцов мтДНК шести индивидов, относящихся ко времени существования салтовской культуры. Полученные результаты сравнены с базой данных по пришедшим в X ст. в Карпатскую котловину венгров.

Введение

В исследованных венгерского этногенеза невозможно обойти без изучения системы восточных связей венгров. Исследователи определяют место расположения союза венгерских племен перед приходом в Подунавье в степном или лесостепном поясе на территории нынешней Украины и России, то есть, в регионе, определяющей археологической культурой которого для VIII—IX вв. была салтовская культура. В течение долгого времени в венгерской исторической и археологической науке считалось, что союз венгерских племен со второй половины VIII в. обитал или кочевал на территории, входящей в ареал салтовской культуры. Однако в настоящее время в венгерских, а также украинских и российских археологических исследованиях конкретная связь между археологическими материалами с территории салтовской культуры и ранними венгерскими находками не считается достаточно доказанной. Новые научные аргументы по этому вопросу могут предоставить

генетические исследования. Серия таких работ может показать, насколько генетически однородно было гомогенное, с точки зрения изучения археологических материалов, но более гетерогенное по характеру захоронений, население салтовского археологического ареала. Эти исследования также предоставят определенную базу данных для составления генетической карты Восточной и Центральной Европы эпохи раннего средневековья.

С помощью коллег — Виктора Аксенова, Валерия Скирды, Алексея Комара и Александра Супруненко — для наших исследований были отобраны материалы из нескольких могил IX в., происходящих из раскопок у Верхнего Салтова, Красной Горки, Нетайловки Харьковской и Дмитровки Полтавской обл. на Украине. Ниже представляем первые результаты анализа 6 проб мтДНК, взятых из верхнесалтовских захоронений.

Молекулярно-генетические исследования

Наследуемый материал в клетке находится в двух местах: 99% в клеточном ядре и 1% в митохондриях. Этот 1% наследуемого материала составляет митохондриальная ДНК, сокращенно — мтДНК, которая широко используется в качестве генетического маркера как в судебной медицине, так и в археологии. Для исследований мтДНК имеет множество полезных свойств, в числе прочих — большое количество копий, высокую скорость накопления мутаций, материнское наследование [4], в результате которого профиль мутаций ребенка совпадает с материнским, отсутствие рекомбинаций [5]. Характерное географическое распространение митотипов позволяет проследить линии происхождения по материнской линии.

Наш анализ основывается на исследовании отрезка в 360 базисных пар гипервариабельного региона I (HVSI) мтДНК, а также других, необходимых для определения гаплогруппы позиций мтДНК. Полученные из образцов последовательности ДНК во всех случаях мы сопоставля-

ли с Кембриджской стандартной последовательностью [1], и, на основании выявленных мутаций, отнесли их к той или иной гаплогруппе. Каждая гаплогруппа определяется характерными для неё мутациями. Эти митохондриальные группы (пучки или кластеры) образовались тысячи лет назад и отражают характерное географическое распределение [9]. С течением времени, благодаря накоплению мутаций, эти группы далее дифференцировались и появились все большее количество подгрупп и вариантов подгрупп. Если две пробы относятся к одной гаплогруппе, но их позиции мутаций не дают полного совпадения, они представляют разные гаплотипы в одной группе. Чем меньше расхождения между митохондриальными образцами с двух объектов раскопок, тем в более близком родстве они состоят по материнской линии [6].

Митохондриальные анализы сами по себе не пригодны для исследования кровного родства, так как даже при полном совпадении образцов нельзя утверждать, что исследуемые люди состояли в непосредственном родстве. Если профили мтДНК двух образцов полностью совпадают, это значит, что люди имели общего предка по материнской линии, но это общая «праматерь» может находиться во времени очень далеко от исторической эпохи исследуемых образцов. Образование и распространение гаплогрупп может быть связано с определенными географическими территориями, поэтому наши исследования дают возможность в известной степени проследить передвижение и смешение народов и этнических групп.

Для получения полностью достоверных результатов мы прилагали большие усилия для того, чтобы исключить загрязнение образцов неэндогенной ДНК. Чистота наших методов во всех случаях подтверждается с помощью включения в рабочий процесс негативного контроля.

В нашей лаборатории исследования, направленные на выяснение и описание генетического фона венгерского этногенеза, ведутся с 2004 г. [11]. В нашей работе особое место занимают исследования, связанные с приходом

венгров в бассейне Карпат в X в., а также исследования по неолиту и аварскому периоду.

До настоящего времени проведена генетическая классификация около 90 архаических захоронений X в., происходящих и полностью покрывающих территорию Карпат [3]. Важным шагом наших дальнейших исследований может стать генетический анализ народов за пределами этого региона, которые имеют археологические параллели с венграми X в.

Результаты

Анализ взятых до сих пор для исследования 6-ти образцов был результативен. 4 из них представляют ветви супергаплогруппы U (U*, U2, U5, K). Из двух остальных — один относится к пучку H, а другой — к пучку D. С точки зрения как образования, так и проявления гаплогруппы D, это типичный азиатский кластер. Для образования гаплогрупп H и U характерны западно-евразийские черты [9].

Полученные из 6-ти образцов митотипы мы сравнили с исследованными ранее венгерскими образцами X в. Всего в одном образце из 55-ой могилы Верхнесалтовского могильника мы обнаружили полное совпадение с архаичными венграми [3; 8]. Этот профиль митохондриальной ДНК из ныне живущих групп народов встречается в индоевропейской.

Могила №.	Образец №.	Гаплогруппа	Полное совпадение с венгерскими образцами X века	Данный гаплотип в современной украинской популяции
7 v. 8	384B	U*	-	не встречается
51	385T	U2	-	не встречается
53	386B	H	-	не встречается
55	387B	K	Кишкундорожма - Хоссухат (Kiskun-dorozsma-Hosszúhat) могила 720	встречается
56	388B	D	-	не встречается
59	389B	U5	-	не встречается

Полученные последовательности мы сравнили с базой данных из 297 образцов, которая описывает современное население Украины. В результате получилось, что представленная в 6-ти образцах гаплогруппа встречается и ныне живущей на Украине популяции, правда, гаплогруппа D была представлена только в одном случае из 297-ми. Всего в одном образце, также из могилы 55, мы нашли митотип, полностью совпадающий с митотипами современного украинского населения.

Мы также сопоставили результаты 6-ти образцов с базой данных архаичных мтДНК, составленной по имени Пимся публикациям. Для одного образца (384B) мы нашли полное соответствие с Внутренней Азией, а для другого (387B) — параллели в Северной Европе. Из-за проблематичности работы с архаичными образцами, база данных не дает полного покрытия ни с географической, ни с исторической точки зрения, таким образом, полученные совпадения не означают конкретных параллелей, пригодных для исторической интерпретации.

Выводы

Для одного из 6-ти исследованных образцов были найдены профили митохондриальной ДНК идентичные как с венгерскими захоронениями, так и современным населением Украины. Однако, это не обязательно должно означать преемственность или происхождение по прямой линии между образцом VI, IX вв. и современными. Среди остальных образцов четыре относятся к классической гаплогруппе, характеризующейся нахождением в Европе, а один — к часто встречающейся в Азии. Количество до сих пор исследованных образцов недостаточно для того, чтобы сделать на основании полученных результатов далеко идущие выводы. Возможность для оценки археологических и исторических, а также основанных на генетических исследованиях связей между популяциями появится только

после получения результатов на основании большего количества образцов.

Для продолжения наших исследований мы планируем исследовать могилы следующих захоронений: Красная Горка, мог. 134, 139, 219; Орджоникидзе, курган 32, погр. 1, 2; Нетайловка, мог. 14; Большие Тиганы, мог. 51, 141; Дмитриевка, курган 1, погр. 2.

Проведя оценку археологически полученных артефактов из погребений с помощью полученного для определения времени временного горизонта C¹⁴, а также с учетом результатов генетических исследований, мы получим возможность произвести намного более комплексную оценку захоронений, чем до сих пор.

ЛИТЕРАТУРА

1. Andrews R.M., Kubacka I., Chinnery P.F., Lightowers R.N., Turnbull D.M., Howell N. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA // *Nat. Genet.* - 1999. - 23. - P. 147.
2. Csősz A., Mende B., Tömöry Gy., Kiss D., Köhler K., Langó P. Molecular genetic analysis of the 10th century from the Carpathian basin // *Ancient DNA: from mitochondrial to nuclear DNA, from the evolution of populations to the selection of characters* - 25 years of palaeogenetics. - Paris, 2009. - P. 29.
3. Csősz A., Mende B. Archeogenetikai vizsgálatok Szeged-Kiskundorozsma, Hosszúhát lelőhely 10. századi népességén // *Stud Arch* 12. - 2011. - P. 505-509.
4. Giles R., Blanc H., Cann H., Wallace D. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA // *Proc Natl Acad Sci* 77. -1980. - P. 6715-6719.
5. Howell N. MtDNA Recombination: What do in vitro data mean? // *Am J Hum Gen.* - 1997. - 61. - P. 19-22.
6. Kivisild T., Villems R., Jorde L.B., Bamshad M., Kumar S., Hedrick P., Dowling T., Stoneking M., Parsons T.J., Irwin J.A. Questioning evidence for recombination in human mitochondrial DNA // *Science.* - 2000. - 288:1931a.
7. Lalueza-Fox C., Sampietro M.L., Gilbert M.T., Castri L., Facchini F., Pettener D., Bertranpett J. Untravelling migrations in the steppe: mitochondrial DNA sequences from ancient central Asians // *Proc Biol Sci.* - 2004. - May. - 7; 271(1542). - 941-7.

8. Lőrinczy G.; Türk A. 10. századi temető Szeged-Kiskundorozsma, Hosszúhátról. Újabb adatok a Maros-torkolat Duna-Tisza közi oldalának 10. századi településtörténetéhez. (Gräberfeld des 10. Jh. In Szeged-Kiskundorozsma, Hosszúhát. Neue Ergebnisse zur Siedlungsgeschichte des 10. Jh. der Region zwischen Donau und Theiß gegenüber der Maros-Mündung // Stud Arch. - 2011. - 12. - S. 419-479.
9. Richards M., Macaulay V., Hickey E., Vega E., Sykes B., Guida V., Rengo C., Sellitto D., Cruciani F., Kivisild T., Villems R., Thomas M., Rychkov S., Rychkov O., Rychkov Y., Golge M., Dimitrov D., Hill E., Bradley D., Romano V., Cali F., Vona G., Demaine A., Papiha S., Triantaphyllidis C., Stefanescu G., Natina J., Belledi M., Di Rienzo A., Novelletto A., Oppenheim A., Norby S., Al Zaheri N., Santachiara-Benerecetti S., Scozari R., Torroni A., Bandelt H.J. Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool // Am J Hum Genet. - 2000. - 67. - P. 1251-1276.
10. Richards M., Macaulay V. The mitochondrial gene tree comes of age // Am J Hum Genet. - 2001. - 68. - P. 1475-1484.
11. Tömöry G., Csányi B., Bogácsi-Szabó E., Kalmár T., Czibula A., Csősz A., Priskin K., Mende B., Langó P., Downes C., Raskó I. Comparison of material lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations // Am J Phys Anthropol. - 2007. - 134. - P. 354-368.
12. Zhang F., Xu Z., Tan J., Sun Y., Xu B., Li S., Zhao X., Zhou H., Gong G., Zhang J., Jin L. Prehistorical East-West admixture of maternal lineages in a 2,500-year-old population in Xinjiang // Am J Phys Anthropol. - 2010. - Jun. - 142 (2). - P. 314-320.

Ключевые слова: археогенетика, гаплогип, древние венгры, митохондриальная ДНК, салтовская культура-ра.

А. Чьос, П. Данго, Б.Г. Менде
Археогенетичні дослідження матеріалів салтовської та давньоугорської культур (потерджене повідомлення)
 Резюме

Отримані з давніх останків людей зразки мтДНК дають можливість дослідити системи зв'язків популяцій за материнською лінією. Нами досліджені археогенетичними методами матеріали з кісток 6-ти індивідів, які належали часу існування салтівської археологічної культури. Отримані результати порівняні з базою даних давніх маляр, які прийшли у X ст. до Карпатської котловини. В одному випадку отримане повне співпадіння на рівні гаплогипу, що зустрі-

чається серед сучасного населення України. Після дослідження більшої кількості зразків VIII–IX ст. можемо провести більш детальний аналіз матеріалів з поховань, що можуть бути пов'язані з територією перебування давніх угорців.

Ключові слова: археогенетика, гаплогип, стародавні угри, мітохондріальна ДНК, салтівська культура.

A. Csösz, P. Langó, B. G. Mende

Arheogenetic researches of saltovska and ancient Hungarian culture
(Previous post)

Summary

Obtained from ancient human remains DNA samples provide an opportunity to explore connections of populations by mother line. We investigated by arheogenetic methods bone materials from 6 individuals belonging to Saltov archaeological culture. The results are compared with a database of old Hungarian who came in the X century. to the Carpathian Basin. In one case, a complete match at the haplotype that is found among modern populations of Ukraine. After researching more samples of VIII–IX centuries we can conduct a more detailed analysis of materials from burials, which can be related with the ancient Hungarians residence territory.

Keywords: ancient Hungarians, arheogenetic, haplotype, mitochondrial DNA, Saltovskaya culture.