

## Древние геномы о предках и потомках хунну

**Анализ 52 древних геномов из захоронения кочевого народа хунну в Монголии обнаружил смешение восточноазиатских и западноевразийских линий в Y-хромосомном и митохондриальном генофондах. Исследователи предполагают, что происхождение хунну связано с сибирскими скифами, а гунны, вторгшиеся в Восточную Европу, а также мадьяры и авары – потомки хунну. Выявленные родственные связи между индивидами показали, что захоронение носило семейный характер, а женщины хунну могли обладать высоким статусом.**

Генетический анализ индивидов из захоронения периода хунну на территории Монголии позволил узнать нечто новое о социальном устройстве общества этих кочевых племен, а также сделать предположение об их предках и потомках. Статья с результатами этой работы французских генетиков с участием специалистов из Монголии [опубликована в журнале Human Genetics](#).

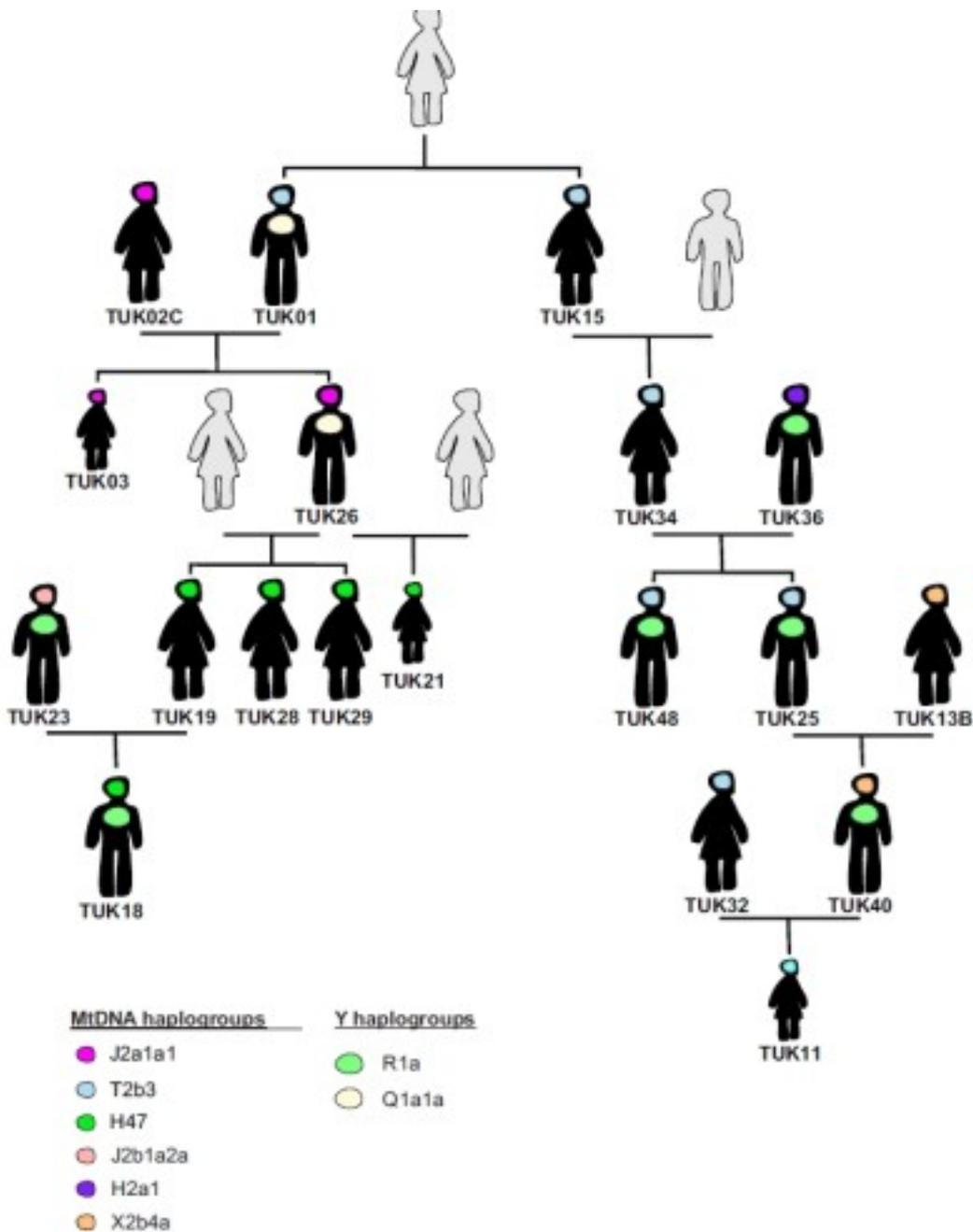
Хунну — племена кочевников, населявшие степи в северу от Китая от III века до н.э. до II века н.э., под их влиянием находилась территория от озера Байкал на севере до пустыни Гоби на юге и от западной Манчжурии на востоке до Памира на западе. Хунну основали первую степную империю в Центральной Азии – Хуннскую державу. Для защиты от их набегов на Китай в период империи Хань была построена Великая Китайская стена, в то же время периоды конфликтов сменялись периодами успешного торгового обмена. Поскольку у хунну не было письменности, большая часть сведений о них получены из китайских исторических источников и из археологии. Но их происхождение, этническая структура, язык и некоторые другие культурные особенности остаются невыясненными.

В данной работе ученые исследовали ядерные и митохондриальные геномы 52 человек из крупного захоронения Tamir Ulaan Khoshuu (TUK) в Центральной Монголии. Захоронение состоит из 397 могил, обозначенных каменными кругами, датировка его – от I века до н.э. до I века н.э.

В ДНК 52 индивидов ученые исследовали аутосомные и Y-хромосомные STR и SNP маркеры и полностью секвенировали митохондриальную ДНК. Определение пола показало, что среди них 26 мужчин и 26 женщин. STR профили показали, что некоторые индивиды находятся в родстве первой и второй степени, их родство было подтверждено анализом SNP гаплотипов Y-хромосомы и мтДНК. 19 человек были определены как члены одной большой семейной группы, включающей пять поколений. Помимо нее в захоронении оказалось еще пять пар родители-дети.

Очевидно, Tamir Ulaan Khoshuu использовалось как семейное захоронение, в котором не было предпочтений по полу – число погребенных мужчин и женщин одинаково. По этому признаку можно судить о социальном равноправии женщин у хунну. Супруги были погребены рядом друг с другом и со своими детьми детского возраста, в то время как взрослые дети — со своими собственными семьями. То есть захоронение было организовано в соответствии с биологическим родством.

Схема семейной группы из пяти поколений представлена на рисунке. Черные фигурки обозначают изученных в работе индивидов, серые – отсутствующих. МтДНК условно обозначена кружочком в голове, Y-хромосома, условно, кружочком в груди (соответственно, женщины помечены одним кружочком, мужчины – двумя, их цвета соответствуют гаплогруппам). Маленькие фигурки обозначают детей.



Реконструкция семейной группы из пяти поколений. Захороненные индивиды обозначены черными фигурками, отсутствующие – серыми; дети – маленькими фигурками; женщины помечены одним кружком (мтДНК), мужчины – двумя кружками (мтДНК и Y-хромосома), цвет соответствует гаплогруппе.

Анализ Y-хромосом мужчин из захоронения показал, что они принадлежат как минимум к пяти гаплогруппам (R, Q, N, J и G). 16 индивидов (некоторые из них родственники) обладали гаплогруппой ветви R1a, пять — гаплогруппой Q1a, двое гаплогруппой N и один гаплогруппой G1. Анализ мтДНК выявил 28 митохондриальных гаплотипов, принадлежащих к 11 гаплогруппам. Среди них были как европейские (H, J, T, U, X), так и азиатские (A, B, C, D, F, G). Характерно более высокое разнообразие по материнским, чем по отцовским линиям (как и должно было быть в популяции с патрилокальным укладом). Другой отличительный признак – в генофонде представлены как восточные, так и западные линии.

Реконструкция семейной группы из пяти поколений показывает, что в нее входят две большие ветви. Одна ветвь состоит из потомков мужчины среднего возраста (TUK01), а другая – из потомков его сестры (TUK15), старой женщины, которая, очевидно, умерла много позже брата. Тот факт, что потомки женщины TUK15 были захоронены в большой могиле, это маркер ее высокого социального статуса. Можно предположить, что после смерти ее брата TUK15 стала выполнять роль лидера семьи. Это согласуется с описанием некоторых других захоронений хунну, а также других кочевников бронзового века, в которых допускается лидирующая роль женщины.

По мтДНК брат и сестра унаследовали западноевразийскую гаплогруппу (T2b3); Y-хромосома брата принадлежит к

восточноазиатской гаплогруппе (Q1a). Вероятно, пишут авторы, эта гаплогруппа мигрировала от Монголии до Китая в течение неолита и распространилась по Китаю с предшественниками династии Хань. Выходит, что семейная группа в пять поколений происходит от союза мужчины восточноазиатского происхождения и женщины западноевразийского происхождения. Интересно, что в дальнейшем потомки этого союза вступали в брачные отношения с мужчинами или женщинами западноевразийского происхождения. За исключением двух, все члены этой семьи несли западноевразийские митохондриальные гаплогруппы (H, J, T, X) и Y- гаплогруппы (R1a).

Наконец, 7 из 19 членов большой семейной группы были субтипированы на SNP маркеры, информативные для признаков внешности. У индивидов, которые по однородительским гаплогруппам имели смешанное азиатско-европейское происхождение, были найдены аллели светлой пигментации волос.

Авторы подчеркивают, что маркеры Y-хромосомы и мтДНК были исследованы не на уровне гаплогрупп, а на уровне гаплотипов, что дало возможность получить больше информации. Так, выяснилось, что все R1a1a гаплотипы принадлежат субкладу R1a1a1b2, который рассматривают как азиатскую ветвь гаплогруппы R1a1a, возникшую в евразийских степях. Большая часть обнаруженных в захоронении TUK гаплотипов оказалась в родстве с гаплотипами индивидов из Южной Сибири средней бронзы и из региона Красноярска и Тувы железного века. Это подтверждает предположение, что у хунну имеются генетические компоненты, характерные для сибирских скифов и носителей андроновской культуры. Вместе с тем, некоторые гаплотипы хунну (принадлежащие к гаплогруппам Q1a и N1a) оказались в родстве с гаплотипами, которые встречались среди венгерских завоевателей — мажар, а также среди аваров.

Большинство митохондриальных гаплотипов хунну оказались родственны гаплотипам, распространенным к западу от Урала, чаще всего они были встречены у людей, ассоциированных с культурой колоколовидной керамики. Это ожидаемый результат, пишут авторы, поскольку у последних высока доля степного генетического компонента. Некоторые митохондриальные гаплотипы, так же как и Y-хромосомные, оказались родственны гаплотипам аваров и венгров раннего средневековья.

Итак, по результатам своего исследования, авторы связывают происхождение хунну со скифами Сибири. В дальнейшем же, после того, как китайская династия Хань победила северных хунну, они мигрировали на запад, где их потомки достигли бассейна Каспия. Генетические данные подтверждают предположение, что гунны, вторгшиеся в Восточную Европу, являются потомками хунну. По-видимому, родственные связи с хунну объединяли разные племена евразийских степных кочевников, среди которых были мажары и авары.

*текст Надежды Маркиной*

#### **Источник:**

Keyser C. et al. Genetic evidence suggests a sense of family, parity and conquest in the Xiongnu Iron Age nomads of Mongolia // Human Genetics. 2020. <https://doi.org/10.1007/s00439-020-02209-4>

Текст статьи можно скачать в [Библиотеке сайта](#)