

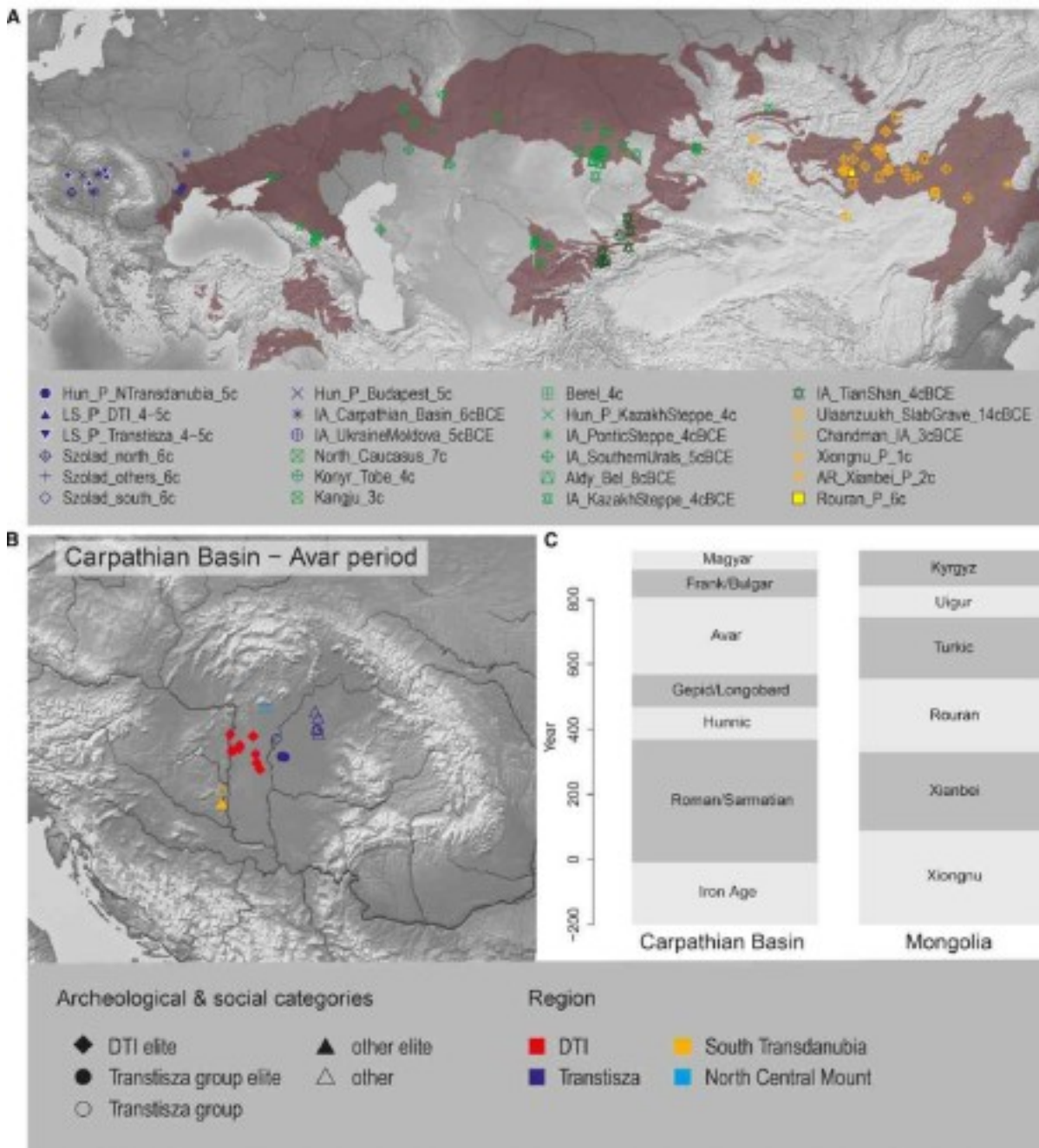
Древние геномы указали на происхождение аварской элиты из монгольских степей

Исследование древних геномов из Карпатской котловины доаварского и аварского периодов подтвердило версию происхождения аваров из восточноевразийских степей. Наиболее вероятно, ранняя аварская элита появилась в результате быстрой трансевразийской миграции после распада Жужаньского каганата на территории Монголии. В генофонде поздних аваров значительную долю занимают западноевразийские генетические компоненты; вероятный источник их происхождения – причерноморско-каспийские степи.

[Авары](#) – кочевые племена, в VI веке н.э. основавшие империю – Аварский каганат, которая в период расцвета охватывала огромную территорию, несколько стран в Восточной и Западной Европе, и просуществовала 200 лет. Центром Аварской империи считается Карпатская котловина. До того, как сюда пришли авары, ее западная часть находилась под властью Римской империи, а восточная часть была занята сарматами. Римляне были изгнаны с этой территории гуннами и германоязычными готами, лангобардами и гепидами. В 568 году н.э. здесь появляются авары. Откуда они пришли и от кого происходят – эти вопросы долгое время остаются предметом споров. В исследование этого вопроса внесли вклад палеогенетики из Венгрии и Германии, [опубликовавшие в журнале Cell](#) статью с анализом древних геномов из Карпатской котловины, ведущий автор статьи – Йоханнес Краузе, Институт истории человека Общества Макса Планка в Йене.

В работе были изучены 66 древних геномов, относящихся к доаварскому периоду (IV – V вв. н.э., 17 индивидов ассоциированы с сарматами и один с гуннами) и аварскому периоду (VII – VIII вв. н.э., 48 индивидов). Образцы аварского периода были взяты из трех регионов Карпатской котловины: междуречье Дуная и Тисы (Danube-Tisza Interfluvium, DTI), к востоку от Тисы и за Дунаем. Среди обследуемых захоронений были те, которые по археологическому контексту относятся к захоронениям аварской элиты, и обычные, неэлитные захоронения.

В ДНК, извлеченной из останков, проанализированы 1,24 млн SNP и созданы библиотеки ДНК со средним покрытием 2,9x, включившие от 13 749 до 1 119 583 таргетных ДНК.



А. Древние образцы, включенные в анализ, на карте Евразии; образцы доаварского периода, изученные в данной работе, обозначены сплошными цветными значками с белой каймой. В. Фрагмент карты с древними образцами аварского периода из Карпатской котловины. Цвет значков соответствует региону, форма значков – археологически-социальной категории. С. Хронологическая шкала популяций Карпатской котловины и Монголии от 200 до н.э. до 950 н.э.

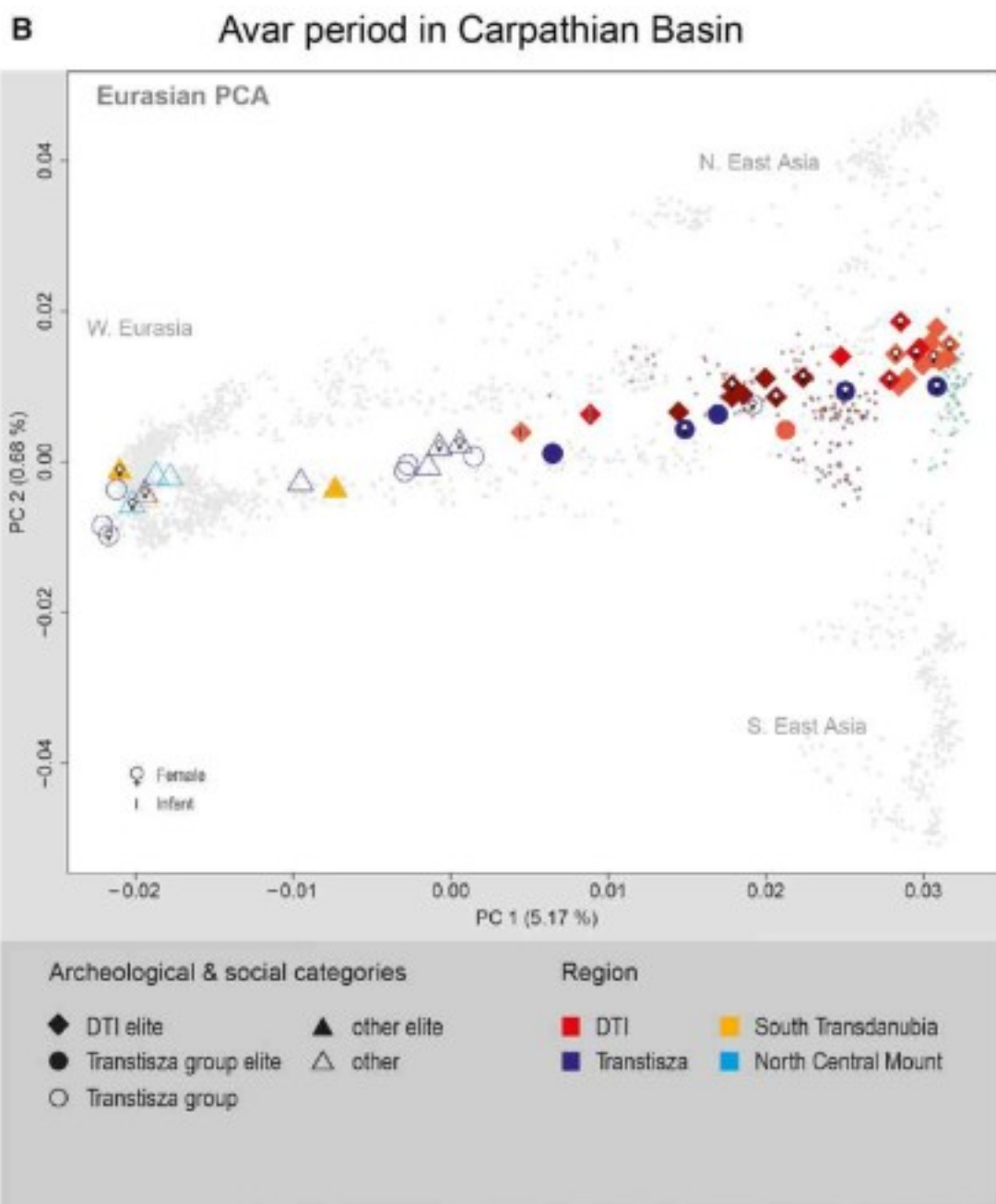
Проведенный анализ главных компонент выявил разные генетические профили у индивидов из Карпатской котловины доаварского и аварского периодов. За исключением двух образцов гуннов, все доаварские образцы попадают в пределы генетического разнообразия Западной Евразии. Они генетически близки современным центральным и восточным европейцам, хотя некоторые образцы тяготеют к южным европейцам, особенно образцы периода лангобардов.

Индивиды из Карпатской котловины аварского периода в генетическом пространстве главных компонент распределены вдоль клины от Западной Евразии до Северо-Восточной Азии. Несмотря на гетерогенность, имеется явный паттерн генетической субструктуры, соответствующий как географии, так и социально-археологическим категориям (элита и прочие).

Так, все индивиды из элитных захоронений в центральной области (DTI) имеют генетический профиль, говорящий о происхождении из Северо-Восточной Азии. Они близки к современным популяциям от Алтая до Монголии и бассейна Амура, а также к древним индивидам с Монгольского плато периода [хунну](#) (III в до н.э. – I в н.э.), [сяньби](#) (I – III вв н.э.) и [жужаней](#) (VI в н.э.). Эти древнемонгольские племена последовательно основывали империи, сменяющие друг друга. Последняя империя – Жужанский каганат, распалась в 555 г. н.э., когда на ее территорию вторглись тюркоязычные племена.

Генетически все они составляют компонент «древней северо-восточной Азии» (ANA).

По хронологии аварские захоронения относятся к раннему, среднему и позднему аварским периодам. Все ранние (элитные захоронения из DTI) образуют группу с высоким уровнем ANA компонента. Они находятся между современными монголами и носителями тунгусских языков вместе с одним изученным в данной работе геномом жужаня из Монголии. Три из шести аварских образцов среднего периода попадают в этот же кластер элиты из DTI. Индивиды позднего аварского периода по отношению к ранним генетически смещены в сторону Западной Евразии.



Анализ главных компонент по геномам аварского периода. Цвет значков указывает на регион в пределах Карпатской котловины. Заполненные значки обозначают индивидов, относящихся к элите.

Источники происхождения аварских геномов моделировали с использованием методов qpWave/qpAdm. Модель показала, что ранняя аварская элита из DTI в среднем на 90% происходит из Северо-Восточной Азии (ANA компонент). В поздней аварской элите доля этого компонента снижается до 70-80%. При маскировке геномных регионов западного происхождения выявляется, что аварская элита из DTI наиболее близка по происхождению к сяньби или жужаням (хотя геном жужаней был только один и секвенированный с низким покрытием, что ослабляет точность модели).

Оставшиеся 10% для ранней аварской элиты и 20-30% для поздней элиты происходят из источника с большой долей западноевразийского компонента. В качестве такового рассматривали локальный источник (ранние популяции Карпатской котловины) и степь/Кавказ. Выяснилось, что для большинства образцов модель нелокального источника более вероятна; в качестве такового может выступать степной компонент причерноморско-каспийских степей или северокавказский компонент. Молекулярно-генетическая датировка подтверждает разницу между ранней и поздней аварской элитой. Ранняя элита несет признаки более древнего смешения, соответствующего периоду жужаней, поздняя элита — признаки более позднего смешения (ранний аварский период).

Исследовали спектр однородительских генетических линий. Оказалось, что по Y-хромосоме все 12 мужчин аварской элиты из DTI несли гаплогруппу N1a1a1a1a (N-F4218), и почти все сублинию, типичную для современных монголов и забайкальских популяций. Это показывает непрерывность между средним и поздним аварским периодом по отцовской линии наследования. Вместе с тем, по митохондриальной ДНК наблюдается разнообразие. Хотя в погребениях найдено некоторое количество родственников 1-й и 2-й степени, геномный анализ не обнаруживает признаков инбридинга и сниженного размера популяции. Таким образом, можно говорить о патрилокальном характере аварского общества и, по-видимому, экзогамии по женской линии.

23 индивида происходили из окружающих DTI регионов. По сравнению с аварской элитой из центрального региона, они демонстрируют генетическую гетерогенность. В регионе к востоку от Тисы у 7 из 13 индивидов из элитных захоронений насчитывалось более 50% компонента ANA, у остальных его мало. Прочие были генетически близки к популяциям Средиземноморья, к современным сицилийцам и мальтийцам. То есть, несмотря на принадлежность к одной культуре, эти индивиды имели очень разную генетическую основу.

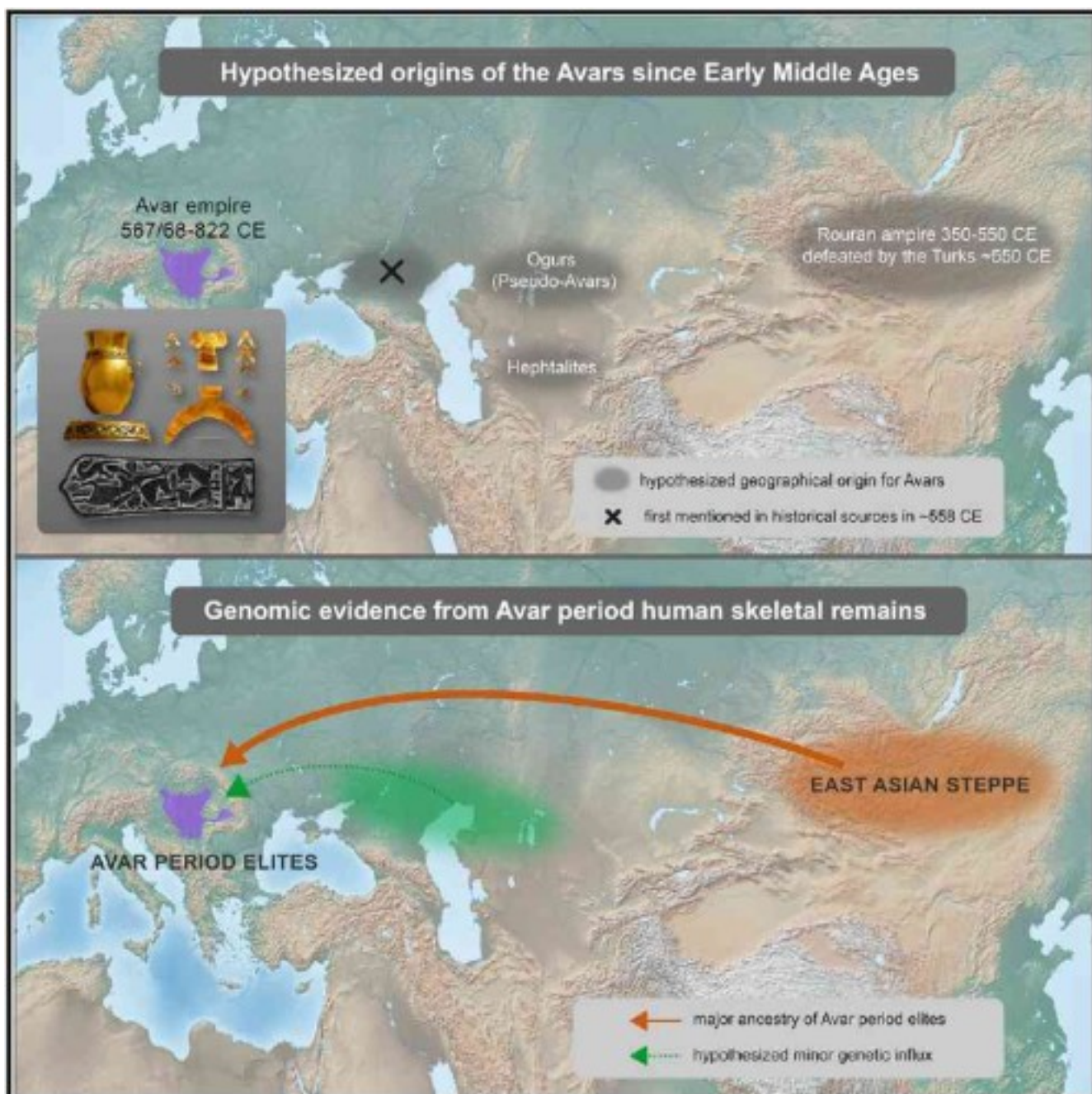
Из аварского элитного захоронения за Дунаем женщина относилась к предшествующей локальной популяции, а мужчина имел уникальный генетический профиль, указывавший одновременно на сдвиг к Восточной Евразии и на родство с ирано-кавказским генофондом (близок к современным таджикам и северным осетинам). Остальные 9 аварских индивидов имели незначительную долю ANA компонента и большую долю локальных популяций. Датировка говорит о более недавнем смешении, на ранней фазе Аварской империи.

Таким образом, полученные результаты показывают, что аварская элита в центре аварской империи (междуречье Дуная и Тисы) в течение раннего и среднего аварского периода (от средней трети VII в. н.э. до начала VIII в. н.э. генетически происходит из Северо-Восточной Азии. Продемонстрирована ее генетическая близость с хунну, и особенно с сяньби и жужанями из восточноазиатских степей. Высокий уровень восточного компонента у аварской элиты сохраняется больше века после начальной миграции и говорит о большой численности мигрирующей популяции. Этот компонент наблюдается и по отцовской, и по материнской линии, что говорит об участии обоих полов в миграции из Восточной Азии.

В позднем аварском периоде среди центральной аварской элиты наблюдается сдвиг к смешанному происхождению. Хотя индивиды поздней аварской элиты еще сохраняют доминирующий североазиатский компонент в геномах, западноевразийский компонент составляет 20-30%, причем в основном не от местных карпатских популяций. Он может быть результатом миграции из причерноморско-каспийских степей в Карпатскую котловину. Как альтернатива, он может отражать смешение с низкостатусными группами, которые пришли сюда вместе с аварской элитой, пишут авторы.

В отличие от генетически гомогенной аварской элиты из DTI, индивиды с окружающих территорий, в том числе принадлежащие к аварской элите, генетически гетерогенны. Что касается индивидов из неэлитных захоронений, то в их генетическом профиле гораздо больше западноевразийских компонентов.

Авторы отмечают, что Аварская империя стала источником самых ярких и длительных популяционных изменений в Карпатской котловине. При миграциях гуннов (V в.), лонгобардов (VI в.) или мадяров (IX-X вв.) популяционные изменения были гораздо менее выражены. Генетики подтвердили предположение историков, что источником происхождения аваров были восточноазиатские степи, из которых после распада Жужаньского каганата произошла трансевразийская миграция в Центральную Европу.



Вверху: Гипотетический регион происхождения аваров – Жужаньский каганат, после его распада в результате тюркского нашествия в 550 г. н.э.; крестиком отмечено место первого упоминания аваров в 558 г. н.э. Сиреневым – центральная область Аварского каганата в Карпатской котловине. Внизу: Генетические данные указали на происхождение аваров из восточноазиатских степей; оранжевой стрелкой отмечена трансевразийская миграция; зеленой стрелкой – предполагаемый генетический поток из причерноморско-каспийских степей.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Guido Alberto Gnechi-Ruscione, Anna Sze'nyi-Nagy et al. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites // 2022, Cell 185, 1–12 <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007>

[Статья в открытом доступе](#)