Влияние генетических исследований на археологию и лингвистику

Обширный обзор, посвященный взаимодействию трех наук, изучающих историю человечества – генетики, археологии и лингвистики – опубликован в журнале Russian Journal of Genetics; его авторы – Джеймс Мэллори (Королевский университет в Бэлфасте, Северная Ирландия), Анна Дыбо (Институт лингвистики РАН) и Олег Балановский (Институт общей генетики РАН). Описана история междисциплинарного подхода, начиная с того, как методы краниометрии, оценки пигментации, дерматоглифики и классические маркеры использовались для реконструкции миграций населения; затем их сменили исследования генетических маркеров современного населения. Наконец, в дополнение к ретроспективным исследованиям пришли прямые исследования древней ДНК, совершившие революцию в этой области. В статье рассматривается влияние генетических исследований последнего десятилетия на археологические и лингвистические концепции распространения современного человека по Евразии, его взаимодействия с древними видами человека, волн миграций, смены археологических культур, распространения языков и формирования этносов.

В последние десятилетия генетика оказывает огромное влияние на другие науки, изучающие население планеты, в особенности на те из них, которые занимаются реконструкцией прошлого: археология, физическая антропология и историческая лингвистика. Это влияние выражается в попытках проследить происхождение различных групп людей, их миграции и распространение языков по континентам. Кроме того, генетические данные позволяют получить некоторую информацию о чертах внешности и образе жизни наших предков. Для получения этой информации из прошлого методами генетики возможны два подхода. Первый – ретроспективный, когда прошлое реконструируется по генофондам современных популяций. Второй – прямое изучение былых генофондов – появился с развитием палеогенетики.

При этом очевидна связь генетики с археологией. С лингвистикой генетика пересекается, в первую очередь, в поиске прародины евразийских языковых семей и путей их распространения по планете. В решении этих проблем генетика связана с лингвистикой через археологию. В то же время есть области, в которых генетика имеет прямое влияние на лингвистику: это локализация во времени и пространстве событий разделения популяций, которые могут быть соотнесены с ветвлением древа языков.

Хотя термин «археогенетика» возник всего лишь двадцать лет назад, археологи использовали генетические (биологические) данные еще с XIX века. Это был период «домолекулярных» исследований, когда изучали географическое распределение различных фенотипических признаков: краниометрических, дерматоглифических, изменчивость пигментации. Затем им на смену пришли классические биохимические маркеры (особенности белков, определяемые одним геном). Генетика человека на ранних этапах ее развития, как пишут авторы, скомпрометированная евгеникой, на Западе игнорировалась физическими антропологами вплоть до 1960-х годов. В Советском Союзе антропогенетика отпочковалась от физической антропологии и – например в работах антропологов Виктора Валерьяновича Бунака и Якова Яковлевича Рогинского – существовала даже в мрачные времена лысенковщины.

Обзор состоит из трех больших частей. В первой части рассматривается, как генетика, начиная от физической антропологии («домолекулярной генетики») и кончая палеогенетикой, оказывает влияние на представление археологов о миграциях прошлых времен. Вторая часть посвящена тому, что генетика помогает нам узнать про образ жизни древних людей. Наконец, в третьей части представлены непростые взаимодействия генетики и лингвистики в вопросах возникновения и распространения языков.

1. МИГРАЦИИ

Физическая антропология и генетика – два биологических подхода

Авторы статьи проводят параллели между генетическими и предшествующими им исследованиями физической антропологии. Наиболее широко используемый физическими антропологами метод – это краниометрия, измерение параметров черепов. Еще в первой половине XIX века возникло представление о брахиоцефалических (широких) и долихоцефалических (длинных) черепах, обладатели которых должны отличаться по происхождению. С 1970-х годов исследования физических антропологов стали подкрепляться многомерным анализом и анализом главных компонент, которые подтвердили корреляцию между краниометрией и генетикой.

Авторы обзора отмечают, что исследования древней ДНК, развивающиеся в последние 20 лет, адресованы к тем же проблемам, которые поколение назад пытались решить физические антропологи, поэтому полезно сравнить результаты двух подходов. Они приводят данные из обобщающей работы Roland Menk (1980), в которой он пытается ответить на вопрос, существовала ли обширная миграция из причерноморско-каспийских степей в Центральную Европу 3000 лет до н.э. По данным 26 измерений на выборке 1842 черепов он построил график анализа главных компонент. На этом графике различные изученные популяции (точнее, черепа носителей различных археологических культур) сгруппировались в четыре основных кластера. Эти краниометрические результаты авторы обзора сопоставляют с современными данными о генетике тех же самых древних популяций. Оказалось, что результаты старых краниометрических и новых палеогенетических исследований перекрываются, хотя и не полностью совпадают.

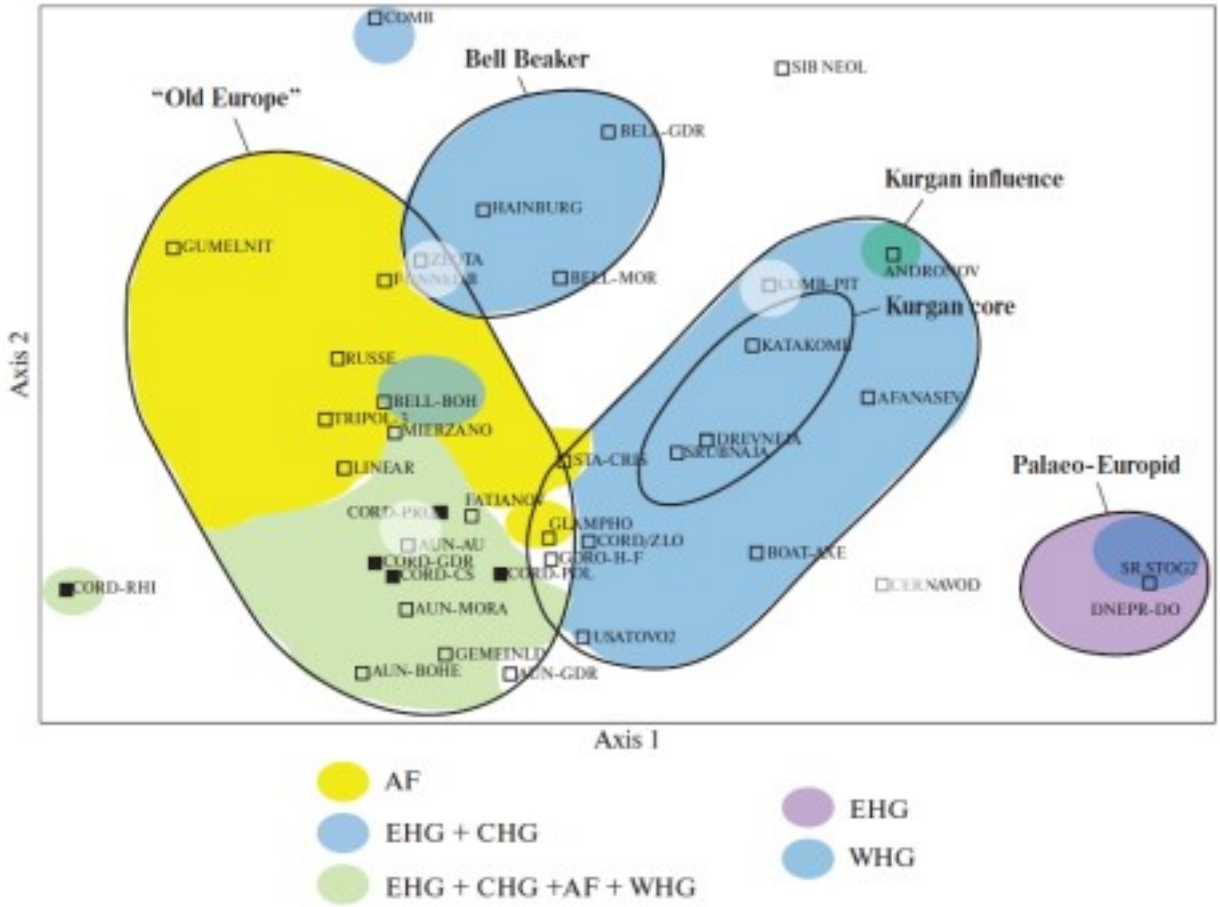
Так, выделенный по краниологии «Палеоевропеоидный» (Palaeo-Europid) кластер включил образцы из двух культур, которые и сегодня по генетическим данным считают представителями древнейшего населения Европы (EHG, т.е. восточноевропейские охотники-собиратели, и WHG, т.е. западноевропейские охотники-собиратели).

Menk также выделяет по краниологии Курганный кластер (Kurgan Core), в который входят ямная и родственные ей степные культуры, которые генетики и теперь выделяют в отдельный генетический кластер и считают смешением компонентов EHG и кавказских охотников-собирателей (CHG).

Эта группа находится внутри большего краниологического кластера, который назван «Курганным влиянием» (Kurgan influence). Некоторые входящие в него культуры, такие как афанасьевская, и сейчас по генетическим данным считаются идентичными ямной культуре. Таким образом, как краниометрические, так и генетические данные указывают на обширную зону влияния степных популяций, их миграцию на расстояние 1500 км.

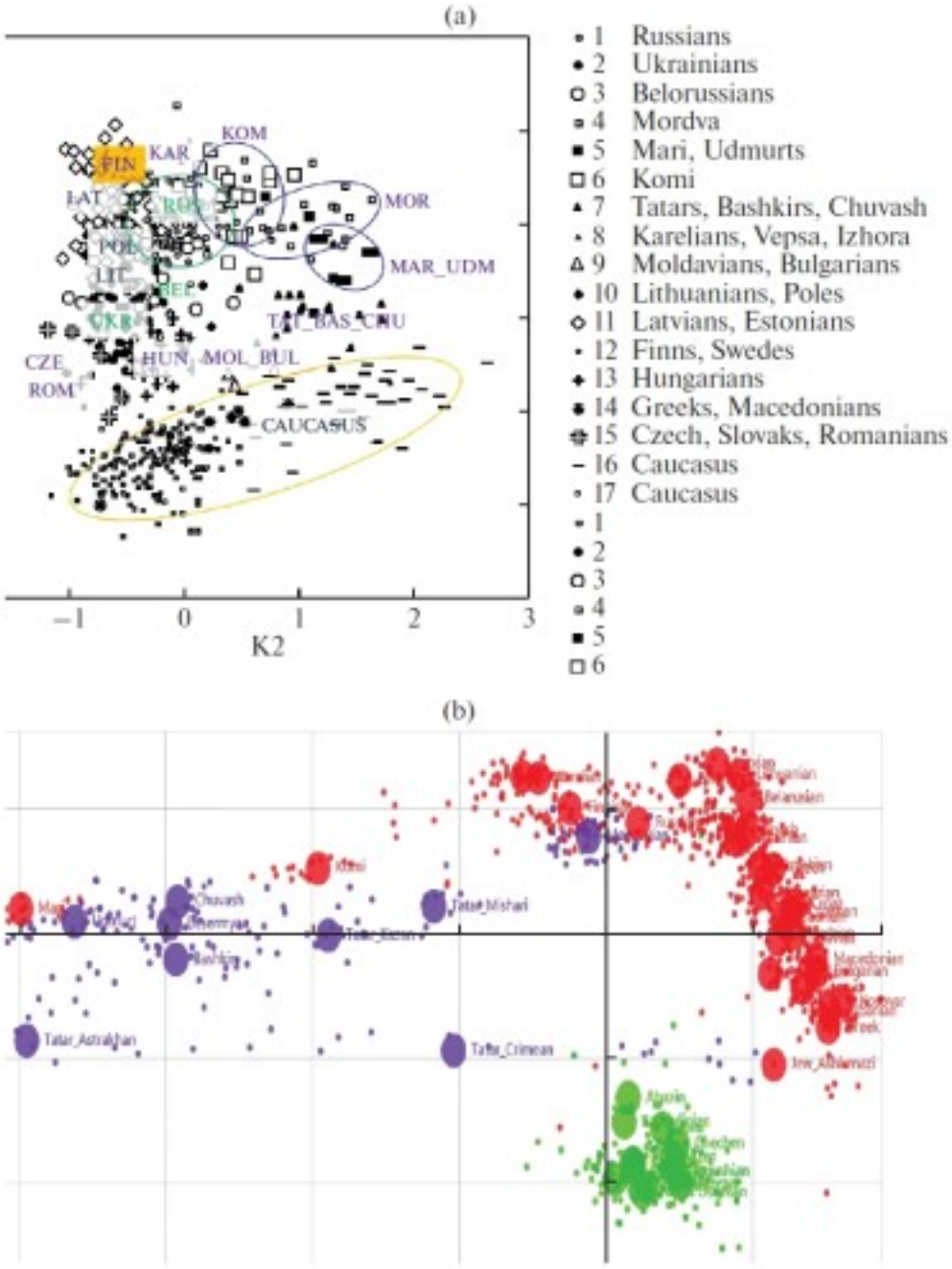
Третий краниологический кластер, названный «Старая Европа» (Old Europe), включает большое число культур. Генетически часть из этих культур описывается как AF — анатолийские земледельцы (культура линейно-ленточной керамики, гумельница, культура воронковидных кубков, трипольская). До сих пор мы видим хорошее соответствие краниологических и генетических данных. Но вторая часть культур, которые были включены к краниологический кластер Old Europe, генетически описываются не как AF, а как несущие в основном степной компонент (EHG + CHG) с примесью AF и WHG. Именно в этом причина противоположных выводов, сделанных по краниологии (отсутствие степного влияния, в генетических терминах это было бы как преобладание компонента AF) и по генетике (мощное степное влияние, преобладание компонента EHG+CHG с небольшой долей AF). Хотя если присмотреться к самому краниологическому графику, то именно эти «спорные» культуры, отмеченные зеленым цветом, находятся посредине между синим “Kurgan Influence” и желтым «Old Europe». Следовательно, причина противоречия лежим не в самом графике, а лишь в его интерпретации – следует ли эти «зеленые» культуры относить к кластеру Old Europe (как сделал Menk) или считать их мостом между степными и неолитическими европейскими культурами. Четвертый кластер на краниометрическом графике составляет культура колоковидных кубков, — по данным генетики образцы этой культуры группируются с культурой шнуровой керамики, включая степной компонент в сочетании с AF и WHG.

Соотношение краниометрических и генетических результатов показано на рисунке. Краниометрические кластеры представлены контурами, а разными цветами обозначены генетические компоненты, которые были выявлены в ходе исследований ДНК древних популяций.



Соответствие между краниометрическими и палеогенетическими данными по Европе неолита-бронзового века. Контурами обозначены кластеры, выявленные по анализу краниометрических данных разных археологических культур (Menk, 1980). Цвета обозначают генетические компоненты, выявленные по анализу древней ДНК в тех же популяциях. EHG – восточные охотники-собиратели; WHG – западные охотники-собиратели; AF — анатолийские земледельцы; CHG – кавказские охотники-собиратели.

Поскольку как антропологические, так и генетические данные характеризуют биологическую изменчивость популяций человека, соответствие между ними, скорее, должно быть правилом, чем исключением, подчеркивают авторы статьи. Они приводят другой пример такого соответствия, полученного по другим фенотипическим признакам – используемых физической антропологией для описания уже не древних, а современных популяций. Рисунок 2A представляет данные по 22 чертам внешности, включая рост, цвет волос и глаз, форму лица, полученные на 648 популяциях Восточной Европы и Кавказа в исследовании Василия Евгеньевича Дерябина. Рисунок 2B представляет график анализа главных компонент по генетическим (широкогеномным) данным на популяциях того же самого региона.



Соответствие между антропологическим и генетическим анализом популяций Восточной Европы и Кавказа. A) данные физической антропологии по 22 признакам; B) широкогеномные данные (график анализа главных компонент).

Данные физической антропологии и генетики выявляют одни и те же закономерности: четкие различия между восточноевропейскими и географически близкими к ним кавказскими популяциями; постепенный переход между восточноевропейскими и географически близкими к ним волго-уральскими популяциями; сходство западных и восточных славян с балтоязычными популяциями, а южных славян — с балканскими популяциями. Между антропологическим и генетическим графиком гораздо сложнее найти различия, чем сходства. К числу различий относится, например, положение белорусов: на генетическом графике они входят в кластер с поляками/литовцами, в то время как на антропологическом графике белорусы, как и русские, расположены между польско-литовским и волго-уральским кластерами.

Из таких исследований, резюмируют авторы, становится ясно, что современные методы получения и анализа краниометрических данных выявляют значительный генетический сигнал в изменчивости антропологических признаков. Ясно и то, что анализ древней ДНК представляет собой значительно более чувствительный инструмент для оценки миграций и смешения в популяциях. Хотя генетики, по крайней мере в Западной Европе, склонны игнорировать краниометрические доказательства, они и сегодня представляют большой интерес. Нужно принять во внимание, что размер выборки по краниометрическим данным в той или иной популяции всегда больше, чем размер выборки по палеоДНК, просто потому, что не во всех черепах содержится ДНК, пригодная для анализа. Авторы также считают, что было бы очень полезно, если бы генетики могли выявить гены, контролирующие изменчивость краниометрических параметров.

О реконструкции признаков внешности

В былые времена ученые делали предположение о внешнем облике древнего населения, основываясь на письменных источниках и художественных изображениях. Авторы приводят пример антрополога Теодора Поше (Theodor Poesche), который в конце XIX века в античных литературных источниках обнаружил, что ранние индоевропейцы (греки, римляне) имели светлые волосы и голубые глаза. Исходя из этой информации, он поместил индоевропейскую прародину в белорусские болота (Pinsk Marshes). Его гипотеза вскоре была заменена на гипотезу происхождения индоевропейцев из Северной Европы. На эту тему, которая оказалась общественно важной, возникала масса спекуляций вплоть до недавнего времени, и в 2001 году антропологи приходят к заключению, что «элита ранних индоевропейцев часто отличалась светлыми волосами и голубыми глазами, даже в регионах, где большинство населения имело темные волосы и темные глаза».

С появлением исследований древней ДНК появилась возможность проверить точность облика ранних индоевропейцев, полученного из литературных и художественных источников. Так, было показано, что мезолитические жители Иберии имели аллели, ассоциированные с темной пигментацией кожи, темными волосами, но голубыми глазами, а у женщины эпохи неолита из Ирландии оказались аллели темных волос и коричневых глаз. По древней ДНК удалось проследить распространение аллелей основного западноевропейского фенотипа в раннем бронзовом веке, которые отвечают за светлые волосы и (вероятно) голубые глаза. Что же касается древних греков, то палеогенетики доказали достоверность их образов на фресках, где те изображены с темными волосами и темными глазами. Таким образом, анализ древней ДНК позволяет нам выяснить не только происхождение древних популяций, но и их внешний облик.

Анализ кожных узоров на подушечках пальцев и ладонях как особый класс антропологических маркеров, предположительно, с особенно большим генетическим вкладом также использовался для реконструкции картины перемещения популяций. Так, в пределах Европы этим методом была обнаружена клина направлением юго-восток – северо-запад. Это послужило основанием для гипотезы, что европейский неолит был продуктом демической диффузии из юго-западной Азии. Применение этого метода к древним популяциям ограничено теми случаями, когда отпечатки пальцев сохранились на керамических изделиях и глиняных табличках. Так, были обнаружены заметные различия в частоте дерматоглифических параметров между минойцами с Крита и микенцами из Греции.

Классические маркеры

Лука Кавалли-Сфорца впервые использовал картографирование главных компонент для анализа данных по классическим генетическим маркеров, к которым относятся, например, группы крови AB0 и биохимические маркеры. Его работы оказали огромное влияние на представления археологов и лингвистов. Например, полученная им картина первой главной компоненты генофонда Европы – постепенный градиент от Анатолии до Северо-западной Европы – обычно интерпретируется как экспансия земледельцев с Ближнего Востока в неолите. Впрочем, критики указывали внимание, что ту же закономерность можно интерпретировать как результат первоначального заселения Европы в палеолите.

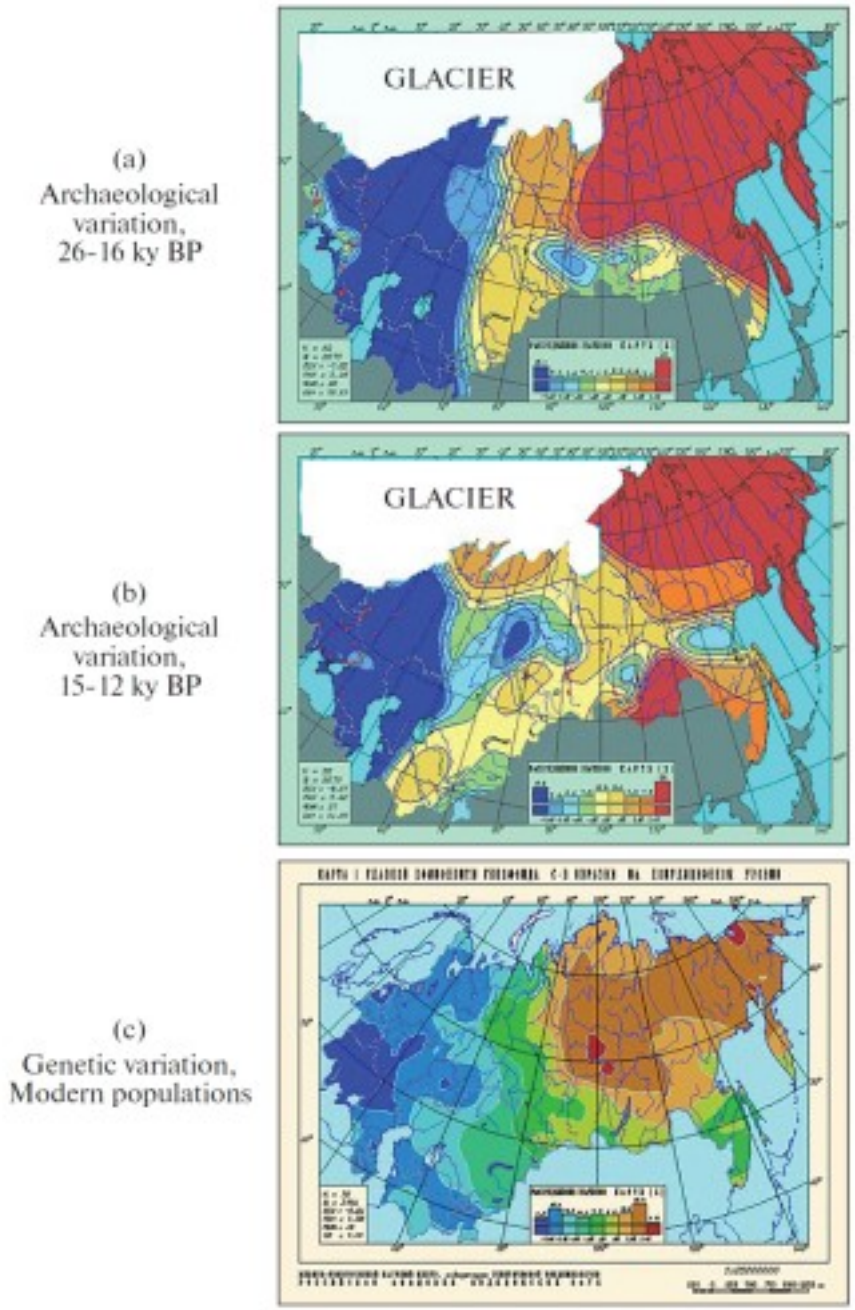
Картографический метод расчета главных компонент был независимо разработан и советскими генетиками. Он был использован для анализа не только генетических, но и археологических данных. В одной из работ 186 стоянок верхнего палеолита со всей территории СССР были охарактеризованы по 116 признакам (в качестве археологических признаков выступали, например, присутствие/отсутствие каких-либо артефактов, костей животных определенных видов на стоянках древних людей и т.д.). Эти карты для периода 26-16 тыс. лет назад выявили контрастные генофонды Запада и Востока с узкой границей между ними, для финального палеолита (16-12 тыс. лет назад) пограничная зона стала широкой, а в современном генофонде практически все территория СССР представляет собой зону постепенного перехода в направлении «запад-восток». Таким образом, картографическое представление результатов анализа главных компонент дало возможность количественного сравнения археологических и генетических данных. Это позволяет выявить черты генетического ландшафта. Тем не менее, не всегда ясно, какие именно миграции сформировали этот генетический ландшафт, пишут авторы.

Исследования современной ДНК

С развитием генетических технологий развивается ретроспективный подход — исследование миграционных событий прошлого по анализу современной ДНК. К началу XXI века широко применялся анализ однородительских генетических маркеров – Y-хромосомы и митохондриальной ДНК. Филогеографический подход позволяет определить место происхождения гаплогруппы и направления ее распространения по миру с миграциями населения. Однако, как пишут авторы, этот подход, когда его пытаются применить к решению главных проблем происхождения языков и этнических групп, обнаруживает массу методологических недостатков. Так, некоторые обнаруженные этим методом миграции не

подтверждаются прямыми исследованиями древней ДНК. Например, центр распространения Y-хромосомной гаплогруппы R1b был помещен в Иберию, и были сделаны предположения, что ее распространение может объясняться повторным заселением Европы после окончания последнего оледенения или же миграцией ранних земледельцев с Ближнего Востока. Однако анализ древней ДНК выявил, что R1b была принесена миграцией на запад Европы из степей только в переходный период от позднего неолита к раннему бронзовому веку.

Авторы приводят и примеры, когда палеогенетика подтверждает выводы, сделанные ретроспективным методом, и также указывают, что в ряде случаев ретроспективный подход может заполнить лакуны, остающиеся из-за неполноты данных по древней ДНК.



Соответствие между археологической и генетической изменчивостью. a. – карта археологических данных (1 PC) верхнего палеолита (26-16 тыс. лет назад); b — карта археологических данных (1 PC) финального палеолита (15-12 тыс. лет назад); c – карта генетических данных (1 PC) современных популяций.

Как палеогенетика меняет картину мира

С развитием технологий анализа древней ДНК появилась возможность прямого, а не ретроспективного исследования древних

популяций. Благодаря этому степень влияния генетики на представления археологов о демографической картине былых времен радикально увеличилась. В обзоре рассматриваются основные этапы истории современного человека в Евразии, представления о которых существенно изменились благодаря исследованиям палеогенетиков.

Если обратиться к ранним этапам расселения человека по Евразии, то взаимоотношения *Homo sapiens* и неандертальцев долгое время были предметом дебатов антропологов. При секвенировании митохондриального генома был сделан вывод, что метисация между этими видами человека полностью отсутствовала. Но после того, как та же самая группа исследователей под руководством Сванте Паабо прочитала вслед за митохондриальным геномом и ядерный геном неандертальца, стало ясно, что эти виды человека метисировались, и в геномах современных популяций человека (неафриканского происхождения) сохранилось от 1 до 3% неандертальских генов. А существование еще одного вида древних людей – денисовского человека, было обнаружено только по его геному из фаланги пальца, найденной в Денисовой пещере. Позднее было показано, что и денисовцы метисировались с современными людьми, и в геномах некоторых популяций Восточной Азии и Океании содержится от 3 до 5% денисовских генов. Одним из самых удивительных открытий стало доказанное смешанное происхождение девочки из Денисовой пещеры от денисовского отца и неандертальской матери. Сегодня, как подчеркивают авторы, археологи и физические антропологи осознали, что не может быть получено непротиворечивой истории расселения человечества без того, чтобы собрать вместе все три линии человечества.

Ключевым этапом человеческой истории стал переход от присваивающего хозяйства к производящему, то есть к земледелию и скотоводству, произошедший в неолите. Археологи давно пришли к заключению, что земледелие распространилось в Европу из Юго-Западной Азии, преимущественно из Анатолии. Но было неясно, принесено ли оно с миграцией населения или же эти технологии освоили племена охотников-собирателей, населявших Европу со времен мезолита. Исследования древней ДНК ответили на этот вопрос, показав, что земледельцы в Центральной Европе, на Балканах и в Северной Европе были генетически близки к земледельцам Анатолии; это означает, что в появлении земледелия в Европе большую роль сыграла демическая диффузия, то есть миграции.

Степная миграция, которая изменила генофонд

Одно из наиболее сенсационных открытий палеогенетиков касается массовой миграции степных кочевников причерноморско-каспийской степи (предположительно, ямной культуры) в бронзовом веке. Эта миграция распространялась в двух направлениях: на запад — в Центральную Европу и далее в Северную Европу, и на восток – до Енисея и Алтая.

Это исследование тесно связано с индоевропейской научной проблемой, насчитывающей двухсотлетнюю историю дебатов. Хотя за это время было выдвинуто множество гипотез, помещавших индоевропейскую прародину во все мыслимые уголки Евразии, основными считаются три гипотезы:

— происхождение индоевропейцев из Анатолии около 7 тыс. лет до н.э., и связь их экспансии с распространением земледелия;

— происхождение индоевропейцев с Армянского нагорья около 5 тыс. лет до н.э. (эта гипотеза основана больше на лингвистических, чем на археологических данных);

— происхождение индоевропейцев из европейских степей 4,5 – 3 тыс. лет до н.э. и их экспансия на восток до Западной Сибири и на запад до Центральной Европы.

Две основные археологические культуры Европы, предположительно связанные с распространением индоевропейских языков – это культура шнуровой керамики (с ареалом по лесной полосе от Голландии до Урала) и ямная культура (с ареалом по степной полосе от Урала до Дуная). Сторонники степной прародины индоевропейцев всегда выводили культуру шнуровой керамики из ямной, но даже они не считали возможным массовую миграцию, а говорили об адаптации местным населением пришедшего из степей ямного комплекса культурных черт.

Однако две работы по древней ДНК, опубликованные одновременно в 2015 году, показали, что популяции культуры шнуровой керамики несут 75% генофонда, обнаруженного у представителей ямной культуры. Итак, миграция ямников существенно изменила генофонд европейцев. Степной генетический след был обнаружен даже на Британских островах – в популяциях культуры колоколовидных кубков, которая сменила культуру шнуровой керамики на просторах Западной Европы.

Специалисты по древней истории столкнулись с трудностями в принятии этих результатов, поскольку они превосходили возможность идентифицировать миграции по археологическим данным. Для археологов идея массовой степной миграции в большой степени перевернула ранее существовавшие представления и заставила задуматься. Чтобы объяснить генетические данные, одни выдвигают гипотезу о длительных контактах между степным населением и Центральной Европой, а другие не

видят вообще никаких археологических свидетельств происхождения культуры шнуровой керамики из ямной. С особенно большими трудностями столкнулись археологи, специализирующиеся на Британских островах – они никогда всерьез не рассматривали массовую миграцию как возможный путь распространения культуры колоколовидных кубков в Англию и Ирландию, и теперь пытаются не только понять, как такая миграция оказалась возможной, но и как она смогла привести к практически полной замене генофонда на протяжении считанных столетий.

Как отметил в своей получившей широкий резонанс статье «Улыбка Коссинны» археолог Фолкер Хейд «результаты по древней ДНК заставляют нас многое пересмотреть; систему наших собственных доказательств и методологию, которую мы применяем, а также изменить фокус наших интерпретаций». В общем, с появлением палеогенетики для археологии настали «интересные времена».

О происхождении этно-лингвистических групп

Работая с археологами и лингвистами, генетики добывают ключевую информацию по происхождению этно-лингвистических групп по всему миру. Оно может быть сложным, особенно на территории, на которой оставили след множественные миграции. В статье приводится пример венгров. Как показывают археологические данные, они поселились на месте своего нынешнего проживания не ранее 900х годов н.э. Но их предки мадьяры прошли долгий путь с восточного Урала и поселились на территории, на которой прежде жили гунны и авары. Последние, как было показано, внесли больший генетический вклад в население Венгрии, чем мадьяры. Что касается мадьяров, то их след в генофонде почти исчез при смешении с окружающими племенами. Современные венгры генетически похожи на своих географических соседей. Тем не менее, анализ древней митохондриальной ДНК в период сразу после вторжения мадьяр обнаруживает близкие параллели с башкирами – тюркоязычным народом с Урала.

2. ОБРАЗ ЖИЗНИ

Что мы узнали о жизни наших предков

Исследования древней ДНК не только позволяют проследить за демографической историей древних популяций, но и открывают нам окно для нового взгляда на самые разные стороны жизни наших предков. В статье перечисляются области, где палеогенетики добавили существенную долю знаний к полученным ранее антропологами и археологами. Так, по генетическому анализу гораздо точнее, чем по антропологическим признакам, определяется пол древних индивидов, и генетика уже исправила немало случаев сомнительного определения половой принадлежности. Между тем, пол, как и возраст индивидов из захоронения – один из важных признаков, который многое может сказать археологам о социальной организации общества.

Узнать о том, чем питались наши предки, можно по данным палеоботаники, изотопного анализа, биохимического исследования следов пищи на керамической посуде. Эти методы могут, в частности, показать, когда и где в Евразии люди стали употреблять в пищу молочные продукты. Анализ жира со стенок керамических сосудов говорит о том, что эта практика началась в самом начале неолита, как в Анатолии, так и в Ирландии. Палеогенетика к исследованию этой проблемы добавила анализ гена толерантности к лактозе, по распространению которого можно было бы сделать вывод, в каких популяциях люди употребляли в пищу молоко. Но данные показали, что аллель толерантности к лактозе в неолите еще не появился и даже в бронзовом веке встречался с очень низкой частотой. Конечно, молоко можно превращать в сыр, и это частично снимает проблему лактозной непереносимости, рассуждают авторы. Но скорее, сопоставление генетических и археологических данных показывает — это нечастый пример того, как полезная практика опережает распространение соответствующей полезной генетической мутации.

О том, чем болели наши предки, антропологи с некоторой вероятностью могут судить по некоторым морфологическим признакам на костных останках. Палеогенетики добавляют к этому изучение ДНК микроорганизмов, возбудителей заболеваний. Это позволяет, например, реконструировать происхождение туберкулеза домашнего скота из популяций Южной Сибири бронзового века, проследить путь проказы из Японии до Ирландии и предположить, что чума в Европу была принесена в ходе массовой степной миграции в бронзовом веке.

Демографическая картина прошлого через призму генетики

Что касается демографии, генетика позволяет вычислить степень гетерозиготности, а при помощи моделирования рассчитать эффективный размер древних популяций. Низкая степень гетерозиготности была характерна для малочисленных популяций охотников-собирателей; в популяциях неолитических земледельцев увеличивается как эффективный размер, так и степень гетерозиготности, и они намного меньше подвержены генетическому дрейфу, чем популяции охотников-собирателей (генетический дрейф, как правило, приводит к снижению генетической изменчивости внутри популяции – гетерозиготности – и к увеличению генетических различий между популяциями). Авторы обращают внимание на то, что общий размер популяции (который интересует археологов) и эффективный размер популяции (который интересует генетиков) – это не одно и то же. Обычно эффективный размер составляет от четверти до трети общего размера, но это соотношение может значительно меняться, например, при значительном росте численности популяции; или в случае неравного репродуктивного успеха, когда лишь малая часть мужчин вкладывает свои гены в формирование следующего поколения; или в случае, когда разные семьи сильно отличаются по количеству детей.

Например, детальный анализ Y-хромосомных линий в Евразии показал, что большая их часть исчезла от 8 до 4 тыс. лет назад, а несколько линий непосредственно после этого периода стали активно распространяться. Поскольку нет причин говорить о драматическом сокращении численности популяции в позднем неолите и бронзовом веке (скорее, наоборот), остается искать другие факторы, сформировавшие такую демографическую картину. Вероятно, они касаются изменений в социальной организации общества, что привело к сокращению числа семей/родов/кланов, имеющих репродуктивный успех.

Возможности генетики в определении родства индивидов по древней ДНК дают информацию о практиковавшейся в той или иной популяции брачной стратегии (экзогамии или эндогамии) и о семейных отношениях внутри популяции. Например, в исследовании верхнепалеолитического захоронения Сунгирь было показано, что репродуктивная стратегия верхнепалеолитического общества была сходной с таковой в современном обществе — избегание близкородственных браков. Авторы приводят еще несколько примеров того, как генетика установила факт родственных отношений между погребенными в одном захоронении, в том числе случай выявления патрилокальной организации общества, поскольку все мужчины в могиле оказались близкими родственниками друг другу, тогда как женщины в том же погребении явно происходили из иных поселений. Эти примеры демонстрируют потенциал генетики для получения информации о социальной организации общества в прошлые времена. Из установления факта родства генетика может представить общую картину распространенных социальных, в том числе брачных отношений в том или ином политическом образовании.

3. ЯЗЫКИ

Что дает генетика для лингвистики

Влияние генетики на лингвистику, подчеркивают авторы, нужно рассматривать, исходя из того, что распространение языков и распространение генов могут быть не связаны друг с другом. Язык, на котором человек говорит, может не зависеть от его генетической истории: человек волен выбрать себе язык, но не волен выбрать себе гены. С другой стороны, еще меньше оснований предполагать прямые связи между языком и материальной культурой. Так что предположения о лингвистической принадлежности древней популяции по ее генофонду могут быть менее необоснованными, тем такие же предположения, сделанные по материальной культуре.

Языки распространяются по двум механизмам. Первый состоит в том, что миграция группы людей, которая частично замещает исходную популяцию, приносит в нее новый язык. Второй механизм представляет собой языковой сдвиг – изменение языка популяции под влиянием языка соседей. Генетика способна различить эти механизмы в большей степени, чем другие подходы, поскольку она определяет, происходила ли миграция в том или ином случае распространения языка.

Один из применяемых для этой цели методов состоит в оценке того, с чем в большей степени коррелирует язык – с географией или с генетикой. Для этого строят матрицы географических, генетических и лингвистических расстояний и сравнивают их между собой. Во многих регионах Евразии паттерн генетического сходства между популяциями больше коррелирует с их географическим расположением, чем с языковым сходством. Но есть и регионы, в которых наблюдается противоположная закономерность, например, Северный Кавказ и тунгусоязычные народы. На Северном Кавказе генетическая матрица отлично коррелирует с лингвистической, и генетическое дерево почти совпадает с лингвистическим. Такое совпадение происходит тогда, когда демографическая история разделения популяций в равной степени отразилась и в разделении языков, и в разделении генофондов – такая ситуация возможна, если дочерние популяции не смешиваются с другими генофондами. Такая ситуация сложилась в горах Северного Кавказа, где популяции изолированы друг от друга горными хребтами.

Совсем иная ситуация прослеживается в славяноязычных популяциях, которые быстро распространились по Европе и заняли территории, населенные жителями Балкан, Северо-Восточной Европы и Поволжья. Как результат, генофонд славянских

популяций в большой степени отражает генофонды дославянских популяций, и генетическое дерево славянских популяций лишь в слабой степени коррелирует с деревом славянских языков. Однако даже в тех случаях, когда язык распространяется по механизму доминирования элиты, то есть число мигрантов – носителей языка невелико, принесенные ими гены все же могут быть обнаружены. Как показал генетический анализ, таким способом распространялись тюркские языки.

Далее авторы приводят несколько примеров влияния исследований древней ДНК на археологические и лингвистические модели.

Индоевропейские языки

Исследования генетиков укрепили степную гипотезу индоевропейской прародины и значительно ослабили популярную (особенно среди археологов) анатолийскую гипотезу распространения индоевропейских языков, которая связывает этот процесс с распространением земледелия. Но возникла сложность. Обнаруженный степной генетический сигнал, найденный от Ирландии до Енисея, маркирует распространение популяции, которая сама является результатом смешения двух популяций: EHG (восточноевропейские охотники-собиратели) и CHG (кавказские охотники-собиратели). Трудно допустить, что праиндоевропейский язык мог образоваться из слияния совершенно разных, неродственных между собой языков этих популяций. Тогда возникает вопрос, сформировался ли праиндоевропейский язык из языка, на котором говорили восточноевропейские охотники-собиратели, или из языка, на котором говорили кавказские охотники-собиратели?

В этих дебатах специалисты разделились на две группы. Одни выбирают CHG и, соответственно, помещают индоевропейскую прародину на Южный Кавказ или в Иран, а другие – в степи к северу от Кавказа и Каспия. Приверженцы южной прародины предполагают контакты протоиндоевропейского с картвельскими и семитскими языками, а те, кто помещает ее севернее, говорят о близости индоевропейских и уральских языков. Ситуация дополнительно осложняется тем фактом, что генетический компонент CHG был характерен сразу для нескольких языковых семей (в т.ч. хуррито-урартской, эламитской и картвельской) и если один из сегментов CHG-генофонда был представлен еще и индоевропейской, то необходимо объяснить их миграцию на север от Кавказского хребта.

Алтайские языки

В чем-то похожая взаимосвязь между генетическими и лингвистическими данными наблюдается в другой половине Евразии, где проживают носители алтайских языков. Имеется обширный генетический компонент, называемый «компонент бассейна Амура», в пределах которого предполагается возникновение популяции – носителя протоалтайского языка. К алтайской языковой семье относятся тюркская, монгольская, тунгусо-манчжурская, корейская и японская языковые группы. Усилиями двух групп лингвистов, в Москве и в Йене, построено дерево алтайских языков и определена хронология разделения входящих в него групп. Показано, что протоалтайский язык разделился на корейско-японскую, манчжурско-тунгусскую и тюрко-монгольскую группы 8-7 тыс. лет назад; тюркские и монгольские языки разделились около 6,5 тыс. лет назад; булгарская ветвь выделилась от тюркской 2,5 тыс. лет назад.

Реконструкция прародины была сделана на основании описывающих ландшафт слов, реконструированных для протоязыка. Получившийся ландшафт представляет собой невысокие горы с обилием быстрых рек, сухую степь, отсутствие поблизости моря, определенный набор деревьев и, что существенно просо. Подобно гипотезе, связывающей распространение индоевропейских языков с земледелием в Западной Евразии, Мартина Роббитс связывает распространение алтайский языков с земледелием, основанным на просо, которое возникло в Манчжурии.

По сравнению с индоевропейскими языками, в случае алтайских языков гораздо меньше дебатов относительно их прародины. По мнению авторов статьи, и генетика способна пролить свет на эту проблему. Генетическое разнообразие носителей алтайских языков намного больше связано с географическим расположением популяций, чем с классификацией языков. Оно хорошо описывается миграционной моделью, в соответствии с которой носителем языка выступала доминирующая элита, которая в ходе миграций передавала язык местным племенам с минимальной передачей генов. Хотя, уточняют авторы, если исключить из анализа тюркскую языковую группу, для которой такой механизм передачи хорошо изучен, для оставшихся монгольской и тунгусской групп генетическое разнообразие больше соответствует лингвистическому, чем географическому.

Генофонды монголо-, тунгусо- и тюркоязычных популяций на карте Евразии образуют клину с востока на запад, в которой в разных долях смешаны западноевразийские и восточноевразийские генетические компоненты. Данные говорят о том, что в бассейне Амура восточноевразийский компонент присутствует уже как минимум 7 тысяч лет и, вероятно, еще до первого разделения внутри алтайской языковой семьи.

Гипотеза распространения языка в результате быстрого демографического роста, характерного для земледельцев, не подходит

к алтайским языкам, поскольку земледелие не является основой хозяйства для большинства их носителей. Авторы предполагают, что земледелие могло лишь дать первоначальный толчок распространению алтайских языков, а впоследствии роль переноса языка с востока на запад взяла на себя элита кочевых племен. Более детальная картина лингвистической истории в этом регионе остается за будущими исследованиями современной и древней ДНК.

В заключение авторы обзора рассматривают методологическое сходство лингвистики и генетики: и та, и другая наука использует метод вычисления расстояний между популяциями (генетических или лингвистических). Что касается археологии, то количественно оценить степень сходства между культурами более проблематично. В лингвистике, как и в генетике, сегодня используются байесовские методы для построения филогенетических деревьев. Авторы видят сходство методов генетики и лингвистики, используемых для датировки событий: первые используют для этого скорость мутаций, а вторые — скорость замены слов в языке.

Согласованность генетических и лингвистических данных делает реконструкцию демографической истории более убедительной, а отсутствие такой согласованности указывает на лингвистический сдвиг, который происходит независимо от генетики. В дополнение к этим ретроспективным подходам приходит на помощь прямое исследование древней ДНК, которое позволяет прослеживать миграции и датировать лингвистические разветвления. Авторы приводят пример, в котором археологические, генетические и лингвистические доказательства объединяются в исследовании одного явления. Этот пример касается распространения молочного скотоводства по восточноевразийской степи. Археологические данные и биохимический анализ керамической посуды показывает, что появление молочного скотоводства можно отнести к XIV веку до н.э., ко времени проникновения на восток западных культур. В то же время анализ древней ДНК говорит, что это явление не было связано с массовой миграцией и замещением популяций. Последнее хорошо согласуется с данными лингвистики, поскольку тюркская лексика, связанная с молочным производством, в основном имеет восточноиранское происхождение, но в основной части словаря автохтонные языки восточной степи остались прежними и не были заменены.

авторы текста:

Надежда Маркина

Олег Балановский

Источник:

Mallory, A. Dybo, and O. Balanovsky. The Impact of Genetics Research on Archaeology

and Linguistics in Eurasia // *Russian Journal of Genetics, 2019, Vol. 55, No. 12, pp. 1472–1487.*

текст статьи можно найти в Библиотеке сайта