Самые яркие открытия 2015 года в науках об истории человечества — мнение редакции «Генофонд.РФ»

Провожая уходящий год, мы решили подвести итоги и выделить наиболее интересные, на наш взгляд, междисциплинарные исследования в области истории популяций, формирования генетического ландшафта мира и этногенеза, которые были опубликованы в 2015 году. Почти все они нашли свое отражение в материалах нашего сайта. Основные открытия года можно сгруппировать в несколько блоков.

1. ФОРМИРОВАНИЕ ГЕНОФОНДА ЕВРАЗИИ И РАСПРОСТРАНЕНИЕ ИНДОЕВРОПЕЙСКИХ ЯЗЫКОВ

Очень много открытий этого года касаются истории заселения Евразии. Генетики все точнее реконструируют картину событий благодаря тому, что появляется все больше данных по секвенированию древних геномов.

Миграции из степей в бронзовом веке и индоевропейские языки

Одна их самых больших интриг развернулась вокруг проблемы появления в Европе индоевропейских языков. Благодаря союзу генетиков, археологов и лингвистов постепенно проясняется – но при этом становится более сложной – картина миграций и их связь с археологическими культурами.

Так, работа команды **Дэвида Райха**, опубликованная с первым авторством **Вольфганга Хаака [Haak et al., 2015]** изучила большое число образцов древней ДНК европейцев и обнаружила следы миграции в центральную Европу из причерноморских степей около 4,5 тысяч лет назад. Именно такая миграция уже много десятилетий постулируется степной (курганной) теорией происхождения индоевропейских языков. Более того, команда В. Хаака связала степную миграцию с носителями ямной культуры. http://генофонд.рф/?page_id=984

В независимом исследовании рекордного числа образов древней ДНК это открытие было подтверждено и уточнено. Оказалось, не только неолит (что было аксиомой!), но и бронзовый век стал критичным периодом формирования генофонда Европы. Это показано в работе команды генетика **Эске Виллерслева** и археолога **Кристиана Кристиансена**, опубликованной в стате с первым авторством **Мортена Аллентофта [Allentoft et al., 2015]**. Результаты секвенирования 102 древних геномов выявили динамичную картину перемещений, смешений и замещений популяций Евразии в бронзовом веке (в интервале от 5 тыс. до 3 тыс. лет назад). Эта генетическая мозаика не только проясняет динамику археологических культур Евразии, но даже — по мнению авторов – дает ключ к загадке распространения индоевропейских языков. Но главное и удивительное – именно в это время сформировались те самые европейцы, которые с тех пор значительно не менялись и современный генофонд которых мы так хорошо сейчас знаем http://генофонд.рф/?page_id=3877



С мнением **Вольфганга Хаака** (Институт наук об истории человека Общества Макса Планка, Йена) о возможностях анализа древней ДНК, миграциях, археологических культурах, генетическом вкладе степного населения в генофонд европейцев и распространении индоевропейских языков можно познакомиться в интервью проф. Л.С. Клейна и Н.В. Маркиной с Вольфгангом Хааком в двух частях http://генофонд.рф/?page_id=5865 **и** http://генофонд.рф/?page_id=5886**.**

Развитие этой же темы – о преемственности археологических культур  Евразии и о взаимодействии археологов с генетиками в поиске ответов на проблемы истории популяций – в интервью проф. Л.С.Клейна с проф. Гётеборгского университета **Кристианом Кристиансеном** http://генофонд.рф/?page_id=4535 **.**

Обширную дискуссию, развернувшуюся на сайте по проблемам происхождения индоевропейцев, и обобщающие материалы по теме дискуссии читайте на страницах «Прародина индоевропейцев» http://генофонд.рф/?page_id=3949 и «Происхождение индоариев» http://генофонд.рф/?page_id=3509 **.**

Больше древних геномов – точнее история популяций

В еще одной статье команды **Дэвида Райха** более чем вдвое увеличилось число проанализированных древних геномов — 230 древних геномов (с датировкой от 6500 до 1000 лет назад), в том числе 163 генома, данные о которых опубликованы впервые. В числе новых образцов – широкогеномные данные по неолитическому населению Анатолии**.** Оказалось, что эти неолитические земледельцы Анатолии родственны первым европейским земледельцам. В статье авторы приходят к новым выводам относительно генетического родства популяций, носителей основных археологических культур от раннего неолита до поздней бронзы **[Mathieson et al., 2015]** http://генофонд.рф/?page_id=5293

Четвертый источник генофонда европейцев

 Помимо трех древних популяций, сформировавших фундамент генофонда европейцев (это работа прошлого года **[Lazaridis et al, 2014]**), авторы нового исследования **[Jones et al., 2015]** выдвигают гипотезу и четвертого источника: кавказских охотников-собирателей. К этому они пришли,

секвенировав три древних генома (верхний палеолит и мезолит) из Грузии и Швейцарии. Этот генетический вклад кавказских охотников-собирателей был передан в Европу, Южную и Центральную Азию через миграции степной ямной культуры. http://генофонд.рф/?page_id=6029

Как складывался генофонд славян и балтов

Коллективом под руководством **Рихарда Виллемса** и **Олега Балановского** опубликована наиболее полная работа по генофонду славянских и балтских народов. Для реконструкции давней истории народов, говорящих на родственных языках, в исследовании применен междисциплинарный подход. Генетики и лингвисты проследили пути формирования генофонда всех групп славян и балтов одновременно по трем генетическим системам: по Y-хромосоме, по митохондриальной ДНК и по широгеномным аутосомным маркерам. Прослежено, какие местные популяции впитывал генофонд славян при их расселении по Европе. Оказалось, что именно этот глубинный субстрат сформировал основные различия генофондов разных ветвей славян. А общеславянская «глазурь» генофонда оказалась столь тонка, что практически невидима . Результатом исследования стало также уточнение древа балто-славянских языков **[Kushniarevich et al., 2015]** http://генофонд.рф/?page_id=4440

ПРОРЫВ В ИЗУЧЕНИИ Y-ХРОМОСОМЫ

Полное секвенирование Y-хромосомы гаплогруппы G1 позволило определить скорость мутирования Y-хромосомы и проследить миграции из Передней Азии в Центральную.

Команда **Олега Балановского** на основе полного секвенирования Y-хромосомы реконструировала филогенетическое дерево гаплогруппы G1. На дереве выделились пять ветвей, географически специфичных для разных регионов, и показывающих направления миграций. Структура одной из ветвей – свойственной казахскому роду аргынов – точно совпала с генеалогией этого рода. Это позволило, используя достоверные исторические даты, удалось получить объективную оценку скорости мутирования Y-хромосомы. Детальное изучение распространения и изменчивости гаплогруппы помогло выявить один из потоков миграций с Иранского нагорья в Центральную Азию **[Balanovsky et al, 2015]** http://генофонд.рф/?page_id=2536

Бутылочное горлышко для Y-хромосомы 10 тыс. лет назад



В работе команды **Тоомаса Кивисилда [Karmin et al., 2015]** изучены 456 полностью секвенированных геномов Y-хромосомы из популяций всего миру. В результате создано беспрецедентно подробное древо Y-хромосомы. Сравнение древней и современной ДНК позволило определить скорость мутирования Y-хромосомы – а это позволяет, наконец, надежно датировать события в истории генофонда. Анализируя интенсивность ветвления Y-хромосомы в разные эпохи, исследователи обнаружили несколько эпох, в которые возникало особенно много ветвей – например, в период расселения человечества по Евразии около 50 тысяч лет назад. Но крайне неожиданно, что около 10 тысяч лет назад, когда общая численность населения резко возрастала (неолитический демографический взрыв), разнообразие линий Y-хромосомы, напротив, резко снизилось — а значит, произошло сокращение эффективного размера мужской части популяции. Причины этого крайне неожиданного «бутылочного горлышка» авторы связывают с культурно-социальными изменениями в неолите. http://генофонд.рф/?page_id=3329

Книга «Генофонд Европы»

В самом конце года вышла монография О.П.Балановского «Генофонд Европы», в которой проанализированы и обобщены как собственные данные автора, так и литературные данные о пространственной изменчивости и истории генофонда Европы. Созданные базы данных включили более 130 тысяч образцов по мтДНК и более 140 тысяч – по Y-хромосоме. Параллельное

изучение генофонда Европы по маркерам Y-хромосомы, мтДНК и полногеномным панелям обеспечило синтез результатов этих трех генетических систем. В книге рассмотрены и данные по древней ДНК, позволяющие – эпоха за эпохой – проследить историю генофонда Европы. А совместный анализ количественных лингвистических и генетических данных выявляет непростую связь языков и генофондов. Особую актуальность для российской науки имеют исследования славянских и северокавказских народов, которым посвящены отдельные главы.

Фрагменты из книги опубликованы на сайте: http://генофонд.рф/?page_id=5166, http://генофонд.рф/?page_id=5412, http://генофонд.рф/?page_id=5467, http://генофонд.рф/?page_id=5500, http://генофонд.рф/?page_id=5561, http://генофонд.рф/?page_id=5590, http://генофонд.рф/?page_id=5608, http://генофонд.рф/?page_id=5629, http://генофонд.рф/?page_id=5927, http://генофонд.рф/?page_id=5973, http://генофонд.рф/?page_id=6381, http://генофонд.рф/?page_id=6413, http://генофонд.рф/?page_id=6478, http://генофонд.рф/?page_id=6491

2. ЗАСЕЛЕНИЕ ДРУГИХ КОНТИНЕНТОВ

В уходящем году генетическими методами удалось пролить свет на некоторые спорные моменты заселения не только Евразии, но и других континентов:

Америка

Две работы, основанные на полногеномных данных, обеспечили большой рывок в изучении истории генофонда двойного американского континента. В статье команды **Дэвида Райха [Skoglund et al., 2015],** помимо основной миграции из Сибири, давшей начало всем



коренным популяциям Америки, обнаружен – пока загадочный — «австрало-меланезийский след» у некоторых популяций южноамериканских индейцев.

В статье команды **Эске Виллерслева [Raghavan et al., 2015]** обнаружен тот же след, хотя показано, что его источник мог включать, кроме Австрало-Меланезии, еще и Восточную Азию. Кроме того, в этом исследовании публикуется большой массив новых генетических данных по древним и современным геномам американских индейцев, обосновывается миграция в Америку только после максимума последнего оледенения около 23 тысяч лет назад, отрицается и длительная «инкубация в Берингии», и особая миграция предков на-дене, а отделение ветви южных американдов (индейцев) от северных датируется примерно 13 тысяч лет назад. http://генофонд.рф/?page_id=4212

Австралия



В работе **[Nadle et al., 2015]** проведен первый анализ большой выборки (657 человек) Y-хромосом австралийских аборигенов. Авторы подтвердили гипотезу раннего (около 50 тыс. лет назад) заселения Австралии и длительной изоляции Австралии и Новой Гвинеи. Не найдено доказательств миграций в Австралию из Индии в голоцене. А вот европейская колонизация в конце XVIII века драматически сократила долю коренных австралийских гаплогрупп: более половины их Y-хромосомного генофонда впитало «колониальные» гаплогруппы, и только 44% генофонда – гаплогруппы коренного населения Австралии.

3. НОВЫЕ ДАННЫЕ О ДРУГИХ ВИДАХ ЧЕЛОВЕКА И О ВЫХОДЕ ИЗ АФРИКИ

Неандертальцы встречались с сапиенсами не только в Европе

Команда **Сванте Паабо** прочитала геном человека современного вида, жившего на территории сегодняшней Румынии около 40 тыс. лет назад и обнаружила в нем 6-9% неандертальской ДНК. Анализ показал, что она была приобретена всего за 4-6 поколений до его жизни. Это означает, что метисация сапиенсов и неандертальцев случалась не только на Ближнем Востоке 50-60 тыс. лет назад, но и позже – уже в самой в Европе **[Fu et al., 2015]** http://генофонд.рф/?page_id=3973

Частично секвенированы еще два генома денисовцев

В новой статье команды **Сванте Паабо** представлены антропологические и генетические данные по двум образцам – двум



зубам из Денисовой пещеры. Поскольку генетически подтвердилась их принадлежность к денисовскому человеку, а не к неандертальцам, сделан вывод, что эти представители «параллельного человечества» жили в Денисовой пещере долго, а может быть, заселяли ее дважды, по очереди с неандертальцами. **[Sawyeret et al., 2015]** http://генофонд.рф/?page_id=6268

Первый древний африканский геном и обратные миграции в Африку

В работе **[Lorenteetal et al., 2015]** представлен первый в мире секвенированный древний геном из Африки — первый эталонный африканский геном. Его сравнение с современными показал, что вклад евразийской обратной миграции в Африку составляет 4-7% в современных африканских геномах. С учетом этой миграции и неандертальский след в геномах современных африканских популяций должен быть не нулевым, а составлять 0,2-0,7%. http://генофонд.рф/?page_id=4965

Археологического блока, к сожалению, нет, но отнюдь не из-за отсутствия в археологии важных открытий, а только из-за ее специфики – от открытия до его публикации проходит не один год, а на ознакомление всех ведущих специалистов с вышедшими книгами требуется еще дополнительное время. Поэтому важнейшие итоги археологии за 2015 год нельзя подвести в 2015 году, а можно будет сделать только через год или два. Сенсационные открытия в археологии также могли бы

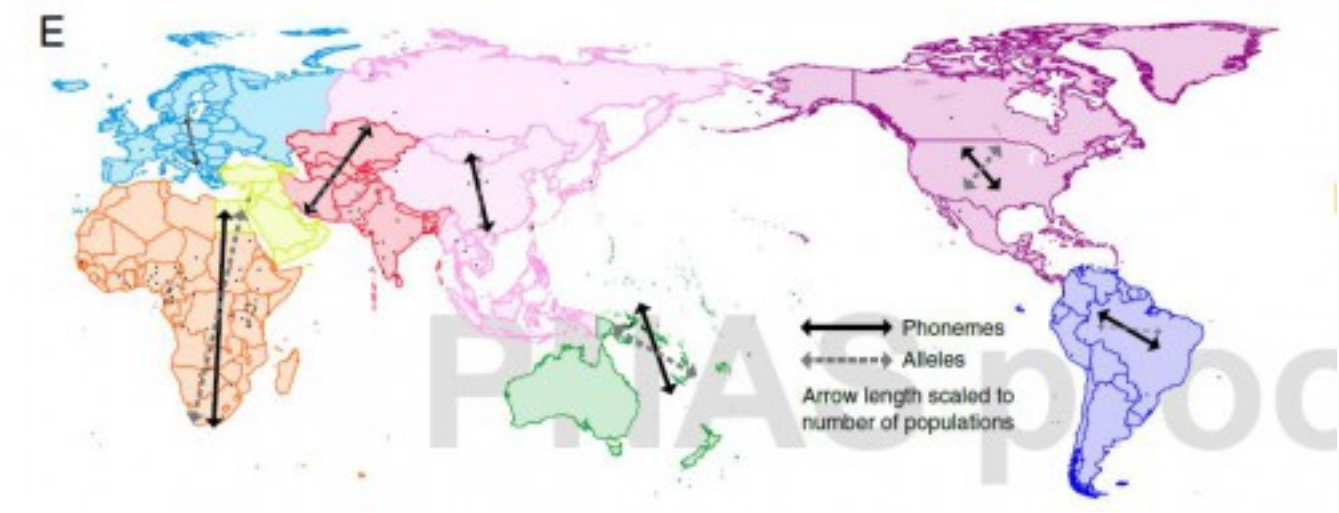
быть отмечены, но они не затрагивают основную тему сайта — вопросы преемственности и миграций, этногенеза. А те, что затрагивают, проявляются в публикациях прежних лет: обычно интерпретация и обработка у археологов запаздывает на несколько лет по сравнению с полевыми открытиями, да и поступление специальной литературы в археологические библиотеки сейчас у нас нарушено. Вероятно, стоило бы сделать отдельный обзор событий в археологической науке, вне годичных рамок.

4. **ЛИНГВИСТИКА**

Последний блок – по лингвистическим открытиям года — появился благодаря нашим коллегам-лингвистам.

В междисциплинарном «зачете» можно отметить статью:

Creanza N, Ruhlen M, Pemberton TJ, Rosenberg NA, Feldman MW, Ramachandran S. 2015. A comparison of worldwide phonemic and genetic variation in human populations. *PNAS* 112(5): 1265–1272. http://www.pnas.org/content/112/5/1265.abstract
В ней на большом материале, охватывающем основные регионы Земли, исследуются корреляции между фонетическими особенностями языков и генетической филогенией соответствующих популяций. Интересное исследование и редкий случай здравого, аккуратного и сбалансированного подхода к объединению генетики с лингвистикой. Как известно, подобный синтетический анализ весьма популярен в научной печати последние годы, но во многих случаях (если не в большинстве случаев) полученные результаты оказываются неприемлемыми с точки зрения лингвистов.



Однако результаты и выводы Creanza et al., 2015 выглядят вполне правдоподобными и для лингвистов, поскольку:

1) особенности фонетико-фонологического инвентаря могут нести филогенетический сигнал, полезный для генеалогической классификации языков;
2) фонетико-фонологические характеристики легко заимствуются при языковых контактах.

Creanza et al. доказывают, что второй эффект сильнее первого. Это означает, что вторичные языковые контакты подавляют сигнал от унаследованных фонетических черт. Поэтому и вызывают скепсис попытки реконструировать языковую филогению, опирающиеся на фонетические или, шире, грамматические признаки.
Другое важное утверждение авторов, что языковая филогения потенциально несет больше информации о древних миграциях и контактах, чем генетическая классификация популяций.

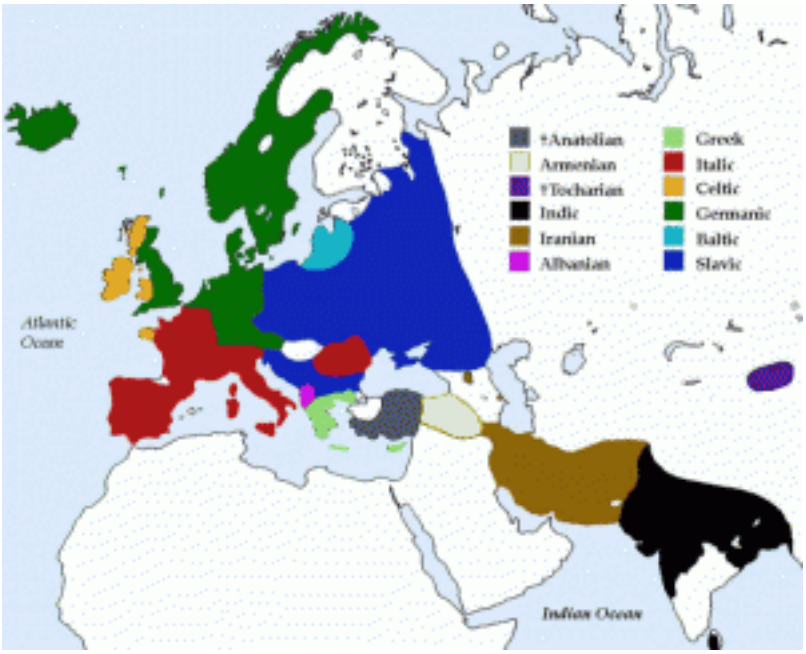
К частным результатам нужно отнести опровержение идеи К. Аткинсона о том, что количество фонем в отдельных языках мира подтверждает гипотезу африканской прародины человека разумного [Atkinson QD. 2011. Phonemic diversity supports a serial founder effect model of language expansion from Africa. Science 332: 346–349].

Методология сравнительно-исторического языкознания.

Chang W, Cathcart C, Hall D, Garrett A (2015) Ancestry-constrained phylogenetic analysis supports the Indo-European steppe hypothesis. *Language* 91(1): 194–244.
Авторы описывают ряд манипуляций как с исходными языковыми данными, так и методом филогенетического анализа (байесовским перебором), которые позволяют получить более приемлемое дерево индоевропейских языков, нежели в статьях Р.Грея и К.Аткинсона. В целом, это некоторый шаг вперед в методологии реконструкции языковой филогении.

Kassian, Alexei, Mikhail Zhivlov, George Starostin. 2015. Proto-Indo-European-Uralic comparison from the probabilistic point of

view.



Journal of Indo-European Studies 43(3-4): 301-347.

Полностью автоматизированным алгоритмом лексического сравнения авторы показывают, что фонетически схожие формы между индоевропейской и уральской базисной лексикой свидетельствуют в пользу древнего родства, а не являются случайными созвучиями. Статья интересна не столько формальным алгоритмом, сколько методологией реконструкции праязыковой семантики и общей декларируемой идеей, что любая математизация сравнительно-исторического языкознания тем больше оправдана, чем адекватнее она моделирует ручную работу традиционного лингвиста-эксперта.

Научно-популярная литература

Г. С. Старостин (при участии А. В. Дыбо, А. Ю. Милитарёва, И. И. Пейроса). 2015. *К истокам языкового разнообразия: Десять бесед о сравнительно-историческом языкознании с Е. Я. Сатановским.* Москва: Дело.

Книга, написанная в жанре диалога с представителями Московской школы компаративистики, представляет собой доступное изложение теоретических и методологических оснований, на которых оказывается возможной реконструкция древних праязыков современного языкового разнообразия. Основная цель издания — доходчиво объяснить, чем реконструкция глубоких праязыковых состояний, таких как праностратический или прасино-кавказский, отличается от реконструкции более мелких праязыков, таких как праиндоевропейский; дать общую оценку перспективам развития сравнительно-исторического языкознания и роли этой дисциплины в ряду других наук о предыстории человечества; а также познакомить читателя с текущими результатами исторических исследований языкового разнообразия Земли.