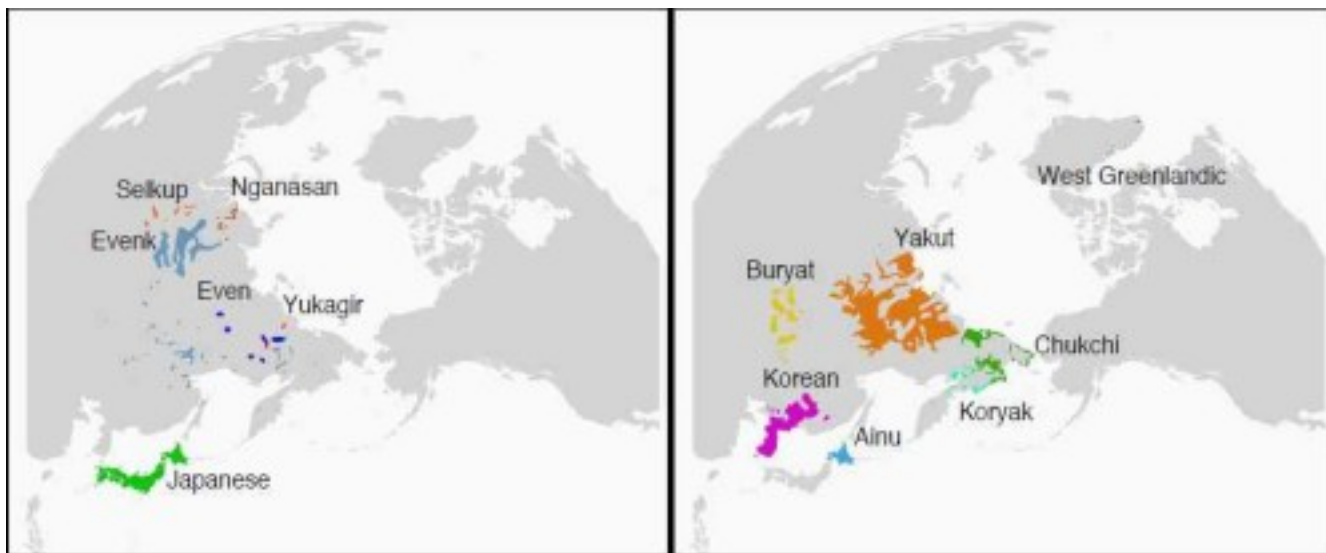


Связь генетической и культурной эволюции в Северо-Восточной Азии

В 13 популяциях Северо-Восточной Азии сопоставлены данные по генетическому и культурному (на примере особенностей языка и музыки) разнообразию. Из всех типов данных наибольшую связь с генетикой показала грамматическая конструкция языка. По мнению авторов, она наиболее точно отражает историю популяции.

В статье, [опубликованной на сайте препринтов](#), сделана попытка найти связь между генетической и культурной эволюцией у народов Северо-Восточной Азии, в том числе Восточной Сибири. Генетическое разнообразие народов исследователи оценивают по маркерам однонуклеотидного полиморфизма (SNP), а культурное разнообразие — по двум характеристикам: языковым и музыкальным. Сравнивая культуру народов с их генетическим родством, они поставили перед собой задачу выяснить, в какой степени культурные особенности отражают историю популяций. До сих пор в подобных междисциплинарных исследованиях проводилось сопоставление народов лишь по генетике и языку. Но языки сформировались в исторических масштабах не так давно, поэтому такое сравнение не дает возможность проследить эволюцию глубоко во времени. Авторы исходят из того, что музыка как разновидность человеческой культуры имеет более древние корни, чем язык.

Регион Северо-Восточной Азии отличается очень большим языковым разнообразием населяющих его народов. В работе исследованы 13 популяций, представляющих 10 лингвистических семей или изолятов. Это корейцы, японцы, айны, коряки, чукчи, якуты, эвены, юкагиры, эвенки, буряты, инуиты, селькупы и нганасаны. Корейцы, айны и юкагиры – лингвистические изоляты; буряты, японцы, якуты, инуиты Западной Гренландии – представляют монгольскую, японскую, тюркскую и эскимосо-алеутскую языковые семьи, соответственно; коряки и чукчи представляют чукотско-камчатские языки, эвены и эвенки – тунгусские, селькупы и нганасаны – уральские.



Географическое расположение исследуемых популяций Северо-Восточной Азии.

В лингвистическом сравнительном анализе авторы использовали три вида данных: лексические (по стандартным спискам слов, спискам Сводеша), грамматические (21 признак) и фонологические (84 признака). По каждому виду данных они вычислили расстояния между популяциями.

Особенности музыки изучаемых народов исследовали по анализу 264 записей традиционных песен: каждую запись оценивали

по 41 параметру (разные характеристики ритма, строя, стиля). На основании этого анализа были вычислены музыкальные расстояния между популяциями.

Генетические данные (по широкогеномным SNP маркерам) авторы взяли из открытых источников по опубликованным статьям; общая база включает 273 индивидов, генотипированных по 68 658 SNP. По этим данным были вычислены генетические расстояния между популяциями.

Сопоставляя матрицы расстояний между популяциями, авторы построили по каждому виду данных сети, которые отражают близость тех или иных популяций. И эти сети – генетическая, лексическая, грамматическая, фонологическая и музыкальная — оказались не слишком похожи друг на друга.

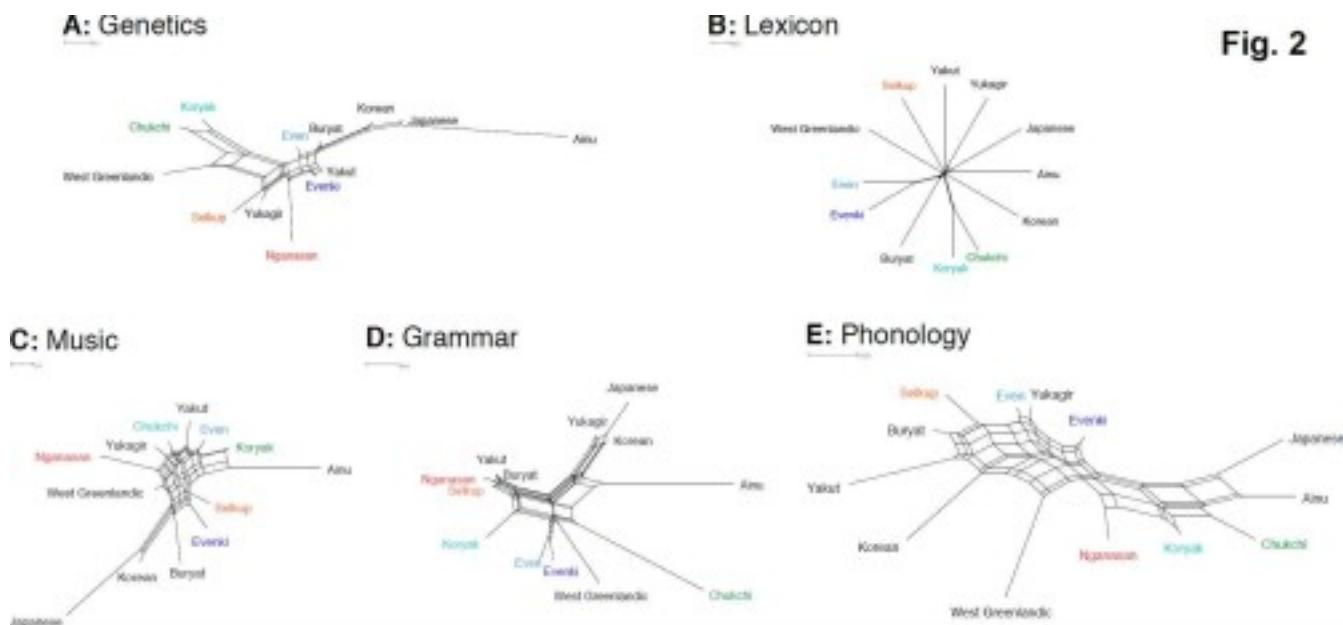


Fig. 2

Сети, построенные для 13 популяций по матрицам расстояний в разных системах: генетика, лексика, музыка, грамматика, фонология. Цвета соответствуют языковым семьям.

Лексические данные, как убедились исследователи, соответствуют принадлежности популяций к тем или иным языковым семьям. Поэтому по лексическим данным невозможно проследить историю популяций вне этих семей. Сходство в грамматической и фонетической структурах языков не всегда напрямую связано с их принадлежностью к родственным семьям. Это сходство может быть результатом недавних контактов и не иметь глубокие исторические корни.

Корейцы и японцы оказались близки по грамматике, генетике и музыке, но не по фонетике. Айны проявляли значительное генетическое сходство и в меньшей степени грамматическое сходство с японцами и корейцами, а по особенностям музыки были наиболее близки к корякам. Это может отражать различные уровни генетического, лингвистического и музыкального обмена на разных этапах истории. По мнению авторов, грамматические особенности могут отражать общие исторические корни айнов, японцев и корейцев, уходящие к древней популяции охотников-собирателей Дзёмон, населявшей Японский архипелаг 15 тыс. лет назад. В то же время, особенности музыки могут отражать более недавние (в течение 1500 лет) культурные связи айнов с охотской и другими дальневосточными популяциями. Буряты и якуты оказались близки по генетике, грамматике и фонетике, но не по музыке. Инuitы Западной Гренландии не проявили заметного сходства ни с одной из популяций.

Основной вывод авторов — в том, что в наиболее сильной корреляции с генетическими данными состоят грамматические. Иными словами, грамматическое сходство в наибольшей степени отражает генетическое сходство, а значит, грамматика в языке более консервативна, чем лексика и фонетика. Связи между всеми остальными типами данных были более слабыми.

Исследователи не получили ожидаемого ими результата, что музыкальные особенности народов отражают их генетическую историю. Последнее было показано в недавнем исследовании австронезийских популяций в Тайване, где музыка в большей степени коррелировала с генетикой, чем язык (хотя в том исследовании брали данные по митохондриальной ДНК, были и другие методические различия).

Эволюционные процессы, влияющие на язык и культуру народов, могут сильно отличаться от тех, которые влияют на

генофонд, пишут авторы. Например, культурные заимствования и изменения в языке под влиянием колонизации или иных социополитических факторов, могут происходить поверх границ языковых семей и очень быстро, иногда в пределах одного поколения. Поэтому языковая и культурная эволюция не совпадает с генетической эволюцией.

Однако, отмечают исследователи, им удалось продемонстрировать связь между широкогеномными SNP маркерами и грамматическими особенностями языка в популяциях разных языковых семей в Северо-Восточной Азии. Таким образом, грамматическая структура может прослеживать историю популяций более точно, чем другие культурные черты, включая особенности музыки и даже лексику языка.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Exploring deep-time relationships between cultural and genetic evolution in Northeast Asia

Hiromi Matsumae et al.

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/513929v1>