

C. Renfrew

The article studies the issue of the Indo-European homeland focusing on a new synthesis between the disciplines of historical linguistics, prehistoric archaeology and molecular genetics. It is argued that the demographic, economic and social processes underlying the existence of language families of very great territorial extent (as it is the case of Indo-European) must be carefully elucidated in order to provide meaningful explanation for those family distributions. The problem of time depth in the origin of language families should be also adequately handled.

Considering various aspects of world language dispersal the author suggests that many of the «Post-Pleistocene» language families (among which Indo-European and Afroasiatic) are the product of episodes of language replacement. Some major homelands, e.g., Indo-European, Proto-Altalic, Afroasiatic are located on the basis of the farming dispersal hypothesis. Concerning proto-Indo-European speakers, they can probably be identified with the first Neolithic farmers. This idea of the author is entirely in harmony with the linguistic arguments advanced by A. Dolgopolsky.

© 1998 г.

ЯЗЫКИ, ГЕНЕТИКА И АРХЕОЛОГИЯ

Проблема индоевропейской прародины давно занимает исследователей. Чаще всего предполагаемую прародину помещали на территории Украины, Южной России или Восточной Европы. Наибольшую известность среди подобных точек зрения приобрела «курганная» гипотеза Марии Гимбутас. В последние годы на Западе активно разрабатываются теории, отчасти близкие к концепции Гимбутас¹. В то же время другие ученые находят лингвистические аргументы в пользу локализации индоевропейской прародины в Восточной Анатолии². В оригинальном исследовании К. Ренфрю³ автор попытался объединить новые теории с моделью расселения народов, разработанной А. Аммерманном и Л. Кавалли-Сфорца⁴ для доказательства того, что новые сельскохозяйственные и сопутствующие технологии были принесены в Европу с Ближнего Востока земледельческим населением в неолитический период.

После выхода вышеупомянутой книги К. Ренфрю дискуссии о происхождении и распространении индоевропейских языков были перенесены из сферы традиционных наук – лингвистики и археологии – в новую область – генетику. После появления этой книги в исследовании генетической истории народов стали широко применяться два различных подхода. Во-первых, оказалось возможным экстраполировать в прошлое генетику *современных* человеческих популяций. Внутри этого подхода выделяются два основных направления: 1) использование *популяционных* частот аллелей ядерных генов, исходя из данных гелевого электрофореза протеинов или иммунологической информации о группе крови; 2) использование данных о последовательности ДНК (деоксирибонуклеиновой кислоты), в частности митохондриальной ДНК (мтДНК).

¹ См. *Mallory J.P.* In Search of the Indo-Europeans: Language, Archaeology and Myth. L., 1989; *Anthony D.W.* The Archaeology of Indo-European Origins // JIES. 1991. 19. P. 193–222.

² *Гамкрелидзе Т.В., Иванов Вяч.Вс.* Индоевропейский язык и индоевропейцы. Тбилиси, 1994; *Dolgopolsky A.* More about the Indo-European Homeland Problem // *Mediterranean Language Review*. 1993. 6. P. 230–248.

³ *Renfrew C.* Archaeology and Language: the Puzzle of Indo-European Origins. L., 1987.

⁴ *Ammermann A.J., Cavalli-Sforza L.L.* The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe. Princeton, 1984.

которые могут выявить различие этих последовательностей у индивидов как следствие мутаций и т.п. процессов. Данные, получаемые посредством этих двух методов, различаются по своему характеру и не обязательно относятся к одному и тому же временному периоду, поскольку частоты популяционных генов определяются главным образом генетическими отложениями (drift), тогда как мутации с этим не связаны. В очень важном исследовании Л. Кавалли-Сфорца и соавторов⁵ было обобщено огромное количество данных по частотам ядерных генов в современных популяциях, построены эволюционные «деревья», связывающие все изученные человеческие популяции, и сделана попытка соотнести эти филогенетические «деревья» с археологическими свидетельствами и с теориями развития и распространения человеческих языков. Их конечной целью была оценка идеи Ч. Дарвина относительно того, что эволюция человеческих популяций шла параллельно с эволюцией и распространением человеческих языков.

Второй подход заключается в изучении древних популяций непосредственно по ДНК, извлеченным из костных останков, которые были обнаружены при археологических раскопках. Эта область переживает сейчас период становления и сложности, связанные с методологическими проблемами, что характерно для всех новых направлений, но уже появились некоторые интересные результаты. В этом случае основной прием – установление последовательностей ДНК у индивидов, поскольку сейчас нет и, возможно, никогда не будет достаточного количества данных для прямого расчета частот ядерных генов в древних популяциях. Тем не менее, сочетая изучение генетики древнего и современного человека, оказывается возможным проследить распространение в древности человеческих популяций, которые претендуют на роль праиндоевропейцев.

Исследование происхождения и ранней истории индоевропейцев охватывает сейчас ряд совершенно различных научных дисциплин: лингвистику, археологию, историю, генетику и молекулярную биологию. Полноценные гипотезы должны учитывать как можно больше данных по каждой дисциплине. Следовательно, необходим междисциплинарный подход к проблеме, однако одному человеку невозможно в совершенстве владеть всеми этими дисциплинами. Я начну, пожалуй, с того, что кратко расскажу о своем опыте. Будучи классиком по образованию (древнегреческий и латынь), я провел немало лет, занимаясь исследованиями по древней истории и археологии. Впоследствии я перешел в область археологии и проработал несколько лет в лаборатории молекулярной биологии, занимаясь древними ДНК. Поэтому, я думаю, моя подготовка позволяет мне оценить различные аргументы, выдвигаемые археологами, лингвистами и генетиками. Цель этой статьи – рассмотрение ряда проблем интерпретации генетических свидетельств, а также некоторых новых результатов, полученных генетикой, которые имеют отношение к основным теориям происхождения индоевропейцев, предложенным лингвистами и археологами.

Новая область – молекулярная генетика – является мощным инструментом в таксономии и систематике. Она нередко позволяет установить эволюционные отношения в ботанике и зоологии, где изучение морфологии дает неоднозначные, неуверительные или вводящие в заблуждение результаты, главным образом из-за неспособности морфологических исследований различать сходство как следствие конвергентной эволюции неродственных генотипов от сходства, которое объясняется происхождением от общего предка. Что касается человеческих популяций, результаты, полученные молекулярной генетикой, покоятся на гораздо более прочном основании, чем результаты методов, применяемых в физической антропологии, например в краниометрии. В прошлом краниометрия часто использовалась при изучении древних человеческих популяций, но сейчас она не внушает доверия, поскольку форма черепа подвержена влияниям окружающей среды и может изменяться довольно быстро от поколения к поколению. Следовательно, она не может использоваться в качестве

⁵ Cavalli-Sforza L.L., Menozzi P., Piazza A. The History and Geography of Human Genes. Princeton. 1994.

признака, позволяющего проследить движение популяций в истории. Несмотря на то что молекулярная генетика является надежным инструментом при изучении популяций, существует ряд проблем использования генетических данных, которые должны учитываться лингвистами и археологами.

Во-первых, результаты филогенетических исследований всегда являются статистическими по своей природе. Можно говорить о вероятности, но не о несомненности факта. В этом смысле молекулярная генетика, применяемая для решения исторических проблем, похожа на другие исторические науки, в которых теории строятся на основании очень фрагментарных (и часто неадекватных) свидетельств, оставляющих место для появления противоречащих теорий, основанных на тех же самых свидетельствах. И постоянно присутствует возможность того, что выводы могут быть неверными. Дискуссии между сторонниками различных теорий не имеют конца. Во-вторых, существуют различные методы построения «деревьев», описывающих эволюционные отношения между популяциями. Многие ученые не принимают метод усредненных связей, использованный Л. Кавалли-Сфорца и соавторами при анализе данных о частоте генов⁶, хотя в целом совпадение результатов применения метода усредненных связей к данным о частоте ядерных генов с археологическими и лингвистическими данными, продемонстрированное авторами, бесспорно, свидетельствует о том, что большая часть их результатов вполне приемлема. В-третьих, для анализа необходимо найти генетические данные, которые изменяются со скоростью, сопоставимой со скоростью изменения изучаемого объекта, в данном случае с языковой эволюцией.

Здесь могут возникнуть некоторые трудности, поскольку различные части человеческого генома изменяются с разной скоростью. Сравнение цепочек аминокислот в протеинах показывает, что на аминокислотном уровне 99% последовательностей генов у человека идентичны последовательности генов шимпанзе. Медленная скорость расхождения в функциональных цепочках протеинов объясняется сильным давлением естественного отбора – стремлением сохранить в работоспособном состоянии последовательности ДНК, которые обеспечивают синтез жизненно необходимых протеинов или выполняют важные регуляторные функции. Однако в то же время не исключено, что полиморфизм ДНК (существование в одной популяции множества родственных, но слегка различающихся цепочек в пределах одного генетического локуса) может передаваться на протяжении миллионов лет, даже в процессе образования видов. Изучение системы ОКГ (основного комплекса гистосовместимости) – части иммунной системы человека – показало, что большинство совокупных вариаций аллелей, наблюдаемых в этой системе, появились задолго до расхождения предков современного человека и предков современных шимпанзе⁷. Ясно, что эта часть генома не может быть использована при решении проблемы расхождения языков, а возможно, также и при рассмотрении ряда проблем на таксономическом уровне *вида* или *рода*. В то же время сама сложность этого полиморфизма может дать важную информацию об эффективной численности популяций (т.е. о размере репродуктивного сегмента популяции) в прошлом.

Одни части генома человека изменяются быстрее, чем другие, особенно те, которые не связаны с кодированием функциональных протеинов, например сопутствующие и микросопутствующие ДНК. Эти части генома, которые, вероятно, могут выполнять другие важные функции, такие, как обеспечение тесной связи двух цепочек ДНК, используются для идентификации *индивидов*, в наше время нередко – в судебной медицине. На уровне *популяции* гипервариативные части митохондриальной ДНК (мтДНК) используются главным образом в эволюционных исследованиях в области молекулярной генетики человека, потому что эти части изменяются достаточно быстро, хотя и медленнее, чем микросателлиты ДНК. Более того, тот

⁶ Ibid.

⁷ *Ayala F. The Myth of Eve: Molecular Biology and Human Origins // Science. 1995. 270. P. 1930–1936.*

факт, что у человека мтДНК передается исключительно по материнской линии, упрощает изучение наследственности.

МтДНК целесообразно использовать при исследовании временных масштабов эволюции человека. Знаменитая «африканская теория» возводит все существующие в настоящее время последовательности мтДНК к одной конкретной женщине (которая, как полагают, входила в популяцию, насчитывавшую по меньшей мере 10 000 особей – предков современного человека), жившей в Африке, возможно, 100 000 или 200 000 лет тому назад. Все другие линии (по меньшей мере 9 999) не сохранились. Эта модель постепенного угасания линий отражает обычное явление, регулярно отмечаемое в современных исследованиях по исторической демографии человеческих популяций. Недавние исследования, использовавшие расположенные на Y-хромосоме молекулярные маркеры для установления преемственности по отцовской линии, в целом подтверждают «африканскую теорию». Ей не противоречат и данные о частоте ядерных генов. Сходство результатов, полученных от различных молекулярных маркеров, очень важно для установления достоверности результатов.

На временной шкале эволюции мтДНК все европейские популяции очень сходны. Баски, которые говорят на изолированном языке, не настолько отличаются от других европейских народов с точки зрения их мтДНК, как этого можно было бы ожидать, исходя из уникальности их языка. Сходство басков с другими народами Европы, подтверждаемое молекулярными маркерами, которые отражают очень большую временную глубину, вполне совместимо с идеей некоторых лингвистов (хотя и не доказывает ее) о том, что баскский язык может быть генетически родственен другим изолированным языкам, таким, как кавказские, этрусский и шумерский. Все эти языки могли быть частью большого «средиземноморского» субстрата, который, как полагают, предшествовал распространению индоевропейских языков. В то же время изолированность баскского от всех других языков, на которых говорят сегодня в Европе, поддерживается данными о частоте ядерных генов, которые демонстрируют заметное расхождение между басками и остальным населением Европы. Например, частота RH' (отрицательного резуса) в Европе только у басков превышает 50%; частота самого распространенного аллеля циститного фиброза ($\Delta F 508$) также достаточно высока. Можно выдвинуть идею, что эволюция частот ядерных генов имеет более короткую временную шкалу (несколько тысяч лет), чем эволюция цепочек ДНК, отражающаяся в мтДНК. Следовательно, данные о частоте ядерных генов относятся к периоду изоляции баскского языка, тогда как свидетельства мтДНК отражают более древний период, когда протобаскский мог быть менее изолированным от других современных ему языков, чем это имеет место сегодня.

К какому времени можно отнести этот более древний период? Наиболее разумная из интерпретаций, известных в настоящее время, заключается в том, что баски ведут свое начало из верхнего палеолита, еще до проникновения земледелия в Европу, однако точная датировка затруднительна⁸. Некоторые другие средиземноморские регионы, где когда-то, вероятно, были распространены неиндоевропейские языки, например Лигурия и Тоскана в Италии, Греция, Югославия, в генетическом отношении, как и баски, представляя особый случай. Некоторые ученые могли бы возразить против того, что данные мтДНК у европейских популяций отражают в основном ситуацию в палеолите. Например, разброс данных о цепочках мтДНК у болгар и турок объясняется как непосредственное отражение расселения в Европе древних предков современного человека, возможно, 40 или 50 тысяч лет тому назад⁹. Очевидно, что не все данные, полученные генетикой, могут быть использованы при решении индоевропейской проблемы. Однако дискуссия показала, что различные типы генетических данных открывают выход в различные периоды прошлого.

⁸ *Bertranpetit J. et al. Human mtDNA Variation and the Origin of Basques // Annals of Human Genetics. 1995. 59. P. 63–81.*

⁹ *Calafell F. et al. From Asia to Europe: mtDNA Sequence Variability in Bulgarians and Turks // Ibid. 1996. 60. P. 33–49.*

Оказывается возможным даже исследовать эволюцию в период протяженностью всего лишь в несколько поколений. Открытие редкого феномена гетероплазмы (наличия у одного человека *двух* различных митохондриальных цепочек) у некоторых членов бывшей российской царской семьи позволило не так давно доказать подлинность останков царя Николая II¹⁰.

Возможность применения данных генетики ко времени, отстоящему от нас на 50 тысяч лет или всего лишь на 30 лет, выдвигает на передний план такую важную проблему, как *датировка*. Очень трудно датировать появление расхождений между популяциями на филогенетических «деревьях», поскольку трудно дать количественную оценку генетической эволюции (для данных о частоте генов) и мутации (для данных о цепочках ДНК). Например, недавно в двух статьях, вышедших одновременно¹¹, были предложены датировки соответственно 33 000–49 000 лет и 188 000 лет тому назад для последнего предка существующих сейчас линий с Y-хромосомой (мужской). Аналогичные проблемы возникают и у лингвистов. Например, А. Долгопольский¹² выступил с критикой Дж. Мэллори¹³, допускающего слишком короткий период времени для расхождения праанатолийского и праиндоевропейского. Такая дискуссия должна предполагать наличие единой оценочной шкалы эволюции всех языков. Однако известно, например, что балтийские языки (литовский и латвийский) в настоящее время по некоторым признакам ближе к праиндоевропейскому, чем древнегреческий 3000 лет тому назад. Поэтому для меня не очевидно (впрочем, я не претендую на то, чтобы считаться крупным экспертом в лингвистике), что одного тысячелетия между, скажем, ямной культурой 3500 г. до н.э. и значительным разрывом в археологических культурах Турции конца периода ранней бронзы II (2300 г. до н.э., предположительно фиксирующего начало политической географии хеттской Анатолии эпохи средней – поздней бронзы), было бы недостаточно для расхождения праанатолийского и праиндоевропейского (особенно если отбросить индо-хеттскую гипотезу), после которого анатолийские имена собственные начали появляться в староассирийских табличках конца III тыс. до н.э. (Однако теория Р. Друза¹⁴ в любом случае оставляет недостаточно времени для расхождения основных ветвей индоевропейской языковой семьи.)

Следует признать, что с датировками и хронологией в генетике дела обстоят не лучше, чем в исторической лингвистике, поэтому может показаться, что от генетики лингвистам мало пользы. Было много дискуссий относительно возможности существования молекулярных часов, но этот вопрос выходит за рамки нашей статьи. Однако для проблемы, связанной с языком, очень важно обсудить датировку изменений частоты ядерных генов, отмечающихся от Юго-Восточной Европы до Северо-Западной. А. Аммерманн и Л. Кавалли-Сфорца¹⁵ используют этот факт в поддержку идеи о миграциях групп земледельцев с Ближнего Востока (в соответствии с демографической моделью *волнового продвижения*, *wave-of-advance*), распространивших по Европе новый экономический уклад в период неолита. Г. Хаарманн в своей в основном удачной статье¹⁶ отвергает связь данных о частоте ядерных генов с распространением земледелия; он считает, что они (как и данные о мтДНК) должны связываться с расселением древних предков современного человека. Г. Хаарманн предложил для распространения земледелия в Европе модель *диффузии идей* (*idea diffusion*).

¹⁰ *Ivanov P.L. et al. MtDNA Sequence Heteroplasmy in the Grand Duke of Russia Georgij Romanov Establishes the Authenticity of the Remains of Tsar Nicholas II // Nature Genetics. 1996. 12. P. 417–420.*

¹¹ *Hammer M.F. A Recent Common Ancestry for Human Y-chromosomes // Nature. 1995. 378. P. 376–378; см. также и другие статьи этого номера журнала «Nature».*

¹² *См. Dolgopolsky. Op. cit.*

¹³ *Mallory. Op. cit.*

¹⁴ *Drews A. The Coming of the Greeks. Princeton, 1989.*

¹⁵ *Ammermann, Cavalli-Sforza. Op. cit.*

¹⁶ *См. Haarmann H. Contact Linguistics, Archaeology and Ethnogenetics: an Interdisciplinary Approach to the Indo-European Homeland Problem // JIES. 1994. 22. P. 265–288. В целом эта статья не вызывает у меня возражений.*

Эта дискуссия показала, что однородные наборы мтДНК у европейских популяций действительно соотносятся с расселением древних предков современного человека, тогда как данные о частоте ядерных генов, демонстрирующие высокую степень разнородности, должны быть отнесены к более поздней стадии расхождения европейских популяций. Вероятность этого построения определяется тем, что оно связывается с распространением земледелия и, следовательно, предполагает физическую миграцию земледельцев в Европу через Балканы (хотя, как считают многие археологи, это продвижение могло иссякнуть, не достигнув западных окраин Европы – Иберии и Британии). Хаарманн также не рассматривает данные о растениях и животных, используемых древними земледельцами. Поскольку все эти растения и животные, за редкими исключениями, были domesticiрованы на Ближнем Востоке, очевидно, что их появление в Европе требовало физического перемещения, а не только распространения идей. В одной из статей¹⁷ было показано, что генетические характеристики крупного рогатого скота в Европе описываются филогенетическим «деревом», которое может быть соотнесено с моделью распространения групп населения, предложенной А. Аммерманном и Л. Кавалли-Сфорца¹⁸. Сходство генетических моделей людей и животных убедительно свидетельствует о том, что изменение частоты генов у людей было действительно связано с физическим перемещением населения в эпоху неолита.

Что касается растений, особый интерес представляют раскопки в пещере Франкти в Арголиде (Греция)¹⁹. Франкти – единственное место в Европе, где дикие злаки (дикий ячмень, *Hordeum spontaneum*) были обнаружены в археологических слоях, предшествующих появлению земледелия, что делает теоретически возможным местное развитие орошаемого земледелия в Европе. Однако отмечается разрыв примерно в 500 лет между первым неолитическим поселением на городище и более ранней мезолитической культурой, имевшей доступ к дикому ячменю. Более того, мезолитическая культура охотников-собирателей и земледельческая культура неолита совершенно различны. Наиболее разумно было бы считать, что этот тип сельского хозяйства был принесен в рассматриваемую область населением, мигрировавшим из Анатолии, вместе с одомашненными растениями и животными и сопутствующей технологией.

Мы приходим к выводу о том, что изменения в частоте генов у человеческих популяций от Юго-Восточной Европы до Северо-Западной были вызваны миграцией земледельческого населения из Анатолии. Генетические и археологические данные периода неолита хорошо соотносятся между собой. Однако эти данные не содержат никакой информации относительно того, что древние земледельцы Анатолии были праиндоевропейцами. Это совершенно самостоятельная гипотеза, которая требует независимого исследования и от которой придется отказаться, если она вступит в противоречие с результатами лингвистической палеонтологии. Хотя сельское хозяйство праиндоевропейцев основывалось не только на скотоводстве (несмотря на важное место лошади в реконструируемой культуре), но, несомненно, носило смешанный земледельческо-скотоводческий характер, сохранилось мало праиндоевропейских терминов, относящихся к domesticiрованным растениям и земледелию. Мы можем процитировать вывод из недавней работы о терминах, обозначающих злаки в русском языке: «Можно заключить, что, несмотря на большую древность пшеницы и ржи, большинство соответствующих русских слов в специфическом значении злакового растения обычно не выходит за пределы общеславянского»²⁰.

В греческом языке много лексики, обозначающей флору, характерную для Восточного Средиземноморья. Эта лексика восходит к неидентифицированному «до-

¹⁷ Medjugorac I. et al. Marker-derived Phylogeny of European Cattle Supports Demic Expansion of Agriculture // Animal Genetics. 1994. 12. Suppl. 1. P. 19–27.

¹⁸ Ammermann, Cavalli-Sforza. Op. cit.

¹⁹ Hansen J.M. The Palaeoethnobotany of Franchthi Cave. Bloomington, 1991.

²⁰ Cooper B. Words for Rye and Wheat in Russian // Transactions of the Philological Society. 1994. 92. P. 21.

греческому» языку или языкам²¹. В то же время греческий, согласно построению К. Ренфрю, был, вероятно, первым индоевропейским языком, который выделился из праиндоевропейской общности в Европе. Особый интерес представляет обозначение мелкого «турецкого» гороха, греч. ἑρέβιθος: дикий предок этого растения, как установили ботаники, происходит из очень небольшой области на юго-востоке Анатолии. Догреческий язык или языки, из которых в греческий попали слова с суффиксами -ιθ- и -σσ-, послужили также источником многих топонимов в Южной Греции и Южной Анатолии²², большого числа терминов для обозначения ремесел, производственной лексики²³ и таких замечательных слов для описания восточносредиземноморского пейзажа, как θάλασσα «море», которое, судя по всему, отсутствовало в прагреческом. Около 50% греческих слов не имеют надежной индоевропейской этимологии. Эта ситуация, на мой взгляд, может объясняться только слиянием словарного состава двух различных языков в доисторический период. Такое развитие событий было бы сходно с норманским завоеванием Англии в 1066 г. н.э. – классическим примером феномена, обозначаемого К. Ренфрю как модель «господства элиты» (*élite dominance*), в результате которого в современном английском языке наряду с общегерманской лексикой (из англо-саксонского) имеется очень большое количество производных от латинских слов, попавших в английский через старофранцузский.

Что касается Греции, топонимы и слова, описывающие рельеф и флору, убедительно свидетельствуют о том, что греки не были автохтонным населением. Мы не должны также забывать о существовании минойской цивилизации на Крите и ее недешифрованном языке, сохранившемся на линейных табличках А. Независимо от того, что это за язык (предположение о том, что это лувийский, не встретило поддержки), он говорит о наличии в Греции высокоразвитой цивилизации, предшествовавшей греческой. По этой и ряду других причин невозможно согласиться с тем, что прагреки были первыми земледельцами в Греции. Поскольку Греция, по теории Ренфрю, была отправной точкой различных трансформаций праиндоевропейского в Европе, все сказанное делает его концепцию неубедительной. Данные генетики, свидетельствующие о перемещении населения из Анатолии, не противоречат теории Ренфрю, но и не доказывают ее. В то же время сами по себе они не могут обесценить лингвистические свидетельства, которые с ними не согласуются. Возвращаясь к терминам, связанным с флорой, необходимо отметить, что обширный «средиземноморский» субстрат, предложенный А. Мейе для объяснения нерегулярных фонетических соответствий в италийской и греческой лексике²⁴, включает слово для обозначения важнейшего продукта сельского хозяйства Средиземноморья – «вино», греч. οἶνος, лат. *vinum*. Происхождение этого слова неясно и в семитских языках. Наиболее осторожным было бы предположить, что носители индоевропейских и семитских языков заимствовали этот термин из какого-то неиндоевропейского и несемитского языка в Восточном Средиземноморье. Существенно и то, что культура виноградарства не была известна древним ближневосточным земледельцам. Они выращивали в основном однолетние злаки и овощи, но не многолетние культуры.

Греция – ворота из Анатолии в Европу – представляет интерес не только для лингвистов, но и для генетиков, поскольку у греков обнаруживаются некоторые генетические особенности, которые отличают их от остального населения Европы²⁵. Анализ, проведенный Л. Кавалли-Сфорца и соавторами, показывает, что центр распространения четвертого основного компонента сосредоточен в Греции. (Анализ

²¹ Sallares J.R. *The Ecology of the Ancient Greek World*. L., 1991. P. 30 f.

²² См. их список в монографии: *Katičić R. Ancient Languages of the Balkans*. The Hague 1976.

²³ Barber E.J.W. *Archaeolinguistics and the Borrowing of Old Indo-European Terminology* // *JIES*. 1989. 17. P. 239–250.

²⁴ Эти соответствия рассмотрены в статье: *Rosen H. Latin sacena, Heb. sakkim and the Mediterranean Substrate* // *JIES*. 1994. 22. P. 165–175.

²⁵ См. *Cavalli-Sforza, Menozzi, Piazza*. Op. cit.

основных компонентов – это метод исследования данных о частоте генов, альтернативный построению филогенетических «деревьев»). Возможно, этот генетический центр связан с греческой колонизацией I тыс. до н.э., и некоторые молекулярные маркеры, в частности такие специфические черты, как талассемия и дефицит глюкозо-6-фосфатной дегидрогеназы, увеличивающие сопротивляемость организма к малярии, действительно соотносятся с ареалом греческой колонизации. В этот период греки основали множество колоний на всем протяжении от Испании до Афганистана. Однако многие из этих колоний были сначала очень небольшими. Геродот (IV.153) сообщает, что экспедиция, которая основала Кирены в Ливии, состояла всего лишь из двух пятидесятивесельных кораблей.

Мы еще вернемся к вопросу о численности населения. Можно однако считать общим принципом следующий: чем позднее происходило перемещение населения, тем меньше это отразится на современном распределении частот ядерных генов. Более того, центр распространения четвертого основного компонента включает ареалы на юге Балкан, которые не были заселены греками в историческое время. Следовательно, напрашивается альтернативное объяснение²⁶, что этот генетический центр по меньшей мере включал носителей догреческого языка (языков), которые могли быть потомками первых земледельцев в Греции. Независимо от того, будет ли эта теория принята, остается фактом, что генетика не может ответить на вопрос, на каком языке говорило то или иное население. Всегда будут возможны различные гипотезы.

Вопрос о количественном соотношении мигрирующих групп населения и жителей тех областей, куда пришли мигранты, исключительно важен для понимания их соответственной доли в современном распределении частот генов, так как, судя по всему, две сливающиеся популяции вносят вклад в новый генофонд пропорционально своим размерам. Это статистическая тенденция, полученная на основе эмпирических наблюдений, но не абсолютное правило, поскольку переход генов от одной популяции к другой может пройти достаточно быстро и быть очень значительным в количественном отношении. В случае переселения неолитических земледельцев из Анатолии в Европу в соответствии с моделью распространения человеческого популяций следует ожидать, что гены групп земледельческого населения будут количественно превышать гены популяций местных охотников-собирателей, так как демографический рост земледельческих групп происходит значительно быстрее. Основная причина этого заключается в том, что земледельческое население смогло заменить грудное молоко хлебными злаками, вследствие этого уменьшился средний интервал между рожденьями и повысилась рождаемость у женщин. При этом процент смертности у неолитических земледельцев не обязательно был ниже, а продолжительность жизни – выше, чем у современных им охотников-собирателей. Это был единственный период в истории (не считая распространения древних предков современного человека 40–50 тысяч лет тому назад по Европе, заселенной неандертальцами), когда мигранты по численности превышали местное население. Очевидно, что гены неолитических земледельцев будут неизбежно доминировать на картах распределения соответствующих частот в современной Европе (первый основной компонент Л. Кавалли-Сфорца) независимо от того, на каком языке (языках) они говорили.

Все последующие перемещения населения в Европе представляли собой приход групп земледельцев или скотоводов в области, где уже проживало значительное земледельческое население. Тот факт, что все европейские популяции имеют полный набор аллелей в системе *MHC*, свидетельствует о том, что эти популяции с начала распространения земледелия всегда достигали довольно больших размеров и не испытывали резкого сокращения численности населения, что отразилось бы на степени разнообразия генов. (Можно привести в качестве сравнения пример многих племен южноамериканских индейцев, у которых обнаруживается значительное уменьшение

²⁶ Haarmann. Op. cit.

разнообразия в системе *MHC*; это позволяет думать, что их предками были очень небольшие группы охотников-собирателей.) Следовательно, со времени появления первых земледельцев и распространения земледелия в Европе вклад всех последующих мигрирующих популяций в современные типы частот генов не должен быть очень существенным.

Это нетрудно проследить на примере неиндоевропейских народов, которые оседали в Европе начиная с неолита. Венгры, говорящие на одном из финно-угорских языков, мигрировали в Европу в раннесредневековый период, но их гены (уральские гены, которые включают второй основной компонент по Л. Кавалли-Сфорца) в настоящее время на 80% европейские, тогда как у современных финнов 90% европейских генов²⁷: сохранив свой финно-угорский язык, финны получили большой приток генов от своих соседей шведов. Сходным образом в Анатолии позднесредневековое вторжение оттоманских турок, которые говорили на одном из алтайских языков, оказало очень незначительное влияние на генетику современной Турции²⁸. Можно предположить, что все более ранние завоеватели Анатолии исторического времени – римляне, кельты (галаты), греки, персы, скифы и киммерийцы, фригийцы и армяне, а возможно, и более древние (периода ранней бронзы?) носители протоанатолийских языков – по той же самой причине мало участвовали в формировании современного генетического типа в Турции. В любом случае завоеватели в количественном отношении заметно уступали местным жителям. Все это, возможно, является явлением, обозначенного К. Ренфрю как «господство элиты» (*élite dominance*). С точки зрения генетики, эти вторжения почти незаметны, но ни один историк или лингвист не станет отрицать их историческую или лингвистическую значимость. Это свидетельствует о некоторой ограниченности генетического анализа, исходящего из типов современных популяций, в качестве источника для исторических исследований.

Вывод из всего этого для индоевропейской проблемы заключается в том, что праиндоевропейцы, согласно гипотезе М. Гимбутас и сходным теориям, появились в Европе *после* прихода первых земледельцев, поэтому их передвижения едва ли оставили заметный след в генетической структуре современных европейских популяций. Третий основной компонент Л. Кавалли-Сфорца, центр которого располагается на Украине и на юге России, совершенно однозначно указывает на распространение праиндоевропейцев из этих ареалов. Тот факт, что с этим компонентом связано гораздо меньше генетических типов, чем с первым компонентом, сосредоточенным в Анатолии, не противоречит теориям, которые, исходя из лингвистических соображений, локализуют индоевропейскую прародину где-то в России, на Украине или в Восточной Европе.

Можно попытаться преодолеть ограниченность генетических данных по современным популяциям путем непосредственного изучения древних ДНК, которые извлечены из костей, найденных при археологических раскопках, и дополнены посредством цепной реакции полимеризации. Этот подход открывает большие возможности; исследования в этой области уже ведутся в России²⁹. Действительно, у России вследствие климатических причин гораздо большие перспективы в изучении древних ДНК, чем у многих других стран. Специалисты постепенно приходят к согласию относительно того, что ДНК лучше сохраняется в очень холодной среде, так как количество всех химических реакций, которые могут повредить ДНК (например, депуризация, гидролиз), уменьшается при падении температуры³⁰. Как уже

²⁷ *Guglielmino C.R., Piazza A., Menozzi P., Cavalli-Sforza L.L. Uralic Genes in Europe // AJPA. 1990. 83. P. 57–68.*

²⁸ *См. Diakonoff I.M. Language Contacts in the Caucasus and the Near East // When Worlds Collide: the Indo-Europeans and the Pre-Indo-Europeans. Ann Arbor, 1990. P. 55.*

²⁹ *Петрищев В.Н., Кутуева А.Б., Рыжков Ю.Г. Об одном простом и эффективном способе извлечения ДНК из костей для использования в цепной реакции полимеразы // Генетика. 1993. 29. С. 690–693.*

³⁰ *Hoss M. et al. DNA Damage and DNA Sequence Retrieval from Ancient Tissues // Nucleic Acids Research. 1996. 24. P. 1304–1307.*

отмечалось, данные о последовательностях древних мтДНК не могут быть непосредственно сопоставлены с данными о частоте ядерных генов, используемыми Л. Кавалли-Сфорца и соавторами³¹. Однако они могут приобрести смысл на временной шкале в десятки тысяч лет, отражая распространение предков современного человека из Африки. Тем не менее любые данные этого типа, которые могут быть получены, представляют большой интерес.

В распоряжении исследователей оказались некоторые материалы древних мтДНК благодаря находке в бассейне р. Тарим в Синьцзяне (Китай) мумифицированных естественным образом останков людей европейского физического типа³². Эти люди жили в период ок. 1200 г. до н.э. и были, вероятно, предками тохар, язык которых является одной из величайших загадок индоевропеистики. Судя по настенным росписям, у тохар VI–VII вв. н.э. были светлые волосы, голубые или зеленые глаза, длинные носы, они были высокими и стройными, как и найденные мумии. Предварительные результаты изучения древних ДНК допускают связи тохар с населением Северо-Западной Европы, на что указывает их физический облик. Несмотря на довольно большую временную шкалу, к которой относятся многие данные мтДНК, достаточно легко отличить европейцев от китайцев и других восточных народов.

Генетика и физическая антропология указывают на связи между тохарами и народами Северо-Западной Европы. Об этом свидетельствуют и данные лингвистики: известно, что в тохарском – самом восточном из индоевропейских языков – обнаружены параллели индоевропейским языковым группам, расположенным на крайнем западе Европы. Некоторые лингвисты³³ допускают существование центрального индоевропейского ареала, где возникли поздние инновации, общие для нескольких языковых групп (включая тохарский), впоследствии же эти группы мигрировали в разных направлениях.

Обратимся теперь к генетическим особенностям носителей самой западной (в настоящее время) группы индоевропейских языков – кельтов. Многие античные авторы, описывая физический облик древних кельтов, отмечали их светлые волосы, голубые глаза, высокий рост. Древние кельты оказались очень похожими как на современных немцев, скандинавов, так и на древних тохар, и на жителей Северной Италии, в которую, по сообщениям древних авторов, был большой приток кельтов в I тыс. до н.э. Однако современное население Британских островов, которое говорит на кельтских языках, выглядит совершенно иначе: это люди невысокого роста, с темными или рыжими волосами. Вероятно, как предположил В. Бодмер³⁴, присутствие кельтских языков на Британских островах – это пример *господства элиты* (К. Ренфрю): эти языки были принесены во время поздних миграций с Европейского континента группами населения, которые были слишком малочисленными, чтобы заметно изменить генетические особенности местных жителей в течение продолжительного периода времени. Местные жители, генетические черты которых можно наблюдать в наше время в Уэльсе и Шотландии, были, видимо, первыми земледельцами, пришедшими из Анатолии в составе *волны продвижения* в эпоху неолита, или же представляют собой результат смешения первых земледельцев с предшествующим мезолитическим населением. В позднеантичное время кельтские языки (подобно картвельским и северокавказским языкам) смогли сохраниться в гористых, изолированных, периферийных областях Британии, в то время как в своем исходном ареале – Центральной Европе (галльштатская археологическая культура) – они давно исчезли. Эта интерпретация не пользуется популярностью у многих современных английских археологов³⁵, которые склонны поддерживать гипотезу Ренфрю об авто-

³¹ Cavalli-Sforza, Menozzi, Piazza. Op. cit.

³² Francalacci P. DNA Analysis of Ancient Desiccated Corpses from Xinjiang // JIES. 1995. 23. P. 385–398.

³³ Puhvel J. Anatolian: Autochthon or Interloper? // JIES. 1994. 22. P. 251–262.

³⁴ Bodmer W.F. The Genetics of Celtic Populations // Proceedings of the British Academy. 1993. 82. P. 37–57.

³⁵ Cp. Cunliffe B. Iron Age Britain. L., 1995.

хтонном развитии кельтских культур в Западной Европе. Однако единственный способ совместить различные лингвистические свидетельства – это принять идею о прародине исторических кельтов в Центральной Европе, что поддерживается поздними изоглоссами с восточноиндоевропейскими языками (тохарскими, анатолийскими) и отмеченными выше данными физической антропологии, согласно которым классические кельты больше похожи на тохар, чем, например, на современных жителей Уэльса. Можно допустить существование позднеиндоевропейского ареала, из которого кельты мигрировали в западном направлении, тохары – в восточном, праанатолийцы – в южном, возможно, в конце IV или в III тыс. до н.э. Что касается древних тохар, изучение их ДНК, судя по всему, может дать непосредственную информацию о их генетических связях с другими этноязыковыми общностями, хотя, конечно, у нас нет абсолютных доказательств того, что эти люди говорили на пратохарском. В случае с островными кельтами мы в настоящее время полагаемся на данные о частотах ядерных генов у современных популяций, которые могут иметь мало общего с древними кельтами. Все это лишний раз демонстрирует ограниченные возможности изучения человеческих популяций позднего доисторического и раннеисторического периодов на основе данных о частотах ядерных генов³⁶. Тем не менее очевидно, что исследование древних ДНК потенциально в состоянии отчасти преодолеть эту ограниченность.

За пределами этой короткой статьи осталось много других вопросов, касающихся языков, генетики и археологии. Так, генетическое сходство между носителями индоевропейских, алтайских и эламо-дравидских языков³⁷, свидетельствующее в пользу ностратической макросемьи, постулируемой некоторыми лингвистами, отражает, на мой взгляд, однородный характер человеческих популяций Европы и Центральной и Южной Азии, обусловленный распространением древних предков современного человека с Ближнего Востока; на это же указывают и многие данные о мтДНК. В последнее время появились публикации, авторы которых пытаются связать этноисторическую близость европейских народов с генетической и соотнести лексикостатистическое исследование расхождения основных ветвей индоевропейских языков с данными генетики и теориями Ренфрю и Гимбутас³⁸. Результаты этих публикаций едва ли можно использовать в поддержку теорий Ренфрю и Гимбутас, но историку или лингвисту трудно согласиться с Сокалом, который пришел к выводу о том, что географическое расстояние существенно, а историческая или хронологическая дистанция не имеют значения. Другие проблемы, встающие при этом подходе, включают: 1) допущение одинаковой скорости лингвистической эволюции; 2) использование современных географических расстояний между различными языковыми группами, что может дать неверное представление об их исходной локализации (как это было с кельтскими языками); 3) предположение об идентичности той или иной археологической культуры с конкретным этносом в доисторический период: такое соотнесение скорее всего будет отвергнуто большинством современных западных специалистов по доисторической археологии.

В заключение мы вернемся к началу этой статьи – к фундаментальной проблеме локализации индоевропейской прародины и отождествления ее с конкретной археологической культурой, поскольку праиндоевропейцы должны были физически присутствовать на земле, где бы это ни было. Конечно, может быть крайне трудно соотнести носителей того или иного языка с конкретной археологической культурой: хорошо известны исторические ситуации, когда носители абсолютно разных языков

³⁶ *Cavalli-Sforza, Menozzi, Piazza. Op. cit.*

³⁷ См. об этом: *Barbujani G., Pilastrro A. Genetic Evidence on Origin and Dispersal of Human Populations Speaking Languages of the Nostratic Macrolanguage // PNAS (USA). 1993. 90. P. 4670–4673.*

³⁸ См. *Sokal R.R. Ancient Movement Patterns Determine Modern Genetic Variances in Europe // Human Biology. 1991. 63. P. 589–606; Sokal R.R. et al. Genetic Relationships of European Populations Reflect their Ethnohistorical Affinities // AJPA. 1993. 91. P. 55–70; Weng Z., Sokal R.R. Origins of Indo-Europeans and the Spread of Agriculture in Europe: Comparison of Lexicostatistical and Genetic Evidence // Human Biology. 1995. 67. P. 577–594.*

имели совершенно идентичные материальные культуры. В качестве примера можно привести город-государство Пресос на Крите (I тыс. до н.э.), жители которого говорили на этеокритском языке, но их материальная культура, судя по результатам недавних археологических исследований, была очень сходна с культурой их соседей греков. Как писал Я. Пувел, «материальная культура оказывается в конечном счете непригодной для изучения превратностей человеческой истории»³⁹.

Тем не менее трудности не должны заставить нас отказаться от попыток решить эту проблему, важность которой очевидна. Из всех интерпретаций археологических свидетельств, предложенных западными учеными, наиболее убедительной выглядит, как мне кажется, точка зрения Д. Энтони⁴⁰, согласно которой праиндоевропейцы могут быть соотнесены с носителями культур Средний Стог и раннеямной. Они перемещались с помощью новых транспортных средств – повозок, которые везли одомашненные лошади, – двигаясь на восток, например, через территорию андроновской культуры в эламо-дравидский ареал Ирана и Северной Индии⁴¹, и на юг, возможно, через ареал усатовской культуры (как предположил Энтони), в Грецию и Анатолию. В настоящее время по причинам, которые я попытался изложить в данной статье, генетика, и в частности данные о частоте ядерных генов, используемые Л. Кавалли-Сфорца и соавторами⁴², не в состоянии доказать правильность или неправильность этой археологической реконструкции. Однако, возможно, в будущем исследование древних ДНК постепенно приблизит нас к решению этой захватывающей и столь важной проблемы*.

P. Салларес

LANGUAGES, GENETICS, AND ARCHAEOLOGY

R. Sallares

The article discusses different solutions that have been proposed to the question of the Indo-European homeland on linguistic and archaeological grounds. The author focuses on the possibilities of the new science of molecular genetics as applied to the prehistory of Indo-European languages. Thus, the genetics alongside with the physical anthropology and the linguistic data point to a relationship between the Tocharians and northwestern European populations. This fact enables the author to postulate a late central area of development in Indo-European from which the Celts moved westwards, the Tocharians eastwards, the Proto-Anatolians southwards, all perhaps in the late 4th or the 3rd mill. B.C. In spite of some limitations of molecular genetics as regards the issue of the Indo-European homeland, it is possible that further work on ancient DNA (deoxyribonucleic acid) will gradually take us closer towards resolving this fundamental question.

³⁹ *Puhvel*. Op. cit. P. 262.

⁴⁰ *Anthony*. Op. cit. Ср. точку зрения Ст. Кайры, которую приводит И.М. Дьяконов (op. cit., p. 58).

⁴¹ *Sharma R.S.* Looking for the Aryans. L., 1995.

⁴² *Cavalli-Sforza, Menozzi, Piazza*. Op. cit.

* Перевод Л.С. Баюн.