

Происхождение собак сибирской Арктики: новые данные

Ярослав Кузьмин

В журнале *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 20 сентября 2021 г. опубликована статья, в которой представлены новые данные о происхождении собак из сибирской Арктики (низовья бассейна р. Оби) на основе более широкого анализа генофонда собак северной Евразии и Леванта. Применение современных методик изучения древней ДНК позволило установить, что собаки сибирской Арктики раннего железного века и средневековья испытали значительное влияние собратьев из более южных регионов.

20 сентября 2021 г. в журнале *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* опубликованы результаты анализа ДНК древних и современных собак севера Евразии и Леванта, с фокусом на северные регионы Сибири, в частности – на низовья бассейна р. Оби (Feuerborn et al., 2021) (рис. 1, А). Это часть более широкого исследования происхождения собак, которое проводится с 2014 г. большой международной группой учёных (см. Bergström et al., 2020). В данной статье 37 соавторов из восьми стран, в том числе – 11 из России (Казань, Москва, Екатеринбург, Салехард и Новосибирск). Использованы результаты изучения ДНК от 20 древних (от мезолита до средневековья, 10.9–0.8 тыс. лет назад) собак, а также данные по ранее изученным 29 древним и 120 современным собакам (рис. 1).

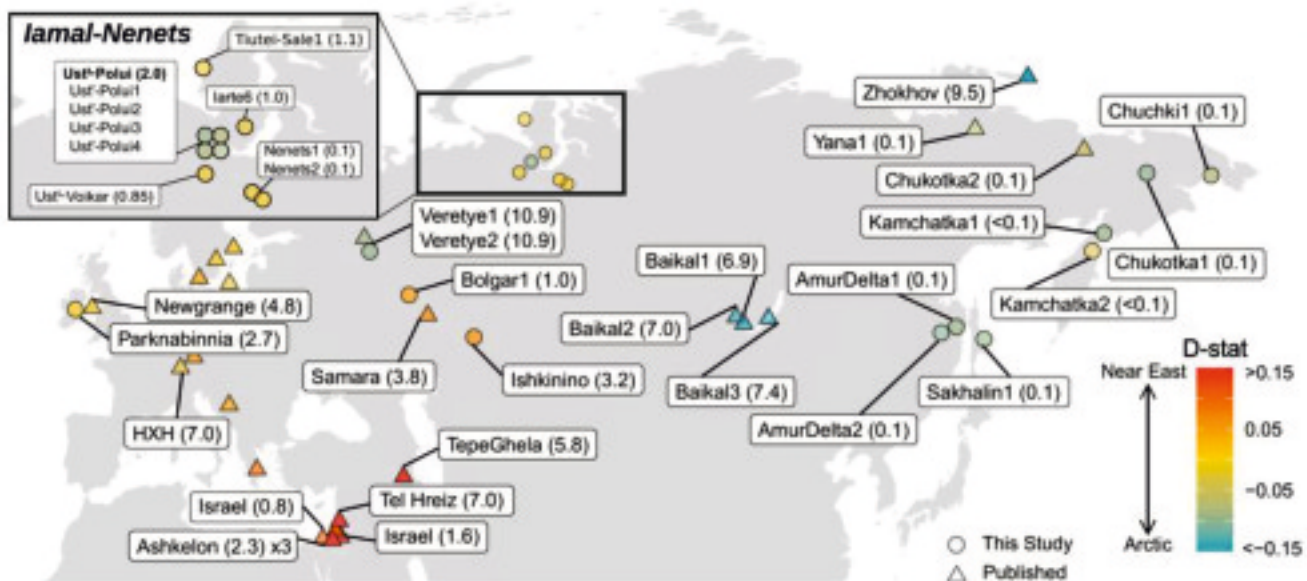


Рис. 1. Карта изученных образцов ДНК собак и их возраст (в тыс. лет), с увеличенным масштабом для Ямала; кружки – новые данные, треугольники – результаты предыдущих исследований. Цвет соответствует результату анализа D-статистики (см. цветовую шкалу): красные тона обозначают генетическую близость к собакам Ближнего Востока, голубые тона – близость к арктическим собакам (Feuerborn et al., 2021).

Полученные нами новые данные подтверждают сделанный ранее вывод о том, что все древние и современные собаки генетически делятся на три большие географические группы: 1) Западная Евразия; 2) Восточная Азия; 3) Арктика и Америка (см. Bergström et al., 2020). В евразийской Арктике самые древние собаки (возраст – около 9.5 тыс. лет) найдены на острова Жохова (Новосибирские острова). Они были предками собак Прибайкалья возрастом около 7 тыс. лет, но существенно отличаются по ДНК от древнейших американских собратьев; это говорит о том, что собаки попали в Америку раньше, чем 9.5 тыс. лет назад. Выяснилось, что скрещивание арктических и ближневосточных собак имело место около 10.9 тыс. лет назад. Так, древнейшие на настоящий момент собаки с изученной ДНК из стоянки Веретьё (Архангельская обл., Россия; см. рис. 1, Veretye 1–2) с возрастом около 10.9 тыс. лет имели генетические связи как с Арктикой (66–71% генома), так и с Западной Евразией (29–34% генома). А собаки с о. Жохова не имеют примеси из Западной Евразии, что говорит об отсутствии контактов между этими регионами в мезолите.

Выяснилось, что собаки Прибайкалья, несущие генетический след от особей с о. Жохова, также имели связи с Западной Евразией ранее, чем 7 тыс. лет назад. Если эти данные будут подтверждены (поскольку геномы двух из трёх собак прочитаны с небольшим покрытием ДНК – 0.3'), это может означать, что скрещивание прибайкальских собак с популяциями из Западной Евразии имело место в интервале 7–9.5 тыс. лет назад.

Изучение ДНК собак эпохи бронзы Поволжья (возраст – 3–5 тыс. лет) показало, что они генетически связаны с Западной Евразией, в первую очередь – с Ближним Востоком (60% генома), причем в гораздо большей степени, чем собаки Европы (рис. 2); также прослеживается связь с Арктикой (40% генома). Возможно, что собаки попали в Поволжье в результате движения земледельческого населения с Ближнего Востока на север.

Новые данные по ДНК древних собак Ямала возрастом от 850 до 2000 лет назад (рис. 1, А, см. увеличенный фрагмент карты) свидетельствуют об их генетической связи с Ближним Востоком. Вместе с археологическими данными – о попадании бронзовых изделий и стеклянных бус на Ямал в раннем железном веке и средневековье – информация по ДНК собак даёт основание говорить о том, что арктические районы Западной Сибири входили в разветвлённую сеть обмена, контактов и торговли с южными регионами Евразии. В результате собаки Ямала получили ближневосточный компонент ДНК.

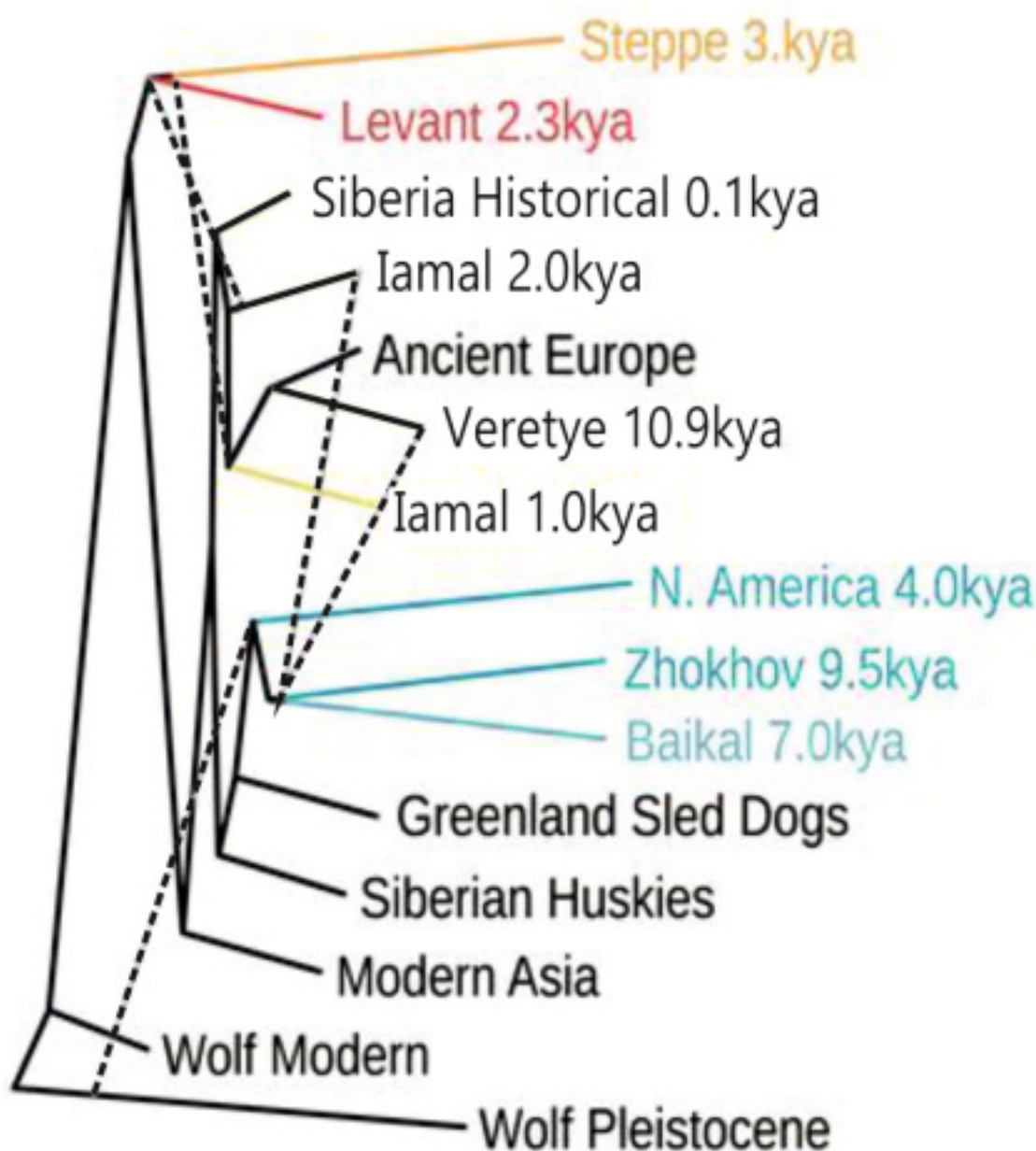


Рис. 2. Филогенетическое дерево для древних и современных собак Евразии (по методу TreeMix). Пунктиром обозначены предполагаемые события миграций. Цвет ветвей соответствует генетической близости к Ближнему Востоку (красный) или Арктике (голубой) (Feuerborn et al., 2021).

Результаты изучения ДНК современных собак из северной части Западной Сибири показали, что они происходят от популяций раннего железного века и средневековья, включая самоедскую лайку, которая была интродуцирована в Великобританию в конце XIX века и стала очень популярной у исследователей полярных регионов – таких, как Роберт Скотт и сэр Эрнест Шеклтон. Современные сибирские лайки имеют генетическую связь с собаками Восточной Сибири исторического времени и древними собаками Прибайкалья. Это означает, что изначальная связь с арктическими популяциями собак существует с 9.5 тыс. лет назад, а около 2000 лет назад произошло скрещивание с ближневосточными собаками.

Таким образом, нами установлено, что в Арктике (на о. Жохова и в родственных им популяциях Прибайкалья) собаки существовали в условиях почти полной изоляции вплоть до 7 тыс. лет назад. После этого наблюдается миграция собак из евразийских степей и Западной Евразии в Арктику при практически полном отсутствии контактов с собаками Восточной Азии. Некоторые из этих миграций совпадают с изменениями в древних обществах севера Западной Сибири, включая попадание в этот регион металла и изделий из стекла около 2000 лет назад, а также появление оленеводства около 800 лет назад. Влияние южных популяций на собак Ямала в раннем железном веке было намного сильнее, чем в средневековье. В свою очередь, контакты арктических сообществ людей с южными регионами Евразии с наличием земледелия (Европа) и скотоводства (степные регионы Евразии), возможно, привели к возникновению оленеводства в Арктике.

Литература

Bergström A., Frantz L., Schmidt R., Ersmark E., Lebrasseur O., Girdland-Flink L., Lin A.T., Storå J., Sjögren K.-G., Anthony D., Antipina E., Amiri S., Bar-Oz G., Bazaliiskii V.I., Bulatović J., Brown D., Carmagnini A., Davy T., Fedorov S., Fiore I., Fulton D., Germonpré M., Haile J., Horwitz L.K., Irving-Pease E.K., Janssens L., Kirillova I., Kuzmanovic-Cvetkovic J., Kuzmin Y.V., Losey R.J., Mashkour M., Onar V., Orton D., Radivojević M., Roberts B., Sablin M., Shidlovskiy F., Stojanović I., Tagliacozzo A., Trantalidou K., Ullén I., Villaluenga A., Wapnish P., Dobney K., Götherström A., Linderholm A., Dalén L., Pinhasi R., Larson G., Skoglund P. Origins and genetic legacy of prehistoric dogs // *Science*. – 2020. – Vol. 370. – № 6516. – P. 557–564.

Feuerborn T.R., Carmagnini A., Losey R.J., Nomokonova T., Askeyev A., Askeyev I., Askeyev O., Antipina E.E., Appelt M., Bachura O.P., Beglane F., Bradley D.G., Daly K.G., Gopalakrishnan S., Gregersen K.M., Guo C., Gusev A.V., Jones C., Kosintsev P.A., Kuzmin Y.V., Mattiangeli V., Perri A.R., Plekhanov A.V., Ramos-Madrugal J., Schmidt A.L., Shaymuratova D., Smith O., Yavorskaya L.V., Zhang G., Willerslev E., Meldgaard M., Gilbert M.T.P., Larson G., Dalén L., Hansen A.J., Sinding M.-H.S., Frantz L. Modern Siberian dog ancestry was shaped by several thousand years of Eurasian-wide trade and human dispersal // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. – 2021. – Vol. 118. – № 39. – e2100338118.