Изучение ДНК древних волков Евразии позволило продвинуться в понимании происхождения домашних собак

Исследование, опубликованное в журнале *Nature*, показало, что домашние собаки по структуре ДНК ближе к древним серым волкам из восточных регионов Евразии, чем из западных. Это даёт основание предполагать, что очаг доместикации находился на востоке Евразии. Ближневосточные собаки имеют связь с современными волками юго-западной Евразии, что может свидетельствовать либо о втором очаге доместикации, либо о смешении сибирских волков с популяциями из этого региона. Ни один из проанализированных древних волчьих геномов не связан напрямую с домашними собаками; это означает, что непосредственный предок собак всё ещё не найден.

Ярослав Кузьмин, доктор геогр. наук

Институт геологии и минералогии СО РАН

Возникновение собак как первых домашних животных давно находится в сфере приоритетов палеонтологов, зоологов и археологов. С начала 2000-х гг., помимо изучения ископаемых остатков собак классическими методами зоологии и палеонтологии, используется анализ ДНК собак из различных регионов мира. Достаточно быстро стало ясно, что для понимания того, где и когда появились первые собаки, нужно хорошо знать ДНК их дикого предка – серого волка (*Canis lupus*). Однако, поскольку большинство исследователей предпочитали иметь дело с домашними собаками, информация о ДНК серых волков, живших в Евразии и Америке до начала процесса доместикации¾около 14–15 тысяч лет назад (тыс. л.н.)¾была крайне ограничена. Международный проект, начавшийся в 2014 г., поставил целью восполнить этот существенный пробел. В получении результатов участвовало 9 лабораторий и научные сотрудники из 38 институтов в 16 странах мира.

В журнале *Nature* 29 июня 2022 г. опубликованы новые данные по ДНК древних (плейстоценовых) серых волков Евразии и Америки (Bergström et al., 2022). Это результат работы неформального коллектива из 81 исследователя; в его составе 14 россиян из Якутска, С.-Петербурга, Москвы, Новосибирска и Екатеринбурга. Фактическим материалом послужили находки ископаемых волков Европы, Азии (в основном с севера Сибири, а также Горного Алтая и Урала) и Северной Америки. Удалось выделить 66 новых геномов (рис. 1) волков, живших в последние 100 тыс. лет. По словам ключевого соавтора статьи, д-ра Понтуса Скоглунда (Институт Фрэнсиса Крика, Лондон, Великобритания), это первый случай, когда напрямую прослежен естественный отбор у крупного животного в течение 100 тыс. лет, путем наблюдения за эволюцией в геологическом времени, а не реконструкции ее задним числом по ДНК.

Ранее предполагалось, что сравнение ДНК современных и древних собак с ДНК современных волков может прояснить историю доместикации. Однако исследования только лишь современных образцов зашли в тупик, и стало ясно, что необходим анализ ДНК древних (живших до 25–30 тыс. л.н.) волков. Что же стало известно в результате наших новых работ?

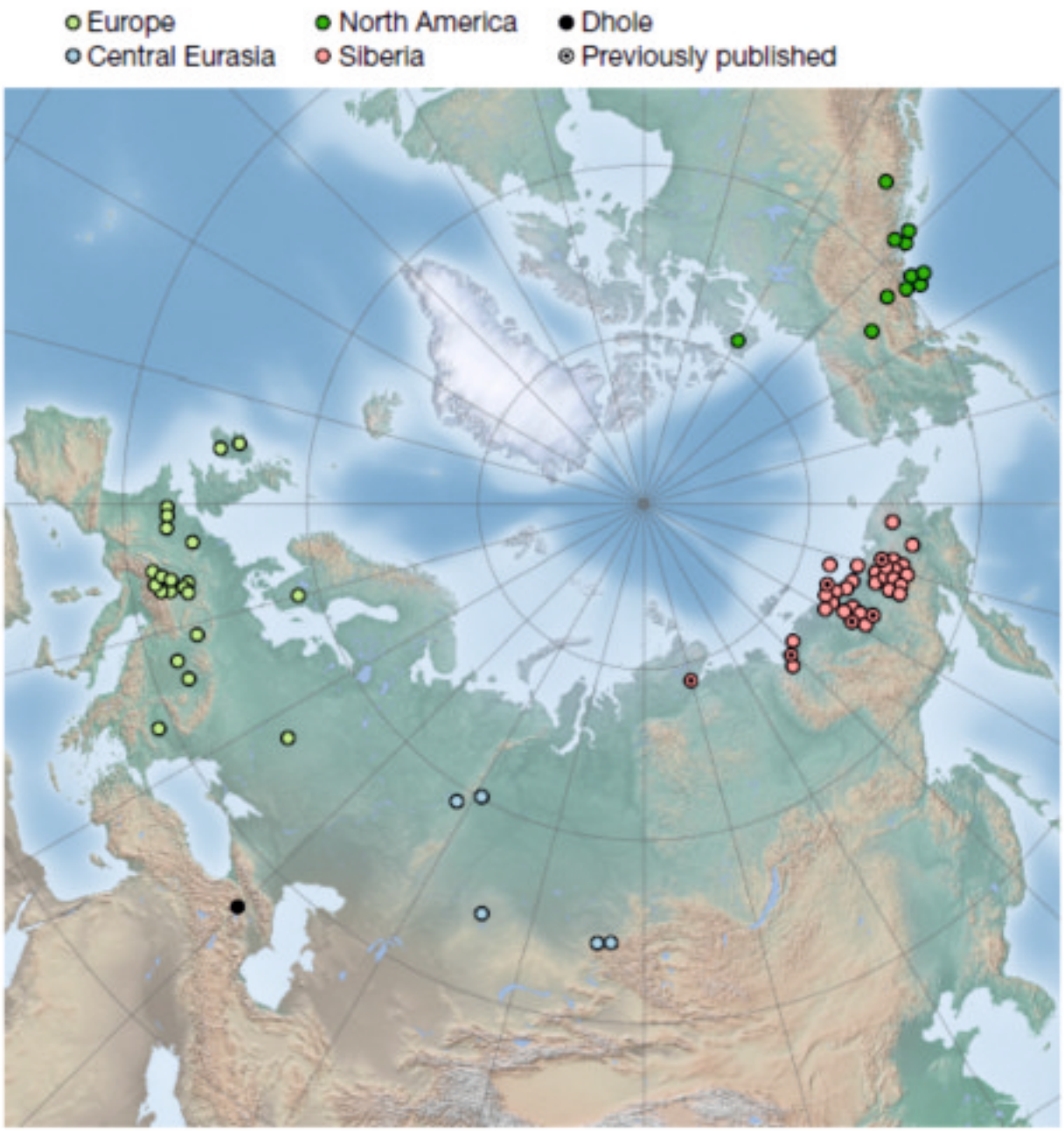

Рис. 1. Карта местонахождений древних волков с новыми данными по ДНК (источник: Bergström et al., 2022).

Во-первых, популяции волков, жившие после 23 тыс. л.н., по ДНК генетически гораздо ближе друг к другу, чем жившие ранее 28 тыс. л.н. Более молодые волки ближе к сибирской группе древних волков, чем к европейской или среднеазиатской. Это означает, что ДНК волков сибирского типа распространилась на территории Европы около 35–50 тыс. л.н. Таким образом, Сибирь выступала в качестве источника, а Европа – «приёмника» мигрирующих по Евразии волков; свидетельств движения в противоположном направлении не найдено. Последствия расселения сибирских волков в древности обнаружены в ДНК волков Северной Америки – на Аляске и в бассейне р. Юкон. Таким образом, до 23 тыс. л.н. степень дифференциации ДНК волков Евразии и Аляски была низкой; источником их расселения была Сибирь. В голоцене (последние 10 тыс. лет) и даже несколько ранее, около 20 тыс. л.н., миграции из Сибири прекратились, и европейские популяции волков распространились на Сибирь и Китай.

Во-вторых, некоторый след (10–40% в составе генома) от древних европейских волков все-таки сохраняется сегодня в ДНК современных волков Европы, что говорит о неполном замещении европейских популяций сибирскими в глубокой древности. Наличие древних предков, след от которых сохранился в ДНК волков Европы до наших дней, также говорит о том, что в конце плейстоцена (около 12–20 тыс. л.н.) волки, в отличие от некоторых других видов млекопитающих (так называемой «мегафауны» – мамонтов, шерстистых носорогов, бизонов, пещерных медведей и львов, и др.), не находились на грани вымирания.

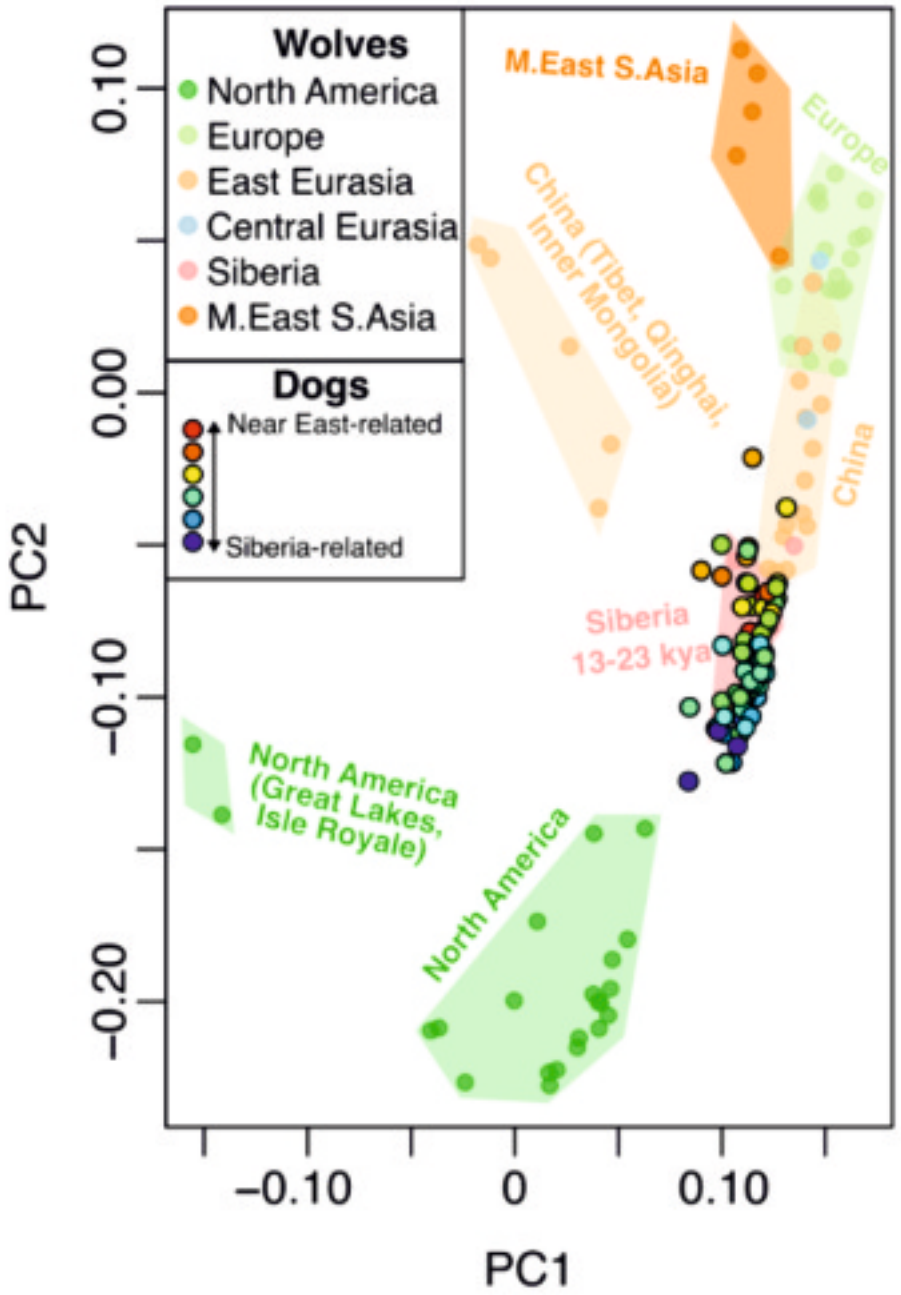

Рис. 2. Анализ главных компонент для ДНК 21 волков Евразии и Северной Америки старше 28 тыс. л.н. («wolves»), с наложением ДНК древних собак («dogs») (источник: Bergström et al., 2022).

В-третьих, установлено, что по характеристикам ДНК собаки близки к волкам, жившим после 28 тыс. л.н. Это означает, что предки домашних собак были связаны генетически с другими популяциями волков по крайней мере до 28 тыс. л.н. Древние собаки имеют значительное сходство с волками из Сибири, датированными около 23–13 тыс. л.н. (рис. 2). Волки Европы, имеющие возраст моложе 28 тыс. лет, имеют некоторую связь с более ранними европейскими популяциями, что отражает сохранение западноевропейской генетической связи древних и современных волков. Отсутствие схожести ДНК древнейших собак с волками Европы (рис. 2) позволяет сделать вывод о том, что они не происходят от европейских волков.

В-четвертых, установлено, что, хотя волки северо-востока Сибири возрастом 23–13 тыс. л.н. наиболее близки к древнейшим собакам, они *не являются непосредственными предками последних*. Это означает, что собаки происходят от еще неизученных генетиками популяций плейстоценовых волков, которые по своим генетическим характеристикам расходятся с доступными нам сегодня данным по ДНК древних волков Сибири.

В-пятых, структура ДНК собак с о. Жохова (сибирская Арктика) сходна с ДНК древних собак района озера Байкал, Северной Америки и северо-востока Европы (Веретьё, район озера Лача в Архангельской области), а также современными «поющими»

собаками о. Новая Гвинея (рис. 3). Таким образом, можно заключить, что все они происходят от одной популяции древних волков – вероятнее всего, из Сибири.

Рис. 3. Распространение древних и более молодых собак и их предковые популяции волков: синий цвет – восточные популяции (на основе ДНК собак с о. Жохова); оранжевый цвет – западные популяции (на основе современного волка из Сирии); крестики – популяции волков с возрастом 25–10 тыс. л.н., не являющиеся предками собак (источник: Bergström et al., 2022).

В-шестых, удалось продвинуться вперёд в решении вопроса о втором очаге доместикации собаки, который мог находится в Западной Европе, как это часто предполагалось ранее. Установлено, что древние ближневосточные собаки и современные африканские собаки, и в меньшей степени собаки Европы, находятся в родстве с волками западной Евразии, датированными старше 23 тыс. л.н. (рис. 4, оранжевый цвет). При этом следует иметь в виду, что этот вывод может быть ошибочным в том случае, если имел место генетический обмен между сирийским волком и древними собаками Ближнего Востока. Из рис. 4 ясно видно, что отдельная предковая линия (синий цвет) включает собак из восточных регионов Евразии («Baikal dogs»; возраст – 7 тыс. лет) и собаку с мезолитической стоянки Веретьё («Karelian dog»), датированную около 10.9 тыс. л.н. (Feureborn et al., 2021). Таким образом, собака стоянки Веретьё с древнейшей известной на сегодня ДНК связана с сибирской предковой популяцией волков, которая имеет прямое отношение и к ближневосточным собакам (рис. 4).

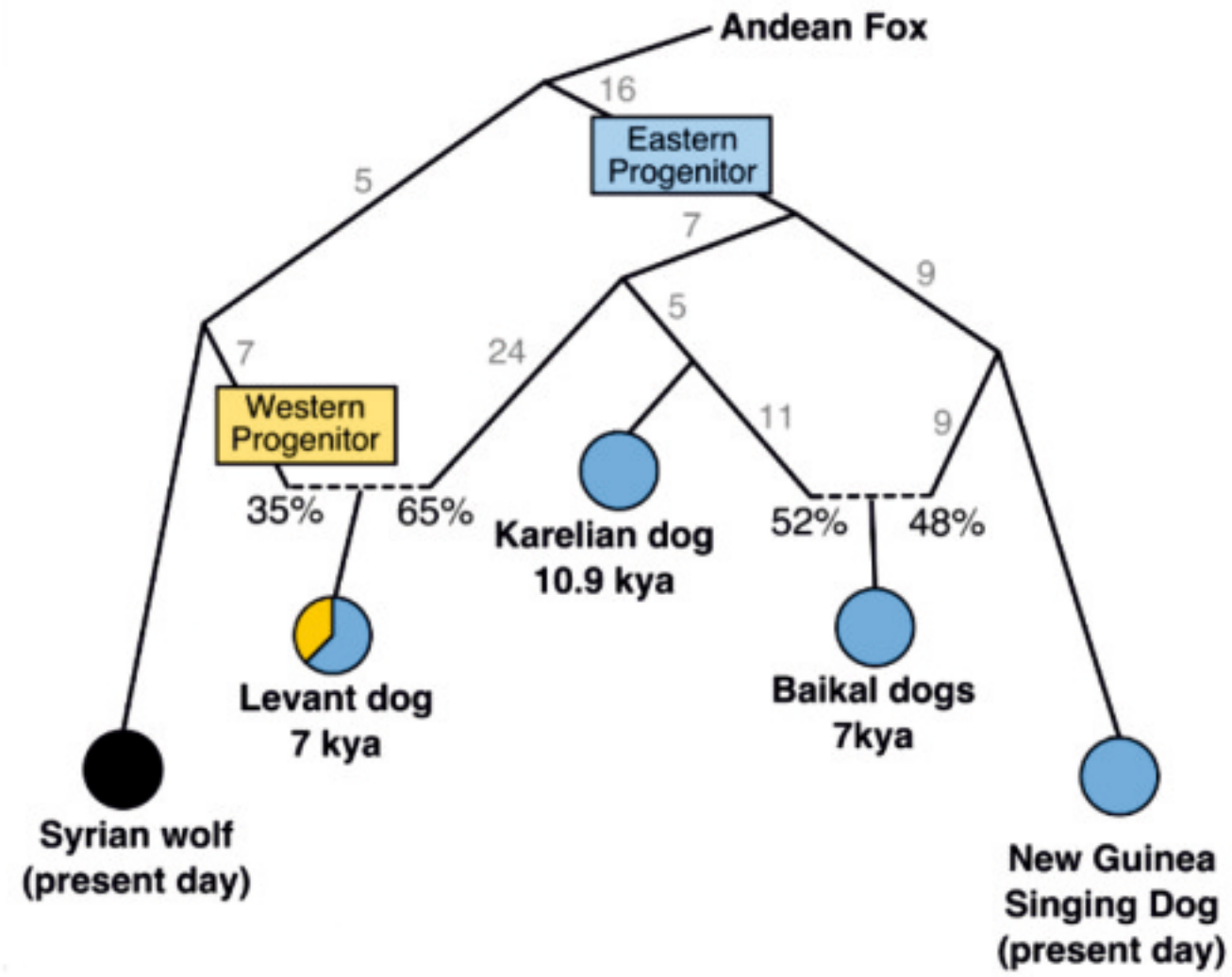

Рис. 4. Соотношение восточной и западной предковых линий собак (источник: Bergström et al., 2022).

Основные выводы, которые можно сделать на основании полученных нами результатов, сводятся к следующему:

1. Собаки имеют более тесную связь с серыми волками из Сибири, чем из западной Евразии. Это означает, что древние восточныеволки как предки имеют прямое отношение к возникновению собак в Сибири, Северной Америке, Восточной Азии и северо-восточной Европе.
2. Ранее считалось, что поскольку ни одна из популяций современных волков не имеет отношения к древним собакам, предковая популяция волков, вероятнее всего, вымерла. Однако, если смешение волков после 23 тыс. л.н. имело место (как установлено нами), это может замаскировать историю более ранних отношений волков и собак.
3. Второй (западный) очаг доместикации собаки в виде древней популяции волков, обитавшей в западной части Евразии (Европе), внёс 20–60% ДНК в формирование ранних собак Ближнего Востока и современных собак Африки, и 5–25% в возникновение неолитических и более поздних собак Европы. ДНК из западногоочага впоследствии распространилось по всему миру.
4. Двойная «предковость» собак (т.е. происхождение от двух популяций волков) отражена в ДНК современных собак. Тем не менее, мы показали, что плейстоценовые волки Европы не входят в предковые популяции собак. Собака из Ирландии (возраст – 5.5 тыс. л.н.) имеет меньше связи с западнымпредком, чем современные собаки Европы. Недостаток данных по ДНК древних собак Европы требует получения данных по этому региону в ближайшем будущем.
5. На основании полученных новых данных можно предположить два сценария доместикации:

а) два независимых процесса одомашнивания волка – в западной и восточной частях Евразии, с последующим объединением (не позднее 7.2 тыс. л.н., что является датой древнейшего генома собаки с Ближнего Востока) при доминировании

западного очага;

б) единственный восточный очаг доместикации, с последующим смешиванием с западными волками по мере попадания собак в юго-западную Евразию.

6. Вероятно, что древнейшие собаки в западных регионах Евразии, сходные с «карельской собакой» из стоянки Веретьё (10.9 тыс. л.н.), имеют изначально восточноепроисхождение, что говорит в пользу одного (восточного) очага доместикации.

Следует иметь в виду, что в наше исследование не вошли древние волки из многих частей Евразии (см. рис. 1), и поэтому полученные результаты являются в некотором смысле предварительными. Для продолжения работ и ответа на вопрос о том, какая популяция волков была предковой для собак, необходимо получить информацию по ДНК древних волков из этих регионов.

Источники

Bergström A. et al. Grey wolf genome history reveals a dual ancestry of dogs // *Nature*. – 2022 (in press); https://doi.org/10.1038/s41586-022-04824-9.

Feuerborn T. et al. 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; https://doi.org/10.1073/pnas.2100338118.