Генофонд одомашненных коров как свидетель истории человека

Надежда Маркина

В геноме древних одомашненных коров и быков исследователи нашли отражение исторических событий

Анализ ДНК одомашненных коров разных временных периодов – от бронзового века до современности – позволил соотнести изменение разнообразия митохондриальной ДНК и Y хромосомы с некоторыми историческими событиями в расселении популяций человека. В данном исследовании этот анализ ограничен Балтийским регионом. 40 образцов ДНК коров средних веков и пост-средневековья и всего 5 — поздней бронзы и железного века сравнивались с геномными данными о современных породах рогатого скота из 10 регионов Европы и Азии.

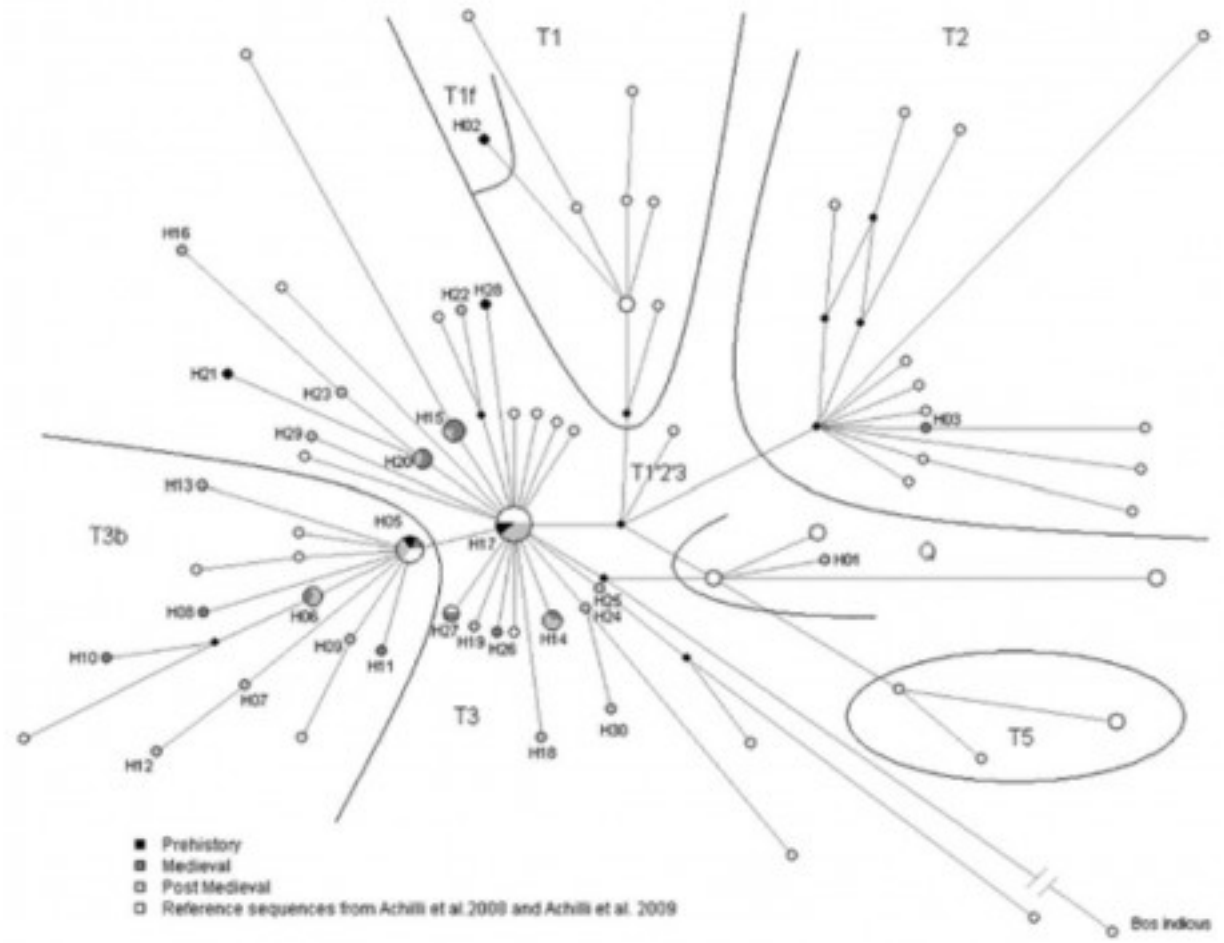
Читайте также ниже, в разделе «Мнения экспертов» экспертный комментарий д.б.н. А.И. Козлова «О генах, солнце и коровах».

Одним из важнейших культурных достижений неолита, наряду с возделыванием полезных растений, стало приручение животных. Одомашненные животные стали для человека источником мяса, рабочей силы, а потом (но далеко не сразу) и источником молока. Они жили вместе с человеком и сопровождали его во время расселения и миграций, поэтому рассказать о человеческой истории может не только древняя ДНК людей, но и древняя ДНК одомашненных животных. Это продемонстрировали исследователи из Финляндии, Швеции и Эстонии, прочитавшие ДНК ископаемых останков коров из разных исторических эпох. Статья Марианны Ниеми (Marianna Niemi) и ее коллег — генетиков и археологов — с результатами этого исследования опубликована в журнале PLOS ONE.

Крупный рогатый скот в Европе произошел от одомашнивания ныне вымершего дикого быка тура (*Bos taurus primigenius*). Это произошло около 10 тысяч лет назад на Ближнем Востоке, в регионе, получившем название Плодородный полумесяц (Fertile Crescent). На территории Индостана и в прилегающих регионах люди одомашнивали другого дикого быка – зебу (*Bos taurus indicus*). Что касается Европы, то из области Плодородного полумесяца одомашненные быки и коровы распространились на юго-восток Европы примерно 8800 лет назад, в Центральную Европу примерно 7000 назад и в Северную Европу — 6700 лет назад. Как пишут авторы статьи, в Южной Скандинавии одомашненный крупный рогатый скот появился 6000 лет назад, в Эстонии – 4100 лет назад, в Финляндии и на севере Балтии – 3000 лет назад.

Генетики извлекли ДНК из костей и зубов ископаемых останков коров Балтийского региона (в который вошли Финляндия, Эстония и северо-запад России в районе Выборга). Образцы в основном взяты из музейных коллекций. Они относились: к поздней бронзе и железному веку (5 образцов), средним векам (14 образцов) и пост-средневековью (26 образцов). У всех образцов изучали гаплотипическое разнообразие митохондриальной ДНК (мтДНК), а у быков — 19-го интрона (не кодирующей белки части) Y-хромосомного гена UTY. Целью данной работы было изучить изменения во времени этих генетических маркеров, передающихся по материнской (мтДНК) и отцовской (Y-хромосома) линиям и сравнить древние популяции с современными породами. Для этого использовали геномные данные 127 пород рогатого скота в Европе и Азии (2094 образца из 10 регионов).

В мтДНК древних образцов генетики на основании однонуклеотидного полиморфизма (SNP) – разнообразия нуклеотидных замен в изменчивых участках генома – обнаружили 30 гаплотипов. Из них 24 встречаются и у современных пород скота, но 6 гаплотипов оказались уникальными для древних животных. Ученые сравнили их с 43 современными гаплотипами. Родственные отношения тех и других представлены на рисунке.



Сеть 29 древних гаплотипов (серые и черные кружки) и 43 современных гаплотипов (белые кружки) митохондриальной ДНК. Гаплотипы бронзового и железного века обозначены черными кружками, средневековья — темно-серыми, пост-средневековья — светло-серыми.

Наибольшее число древних и современных митохондриальных гаплотипов коров относится к мега-гаплогруппе T (T1-T5). В то же время авторы впервые обнаружили на северо-западе Европы редкую гаплогруппу Q, которая старше, чем доминирующая сейчас гаплогруппа T3. Вероятно, как пишут авторы, Q, была принесена из ранних южноевропейских популяций и достигла Балтийского региона не позднее, чем в пост-средневековье (1500-1800 гг.). Разнообразие древних гаплотипов мтДНК было выше в бронзовом и железном веке и снизилось в средние века и пост-средневековье. Это может быть результатом «бутылочного горлышка», вызванного демографическими событиями, в том числе, периодом тяжелого голода в Северной Европе (1695-1697 гг). Хотя надо сказать, что число изученных образцов эпохи бронзы и железного века слишком невелико (всего 5 образцов) для основательных выводов. В то же время появилось большое количество новых гаплотипов, частота которых увеличивалась. В современных породах доля древних гаплотипов составляет лишь 20%, то есть произошла значительная смена спектра гаплотипов.

В Y-хромосоме (в 19-м интроне гена UTY) одомашненных быков выделяются два основных гаплотипа: Y1 и Y2. Они отличаются ареалом: Y1 – доминирует в современных породах Северной и Западной Европы, Y2 — в Южной и Центральной Европе. Генетики нашли, что частота Y1 и Y2 значительно изменялась со временем, и предположили, что эти вариации частоты связаны с демографическими событиями в истории человека. Гаплотип Y2 преобладал и в образцах бронзового и железного века, и в средние века. Доля Y1 увеличивалась от средних веков к пост-средневековью и от него — к современному времени. Замещение Y2 на Y1 в Балтийском регионе началось 600 лет назад и ускорилось в последние 200 лет. Авторы объясняют это активным импортом скота из других стран, таких как Нидерланды и Швеция, который увеличился в течение XVIII-XIX веков.

Исследователи попытались соотнести временные изменения в гаплотипах мтДНК и Y-хромосомы коров с историческими событиями. К сожалению, у них было слишком мало образцов ДНК коров бронзового и железного века, чтобы можно было реконструировать события того времени. Так что, в основном, генетически-исторические корреляции, которые делают авторы, относятся к средневековью и пост-средневековью.

В течение средних веков, пишут авторы, в Балтийском регионе росла плотность поселений, усиливалась интенсивность миграций, связанная с распространением Тевтонского ордена, появлялись новые города, развивалось сельское хозяйство. Новые гаплотипы коров, появившиеся в этом регионе в средние века, связаны с импортом скота из Южной и Западной Европы, особенно из Швеции и Германии, а позднее из России. После окончания Северной войны в 1721 году балтийские страны и юго-восточная часть Финляндии перешли под управление России, соответственно, усилились влияния на Балтийский регион с востока. Эти влияния включали и завоз крупного рогатого скота. Ну и, наконец, на гаплотипическое разнообразие последних 200 лет повлияла более интенсивная селекция скота, направленная на выведение специализированных пород.

Источник:

Temporal Fluctuation in North East Baltic Sea Region Cattle Population Revealed by Mitochondrial and Y-Chromosomal DNA Analyses

Marianna Niemi, Auli Bläuer, Terhi Iso-Touru, Janne Harjula, Veronica Nyström Edmark, Eve Rannamäe, Lembi Lõugas, Antti Sajantila, Kerstin Lidén, Jussi-Pekka Taavitsainen

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25992976