

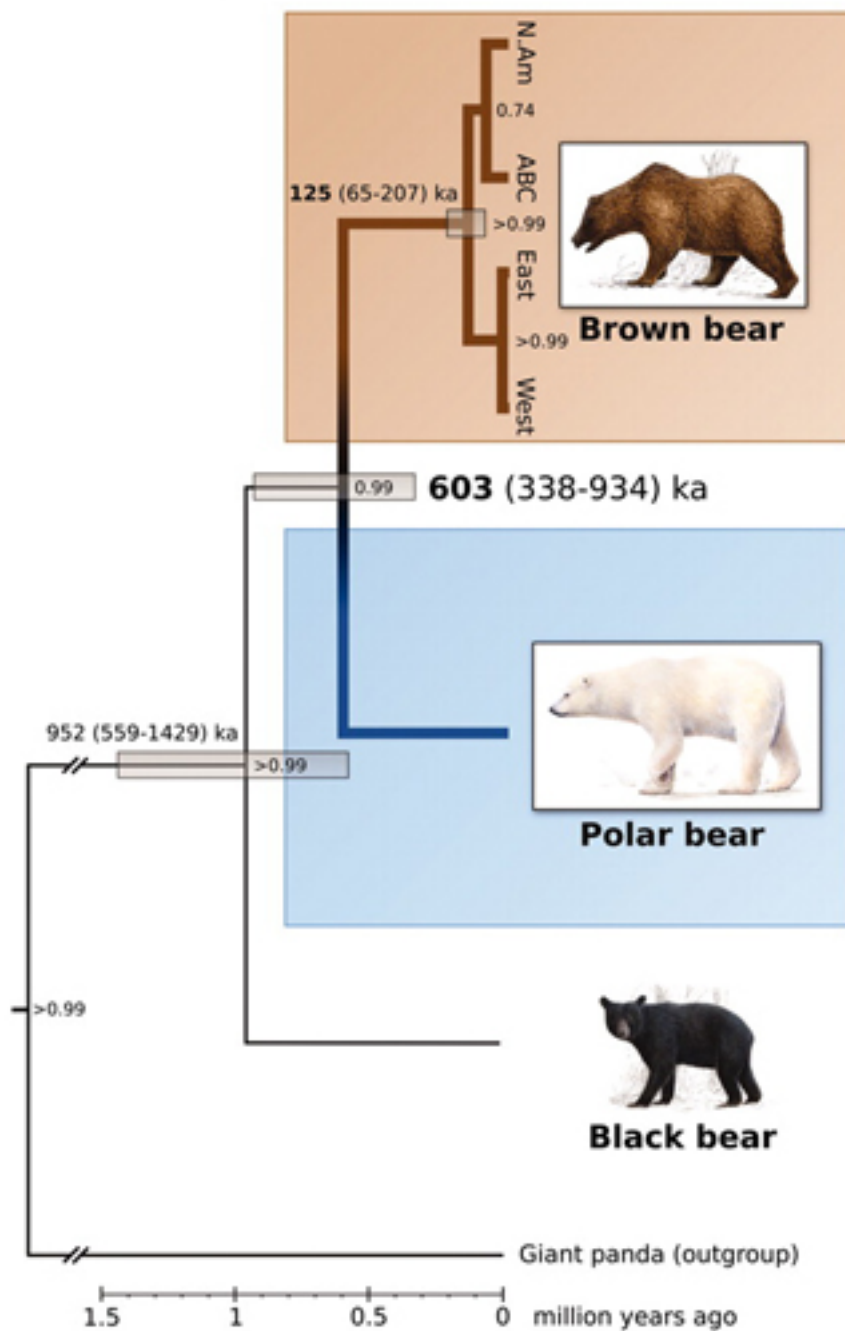
Недавние исследования митохондриальной ДНК разных видов медведей показали, что все ныне живущие белые медведи берут начало от одной популяции бурых медведей, существовавшей около 120 тысяч лет назад на Аляске. Эта датировка слишком молодая, чтобы принять ее без возражений. Новое исследование показывает ограничения примененного метода и дает новые оценки возраста становления белых медведей — около 600 тысяч лет.

Год назад «Элементы» опубликовали заметку об эволюции белых медведей ([В плейстоцене белые медведи скрещивались с бурыми](#), «Элементы», 22.07.2011). Это был анонс исследования, в котором ученые сравнили митохондриальные ДНК бурых и белых медведей из разных регионов, в том числе из ископаемых (древних) остатков. Основные выводы этой работы свелись к утверждению о неоднократном скрещивании белых и бурых медведей в прошлые эпохи, а также о сравнительно молодом возрасте линий современных белых медведей. Согласно этой работе, белые медведи произошли от каких-то аляскинских популяций бурых медведей во время одного из похолоданий около 100–120 тысяч лет назад, затем во время межледниковых потеплений происходило скрещивание популяций белых и бурых медведей. Современные материнские линии белых медведей все целиком ведут происхождение от гибридов белых медведей с ирландской (британской) популяцией бурых медведей. Эти выводы относительно надежны в части, касающейся скрещивания бурых и белых медведей во время межледниковий, но менее обоснованы в вопросе о времени и месте происхождения белых медведей. Базируясь только на мтДНК, можно уверенно говорить о современных, доживших до настоящего времени материнских линиях; но вот о других линиях, существовавших в предшествующие эпохи и не доживших до современности, ничего нельзя утверждать. Так что выводы о времени происхождения белых медведей довольно шатки, и полученные датировки могут быть сильно занижены.

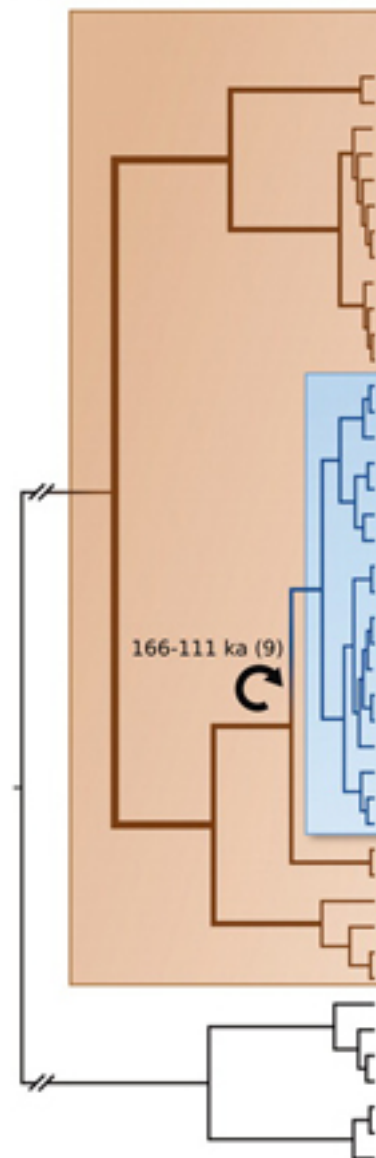
В течение прошедшего года обрабатывались данные о составе некоторых участков ядерного генома белых и бурых медведей. Они включают последовательности 14 независимых локусов (интронов) у 45 особей белых, бурых медведей и гризли. Имея их, оставалось провести исследование, аналогичное мтДНК-филогенетическим реконструкциям, и сравнить полученные выводы с предыдущими результатами. Эту работу проделала интернациональная группа ученых, однако отмечу, что ни один участник или лаборатория прошлого исследования в новом исследовании участия не принимали. Поэтому никаких «реверансов» в сторону коллег не предполагалось, и получилась в итоге исключительно примерная научная дискуссия.

Впрочем, и результат нового исследования был вполне ожидаем. Филогенетическое древо ядерных ДНК (выровненное по всем четырнадцати локусам) показало датировки отделения ветви белых медведей 338–934 тысяч лет назад, в среднем около 600 тысяч лет назад. Понятно, что это существенно раньше, чем оценки по мтДНК, и лучше согласуется с другими данными по единичным ядерным генам. Кроме того, высокая специализация, морфологическая и экологическая, требует сравнительно длительной направленной эволюции, которая вполне могла уложиться в 600 тысячелетний интервал, но не в 100 тысячелетний. При этом, по новым материалам по мтДНК, недавняя гибридизация двух видов и выживание единственной гибридной линии подтвердились. Действительно, самки бурых медведей могли скрещиваться с самцами белых медведей, а их гибридные потомки оказывались плодовитыми и, скрещиваясь впоследствии с белыми медведями, основали все современные популяции белых медведей.

A Nuclear DNA



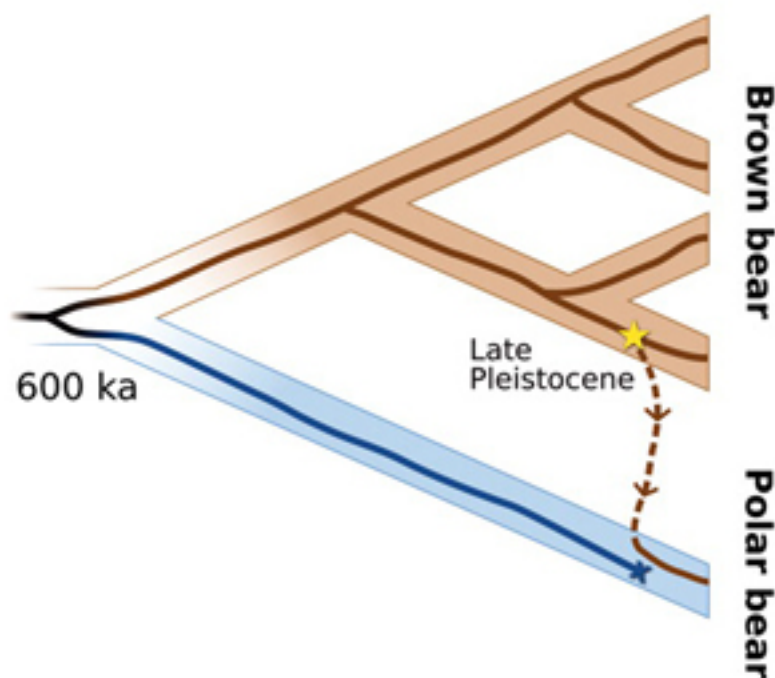
B Mitochondrial DNA



Филогенетические схемы основаны на анализе ядерной ДНК (A) и митохондриальной ДНК (B). В схеме A (Nuclear DNA) показано, что белые медведи являются сестринской группой к бурым медведям, а не к какой-то одной из ветвей. В схеме B (Mitochondrial DNA) показано, что белые медведи являются сестринской группой к бурым медведям, а не к какой-то одной из ветвей.

Белые медведи произошли от общего предка и оказались сестринской группой по отношению ко всем бурым медведям, а не к какой-то одной их ветви. Филогенетическое древо мтДНК предполагало, что сестринской группой белых медведей была только одна из популяций бурых медведей. Если учитывать раннее становление полярного вида, то

сценарий с общим предком белых и бурых медведей выглядит предпочтительнее.



Общая схема эволюции белых и бурых медведей, основанная на гибридной модели, датированная около 600 тысяч лет

Полиморфизм ядерных генов белых медведей оказался низким по сравнению с бурыми собратьями. Из 114 гаплотипов (в изученных четырнадцати локусах) белых и бурых медведей 35 встречаются у белых, 79 — у бурых, и только 6 являются общими; у белых медведей отмечено только 22 нуклеотидных замены (SNP), а у бурых — 95. Эти различия позволяют сделать два вывода. Во-первых, виды разошлись сравнительно давно, так что от общего предкового полиморфизма мало что осталось. Этот вывод подтверждает древнее отделение ветви белых медведей. Во-вторых, численность популяций (речь идет об эффективном размере популяций) белых медведей была гораздо меньше, чем у бурых. Это означает, что белые медведи прошли через несколько эпизодов низкой численности популяции, так называемых «бутылочных горлышек». Скорее всего, эти эпизоды связаны с периодами потеплений, когда зафиксированы моменты скрещивания бурых и белых представителей. В настоящее время действительно осталась лишь одна — гибридная — материнская линия из всех, существовавших прежде. И хотя нужно отметить, что в ядерном геноме белых медведей среди 14 локусов не удалось отследить четкого сигнала гибридизации, но вполне возможно, что именно гены бурых медведей помогли белым собратьям пережить так или иначе периоды потепления. Зато в геноме бурых медведей нашлись такие сигналы: стабильные гаплогруппы белых медведей обнаружены у популяций аляскинских бурых.

Ученые предполагают, что включение специфических генов белых медведей помогло их бурым сородичам переживать суровые условия ледниковых периодов.

Источник: Frank Hailer, Verena E. Kutschera, Björn M. Hallström, Denise Klassert, Steven R. Fain, Jennifer A. Leonard, Ulfur Arnason, Axel Janke.

[Nuclear Genomic](#)

[Sequences Reveal that Polar Bears Are an Old and Distinct Bear Lineage](#)

//

Science

. 2012. V. 336. P. 344–347.

Елена Наймарк