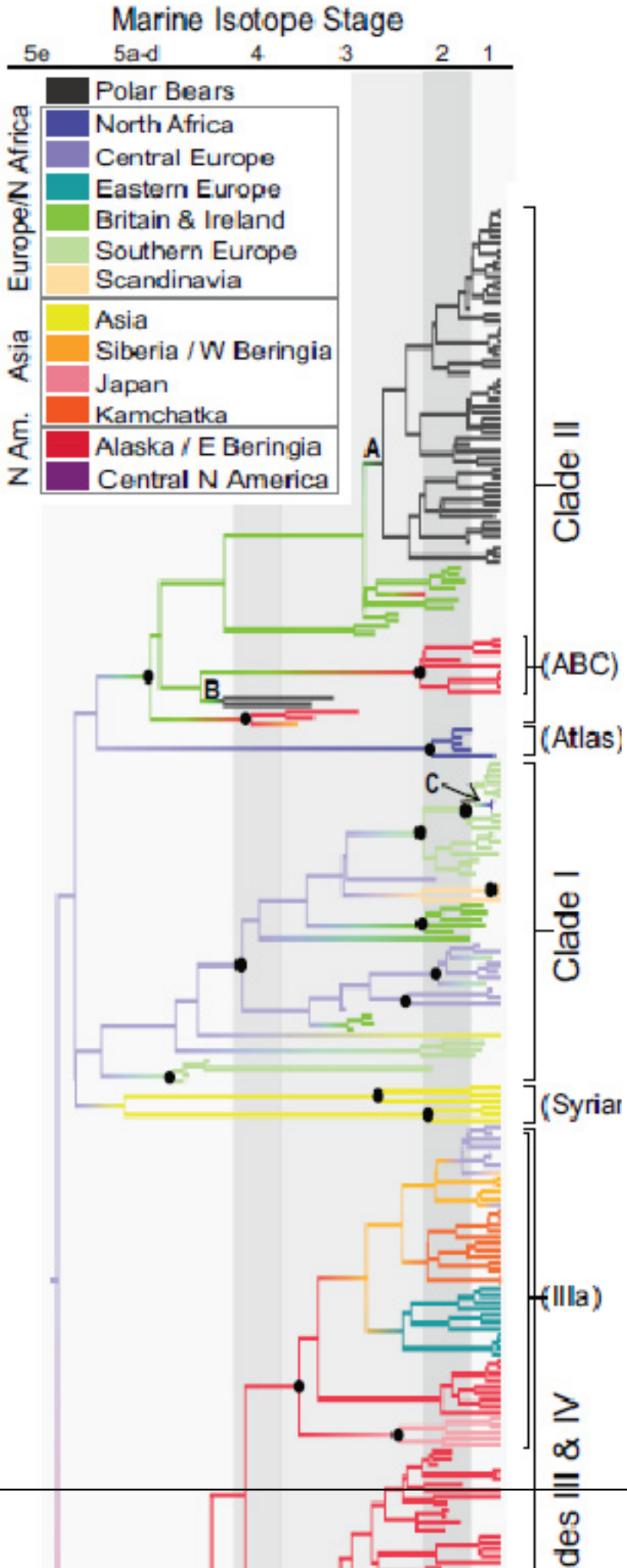
На основе внушительного массива новых данных о митохондриальных ДНК белых и бурых медведей ученые предположили неоднократную гибридизацию двух видов в прошлом. Эта гипотеза выглядит предпочтительнее той, что обсуждалась прежде: белые медведи являются монофилетичной группой, отделившейся от аляскинских или сибирских медведей во время ледниковой эпохи. Выбор той или иной версии, по-видимому, будет зависеть от надежности методик примененных для реконструкции филогенезов.


Marine Isotope Stage
5e
5a-d
4
3
2
1
Polar Bears
Europe/N Africa
North Africa
Central Europe
Eastern Europe
Britain & Ireland
Southern Europe
Scandinavia
Asia
Asia
Siberia / W Beringia
Japan
Kamchatka
N Am.
Alaska / E Beringia
Central N America
A
B
C
Clade II
(ABC)
(Atlas)
Clade I
(Syriar
(IIIa)
des III & IV

Разноцветными линиями обозначены медведи из разных географических точек,

[Работа о происхождении белых медведей](), опубликованная в журнале *Current Biology*, иллюстрирует со всей определенностью круг проблем и возможностей сегодняшней биологической информатики.

Отправной точкой для данного исследования послужили находки ископаемых остатков двух белых медведей. Первый экземпляр происходит из арктического архипелага Шпицберген (Свальбард, Svalbard) из местонахождения с возрастом 130–110 тыс. лет. Второй, возраст которого оценивается около 115 тыс. лет, был найден в Северной Норвегии. Из их костей (челюсть в первом случае, рёбра — во втором) ранее были выделены митохондриальные ДНК и определены соответствующие нуклеотидные последовательности. Выяснилось, что древние митохондриальные ДНК не похожи на мтДНК современных белых медведей. Как это объяснить? Развернулась дискуссия с привлечением всех данных по медвежьим ДНК, сбором нового блока генетических данных и различных фактов медвежьей генетики, истории и биологии. Эти данные сложились в относительно стройную картину расселения и эволюции бурых и белых медведей.

Следующие известные факты оказались важными в ходе обсуждения. Во-первых, митохондриальный геном белых медведей характеризуется невысоким разнообразием, его диапазон полностью покрывается полиморфизмом мтДНК бурых медведей. При этом в остальном белые медведи резко отличаются от бурых и по морфологии, и по экологии, и по ядерным генным маркерам. Во-вторых, бурые и белые медведи могут скрещиваться и давать плодовитое потомство, как это было отмечено биологами в последние 5 лет наблюдений. В-третьих, линии бурых и белых медведей разошлись, как считается, 800?–150 тыс. лет назад (средний плейстоцен) в результате изоляции сибирской популяции бурых медведей. И наконец, нужно иметь в виду, что из-за невысокой численности белых медведей потеря (или вымирание) материнских линий (читай — линий мтДНК) не слишком редкое событие.

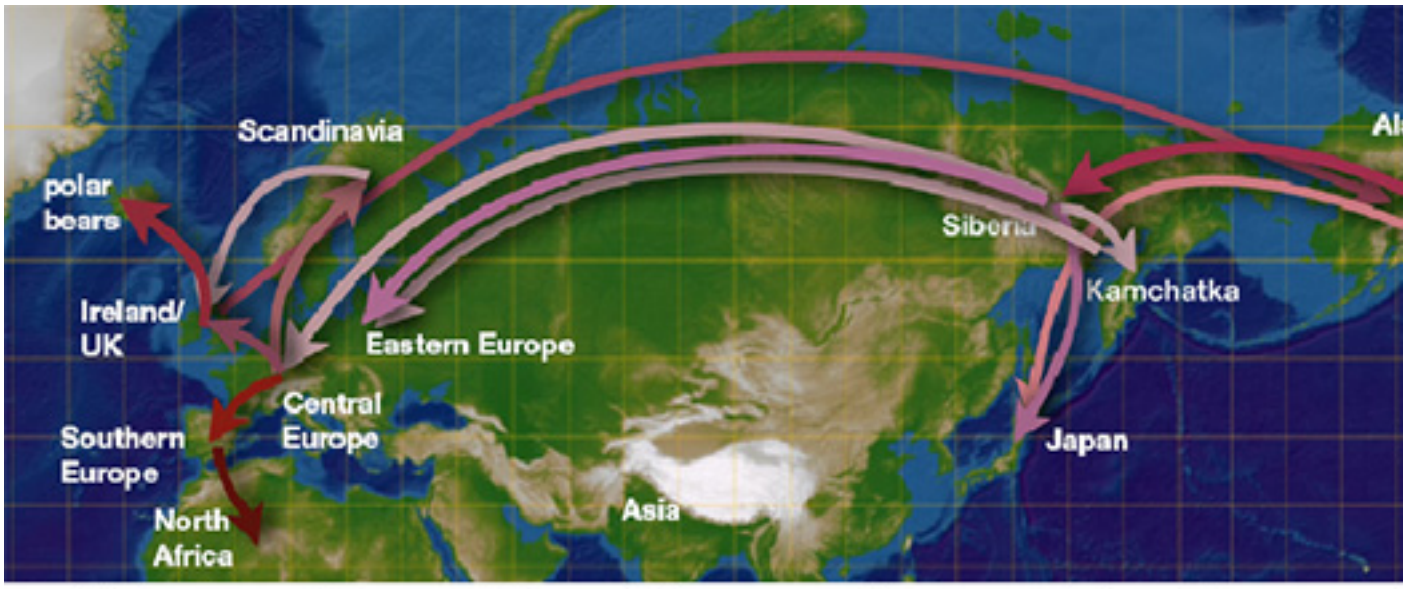
Перво-наперво биоинформатики суммировали данные о белых и бурых медведях, хранящиеся в базе последовательностей ДНК GenBank на сервере Национального центра биотехнологической информации США. В этой базе данных нашлись последовательности мтДНК 168 экземпляров медведей, включая и тех самых двух ископаемых белых медведей. Далее к работе приступили генетики: они дополнили этот массив данных еще 74 экземплярами бурых и белых медведей, выделив и определив определенные фрагменты их мтДНК. Такие объемы работ теперь вполне выполнимы в короткие сроки. Важно, что новые прочтенные фрагменты принадлежали не только современным медведям (17 современных белых медведей), но и более древним (34 голоценовых белых медведя, 23 древних бурых медведя из Ирландии и Британии). Получилось в сумме 53 белых медведя и 189 бурых медведей.

После за дело взялись биоинформатики и построили филогенетическое дерево для всего набора данных из 242 мтДНК-фрагментов. И для этого уже разработаны технологии. Получившееся дерево выглядит следующим образом:

На этой схеме вычленяются четыре клады, то есть группы медведей, имеющих филогенетическую общность. Наиболее интересна для этого исследования клада II, она объединяет всех белых медведей, включая и те два древних экземпляра из Норвегии, и древних ирландских, и экземпляры бурых медведей из Юго-Восточной Аляски — на схеме обозначено как ABC: острова Адмиралти (Admiralty Island), Баранова (Baranof Island) и Чичагова (Chichagof Island). Важно подчеркнуть, что белые медведи — современные и древние — оказались разобщены, при этом древняя часть приблизилась к линиям Юго-Восточной Аляски, а современные — к древнеирландским. Клада I — сводит вместе европейские, скандинавские и африканские экземпляры. Сюда же относятся и современные ирландские экземпляры бурых медведей. Клады III и IV иллюстрируют сложную комбинацию аляскинских, сибирских, камчатских и восточноевропейских бурых медведей.

Далее по расчетным датировкам расхождения материнских линий была восстановлена схема миграций бурых и белых медведей. Она показана на следующем рисунке, а его динамичная версия представлена здесь .

Теперь, имея схемы расселения бурых и белых медведей, ученые выстроили возможные сценарии эволюции белых медведей. Согласно первому, принятому прежде, современные линии белых медведей являются монофилетичными потомками древних линий ирландских бурых медведей, которые в свою очередь произошли от юго-восточных аляскинских. Сами же ирландские бурые медведи подразделяются на две сестринские группы — одна вымершая, другая современная. В эту гипотезу не укладывается ни рассчитанное по молекулярным часам, ни палеонтологическое время появления древних линий белых медведей. Реконструкции никак не позволяют объединить в монофилетическую линию и древних, и современных белых медведей. Другие два сценария предполагают возможную гибридизацию белых медведей с бурыми ирландскими. При этом события гибридизации должны были происходить два или три раза в течение 120 тысяч лет. Допущение гибридизации помогает объяснить сходство мтДНК белых и бурых медведей и различие мтДНК между линиями древних и современных белых медведей.



From	To	BF	From	To	BF	From	
Southern Europe	North Africa	280	Central Europe	Britain & Ireland	25	Siberia	Kam
Central Europe	Southern Europe	180	Central Europe	Scandinavia	15	Scandinavia	Britain
Britain & Ireland	Polar Bear	140	Alaska	Japan	11	Siberia	Centr
Alaska	Siberia	120	Siberia	Eastern Europe	9	Kamchatka	Easte
Britain & Ireland	Alaska	51	Siberia	Japan	9		

Стрелками показаны направления миграций от ярославцев материнских стрелок бурых и белых медведей.

Реалистичность гипотез основывается прежде всего на определении возраста ископаемых белых и бурых медведей, а также на расчете возрастов отдельных линий медведей. Для калибровки молекулярных часов используется, в частности, возраст ископаемых белых и бурых медведей. Однако определение их возраста дает весьма широкий диапазон возможных ошибок. Так, палеонтологические и радиоуглеродные датировки ископаемых остатков белых медведей варьируют от 130 до 40 тыс. лет.

Возраст точек расхождения клад древних белых и бурых медведей, согласно методикам, использованным для построения филогенетической схемы, отличается от палеонтологической и радиоуглеродной датировок. Авторы отмечают, что расчетное время расхождения клад сильно зависит также и от методов калибровки молекулярных часов. Поэтому дальнейшее обсуждение эволюции белых медведей, по-видимому, углубится в методические тонкости биоинформационных методов. Экологи будут с нетерпением ждать результатов дискуссии, так как если гибридизация действительно имела место и была необходимой и неотъемлемой частью эволюции белых медведей, то современным людям следует запретить охоту на всех белых медведей, включая и гибридов. Сейчас отстрел гибридов белых медведей разрешен.

Сейчас из-за изменений климата и таяния арктических льдов появляются гибриды белых и буры

Источник: Ceiridwen J. Edwards, Marc A. Suchard, Philippe Lemey, John J. Welch, Ian

Barnes, Tara L. Fulton, Ross Barnett, Tamsin C. O'Connell, Peter Coxon, Nigel Monaghan, Cristina E. Valdiosera, Eline D. Lorenzen, Eske Willerslev, Gennady F. Baryshnikov, Andrew Rambaut, Mark G. Thomas, Daniel G. Bradley, Beth Shapiro. Ancient Hybridization and an Irish Origin for the Modern Polar Bear Matriline //
Current Biology
. 07 July 2011. Doi:10.1016/j.cub.2011.05.058.

Елена Наймарк