

Copyright © 2021 by Academic Publishing House Researcher s.r.o.



Published in the Slovak Republic
Biogeosystem Technique
Has been issued since 2014.
E-ISSN: 2413-7316
2021. 8(1): 34-44

DOI: 10.13187/bgt.2021.1.34
www.ejournal19.com



Human and Domesticated Species (Critical Review)

Valerii I. Glazko ^{a, b, *}, Gleb Yu. Kosovsky ^b, Tat'yana T. Glazko ^{a, b}

^aTimiryazev Russian State Agrarian University – Moscow Agrarian Academy,
Russian Federation

^bAfanas'ev Research Institute of Fur-Bearing Animal Breeding and Rabbit Breeding,
Russian Federation

Paper Review Summary:

Received: 2021, May 9

Received in revised form: 2021, June 21

Acceptance: 2021, June 30

Abstract

The agrarian civilization was formed due to the domestication of mainly five species of mammals (goat, sheep, cattle, pig, horse) and a limited number of plant species, the main of which are wheat and rice. This small number of species has remained the basis of the agrarian civilization to this day, despite the ongoing attempts to domesticate other wild species. By now, it has become clear that domestication is one of the variants of mutualistic relationships between humans and the corresponding species. It may well explain the limited number of species that have been successfully involved in domestication, since the possibilities of "symbiosis" with humans are highly species-specific. Hence, it becomes obvious that the loss of the diversity of the gene pools of agricultural species is fundamentally irreplaceable, as well as the degradation of soils, the biosphere and is a direct threat to the existence of agricultural civilization, since these species historically lay at the basis of its existence and development. From this point of view, the preservation of the biodiversity of agricultural species becomes a critical condition for the existence of an agrarian civilization in the future. Mechanisms of domestication are a key issue in understanding and managing the genetic resources of agricultural animal and plant species. The review examines the basis for the formation of an agrarian civilization, which is due to the activity of humans to involve other species in his niche, which contribute to increasing his adaptive and reproductive potential. A significant contribution to this process was made by factors related to human social activity, his cognitive functions and his ability to purposefully study and control various characteristics of the species involved in domestication. The main signs included in the "domestication syndrome" in animals are associated with their social activity and genomic instability. Their variability, which creates the basis for selection, depends on the diversity of the microbiota and the closely related virom. The formation of a mobilome in genomes based on virom creates the material basis for phenotypic diversity, which allows for targeted selection based on the adaptive potential of animals and plants to the niche created by man, as well as on various

* Corresponding author

E-mail addresses: vigvalery@gmail.com (V.I. Glazko)

phenotypic characteristics that increase the adaptive and reproductive potential of a person in the niche organized by him.

Keywords: domestication, niche, social activity, microbiome, virom, mobile.

1. Введение

История одомашнивания животных и растений привлекает особое внимание биологов с тех пор, как Чарльз Дарвин впервые провел параллель между эволюцией в результате естественного отбора и при разведении домашнего скота, животных-компаньонов, культурных растений под влиянием человека. Одомашнивание растений и животных легло в основу аграрной цивилизации и ее глобального распространения, всех культурных инноваций человека, связанных с производством орудий труда, покорением огня или эволюцией вербального языка.

Одомашнивание растений или животных древними популяциями человека принципиально отличается от известных мутуализмов между разными видами, поскольку оно требовало преднамеренности и сознательного планирования, понимания поведения и репродуктивной биологии другого вида (Larson et al., 2014; Larson, Fuller, 2014). Таким образом, когнитивные потребности одомашнивания, ориентированного на человека, представляют собой явление, отличное от межвидовых взаимовлияний, развиваемых, в частности, социальными насекомыми.

Массовое одомашнивание растений и животных, как предполагается (McHugo et al., 2019), было вызвано значительными экологическими и климатическими изменениями, которые сопровождали глобальный переход от пика Последнего ледникового максимума (Last Glacial Maximum – LGM) примерно 21 тыс. лет назад к межледниковому периоду начала голоцена. Активизация стратегий одомашнивания могла привести к конкурентной борьбе, которая способствовала распространению растениеводства и животноводства. Демографическое давление растущей популяции людей также способствовало одомашниванию, усиливая отношения между людьми, растениями и животными. Причем сторонники модели, известной как ‘человеческая революция’, утверждают, что современное поведение человека возникло внезапно и почти одновременно во всем Старом Свете примерно за 40-50 тыс. лет до нашей эры. Предполагается, что этот фундаментальный поведенческий сдвиг сигнализирует о когнитивном прогрессе, возможной реорганизации мозга и происхождении языка. Самые ранние артефакты современного человека выявлены у *Homo sapiens sensu stricto*, представителей которого считают самыми древними в мире современными людьми (люди из Херто и Омо), найдены в Африке и прилегающем регионе Леванта. В этой связи модель ‘человеческой революции’ создает временные отличия между появлением анатомических современных характеристик и поведенческих особенностей, что создает впечатление, что самые ранние представители *Homo sapiens* вели себя примитивно.

2. Обсуждение и результаты

Этапы одомашнивания

Компоненты ‘человеческой революции’

Мнение о примитивном поведении *Homo sapiens* вызывает сомнение в его справедливости. Такой взгляд на события связан с глубоким евроцентрическим уклоном и неспособностью оценить глубину и широту археологических данных Африки. На самом деле многие компоненты ‘человеческой революции’, которые, как утверждается, появились 40-50 тыс. лет назад, были найдены в африканском среднем каменном веке десятками тысяч лет ранее (Mcbrearty, Brooks, 2000). Эти особенности включают в себя технологию изготовления клинка, костяных инструментов, расширение географического ареала, специализированная охота, использование водных ресурсов, торговля на больших расстояниях, систематическая обработка и использование пигмента, а также искусство и украшения. Эти элементы возникают не внезапно вместе, как предсказывает модель ‘человеческой революции’, а в местах, существенно разобценных в пространстве и во времени. Это предполагает постепенную сборку пакета моделей современного поведения человека в Африке и его последующий экспорт в другие регионы Старого Света. Ископаемая летопись гоминид африканского среднего и раннего позднего плейстоцена достаточно непрерывна и в ней можно распознать ряд, вероятно, различных видов, которые являются

возможными предками *Homo sapiens*. Появление в среднем периоде каменного века и первые признаки современного поведения человека совпадают с появлением артефактов, которые были приписаны *Homo helmei* (*Homo helmei* – название вида людей, предложенное для плейстоценовых гоминид, имеющих переходные характеристики между *Homo heidelbergensis* (Гейдельбергский человек) и *Homo sapiens*, что позволяет предположить, что поведение *Homo helmei* отличается от поведения более ранних видов гоминид и очень похоже на поведение современных людей. Если принять тот факт, что по анатомическим и поведенческим признакам *Homo helmei* пересекается с *Homo sapiens*, происхождение нашего вида связано с появлением среднего периода каменного века примерно 200 тыс. лет назад.

К первым одомашнированным животным относят домашнюю собаку (*Canis familiaris*). За появлением домашней собаки в археологических записях относительно скоро последовало одомашнивание сельскохозяйственных культур растений и домашнего скота, что позволило людям существенно увеличить количество пищи, которую они получали от охоты и собирательства. Следовательно, во время неолитического перехода—археологически задокументированного перехода от способов производства продуктов питания охотниками-собирающими к выращиванию растений и животноводству—все более сложные сельскохозяйственные общества развивались во многих местах по всей Евразии, Северной Африке и Южной и Центральной Америке (Diamond, 2002).

Результаты зооархеологических исследований в Юго-Западной Азии свидетельствуют о том, что овцы (*Ovis aries*), козы (*Capra hircus*), безгорбый европейский крупный рогатый скот (*Bos taurus*) и свиньи (*Sus scrofa*) были одними из первых одомашнированных животных, которые подверглись одомашниванию 10-11 тыс. лет назад в регионе Плодородного Полумесяца (Larson et al., 2014; Conolly et al., 2011; Zeder, 2011). Примерно два тысячелетия спустя горбатый крупный рогатый скот (зебу - *Bos indicus*) был одомашнен, вероятно, сообществами в раннем неолите, расположенными в современном Белуджистане, Пакистане (Fuller, 2006). Свиньи, по-видимому, одомашнены примерно 8 тыс. лет назад в Восточной Азии из популяции дикого кабана, генетически отличной от популяции в Юго-Западной Азии (Frantz et al., 2015). Лошадь (*Equus caballus*) одомашнена в степях Центральной Азии примерно 5,5 тыс. лет назад (Outram et al., 2009), а курица (*Gallus gallus*) и кошка (*Felis catus*) прошли один и тот же путь около 4 тыс. лет назад в Юго-Восточной Азии и Северной Африке (Египет) соответственно (Linseele et al., 2007). Предполагается, что на время одомашнивания для ряда видов животных могли повлиять ключевые климатические события за последние 20 000 лет.

Общая ниша с человеком

В общем, одомашнивание – это процесс формирования общей ниши с человеком, что приводит к большому количеству изменений у всех участников (Zeder, 2015). Предполагается, что объединяющим показателем для одомашнированных видов животных является то, что в настоящее время определяется как «синдром одомашнивания». Ключевым условием для одомашнивания животных человеком является такая характеристика, как предрасположенность к социализации, включающую пониженную агрессивность, социальную толерантность, исследовательские тенденции. Имеются данные о том, что социо-культурные особенности ниш, созданные человеком, вносят относительно больший вклад во внутривидовую дифференциацию культурных растений и одомашнированных животных по сравнению с экологическими факторами (Colino-Rabanal et al., 2018). Интересно отметить, что предполагаемый предковый вид человека – бонобо (*Pan paniscus*), существенно отличается от, в частности, шимпанзе, своей толерантностью – способностью делиться пищей с представителями других видов (Sánchez-Villagra, van Schaik, 2019).

Анализ накопленных данных позволяет прийти к выводу о том, что наиболее универсальными показателями синдрома одомашнивания являются изменения поведенческих характеристик (снижение агрессивности, повышение социализации (Wilkins, 2020) и существенное повышение фенотипической и популяционно-генетической изменчивости (Glazko et al., 2015).

Ключевое значение повышенной предрасположенности к социализации очень хорошо обосновано исследованиями бонобо (*Pan paniscus*). В отличие от своей сестринской группы, шимпанзе (*Pan troglodytes*), у бонобо проявляется несколько признаков, типичных для синдрома одомашнивания, включающие депигментацию губ, хвостовых окрасок,

уменьшенный половой диморфизм, меньший размер черепа и, следовательно, мозга. Предполагается, что эти признаки развились как побочные продукты отбора на снижение агрессивности, обусловленного предпочтением самок спариваться с менее агрессивными самцами. Физиологическая реакция на социальный стресс также отличается у шимпанзе и бонобо: самцы шимпанзе проявляют тестостероновую реактивность, которая снижает потенциал толерантности, тогда как у бонобо повышается уровень кортизола. Кроме того, некоторые морфологические признаки бонобо могут рассматриваться как отражающие ювенильные паттерны развития. У бонобо, как и у некоторых наиболее изученных одомашненных животных (собаки, свиньи, лошади) “ювенилизация” проявляется в отдельных специфических чертах, а не “глобально”.

Исследования в целом подтверждают идею о том, что бонобо более социально толерантны, чем шимпанзе (Sánchez-Villagra, van Schaik, 2019). Они охотнее, чем шимпанзе, устанавливают зрительный контакт или следят за происходящим взглядом, систематически более способны к совместному питанию, чем шимпанзе. Бонобо, в отличие от шимпанзе, охотно делятся пищей с незнакомцами, а также, в отличие от шимпанзе, проявляют заразительную зевоту в ответ на зевоту незнакомцев. Отмечено, что дикие бонобо делятся едой с членами других видов, что исключено для шимпанзе.

Таким образом, то, что бонобо вовлечены больше, чем шимпанзе, в проактивные (спонтанные, непроизвольные) просоциальные действия, которые характеризуют людей, является очевидной возможностью для поддержки современной гипотезы о самодоместикации человека на основе сформировавшейся в эволюции повышенной социальной толерантности.

К настоящему времени уже появились экспериментальные данные, поддерживающие гипотезу «самодоместикации» человека и роль темпов развития нервного гребня в одомашнивании животных (Zanella et al., 2019).

Предполагается (Progovac, Benítez-Burraco, 2019), что «самоодомашнивание» человека способствовало появлению менее агрессивного фенотипа, точнее фенотипа, склонного заменять физическую агрессию вербальной агрессией. В свою очередь, постепенный переход к вербальной агрессии и к более сложным формам вербального поведения способствовал социализации, причем два процесса включались во взаимно усиливающий цикл обратной связи, учитывая, что вербальное поведение влечет за собой не только меньшее насилие и лучшее выживание, но и больше возможностей для длительного взаимодействия и общения с большим количеством людей, в конечном счете, способствуя появлению более сложных форм языка. То есть, в случае «самодоместикации» половой отбор работал против признаков физической агрессии, а в случае ее замены словесными оскорблениями отбор работал в пользу вербальной агрессии. Напряженность между этими двумя, казалось бы, противоположными силами, разрешается/ослабляется тенденцией заменять физическую агрессию вербальной агрессией и вербальным поведением в более общем плане. Это также помогает разрешить парадокс гипотезы о самообучении, касающейся агрессии, точнее, почему агрессия у людей снижается только тогда, когда речь заходит о реактивной агрессии, но не тогда, когда речь заходит о проактивной агрессии, причем последняя демонстрирует рост с появлением современного языка. Авторы (Progovac, Benítez-Burraco, 2019) этих исследований полагают, что такая петля обратной связи была особенно важна в период формирования ранних сообществ *Homo sapiens*, поскольку позволяет предположить конкретные точки соприкосновения и взаимного усиления между двумя процессами – «самоодомашнивания» и ранней языковой эволюцией, включая снижение физической агрессии и влияния полового отбора.

Как отмечалось выше, общими характеристиками «синдрома доместикации» является повышенная фенотипическая изменчивость и повышенная предрасположенность к социализации. К настоящему времени выполнены попарные сравнения геномов основных доместицированных видов – базовых, для аграрной цивилизации – и их близкородственных диких видов: домашняя курица *Gallus gallus domesticus* и предковый вид *Gallus gallus* (Rubin et al., 2010); свиньи и дикие кабаны (Frantz et al., 2015; Paudel et al., 2013); предковый примитивный скот и современные породы крупного рогатого скота (Park et al., 2015); домашняя овца и муфлон, козы и безоаровый козел (Alberto et al., 2018); домашняя лошадь и лошадь Пржевальского (Der Sarkissian et al., 2015; Librado et al., 2017; Wutke et al., 2018);

домашний и дикий кролик (Carneiro et al., 2014; Irving-Pease et al., 2018) и ряда других видов. Основной вывод, который можно сделать на основании анализа результатов полногеномного секвенирования и сравнения мононуклеотидных отличий (Single Nucleotide Polymorphisms – SNP) и разнообразия изменчивости по копиям коротких геномных участков (Copy Number Variability – CNV) между domestцированными и близкородственными дикими видами, заключается в том, что, в основном, в геномных областях, в которых локализируются дифференцирующие эти виды SNP и CNV маркеры, локализованы гены, продукты которых связаны с развитием нервной и иммунной систем, а также характеристиками продуктивности животных сельскохозяйственных видов, причем вовлекаемые в эти процессы конкретные гены варьируют в зависимости от вида, то есть, сходные фенотипические решения достигаются с вовлечением разных генетических систем.

Участие в социализации генов хозяина, а также микробиома и виroma

В последние годы особое внимание привлечено к комплексу генов, мутации в которых приводит к формированию синдрома гиперсоциальности, связанному с описанным у человека синдромом Уильямса-Берена (WBS, синдром гиперсоциальности), вызванный соответственно делецией или дупликацией 28 генов в области 7q11.23 (Zanella et al., 2019)). WBS является аутосомно-доминантной мутацией, вызванной геномными перестройками из-за больших регионспецифичных изменений, присутствием Alu транспозонов (неавтономных коротких диспергированных ядерных элементов), которые могут приводить к неаллельной гомологичной рекомбинации в мейозе (Etokebe et al., 2008; Ferrero et al., 2010; Antonell et al., 2010). Частота встречаемости WBS в популяции составляет около 1/10000 для WBS гемизиготности и 1/20000 для WBS гемодупликациям. Делеция/дупликация критической области синдрома Уильямса-Берена (WBSCR) приводит к гемизиготности/гемодупликации 25-28 генов, объясняющая их фенотипические проявления (López-Tobón et al., 2020). Эта критическая область содержит гены, кодирующие ряд факторов регуляции транскрипции (Schubert, 2009). Предполагается, что изменчивость в их копиях может изменить баланс возбуждения/торможения (Makeyev, Bayarsaihan, 2011), что согласуется с многочисленными доказательствами, свидетельствующими о дисбалансе соотношения возбуждения/ингибирования кортикальных нейронов как основного субстрата развития сети генов, лежащих в основе социальной активности (Sohal, Rubenstein, 2019; Lopatina et al., 2018). Сравнительные исследования, посвященные механизмам, обуславливающим повышенную склонность собак к иницированию социальных контактов, по сравнению с серым волком, объясняли это поведение как тип поведенческой неотении, сохранение ювенильных черт у взрослого человека, что само по себе потенциально является результатом транскрипционной неотении в мозге (Somel et al., 2009).

Обнаружено, что структурные варианты в генах WBS лежат в основе стереотипной гиперсоциальности у домашних собак и лис (von Holdt et al., 2017; Kukekova et al., 2018).

Известно, что транскрипты WBSCR17 преимущественно экспрессируются в мозжечке, гиппокампе, таламусе и коре головного мозга крыс (Nakamura et al., 2005), причем исследования подтверждают его влияние на морфологию клеток и траффик через клеточные мембраны (Nakayama et al., 2012a, 2012b). WBSCR17 (N-ацетилгалактозаминилтрансфераза у человека GALNT17) высоко экспрессируется в коре головного мозга, участвует в функции лизосом, клеточной адгезии и формировании внеклеточного матрикса (Merla et al., 2002). В то же время, очевидно, что сама по себе социальная активность является сложным и, по своей сути, количественным признаком, имеющим генетическую и паратипическую компоненту в своей изменчивости. Так, исследования, выполненные на щенках 8-ми недельного возраста, позволяют предполагать, что примерно 40 % социальной активности определяется генетической компонентой. Однако существенная ее часть зависит от факторов окружающей среды, восприимчивость к которым тоже может иметь свою генетическую обусловленность, формирование которой еще менее доступно для анализа (Bray et al., 2021). Сложный характер наследования имеет и такая характеристика, тесно связанная с социальной активностью, как агрессивность. В частности, обнаружено, что экспрессия примерно 1200 генов отличается между породами крупного рогатого скота с высокой агрессивностью (порода Лидия, селекционируемая для коррид) и относительно дружелюбной (порода Вагью) (Eusebi et al., 2021).

Во многих работах представлены данные, свидетельствующие о том, что микробы, обитающие в желудочно-кишечном тракте, влияют на физиологию и работу мозга. Исследования показали, что микробиота желудочно-кишечного тракта может подавать сигналы в головной мозг через множество путей, включая иммунную активацию, выработку микробных метаболитов и пептидов, активацию блуждающего нерва и выработку различных нейромедиаторов и нейромодуляторов. В совокупности этот двунаправленный путь известен как ось микробиота-кишечник-мозг. В отсутствие микробиоты у мышей, получавших антибиотики и не имевших микробов, наблюдались изменения в ряде центральных физиологических процессов, таких как оборот нейромедиаторов, нейровоспаление, нейрогенез и морфология нейронов. Возможно, в результате этих неврологических изменений поведение животных с обедненной микробиотой особенно значительно отличается по социальному поведению от поведения грызунов, колонизированных бактериями. И наоборот, добавление животным определенных полезных бактерий (напр., *Bifidobacterium* и *Lactobacillus*) могут привести к заметному улучшению социального поведения как в раннем возрасте, так и во взрослом. В совокупности эти результаты свидетельствуют о том, что микробные сигналы важны для развития центральной нервной системы и программирования социального поведения в головном мозге (Cryan et al., 2019). Хотя исследования функциональных и экологических последствий для микробиоты кишечника у естественных популяций продолжаются, с эволюционной точки зрения остается неясным, почему и когда возникли взаимоотношения между микробами и структурами мозга, определяющими социальное поведение (Sherwin et al., 2019). Тем не менее, активно подвигающиеся исследования этой оси – кишечник – микробиота – мозг – позволяют рассчитывать на успешно развивающиеся методы бактериального лечения ряда заболеваний, одной из черт которых является десоциализация (Cryan et al., 2019). Так, например, получены данные, свидетельствующие о том, что люди с большими социальными взаимосвязями, как правило, имеют более разнообразный микробиом. Это позволяет предположить, что социальные взаимодействия могут формировать микробное сообщество кишечника человека. Напротив, тревога и стресс связаны с уменьшением разнообразия и изменением состава микробиома (Johnson, 2020). Накапливается информация о том, что белки эндогенных ретровирусов, экспрессия которых в норме подавлена, в некоторых случаях транслируются, что служит основой изменений поведенческих реакций и их патологий (Johansson et al., 2020).

В этой связи особый интерес представляет вопрос изменений микробиоты у доместичированных видов по сравнению с близкородственными дикими (Alessandri et al., 2019; Ikeda-Ohtsubo et al., 2018). Сформировано представление о том, что во время одомашнивания на изменчивость микробиоты кишечника также могли влиять близкие контакты с человеком (Milani et al., 2017).

Вирусные метагеномные исследования продемонстрировали также выраженное разнообразие эукариотических вирусов и бактериофагов (виром) в фекалиях домашних видов, что может быть тесно связано с особенностями диеты животных (Xie et al., 2019). Известно, что примерно половина генома у всех видов млекопитающих представлена вирусными и провирусными последовательностями и продуктами их рекомбинаций, в совокупности своей формирующей мобилом из мобильных генетических элементов или транспозонов (TE) – генетического резерва внутри- и межгеномного обмена. Накапливается информация о том, что белки эндогенных ретровирусов, экспрессия которых в норме подавлена, в некоторых случаях транслируются, что служит основой изменений поведенческих реакций и их патологий (Johansson et al., 2020).

Выявлено межконтинентальное распространение ретровирусов, многочисленные случаи межвидовой передачи и появления у хозяев, представляющих по меньшей мере 11 отрядов млекопитающих, а также значительная роль рекомбинаций в диверсификации вирусных линий (Diehl et al., 2016). Известно, что TE широко участвуют в эпигеномной изменчивости, включая такие процессы, как изменения рисунка метилирования, модификации гистонов, формирование микроРНК, трансгенерационное наследование (Hosaka, Kakutani, 2018; Lanciano, Mirouze, 2018). Можно ожидать, что конструирование новых ниш, в которых участвуют человек и доместичируемые виды, способствует активации TE и формированию новых регуляторных сетей на их основе (Cho et al., 2018; Colino-Rabanal et al., 2018; Shapiro, 2017).

3. Заключение

Накопленные данные позволяют сделать следующее заключение. Основа формирования аграрной цивилизации обусловлена активностью человека по вовлечению в свою нишу других видов, способствующих повышению его адаптивного и репродуктивного потенциала. Существенный вклад в этот процесс вносили факторы, связанные с социальной активностью человека, его когнитивными функциями и его способностью целенаправленно изучать и контролировать различные характеристики вовлекаемых в доместикацию видов. Основные признаки, входящие в «доместикационный синдром» у животных, ассоциированы с их социальной активностью и геномной нестабильностью, обеспечивающей появление широкого фенотипического разнообразия. Их изменчивость в определенной степени зависит от разнообразия микробиоты и тесно с ней связанного виroma, влияющих на различные физиологические системы млекопитающих, в том числе и на социальную активность. Специфика межвидовых сообществ такой ниши, определяемой человеком, изменчивость микробиома и виroma, зависящая, в частности, от особенностей источников питания, формирование на основе виroma мобилома в их геномах создает материальные основы для фенотипического разнообразия, позволяющего вести целенаправленный отбор по адаптивному потенциалу животных и растений к предлагаемой человеком нише, а также по разнообразным фенотипическим характеристикам, повышающим адаптивный и репродуктивный потенциал человека в организуемой им нише.

References

- [Alberto et al., 2018](#) – Alberto, F.J., Boyer, F., Orozco-terWengel, P., Streeter, I., Servin, B., de Villemereuil, P., Benjelloun, B., Librado, P., Biscarini, F., Colli, L., Barbato, M., Zamani, W., Alberti, A., Engelen, S., Stella, A., Joost, S., Ajmone-Marsan, P., Negrini, R., Orlando, L., Rezaei, H.R., Naderi, S., Clarke, L., Flicek, P., Wincker, P., Coissac, E., Kijas, J., Tosser-Klopp, G., Chikhi, A., Bruford, M.W., Taberlet, P., Pompanon, F. (2018). Convergent genomic signatures of domestication in sheep and goats. *Nat Commun.* 9(1): 813. DOI: 10.1038/s41467-018-03206-y
- [Alessandri et al., 2019](#) – Alessandri, G., Milani, C., Mancabelli, L., Mangifesta, M., Lugli, G.A., Viappiani, A., Duranti, S., Turroni, F., Ossiprandi, M.C., van Sinderen, D., Ventura, M. (2019). The impact of human-facilitated selection on the gut microbiota of domesticated mammals. *FEMS Microbiol Ecol.* 95(9): fiz121. DOI: 10.1093/femsec/fiz121
- [Antonell et al., 2010](#) – Antonell, A., Del Campo, M., Magano, L.F., Kaufmann, L., de la Iglesia, J.M., Gallastegui, F., Flores, R., Schweigmann, U., Fauth, C., Kotzot, D., Pérez-Jurado, L.A. (2010). Partial 7q11.23 deletions further implicate GTF2I and GTF2IRD1 as the main genes responsible for the Williams-Beuren syndrome neurocognitive profile. *J Med Genet.* 47(5): 312-320. DOI: 10.1136/jmg.2009.071712
- [Bray et al., 2021](#) – Bray, E.E., Gnanadesikan, G.E., Horschler, D.J., Levy, K.M., Kennedy, B.S., Famula, T.R., MacLean, E.L. (2021). Early-emerging and highly heritable sensitivity to human communication in dogs. *Curr Biol.* 26: S0960-9822(21) 00602-3. DOI: 10.1016/j.cub.2021.04.055
- [Carneiro et al., 2014](#) – Carneiro, M., Rubin, C.J., Di Palma, F., Albert, F.W., Alföldi, J., Martinez Barrio, A., Pielberg, G., Rafati, N., Sayyab, S., Turner-Maier, J., Younis, S., Afonso, S., Aken, B., Alves, J.M., Barrell, D., Bolet, G., Boucher, S., Burbano, H.A., Campos, R., Chang, J.L., Duranthon, V., Fontanesi, L., Garreau, H., Heiman, D., Johnson, J., Mage, R.G., Peng, Z., Queney, G., Rogel-Gaillard, C., Ruffier, M., Searle, S., Villafuerte, R., Xiong, A., Young, S., Forsberg-Nilsson, K., Good, J.M., Lander, E.S., Ferrand, N., Lindblad-Toh, K., Andersson, L. (2014). Rabbit genome analysis reveals a polygenic basis for phenotypic change during domestication. *Science.* 345(6200): 1074-1079. DOI: 10.1126/science.1253714
- [Cho et al., 2018](#) – Cho, J. (2018). Transposon-Derived Non-coding RNAs and Their Function in Plants. *Front. Plant Sci.* 9: 600. DOI: 10.3389/fpls.2018.00600
- [Colino-Rabanal et al., 2018](#) – Colino-Rabanal, V.J., Rodríguez-Díaz, R., Blanco-Villegas, M.J., Peris, S.J., Lizana, M. (2018). Human and ecological determinants of the spatial structure of local breed diversity. *Sci Rep.* 8: 6452. DOI: 10.1038/s41598-018-24641-3
- [Conolly et al., 2011](#) – Conolly, J., Colledge, S., Dobney, K., Vigne, J.-D., Peters, J., Stopp, B., Manning, K., Shennan, S. (2011). Meta-analysis of zooarchaeological data from SW Asia and SE

Europe provides insight into the origins and spread of animal husbandry. *J Archaeol Sci.* 38(3): 538-545. DOI: 10.1016/j.jas.2010.10.008

Cryan et al., 2019 – Cryan, J.F., O’Riordan, K.J., Cowan, C.S.M., Sandhu, K.V., Bastiaanssen, T.F.S., Boehme, M., Codagnone, M.G., Cussotto, S., Fulling, C., Golubeva, A.V., Guzzetta, K.E., Jaggar, M., Long-Smith, C.M., Lyte, J.M., Martin, J.A., Molinero-Perez, A., Moloney, G., Morelli, E., Morillas, E., O’Connor, R., Cruz-Pereira, J.S., Peterson, V.L., Rea, K., Ritz, N.L., Sherwin, E., Spichak, S., Teichman, E.M., van de Wouw, M., Ventura-Silva, A.P., Wallace-Fitzsimons, S.E., Hyland, N., Clarke, G., Dinan, T.G. (2019). The Microbiota-Gut-Brain Axis. *Physiol Rev.* 99(4): 1877-2013. DOI: 10.1152/physrev.00018.2018

Der Sarkissian et al., 2015 – Der Sarkissian, C., Ermini, L., Schubert, M., Yang, M.A., Librado, P., Fumagalli, M., Jónsson, H., Bar-Gal, G.K., Albrechtsen, A., Vieira, F.G., Petersen, B., Ginolhac, A., Seguin-Orlando, A., Magnussen, K., Fages, A., Gamba, C., Lorente-Galdos, B., Polani, S., Steiner, C., Neuditschko, M., Jagannathan, V., Feh, C., Greenblatt, C.L., Ludwig, A., Abramson, N.I., Zimmermann, W., Schafberg, R., Tikhonov, A., Sichevitz-Ponten, T., Willerslev, E., Marques-Bonet, T., Ryder, O.A., McCue, M., Rieder, S., Leeb, T., Slatkin, M., Orlando, L. (2015). Evolutionary Genomics and Conservation of the Endangered Przewalski’s Horse. *Curr Biol.* 25(19): 2577-2583. DOI: 10.1016/j.cub.2015.08.032

Diamond, 2002 – Diamond, J. (2002). Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature.* 418(6898): 700-707. DOI: 10.1038/nature01019

Diehl et al., 2016 – Diehl, W.E., Patel, N., Halm, K., Johnson, W.E. (2016). Tracking interspecies transmission and long-term evolution of an ancient retrovirus using the genomes of modern mammals. *Elife.* 5: e12704. DOI: 10.7554/eLife.12704

Etokebe et al., 2008 – Etokebe, G.E., Axelsson, S., Svaerd, N.H., Storhaug, K., Dembić, Z. (2008). Detection of Hemizygous Chromosomal Copy Number Variants in Williams-Beuren Syndrome (WBS) by Duplex Quantitative PCR Array: An Unusual Type of WBS Genetic Defect. *Int J Biomed Sci.* 4(3): 161-170.

Eusebi et al., 2021 – Eusebi, P.G., Sevane, N., O’Rourke, T., Pizarro, M., Boeckx, C., Dunner, S. (2021). Gene expression profiles underlying aggressive behavior in the prefrontal cortex of cattle. *BMC Genomics.* 22(1): 245. DOI: 10.1186/s12864-021-07505-5

Ferrero et al., 2010 – Ferrero, G.B., Howald, C., Micale, L., Biamino, E., Augello, B., Fusco, C., Turturo, M.G., Forzano, S., Reymond, A., Merla, G. (2010). An atypical 7q11.23 deletion in a normal IQ Williams-Beuren syndrome patient. *Eur J Hum Genet.* 18: 33-38. DOI: 10.1038/ejhg.2009.108

Frantz et al., 2015 – Frantz, L.A., Schraiber, J.G., Madsen, O., Megens, H.J., Cagan, A., Bosse, M., Paudel, Y., Crooijmans, R.P., Larson, G., Groenen, M.A. (2015). Evidence of long-term gene flow and selection during domestication from analyses of Eurasian wild and domestic pig genomes. *Nat Genet.* 47: 1141-1148. DOI: 10.1038/ng.3394

Fuller, 2006 – Fuller, D.Q. (2006). Agricultural origins and frontiers in South Asia: a working synthesis. *J World Prehist.* 20(1): 1-86. DOI: 10.1007/s10963-006-9006-8

Glazko et al., 2015 – Glazko, V., Zybailov, B., Glazko, T. (2015). Asking the Right Question about the Genetic Basis of Domestication: What is the Source of Genetic Diversity of Domesticated Species? *Adv. Genet. Eng.* 4: 2. DOI: http://dx.doi.org/10.4172/2169-0111.1000125

Hosaka, Kakutani, 2018 – Hosaka, A., Kakutani, T. (2018). Transposable elements, genome evolution and transgenerational epigenetic variation. *Curr Opin Genet Dev.* 49: 43-48. DOI: 10.1016/j.gde.2018.02.012

Ikedo-Ohtsubo et al., 2018 – Ikeda-Ohtsubo, W., Brugman, S., Warden, C.H., Rebel, J.M.J., Folkerts, G., Pieterse, C.M.J. (2018). How Can We Define "Optimal Microbiota?" A Comparative Review of Structure and Functions of Microbiota of Animals, Fish, and Plants in Agriculture. *Front Nutr.* 5: 90. DOI: 10.3389/fnut.2018.00090

Irving-Pease et al., 2018 – Irving-Pease, E.K., Frantz, L.A.F., Sykes, N., Callou, C., Larson, G. (2018). Rabbits and the Specious Origins of Domestication. *Trends Ecol Evol.* 33(3): 149-152. DOI: 10.1016/j.tree.2017.12.009

Johansson et al., 2020 – Johansson, E.M., Bouchet, D., Tamouza, R., Ellul, P., Morr, A.S., Avignone, E., Germi, R., Leboyer, M., Perron, H., Groc, L. (2020). Human endogenous retroviral protein triggers deficit in glutamate synapse maturation and behaviors associated with psychosis. *Sci Adv.* 6(29): eabc0708. DOI: 10.1126/sciadv.abc0708

Johnson, 2020 – Johnson, K. (2020). Gut microbiome composition and diversity are related to human personality traits. *Human Microbiome Journal*. 15: 100069. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.humic.2019.100069>

Kukekova et al., 2018 – Kukekova, A.V., Johnson, J.L., Xiang, X., Feng, S., Liu, S., Rando, H.M., Kharlamova, A.V., Herbeck, Y., Serdyukova, N.A., Xiong, Z., Beklemischeva, V., Koepfli, K.P., Gulevich, R.G., Vladimirova, A.V., Hekman, J.P., Perelman, P.L., Graphodatsky, A.S., O'Brien, S.J., Wang, X., Clark, A.G., Acland, G.M., Trut, L.N., Zhang, G. (2018). Red fox genome assembly identifies genomic regions associated with tame and aggressive behaviours. *Nat Ecol Evol*. 2(9): 1479-1491. DOI: [10.1038/s41559-018-0611-6](https://doi.org/10.1038/s41559-018-0611-6)

Lanciano, Mirouze, 2018 – Lanciano, S., Mirouze, M. (2018). Transposable elements: all mobile, all different, some stress responsive, some adaptive? *Opinion in Genetics and Development*. 49: 106-114. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gde.2018.04.002>

Larson, Fuller, 2014 – Larson, G., Fuller, D.Q. (2014). The evolution of animal domestication. *Annu Rev Ecol Evol Syst*. 45(1): 115-136. DOI: [10.1146/annurev-ecolsys-110512-135813](https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-110512-135813)

Larson et al., 2014 – Larson, G., Piperno, D.R., Allaby, R.G., Purugganan, M.D., Andersson, L., Arroyo-Kalin, M., Barton, L., Climer Vigueira, C., Denham, T., Dobney, K., Doust, A.N., Gepts, P., Gilbert, M.T., Gremillion, K.J., Lucas, L., Lukens, L., Marshall, F.B., Olsen, K.M., Pires, J.C., Richerson, P.J., Rubio de Casas, R., Sanjurjo, O.I., Thomas, M.G., Fuller, D.Q. (2014). Current perspectives and the future of domestication studies. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 111(17): 6139-46. DOI: [10.1073/pnas.1323964111](https://doi.org/10.1073/pnas.1323964111)

Librado et al., 2017 – Librado, P., Gamba, C., Gaunitz, C., Der Sarkissian, C., Pruvost, M., Albrechtsen, A., Fages, A., Khan, N., Schubert, M., Jagannathan, V., Serres-Armero, A., Kuderna, L.F.K., Povolotskaya, I.S., Seguin-Orlando, A., Lepetz, S., Neuditschko, M., Thèves, C., Alquraishi, S., Alfarhan, A.H., Al-Rasheid, K., Rieder, S., Samashev, Z., Francfort, H.P., Benecke, N., Hofreiter, M., Ludwig, A., Keyser, C., Marques-Bonet, T., Ludes, B., Crubézy, E., Leeb, T., Willerslev, E., Orlando, L. (2017). Ancient genomic changes associated with domestication of the horse. *Science*. 356(6336): 442-445. DOI: [10.1126/science.aam5298](https://doi.org/10.1126/science.aam5298)

Linseele et al., 2007 – Linseele, V., Van Neer, W., Hendrickx, S. (2007). Evidence for early cat taming in Egypt. *J Archaeol Sci*. 34(12): 2081-2090. DOI: [10.1016/j.jas.2007.02.019](https://doi.org/10.1016/j.jas.2007.02.019)

Lopatina et al., 2018 – Lopatina, O.L., Komleva, Y.K., Gorina, Y.V., Olovyanikova, R.Y., Trufanova, L.V., Hashimoto, T., Takahashi, T., Kikuchi, M., Minabe, Y., Higashida, H., Salmina, A.B. (2018). Oxytocin and excitation/inhibition balance in social recognition. *Neuropeptides*. 72: 1-11. DOI: [10.1016/j.npep.2018.09.003](https://doi.org/10.1016/j.npep.2018.09.003)

López-Tobón et al., 2020 – López-Tobón, A., Trattaro, S., Testa, G. (2020) The sociability spectrum: evidence from reciprocal genetic copy number variations. *Mol Autism*. 11(1):50. DOI: [10.1186/s13229-020-00347-0](https://doi.org/10.1186/s13229-020-00347-0)

Makeyev, Bayarsaihan, 2011 – Makeyev, A.V., Bayarsaihan, D. (2011). Molecular basis of Williams-Beuren syndrome: TFII-I regulated targets involved in craniofacial development. *Cleft Palate Craniofac J*. 48(1):109-16. DOI: [10.1597/09-093](https://doi.org/10.1597/09-093)

Mcbrearty, Brooks, 2000 – Mcbrearty, S., Brooks, A.S. (2000). The revolution that wasn't: a new interpretation of the origin of modern human behavior. *Journal of Human Evolution*. 39(5): 453-563. DOI: [10.1006/jhev.2000.0435](https://doi.org/10.1006/jhev.2000.0435)

McHugo et al., 2019 – McHugo, G.P., Dover, M.J., MacHugh, D.E. (2019). Unlocking the origins and biology of domestic animals using ancient DNA and paleogenomics. *BMC Biol*. 17(1): 98. DOI: [10.1186/s12915-019-0724-7](https://doi.org/10.1186/s12915-019-0724-7)

Merla et al., 2002 – Merla, G., Ucla, C., Guipponi, M., Raymond, A. (2002). Identification of additional transcripts in the Williams-Beuren syndrome critical region. *Hum Genet*. 110(5): 429-438. DOI: [10.1007/s00439-002-0710-x](https://doi.org/10.1007/s00439-002-0710-x)

Milani et al., 2017 – Milani, C., Mangifesta, M., Mancabelli, L., Lugli G.A., James, K., Duranti, S., Turrone, F., Ferrario C., Ossiprandi, M.C., van Sinderen, D., & Ventura, M. (2017). Unveiling bifidobacterial biogeography across the mammalian branch of the tree of life. *The ISME J*. 11: 2834-2847. DOI: <https://doi.org/10.1038/ismej.2017.138>

Nakayama et al., 2012a – Nakamura, N., Toba, S., Hirai, M., Morishita, S., Mikami, T., Konishi, M., Itoh, N., Kurosaka, A. (2005). Cloning and expression of a brain-specific putative UDP-GalNAc: polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase gene. *Biol Pharm Bull*. 28(3): 429-433. DOI: [10.1248/bpb.28.429](https://doi.org/10.1248/bpb.28.429)

[Nakayama et al., 2012b](#) – Nakayama, Y., Nakamura, N., Oki, S., Wakabayashi, M., Ishihama, Y., Miyake, A., Itoh, N., Kurosaka, A. (2012). A putative polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase/Williams-Beuren syndrome chromosome region 17 (WBSCR17) regulates lamellipodium formation and macropinocytosis. *J Biol Chem.* 287(38): 32222-35. DOI: 10.1074/jbc.M112.370932

[Outram et al., 2009](#) – Outram, A.K., Stear, N.A., Bendrey, R., Olsen, S., Kasparov, A., Zaibert, V., Thorpe, N., Evershed, R.P. (2009). The earliest horse harnessing and milking. *Science.* 323(5919): 1332-5. DOI: 10.1126/science.1168594

[Park et al., 2015](#) – Park, S.D., Magee, D.A., McGettigan, P.A., Teasdale, M.D., Edwards, C.J., Lohan, A.J., Murphy, A., Braud, M., Donoghue, M.T., Liu, Y., Chamberlain, A.T., Rue-Albrecht, K., Schroeder, S., Spillane, C., Tai, S., Bradley, D.G., Sonstegard, T.S., Loftus, B.J., MacHugh, D.E. (2015). Genome sequencing of the extinct Eurasian wild aurochs, *Bos primigenius*, illuminates the phylogeography and evolution of cattle. *Genome Biol.* 16:234. DOI: 10.1186/s13059-015-0790-2

[Paudel et al., 2013](#) – Paudel, Y., Madsen, O., Megens, H.J., Frantz, L.A., Bosse, M., Bastiaansen, J.W., Crooijmans, R.P., Groenen, M.A. (2013). Evolutionary dynamics of copy number variation in pig genomes in the context of adaptation and domestication. *BMC Genomics.* 14:449. DOI: 10.1186/1471-2164-14-449

[Progovac, Benítez-Burraco, 2019](#) – Progovac, L., Benítez-Burraco, A. (2019). From Physical Aggression to Verbal Behavior: Language Evolution and Self-Domestication Feedback Loop. *Front. Psychol.* 10: 2807. DOI: 10.3389/fpsyg.2019.02807

[Rubin et al., 2010](#) – Rubin, C.J., Zody, M.C., Eriksson, J., Meadows, J.R., Sherwood, E., Webster, M.T., Jiang, L., Ingman, M., Sharpe, T., Ka, S., Hallböök, F., Besnier, F., Carlborg, O., Bed'hom, B., Tixier-Boichard, M., Jensen, P., Siegel, P., Lindblad-Toh, K., Andersson, L. (2010). Whole-genome resequencing reveals loci under selection during chicken domestication. *Nature.* 464(7288): 587-591. DOI: 10.1038/nature08832

[Sánchez-Villagra, van Schaik, 2019](#) – Sánchez-Villagra, M.R., van Schaik, C.P. (2019). Evaluating the self-domestication hypothesis of human evolution. *Evol Anthropol.* 28(3): 133-143. DOI: 10.1002/evan.21777

[Schubert, 2009](#) – Schubert, C. (2009). The genomic basis of the Williams-Beuren syndrome. *Cell Mol Life Sci.* 66(7): 1178-1197. DOI: 10.1007/s00018-008-8401-y

[Shapiro, 2017](#) – Shapiro, J.A. (2017). Living Organisms Author Their Read-Write Genomes in Evolution. *Biology.* 6(4): 42. DOI: 10.3390/biology6040042

[Sherwin et al., 2019](#) – Sherwin, E., Bordenstein, S.R., Quinn, J.L., Dinan, T.G., Cryan, J.F. (2019). Microbiota and the social brain. *Science.* 366(6465): eaar2016. DOI: 10.1126/science.aar2016

[Sohal, Rubenstein, 2019](#) – Sohal, V.S., Rubenstein, J.L.R. (2019). Excitation-inhibition balance as a framework for investigating mechanisms in neuropsychiatric disorders. *Mol Psychiatry.* 24(9): 1248-1257. DOI: 10.1038/s41380-019-0426-0.

[Somel et al., 2009](#) – Somel, M., Franz, H., Yan, Z., Lorenc, A., Guo, S., Giger, T., Kelso, J., Nickel, B., Dannemann, M., Bahn, S., Webster, M.J., Weickert, C.S., Lachmann, M., Pääbo, S., Khaitovich, P. (2009). Transcriptional neoteny in the human brain. *Proc Natl Acad Sci USA.* 106(14): 5743-5748. DOI: 10.1073/pnas.0900544106

[von Holdt et al., 2017](#) – von Holdt, B.M., Shuldiner, E., Koch, I.J., Kartzinel, R.Y., Hogan, A., Brubaker, L., Wanser, S., Stahler, D., Wynne, C.D.L., Ostrander, E.A., Sinsheimer, J.S., Udell, M.A.R. (2017). Structural variants in genes associated with human Williams-Beuren syndrome underlie stereotypical hypersociability in domestic dogs. *Sci Adv.* 3(7): e1700398. DOI: 10.1126/sciadv.1700398

[Wilkins, 2020](#) – Wilkins, A.S. (2020). A striking example of developmental bias in an evolutionary process: The "domestication syndrome". *Evol Dev.* 22(1-2): 143-153. DOI: 10.1111/ede.12319

[Wutke et al., 2018](#) – Wutke, S., Sandoval-Castellanos, E., Benecke, N., Döhle, H.J., Friederich, S., Gonzalez, J., Hofreiter, M., Lôugas, L., Magnell, O., Malaspinas, A.S., Morales-Muñiz, A., Orlando, L., Reissmann, M., Trinks, A., Ludwig, A. (2018). Decline of genetic diversity in ancient domestic stallions in Europe. *Sci Adv.* 4(4): eaap9691. DOI: 10.1126/sciadv.aap9691

Xie et al., 2019 – Xie, X.T., Kropinski, A.M., Tapscott, B., Weese, J.S., Turner, P.V. (2019). Prevalence of fecal viruses and bacteriophage in Canadian farmed mink (*Neovison vison*). *Microbiologyopen*. 8(1): e00622. DOI: 10.1002/mbo3.622

Zanella et al., 2019 – Zanella, M., Vitriolo, A., Andirko, A., Martins, P.T., Sturm, S., O'Rourke, T., Laugsch, M., Malerba, N., Skaros, A., Trattaro, S., Germain, P.L., Mihailovic, M., Merla, G., Rada-Iglesias, A., Boeckx, C., Testa, G. (2019). Dosage analysis of the 7q11.23 Williams region identifies BAZ1B as a major human gene patterning the modern human face and underlying self-domestication. *Sci Adv*. 5(12): eaaw7908. DOI: 10.1126/sciadv.aaw7908.

Zeder, 2011 – Zeder, M.A. (2011). The origins of agriculture in the Near East. *Curr Anthropol*. 52(S4): S221-SS35. DOI: 10.1086/659307

Zeder, 2015 – Zeder, M.A. (2015). Core questions in domestication research. *Proc Natl Acad Sci USA*. 112(11): 3191-3198. DOI: 10.1073/pnas.1501711112

Человек и domesticiрованные виды (обзор)

Валерий Иванович Глазко ^{a, b, *}, Глеб Юрьевич Косовский ^b, Татьяна Теодоровна Глазко ^{a, b}

^a Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, Российская Федерация

^b НИИ пушного звероводства и кролиководства им. В.А. Афанасьева, Российская Федерация

Аннотация. Аграрная цивилизация была сформирована благодаря доместикиции главным образом пяти видов млекопитающих (козы, овцы, крупный рогатый скот, свиньи, лошади) и ограниченного количества видов растений, главные из которых – пшеница и рис. Это небольшое количество видов осталось базой аграрной цивилизации и до сих пор, не смотря на продолжающиеся попытки доместикиции других диких видов. К настоящему времени стало понятно, что доместикиция является одним из вариантов мутуалистических взаимоотношений между человеком и соответствующими видами. Это может хорошо объяснять ограниченность количества видов, успешно вовлекавшихся в доместикицию, поскольку возможности «симбиоза» с человеком высоко видоспецифичны. Отсюда становится очевидным, что утрата разнообразия генофондов сельскохозяйственных видов принципиально невозможна, так же как и деградация почв, биосферы и является прямой угрозой для существования аграрной цивилизации, поскольку именно эти виды исторически лежали в основе ее существования и развития. С этой точки зрения сохранение биоразнообразия сельскохозяйственных видов становится критическим условием для существования аграрной цивилизации в будущем. Механизмы доместикиции – ключевой вопрос в понимании и управлении генетическими ресурсами сельскохозяйственных видов животных и растений. В обзоре рассматривается основа формирования аграрной цивилизации, которая обусловлена активностью человека по вовлечению в свою нишу других видов, способствующих повышению его адаптивного и репродуктивного потенциала. Существенный вклад в этот процесс вносили факторы, связанные с социальной активностью человека, его когнитивными функциями и его способностью целенаправленно изучать и контролировать различные характеристики вовлекаемых в доместикицию видов. Основные признаки, входящие в «доместикационный синдром» у животных, ассоциированы с их социальной активностью и геномной нестабильностью. Их изменчивость, создающая основы для отбора, зависит от разнообразия микробиоты и тесно с ней связанного виroma. Формирование на основе виroma мобилома в геномах создает материальные основы для фенотипического разнообразия, позволяющего вести целенаправленный отбор по адаптивному потенциалу животных и растений к предлагаемой человеком нише, а также по разнообразным фенотипическим характеристикам, повышающим адаптивный и репродуктивный потенциал человека в организуемой им нише.

Ключевые слова: доместикиция, ниша, социальная активность, микробиом, виром, мобилом.

* Корреспондирующий автор

Адреса электронной почты: vigvalery@gmail.com (В.И. Глазко)