

## ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ ДОМСТИКАЦИИ (ОСОБЕННОСТИ ИНТЕРПРЕТАЦИИ ЛАБОРАТОРНЫХ ДАННЫХ ПАЛЕОГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ)

© 2022

Кузнецов П.Ф., Фоменко С.В.

Самарский государственный социально-педагогический университет (г. Самара, Российская Федерация)

*Аннотация.* Статья-обзор рассматривает опубликованные в 2021 году в журнале «Nature» выводы двух исследовательских групп, в фокусе внимания которых находятся генетические аспекты проблемы доместикиции лошадей в бронзовом веке. Достижение когерентности и преодоление противоречий данных палеогенетики и археологии посредством мета-описания, в основе которого лежит превалирование селекции, оборачивается рядом спорных выводов, среди которых: экстраполяция, вызванная переносом антропоморфических характеристик на физиологические особенности лошади, и редукция акторов социальных процессов к их генетическим маркерам. В контексте работ по медицинской генетике и социологии науки предполагается разрешение соответствующих противоречий через смену оптики анализа генетических данных в проблеме одомашнивания: отказ от мета-описания исследуемых явлений и актуализация логики встречи социальных потребностей с предшествующей одомашниванию мутационной изменчивостью. Кроме того, в статье рассматривается проблема интерпретации генетических данных одомашнивания лошади лишь как гипотеза. Проблема заключается в том, что между генетическими предшественниками и подлинными домашними лошадьми (Dom-2) существует значимый хронологический разрыв в 500–700 лет. В данный период входят такие значимые археологические культуры, как абашевская, постполтавкинская, волго-уральская и другие.

*Ключевые слова:* актор; генетические маркеры; доместикиция; клиническая анатомия лошади; мета-описание; мутация; палеогенетика; редукция; селекция; скрининг; экстраполяция.

## GENETIC MARKERS OF DOMESTICATION (SOME FEATURES OF INTERPRETATION OF LABORATORY DATA OF PALEOGENETIC RESEARCHES)

© 2022

Kuznetsov P.F., Fomenko S.V.

Samara State University of Social Sciences and Education (Samara, Russian Federation)

*Abstract.* The paper reviews the findings of two research groups, published in the journal «Nature», that focus on the genetic aspects of horses' domestication in the Bronze Age. Creating coherence and overcoming the contradictions between the data of paleogenetics and archeology through meta-description, which is based on the prevalence of selection, turns into the some controversial conclusions, including: extrapolation caused by the transfer of anthropomorphic characteristics to the physiological characteristics of the horse and the reduction of actors of social processes to genetic markers. In the context of articles on medical genetics and sociology of science, it is proposed to overcome controversies through a change in the optics of analysis of genetic data in the problem of domestication: rejection of the meta-description of the researching phenomena and the actualization of the logic of «meeting» social needs and mutational variability preceding domestication. In addition, the paper deals with the problem of interpreting the genetic data of horse domestication only as a hypothesis. The problem is that there is a significant chronological gap of 500–700 years between genetic ancestors and genuine domestic horses (Dom-2). This period includes such significant archaeological cultures as Abashevskaya, post-Poltavka Volga-Ural and others.

*Keywords:* actor; clinical anatomy of horse; domestication; genetic markers; meta description; mutation; paleogenetics; reduction; selection; screening; extrapolation.

Научная методология не предполагает мгновенных решений. Так, междисциплинарные исследования, опирающиеся одновременно на данные археологии и палеогенетики и оказавшиеся в плоскости построения мета-описания для теоретической конструкции, нередко сталкиваются с проблемой противоречий [1]. Поскольку факты истории и культуры, в отличие от естественнонаучных эмпирических обобщений, не наблюдаются непосредственно, противоречия между ними необязательно умаляют значения научной гипотезы, но порой обращаются в не всегда однозначные выводы соответствующих интерпретаций.

Подобные противоречия характерны для современных теорий доместикиции лошади и степной миграции, основанных на археологических исследованиях, но в последнее десятилетие обратившихся к не всегда однозначным (в логике их интерпретации)

данным палеогенетики. Недавние исследования специалистов Национального центра научных исследований и Университета Тулузы (Франция) под руководством Пабло Либрадо и Людовика Орландо [2] и Института истории наук о человеке Общества Макса Планка (Германия) под руководством Шеван Уилкин [3] ставят вопросы о движущих силах этих – оказавшихся взаимосвязанными – процессов в фокусе генетических маркеров (участков ДНК, характеризующих изучаемое явление в плоскости палеогенетики).

Вместе с тем, как в соотношении с предшествующими археологическими данными, так и с магистральными исследованиями молекулярной генетики, обе работы отмечены спорными выводами, связанными с попытками заменить описания конкретных эмпирических фактов магистральным мета-описанием.

Обзор статьи

«Pablo Librado, Ludovic Orlando et al.  
*The origins and spread of domestic horses  
from the Western Eurasian steppes*»

В октябре 2021 г. в журнале Nature выходит статья о прочтении и всестороннем анализе полных ядерных геномов 264 древних и восьми современных лошадей, проживавших в разные эпохи и в разных регионах северной половины Евразии [2, р. 634–640]. Это результат пятилетней работы генетиков Центра антропобиологии и геномики университета г. Тулузы (CAGT) под руководством Л. Орландо, археологов и остеологов разных стран. В 2017, 2018 гг. в остеологической лаборатории Самарского государственного социально-педагогического университета группой в составе: Н.В. Рослякова (остеолог), Л. Орландо, П.Ф. Кузнецов, М.К. Петровская, Г.Б. Росляков – были отобраны более двухсот образцов. Но в статью вошли лишь 18, давших возможность прочесть их геномы.

Главная работа генетиков заключалась в выделении полноценных кластеров лошадей, имеющих четкую географическую и хронологическую привязку. В результате было установлено, что к домашней форме относится единственный кластер лошадей «второй доместикации» DOM-2 (135 образцов). Остальные, более ранние по времени 129 образцов разделились на 21 кластер, которые происходят из 52 памятников. Это очень высокий процент генетического и географического разнообразия. При этом генетические различия тем больше, чем больше географические и хронологические расстояния между ними. Популяции лошадей были разобщены, а дальние дистанционные миграции и контакты между ними ограничены или даже невозможны. Важно, что самостоятельный кластер DOM-1 (предположительно, первая домашняя) так и не был выделен. Более того, внутри ботайской культуры, которую до 2018 г. относили к кругу первых коневодов, установлены три локальных генетических кластера: BOTA1 (поселение Ботай), BORA1 (пос. Бурли), TERSEK (пос. Терсек).

Высокое генетическое и географическое разнообразие диких лошадей сохраняется вплоть до конца III тысячелетия до н.э. И только после XXII века до н.э. появляется новый кластер подлинных домашних лошадей – DOM-2. Их распространение в культурной среде бронзового века становится всеобщим на всей территории Евразии. Прочие, дикие кластеры лошадей исчезают. Важно, что в более ранней работе Орландо с коллегами опубликован временной график бейсовских диаграмм (скайлайны) по митохондриальному ДНК [4, fig. S14]. Здесь приводится расчет численности популяции лошадей во времени по закону популяционной генетики Харди-Вайнберга на территории Евразии. Начиная от 5-го тысячелетия до н.э. и вплоть до первой половины III тыс. до н.э. наблюдается резкое уменьшение численности лошадей. Но уже во второй половине III тысячелетия до н.э. падение остановилось и начался взрывной рост численности популяции, который продлился вплоть до начала I тысячелетия до н.э. Начало этого роста не случайным образом совпадает с появлением кластера домашних лошадей DOM-2.

До проведения этих масштабных палеогенетических исследований предполагалось, что лошадь могла быть одомашнена в нескольких центрах. К этим

регионам относили Каспийско-Черноморские степи, Иберийский полуостров, Анатолию, Центральную Азию. Но открытие лишь одного генетического профиля линии домашних лошадей DOM-2 позволяет сделать вывод о том, что это приручение состоялось только один раз. Затем эти прирученные лошади, благодаря человеку, стали расти численно и распространяться посредством обмена либо торговли по всему Евразийскому континенту. Самый высокий процент сходства с домашними показали образцы диких лошадей поселения Семеновка 1 (р. Молочная, дереивская культура, XLIV–XLI вв. до н.э., кластер Ukr11), пос. Репин Хутор (р. Дон, репинская культура, XXXI–XXX вв. до н.э., C-PONT), мог. Айгурский-2, к. 22, п. 16 (р. Айгурка, приток р. Калаус, степная майкопская культура, XXXVI–XXXIV вв. до н.э. C-PONT), пос. Сосновка (р. Волга, полтавкинская культура, XXIX–XXVII вв. до н.э.), пос. Турганик (р. Ток, приток р. Самара, ямная культура, поздний этап, XXIX–XXVII вв. до н.э., TURG). Эти лошади еще не были домашними. Они были объектами охоты в эпоху раннего и среднего бронзовых веков. На это указывает, в частности, тот факт, что в майкопском погребении 16, к. 22, мог. Айгурский-2 вместе с путовой костью лошади была найдена путовая кость осли [5, с. 119, рис. 8]. Ареал дикого осли как раз достигал регионов СЗ Прикаспия.

Распределение генетического разнообразия лошадей в изученной выборке позволяет интерпретировать как самую вероятную область происхождения кластера DOM-2 в Волго-Донском регионе, северо-западном Прикаспии и в Приуралье. Это кластеры C-PONT, TURG.

Вместе с тем мы не можем однозначно относить этих лошадей к непосредственным предкам домашних лошадей, т.к. время жизни кластеров C-PONT и TURG ограничено XXIX–XXVII вв. до н.э. Соответственно, сейчас мы имеем хронологический разрыв с кластером DOM-2 не менее чем в 500–700 лет. Кроме того, есть и ощутимый территориальный разрыв между колесничными культурами начала позднего бронзового века и памятниками ранней бронзы с изученными образцами. Если первые доминируют в лесостепной зоне, то вторые – в степной и полупустынной зонах. Поэтому преемственность кластера DOM-2 от кластеров C-PONT и TURG остается наиболее вероятной, но гипотетической (рис. 1).

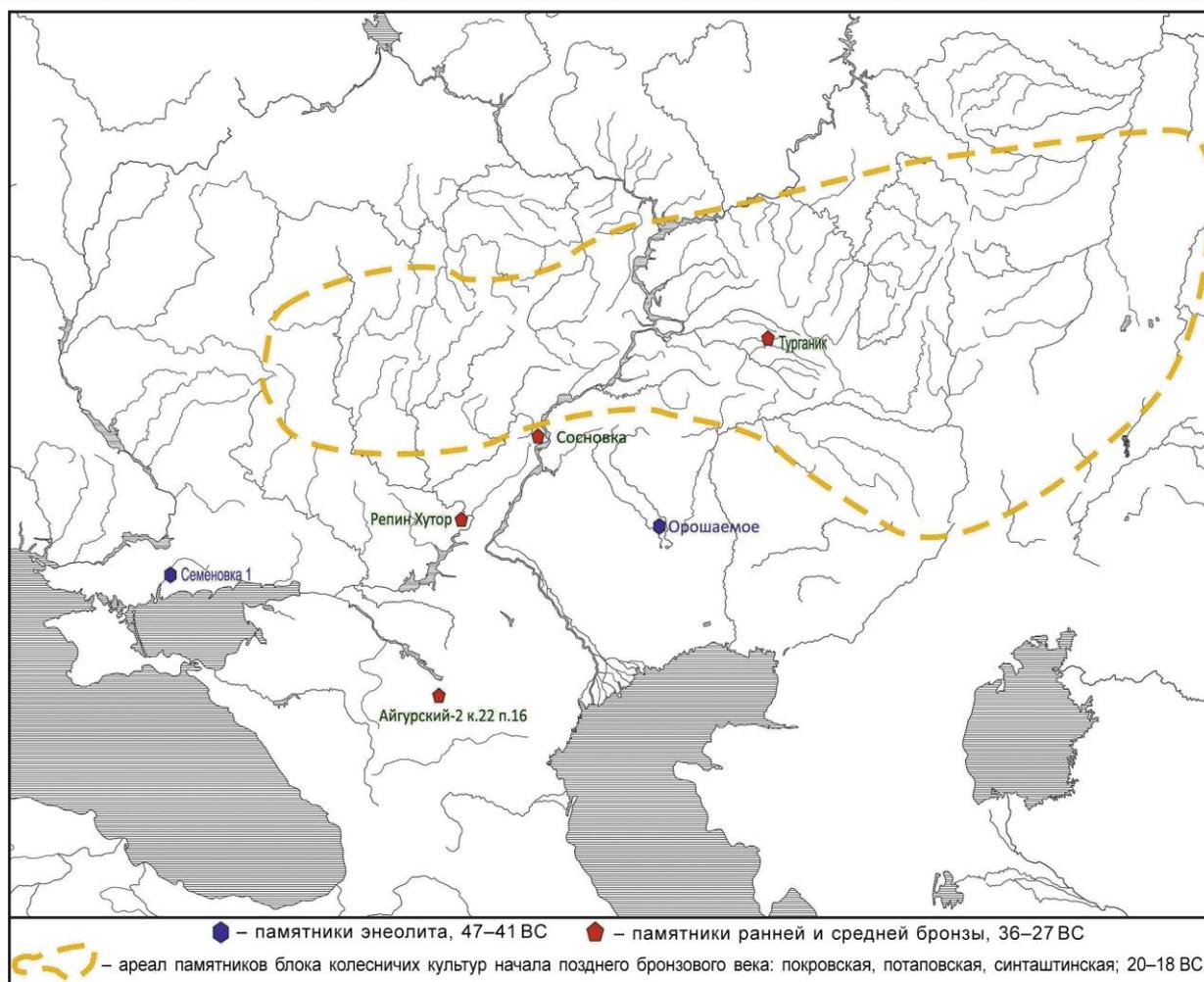
Рассматривая искусственный отбор через предполагаемые доказательства использования лошадей на геномном уровне, авторы рассматриваемой статьи осуществили последовательный скрининг 273 геномов в линии лошадей DOM2 в целях выявления аллелей, отличающих их от остальных линий. Сравнительный анализ показывает, что происхождение лошадей кластера DOM-2 локализуется в низовьях Волги и Дона, Предкавказья, юга европейской части современной России, а рост их популяции и процесс одомашнивания преломляется через два генетических отличия.

Первое связано с геном, кодирующим белок-протеин Gasdermin C: структура указанного гена (GSDMC) претерпела изменения в силу включения двух независимых мобильных элементов ДНК – транспозонов L1 [2, р. 636]. Следует подчеркнуть, что больший интерес для авторов представляет свидетельство о том,

что, по результатам проведенного три года назад международной группой исследователей полногеномного поиска наследственных ассоциаций хронической боли в спине, GSDMC также является маркером стеноза поясничного отдела позвоночника [6, р. 23]. Исследовательской группе Либрадо-Орландо эти данные позволяют выдвинуть гипотезу о том, что указанная мутация, обеспечив лошадям DOM-2 большую выносливость при перевозке грузов, сделала их объектом селективного отбора и позволила в будущем распространиться по Евразии, синхронно с конной материальной культурой.

Однако этот вывод представляется экстраполяцией, обусловленной переносом на лошадь характеристик человека. Ассоциированная собственно с дегенерацией пояснично-крестцового отдела однонуклеотидная замена rs12310519 лежит не в самом гене GSDMC (и, следовательно, вряд ли связана со встраиванием мобильных элементов в этот ген), а между ним и соседним геном CCDC26. Она находится рядом с последовательностями, регулирующими развитие хондроцитов (клеток хрящевой ткани), остеобластов (основных клеток костной ткани) и некоторых типов астроцитов (клеток нейроглии, регулирующих питание нейронов и их активность).

Кроме того, недавняя работа группы китайских специалистов Медицинского Университета Гуанси, также послужившая одной из отправных точек исследовательских поисков группы Либрадо-Орландо, описывает варианты развития стеноза, заключающегося в затвердевании позвоночных дисков вследствие избыточной пролиферации костных клеток [7, р. 1–10]. В результате негативных факторов среды (избыточных физических нагрузок, травм спины) этот процесс приводит к последующему пережатию нервных окончаний поясницы и в конечном счете к развитию грыжи. Но эта клиническая картина сомнительна при переносе на анатомию лошадей, обладающих наиболее короткой поясницей среди всех домашних животных, состоящей из 6 (в редких случаях – 5) позвонков [8, р. 23–24]. Поражения позвоночника в клинической анатомии лошади были бы более характерны для шейного и грудного отделов, несущих основную нагрузку и содержащих 7 и 18–19 позвонков соответственно [8, р. 24], а не поясничного отдела, о котором говорится в статье. Поэтому указанные генетические изменения могли не отразиться на выборке данной линии по селективному принципу удобства верховой езды или перевозки грузов.



**Рисунок 1** – Карта памятников предков домашних лошадей и ареал памятников блока колесничих и коневодческих культур.

Памятники энеолита: Семеновка 1 (профиль ДНК Ukr11); Орошаемое (профиль ДНК NEO-NCAS).  
 Памятники времени ранней и средней бронзы: Айгурский-2, к. 22, п. 16 (профиль ДНК C-PONT); Репин Хутор (профиль ДНК C-PONT, RepinAdmix); Сосновка (профиль ДНК C-PONT); Турганик (профиль ДНК TURG)

Вместе с тем отход от мета-описания исследуемого явления позволяет выдвинуть встречное предположение – предшествование указанной мутации селективному отбору. Сравнительная мягкость костной ткани позвоночника могла способствовать большей и – что намного важнее – несимметричной гибкости позвоночного столба, сделавшей для лошади естественным перемещение в галопирующем аллюре, для которого (в отличие от бега рысью) характерны несимметричные колебания позвоночника. В дальнейшем носители этой мутации и стали особенно привлекательными для селективной выборки.

Более утонченным примером экстраполяции, возникающей на противопоставлении мутационной изменчивости и селективного отбора, является второе отличие – выделение у линии лошадей DOM-2 изменений, простирающихся на 16 Мб хромосомы 3 и затрагивающих один из генов «цинковых пальцев» – ZFPM1 [2, р. 636, 637]. Такие гены кодируют соединения, похожие на палец и связанные с молекулой цинка, которые распознают конкретные участки ДНК и, в том числе, отвечают за дифференциацию серотонинергических нейронов, расположенных по средней линии продолговатого мозга (дорсальному шву). Серотониновая система представляет собой структуру, через которую осуществляется обработка и торможение сенсорной информации. Впрочем, трудно согласиться с выделяемым исследователями акцентом на снижении тревожности, которое, с долей вероятности, могла повлечь мутация. Такая гипотеза вызвана, скорее всего, экстраполяцией на поведение лошадей примечательных качеств человеческой психики и результатов экспериментов на мышах, подверженных паническому поведению после инактивации гена ZFPM1 [2, р. 636].

Тем не менее изменение серотониновой системы подводит палеогенетиков к другой проблеме селективной выборки – необходимости контроля свободного выпаса лошадей. Поскольку травмы дорсального ядра практически неизбежно ведут к близким Корсаковскому синдрому расстройствам памяти, уместнее предположить, что генетические изменения в данном случае привели не к снижению тревожности напрямую, а к улучшению памяти и узнавания со стороны носителей мутации, облегчавшему взаимодействие с человеком [9, р. 372]. Это не исключает купирования тревожно-панического поведения у лошадей, но только если оно было производным от отсутствия позитивного опыта.

Мутационный процесс с ZFPM1 напоминает случай «творческой эволюции», описанной А. Бергсоном: в основе модификации организма лежит развитие способности узнавания [10, р. 104–134]. Не исключено, что эта способность оказалось звеном, необходимым для «встречи» и установления взаимодействия людей бронзового века и лошадей популяции DOM-2, которая должна была привести к организации коневодства в будущем, к возможностям его улучшения и усложнения.

Подводя предварительные итоги, отметим, что исследовательская работа группы Либрадо-Орландо, выделяя маркеры предполагаемого приручения, видимо, в целях обоснования важности селективного отбора, наделяют их антропоморфическими качествами. Это скорее умаляет важность выявленных изменений: в отвлечении от логической экстраполя-

ции необходимо признать первичность указанных мутаций, в дальнейшем подхваченных селективным отбором. За маркерами доместикации скрываются подлинные (нечеловеческие) акторы этого процесса – две мутации, одна из которых (GSDMC) улучшила способность лошади к передвижению галопирующим аллюром, а вторая (ZFPM1) – к узнаванию и запоминанию.

Инфра-описание этих изменений, не привлекающее спорные аналогии из исследований людей и мышей, позволяет рассмотреть их общебиологическое значение, не сводящееся только к послушанию и крепкой пояснице.

Мутагенез в живой природе непрерывен. Некоторые мутации подхватываются естественным отбором, но абсолютное большинство полностью отбрасывается. Исследовательская группа Либрадо-Орландо соотносит селекцию с закреплением в популяции мутаций GSDMC и ZFPM1, предполагая, что это было возможно при первичности селекции – в искусственно измененной человеком среде, на фоне уже происходивших попыток приручения. С другой стороны, общебиологическое значение мутаций GSDMC и ZFPM1 указывает, что подобные лошади могли сохраниться и без доместикации. Быстрый бег и адаптивная память – признаки, вполне актуальные для естественной среды обитания лошадей и не требующие для сохранения антропогенных изменений. Поэтому вызвавшие их мутации определяются нами как первичные по отношению к селекции акторы одомашнивания.

Доместикация стала результатом последующей встречи носителей мутаций и потребностей социумов бронзового века. При этом описанные мутации могли сохраниться в эволюционной истории и без селективного воздействия, а завершенная доместикация без предшествующих генетических изменений оказалась бы просто невозможной.

*Обзор статьи  
«Shevan Wilkin et al.*

*Dairying enabled Early Bronze Age  
Yamnaya steppe expansions»*

Ситуация логической редукции в исследованиях генетики артикулировалась в кругах социологов, близких, главным образом, последователям акторно-сетевой модели социологии науки с начала 80-х гг., начиная с уже классической работы Э. Йоксена [11]. Тогда было проблематизировано смещение иерархии клинических данных генетических заболеваний в сторону предполагаемых генетических маркеров патологической наследственности, лежащих в основе «конструирования» («making») медицинского дискурса. Одно из обстоятельных социологических исследований [12] показывает развитие редукционизма мышления практикующих специалистов в клиническом континууме наследственно-обусловленного бесплодия и муковисцидоза: автор отмечает искусственность выделения маркера из генетического полиморфизма, априорно заявленного проявлением мутационного процесса.

Вариацией подобной редукции, сводящей историческое явление к эмпирическому обобщению лабораторной палеогенетики, представляется исследование группы Ш. Уилкин, осуществившей молекулярный анализ белков зубного камня более 56 образцов из захоронений людей бронзового века [3]. Наиболь-

ший интерес представляет идентификация пептидов рода *Equus* из белка б-лактоглобулина у 2 из 17 обследованных образцов ранней бронзы (юго-западного участка географического кластера отбора образцов, курганной могильной Кривянский 9). На основании их анализа исследовательской группой делается вывод о том, что переход к молочной диете, включающей молоко лошади (которая входит в род *Equus*), стал фактором развертывания последующей экспансии племен ямной культуры, ставшей основной так называемой степной миграции в Европу в бронзовом веке.

«Хотя род *Equus* включает лошадь, осла и кианга, только виды лошадей (*Equus caballus*, *Equus przewalskii*, *Equus hemionus* и *Equus ferus*) археологически засвидетельствованы в степи в раннем бронзовом веке, что подтверждает идентификацию *Equus* как лошади» [3, р. 630]. Помимо того, что *Equus hemionus* является не лошастью, а куланом, такая логическая конструкция исследователей выглядит, скорее, аффирмативной, скрывающей редукцию, которая превращает генетический маркер в актор социального процесса. Авторы намеренно сводят в единый список представителей рода лошадиных, включая неодомащенную лошадь Пржевальского (*Equus przewalskii*) и дикую лошадь (*Equus ferus*), чтобы на их фоне подчеркнуть, что пептиды могли принадлежать только домашней лошади – *Equus caballus*.

С большим основанием можно утверждать, что употребление молока является не критерием, а свойством доместикиции. Культурологическое исследование погребальных аспектов европейской культуры, проведенное в Университете Южной Богемии под руководством В. Грубхоффера, упоминает активное употребление волчьего молока в парамедицинских целях в окружении графини Элеаноры фон Шварценберг (1682–1741 гг.) и содержание волчиц в Крумловском замке [13, р. 180–182]. Вполне вероятно, что носители ямной культуры, еще не подвергшиеся мутации лактозы, примерно так же могли использовать кобылье молоко в лекарственных (ополаскивании рта) и/или ритуальных целях. Заметим, что кобылье молоко в отличие от коровьего и человеческого содержит сверхвысокие концентрации лизоцима – антибактериального фермента, используемого, в частности, при лечении заболеваний слизистой полости рта, кишечника и при реабилитации голодающих (пострадавших от кахексии).

Несмотря на подлинную термолабильность, а также утрату б-лактоглобулином аллергенных свойств при ферментации, которую исследование группы Ш. Уилкин приводит в качестве объяснения употребления молока людьми, еще не обладающими способностями к персистенции лактозы [3, р. 632–633], эти выводы вступают в ошутимое противоречие с ранее проведенным геномным исследованием [2].

Ныне достаточно широко известная серия научных работ британских биологов К. Холден и Р. Мэйс, с 1997 года использовавших филогенетический сравнительный подход к изучению переносимости лактозы, показывает, что молочное животноводство предшествовало возникновению толерантности к лактозе, оказавшись именно следствием, а не предварительным критерием доместикиции [14; 15]. Культурно-социальные изменения явились резонансом, запустившим механизм селекции внутри человеческой популяции скотоводов и изменившим линию эволюции, которая сделала данную мутацию востребованной. Стабильному потреблению кобыльего молока должно было предшествовать достаточно развитое коневодство, не характерное для археологических показателей ямной культуры. Здесь необходимо отметить, что у людей колесничих (коневодческих) культура начала второго тысячелетия до н.э. пептиды рода *Equus* не обнаружены.

Это подводит к разрешению логической ошибки, обратной рассмотренной в предыдущем случае: вместо замены акторов приручения маркерами (в целях обоснования селективного отбора), в данной работе авторы пытаются придать маркерам черты акторов, произведя редукцию явления одомашнивания к одному из его вторичных свойств (молочной диете). Однако именно в данном случае селективный отбор предшествовал мутации, но произошедшей уже в человеческой популяции, которая подверглась изменению благодаря развитию скотоводства.

Суммируя изложенное, мы предполагаем, что модель доместикиции лошади сейчас во многом остается гипотетической, т.к. отсутствуют результаты геномного анализа образцов из памятников второй половины III тысячелетия до нашей эры (рис. 2). На данном этапе достаточно уверенно можно констатировать, что приручение состоялось один раз в истории человечества на территории к западу от Урала и к северу от Кавказа.

?	<b>Синташтинская. Потаповская. Покровская.</b>		II BC
Полтавкинская поздняя	Волго-Уральская	Абашевская	Волго-уральск.
Полтавкинская ранняя.	Ямная поздняя.	Полтавкинская поздняя.	III BC
Ямная ранняя	<b>Ямная ранняя</b>		IV BC
?	?	Турганик/Токский тип.	Чекалинский тип.
Тендексор-2. Хвалынская.	Хвалынская.	Алтата.	Средневожская. Гундоров. тип.
Тендексор-1. Хвалынская.	Прикаспийская-2.	Орловка-III. Хвалынская.	Нак. Самар.-II.
Джангар-II. Каиршак.	Прикаспийская.	Орловка-II.	Накольч. Самарская-I.
Джангарская-I. Каиршакская.	Орловка-I.	Елшанская.	Елшанская.
Полупустыня	Степь	Лесостепь	
			CalBC

Рисунок 2 – Радиоуглеродная хронология культур Волго-Уральского региона (дополнена наличием/отсутствием образцов ДНК лошадей).

Примечание. Курсивом выделены культуры с установленным профилем ДНК лошадей. Синташтинская, потаповская и покровская культуры с профилем ДНК лошадей DOM-2

Следует особо подчеркнуть, что явление доместикации распадается на сеть взаимосвязанных действий, не связанных происхождением, и нечеловеческих акторов, в которой историческое явление доместикации оказывается моментом встречи независимых сил. Этот момент исключительно ретроспективно описывается телеологически, искусственно тематизируя границу природы и культуры, проходящую по линии вопроса о первенстве мутации и искусственного отбора.

При этом обе мутации: гена GSDMC, обусловившая лучшую подвижность позвоночника, и гена ZFPM1, улучшившая способность узнавания со стороны особи-носителя, – оказались явлениями, предшествующими будущему селективному отбору, предположительно, выросшему из потребности контроля свободного выпаса. А вот одно из свойств доместикации – употребление молока – напротив, могло быть не актором, а следствием искусственного отбора, ставшего результатом завершённого одомашнивания, но едва ли повлиявшего на развертывание степной миграции.

В этом свете, исключительность состоит в том, что ситуация одомашнивания в меньшей степени зависела от культурных установок, являясь стихийной сборкой мутационной изменчивости. В противном случае доместикация лошади оказалась бы повсеместной.

#### Список литературы:

1. Latour B., Woolgar S. Laboratory life. The social construction of scientific facts. London: Sage Publications; Beverly Hills: Calif, 1979. 272 p.
2. Librado P., Khan N., Fages A. et al. The origins and spread of domestic horses from the Western Eurasian steppes // Nature. 2021. Vol. 598. P. 634-640. DOI: 10.1038/s41586-021-04018-9.
3. Wilkin Sh., Miller A.V., Fernandes R. et al. Dairying enabled Early Bronze Age Yamnaya steppe expansions // Nature. 2021. Vol. 598. P. 629–633. DOI: 10.1038/s41586-021-03798-4.

4. Gaunitz C., Fages A., Hanghøj K. et al. Ancient genomes revisit the ancestry of domestic and Przewalski's horses // Science. 2018. Vol. 360 (6384). P. 111–114. DOI: 10.1126/science.aao3297.
5. Корневский С.Н., Калмыков А.А. Майкопские погребения кургана 22 могильника Айгурский-2 // Российская археология. 2017. № 4. С. 106-124.
6. Suri P., Palmer M.R., Tsepilov Ya.A. et al. Genome-wide meta-analysis of 158,000 individuals of European ancestry identifies three loci associated with chronic back pain // PLoS Genetics. 2018. Vol. 14. DOI: 10.1371/journal.pgen.1007601.
7. Jiang H., Moro A., Liu Y., Wang J., Meng D., Zhan X., Wei Q. Two GWAS-identified variants are associated with lumbar spinal stenosis and Gasdermin-C expression in Chinese population // Scientific Reports. 2020. Vol. 10. DOI: 10.1038/s41598-020-78249-7.
8. Horse Anatomy: Clinical atlas / ed. T. McCracken, R. Kainer. Loveland: Alpine Publication, 1998. 181 p.
9. Luria A.R. The neuropsychology of memory. New York: Halsted Press, 1976. 372 p.
10. Bergson H. Creative evolution. New York: Henry Holt and Company, 1911. 407 p.
11. Yoxen E.J. Constructing genetic diseases // The problem of medical knowledge: examining the social construction of medicine / ed. P. Wright, A. Treacher. Edinburgh: Edinburgh University Press, 1982. P. 144–161.
12. Kerr A. (Re)constructing genetic disease: the clinical continuum between cystic fibrosis and male infertility // Social Studies of Science. 2000. Vol. 30, iss. 6. P. 847-894. DOI: 10.1177/030631200030006002.
13. Grubhoffer V. Pod závojem smrti: Poslední věci Schwarzenbergů v letech 1732–1914. České Budějovice: Společnost pro kulturní dějiny, 2013. 444 p.
14. Holden C., Mace R. Phylogenetic analysis of the evolution of lactose digestion in adults // Human Biology. 2009. Vol. 81 (5–6). P. 597-619. DOI: 10.3378/027.081.0609.
15. Mace R. Update to Holden and Mace's «Phylogenetic analysis of the evolution of lactose digestion in adults» (1997): Revisiting the coevolution of human cultural and biological diversity // Human Biology. 2009. Vol. 81 (5/6). P. 621-624. DOI: 10.3378/027.081.0610.

Информация об авторе(-ах):	Information about the author(-s):
<p><b>Кузнецов Павел Федорович</b>, кандидат исторических наук, доцент, заведующий музеем археологии Поволжья; Самарский государственный социально-педагогический университет (г. Самара, Российская Федерация). E-mail: pavelf.kpf.kuznetsov@gmail.com.</p> <p><b>Фоменко Сергей Владимирович</b>, внештатный сотрудник музея археологии Поволжья; Самарский государственный социально-педагогический университет (г. Самара, Российская Федерация). E-mail: fomenko.f2013@yandex.ru.</p>	<p><b>Kuznetsov Pavel Fedorovich</b>, candidate of historical sciences, associate professor, head of Museum of Archeology of the Volga Region; Samara State University of Social Sciences and Education (Samara, Russian Federation). E-mail: pavelf.kpf.kuznetsov@gmail.com.</p> <p><b>Fomenko Sergey Vladimirovich</b>, non-staff researcher of Museum of Archeology of the Volga Region; Samara State University of Social Sciences and Education (Samara, Russian Federation). E-mail: fomenko.f2013@yandex.ru.</p>

#### Для цитирования:

Кузнецов П.Ф., Фоменко С.В. Генетические маркеры доместикации (особенности интерпретации лабораторных данных палеогенетических исследований) // Самарский научный вестник. 2022. Т. 11, № 1. С. 195–200. DOI: 10.55355/sn2022111207.