

УДК 636.4.082:575.113

doi 10.37143/0371-4365-2021-75-76-07

ВИВЧЕННЯ ПРОЦЕСІВ ДОМЕСТИКАЦІЇ ТВАРИН З ВИКОРИСТАННЯМ ПОЛІМОРФІЗМУ МІТОХОНДРІАЛЬНОГО ГЕНОМУ (оглядова)

К. Ф. Почерняєв

*Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН
вул. Шведська Могила, 1, Полтава, Україна, 36013*

Наведено результати досліджень процесу доместикації основних видів сільськогосподарських тварин, які виконано з залученням поліморфізму мітохондріального геному. Поліморфізм мітохондріального геному знайшов своє використання під час досліджень процесів доместикації з тієї причини, що включення мітохондріальних генів до популяцій свійських тварин відбувалась тільки в результаті одомашнювання жіночих особин. Найчастіше мітохондріальні ДНК-послідовності використовують для визначення можливих диких предків, кількості материнських ліній та їх географічного походження. Одомашнення можна розглядати як кінцеву фазу інтенсифікації відносин між субпопуляціями тварин або рослин і людськими суспільствами. Вона складається з кількох ступенів інтенсифікації, які різними способами і протягом різних періодів можуть закінчитися появою свійських тварин, рослин і мікроорганізмів, сформованих людьми. У той час, як утримання диких тварин є формою одомашнення, яка не тягне за собою жодних видимих морфологічних змін, принаймні з точки зору археології (Vigne, 2011).

*Виникнення сільського господарства у часи неоліту включало приручення копитних тварин і було критичним моментом у розвитку людства. Коза (*Capra hircus*) була одним із перших одомашнених видів копитних тварин. Вважається, що головні центри доместикації східна половина Іранського плато та східна Анатолії (Naderi et al., 2008).*

*Овець (*Ovis aries*) було одомашнено в регіоні так званого Родючого Півмісяця приблизно 9,000–8,000 років тому. Дослідженням поліморфізму мітохондріальної ДНК з 323 сучасних і 221 викопних кісток свиней, зібраних по всій Західній Євразії, було показано, що домашні свині близькосхідного походження, завезені до Європи в епоху неоліту (потенційно по двох окремих маршрутах), досягли Паризького басейну принаймні на початку 4-го тисячоліття до н.е. Місцеву європейську дикую свиню також було одомашнено до того часу, можливо, як прямий наслідок завезення з Близького Сходу свійських свиней (Larson, et al. 2007). Після того, як були визначені види диких предків свійських тварин, стало питання виявлення молекулярно-генетичних ознак доместикації. За звичай для такого дослідження залучають спосіб порівняння зразків ДНК популяцій диких і порід свійських тварин одного виду та пошук геномних областей, що демонструють суттєву генетичною диференціацією між ними. Генетична диференціація, як правило, ґрунтується на різницях частот алелів між популяціями, які розраховують за допомогою F_{ST} або подібних статистичних методів. Так, наприклад, порівняння геномів азійського муфлона (*Ovis orientalis*), безоарової кози (*Capra hircus aegagrus*), а також*

*Почерняєв Костянтин Федорович, д. с.-г. наук, с. н. с., зав. відділу фізіології і здоров'я тварин,
e-mail: k.f.pochernyaev@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-9973-6429>*

свійських місцевих порід овець та кіз у межах географічних центрів доместикації та транскордонних комерційних порід, були визначені регіони геному що зазнали найбільш сильного селекційного тиску. Сиквенуванням бібліотеки фрагментів ДНК розміром 300-600 п.н. вівці та кози, було виявлено близько 33 мільйонів SNP виду *Ovis* і 23 мільйони *Capra*. З використанням диференціації гаплотипів як сигнатуру (свідомство) відбору, було знайдено 46 та 44 регіонів геному вівці свійської та кози свійської відповідно, що зазнали селекційного тиску (Alberto, et al. 2018).

Таким чином, розуміння процесів доместикації тварин сприяє більш вдумливому веденню селекційної роботи з поліпшення продуктивності тварин, досягнення бажаних генетичних змін за рахунок цілеспрямованих мутацій та геномної селекції. Дослідження процесу доместикації дозволяє по новому глянути на зв'язок між людством та світом тварин та визначити нові етичні стандарти. Огляд допоможе скласти власну думку щодо процесу доместикації, визначення понять та подальших перспектив досліджень цього напрямку.

Ключові слова: доместикація, ДНК, мітохондріальний геном, гаплотип, свині, коні, вівці, ВРХ, неоліт.

Доместикація рослин і тварин за останні 11 500 років мало значний вплив не тільки на одомашнені види, а й на еволюцію людини та на біосферу в цілому. Десятиліття досліджень географічного та хронологічного походження свійських тварин привели до загального розуміння схеми та процесу одомашнення, хоча ряд важливих питань залишаються невирішеними [1]. Взагалі, як помітила Melinda Zeder (2015), існує дивна відсутність єдиної думки про те, як визначити доместикацію. Крім згоди з тим, що існує зв'язок між свійськими та дикими тваринами, немає єдиної думки про те, що тягне за собою цей зв'язок та що і коли призвело до утворення одомашненої рослини чи тварини [2]. Доместикацію часто визначають з погляду одомашнювача, підкреслюючи роль людини у відділенні окремих тварин від популяцій, що вільно живуть, з наступним керуванням всіма аспектами їх життєвого циклу. Доместикація також розглядається як мутуалістичні відносини, тобто співіснування різних видів, за якого вони отримують взаємну користь і в природі не існують один без одного. Прихильники гіпотези симбіозу вважають, що свійські тварини від цього отримали більше користі, ніж люди. Деякі дослідники стверджують, що генетично обумовлені зміни фенотипу свійських тварин є головною характеристикою одомашнення. Інші переконані, що генетично обумовлені зміни фенотипу свійських тварин надмірно акцентують вузький аспект одомашнення, який може відбуватися тільки іноді, або не відбуватися зовсім. Таке зміщення акценту іноді призводить межі розширення визначення доместикації, навіть до пропозиції щодо заміни термін «доместикація» менш упередженим терміном «культурний контроль» [2]. У даній оглядовій статті наведені дані відносно досліджень процесу доместикації основних видів сільськогосподарських тварин виконаних з залученням поліморфізму мітохондріального геному, з метою допомогти скласти власну думку щодо даної проблематики. Поліморфізм мітохондріального геному знайшов своє використання під час досліджень процесів доместикації з тієї причини, що включення мітохондріальних генів до популяцій свійської худоби відбувалась тільки в результаті одомашнювання жіночих особин або в результаті включення до популяції свійських тварин жіночих особин. Найчастіше мітохондріальні ДНК-последовності використовують для визначення можливих диких предків, кількості материнських ліній та їх географічного походження.

Міграція, культурна дифузія чи незалежне одомашнення? Одомашнення можна розглядати як кінцеву фазу інтенсифікації відносин між субпопуляціями тварин або рослин і людськими суспільствами. Вона складається з кількох ступенів інтенсифікації, які різними способами і протягом різних періодів можуть закінчитися появою свійських тварин, рослин і мікроорганізмів, сформованих людьми. У той час, як утримання диких тварин є формою одомашнення, яка не тягне за собою жодних видимих морфологічних змін, принаймні з точки зору археології [3]. Перехід від полювання до землеробства і поширення економічних і культурних елементів, пов'язаних з господарством неоліту на території Європи між 7–м і 4–м тисячоліттями до н. е., залишаються досить незрозумілими, незважаючи на десятиліття досліджень. Питання про те, як «неолітичний пакет» вперше потрапив до Європи, сформульовано у трьох основних гіпотезах.

Перша гіпотеза стверджує, що Європейський неоліт відбувся у результаті міграції землеробів з Близького Сходу, так званої дифузії населення – міграційної моделі, розробленої Каваллі-Сфорца, яка полягає у розселенні населення на площі раніше, можливо, але не обов'язково безлюдній, витісняючи, замінюючись або переміщуючись з попередньо існуючою популяцією [4, 5]. Згідно другої гіпотези, поширення людей відбувалось за допомогою встановленої мережі торгівлі та обміну (культурна дифузія). Згідно третьої – відбувався незалежний розвиток сільського господарства (в тому числі одомашнення деяких тварин, таких як свині та велика рогата худоба) корінними культурами європейського мезоліту [6]. Хоча було зазначено, що ці пояснення не є взаємовиключними [7]. Окремі, але пов'язані з цим дебати, зосереджено на ступені і характері взаємодії між міграцією населення Близького Сходу і культурами корінних народів. Лінгвістичні дані і генетичні докази походження сучасних людей свідчать про існування суміші корінних і вхідних культур [8], однак питання про те, близькосхідні чи європейські популяції корінного населення зіграли більш значущу роль у розвитку сучасних європейців, залишається спірним [9]. Геногеографічний консорціум недавно повідомив, що у сучасній західній Європі спостерігається домінування мітохондріальної гаплогрупи *H*, яку мають більше 40 % людей, а серед ранньонеолітичних фермерів приблизно 5450 до н.е. вона зустрічається рідше – приблизно 19 % і практично відсутня серед мисливців-збирачів мезоліту. Співставлення генетичних даних з культурними змінами, що відбуваються між раннім неолітом (~ 5450 до н. е.) і бронзою (~ 2200 до н. е.) в Центральній Європі показують, що нуклеотидні заміни гаплогрупи *H* була значною мірою утворилися до середини неоліту (~ 4000 до н.е.), але з істотними генетичними внесками наступних загальноєвропейських культур, таких як Культури дзвоноподібних келихів мідної доби, що вийшла з Іберійського півострова у пізньому неоліті (~ 2800 до н. е.) [10].

Процес доместикації, який полягає у збільшенні взаємної залежності між популяціями рослин і тварин та людськими суспільствами, для яких вони призначаються, тривалий час викликав зацікавленість генетики та археології. Генетики ведуть пошук маркерів доместикації в геномах одомашнених тварин як викопних, так і сучасних. Археологи перевіряють звіти експедицій у пошуках додаткових маркерів – доказів людської поведінки, які спричиняють генетичні зміни, і пов'язаних з одомашненням морфологічних змін у обраних видів [11].

Дослідження процесу доместикації кози та вівці. Виникнення сільського господарства у часи неоліту включало приручення копитних тварин і було критичним моментом у розвитку людства. Коза (*Capra hircus*) була одним із перших одомашнених видів копитних тварин. Порівняння генетичного різноманітності кози свійської та 473 зразків сучасних представників її дикого

предку безоарової кози (*Capra hircus aegagrus*), зібраних з усього ареалу розповсюдження, дало змогу зробити ряд висновків. По перше, усі гаплогрупи мітохондріального геному, виявлені у сучасної кози свійської, було також виявлені і у безоарової кози. По друге, географічний розподіл гаплогруп дикого предку дав змогу визначити головні центри доместикації. Не було виявлено гаплотипу, який, можливо, був у одомашнених тварин у східній половині Іранського плато та далі на схід. Дані відносно поширення гаплогрупи *C* серед популяції безоарової кози передбачає існування раннього центру доместикації на Центральному Іранському плато (Йезд та провінція Керман) і у Південному Загросі (провінція Фарса). Разом з тим, внесок цього центру до формування сучасної популяції кози свійської досить низький (1,4 %). Було також виявлено другий центр доместикації, який охоплює значну площу у східній Анатолії і, можливо, північному та центральному нагір'ї Загросі шириною 150-300 км, що простягається на 1600 км від північно-західних кордонів Ірану в південно-східному напрямі. Останній є імовірним центром доместикації майже всіх сучасних свійських кіз. Це відкриття узгоджується з археологічними даними, що визначають східну Анатолію як важливий центр одомашнення [12]. Іншим центром одомашнення кози може бути південно-східне узбережжя Середземного моря. Дослідженням мітохондріальної ДНК прадавніх кісток неолітичної стоянки Абу Гош неподалік Єрусалиму та двох видів диких кіз – безоарової кози (*Capra hircus aegagrus*) та нубійської гірської кози (*Capra ibex nubiana*) – було визначено, що в Абу Гош коза була доместикована у період гончарного неоліту, приблизно 7,5–5,5 тис. років тому за відносно короткий період часу – 2 тис. років [13]. Овець (*Ovis aries*) було одомашнено в регіоні так званого Родючого Півмісяця приблизно 9,000–8,000 років тому. Нині опубліковано результати лише декількох досліджень мітохондріальної ДНК з викопних кісток овець. Зокрема, відсутні дані стосовно викопних кісток європейських овець. Послідовності мітохондріальної ДНК європейських овець мідного віку було досліджено шляхом виділення ДНК із вовни, що була частиною одягу так званої тірольської крижаної людини або Otzi, яка загинула 5350–5100 років тому. До дослідження мітохондріальної ДНК була залучена частина кодуєчої ділянки генів tРНК^{Фен}, 12SpРНК і цитохрому *b*. Всього із древньої ДНК вовни було порівняно послідовності мітохондріальної ДНК 334 тварин сучасних порід овець. Філогенетичне дерево, побудоване на основі мітохондріальної різноманітності свійських овець та древньої вівці, показує, що вівці Otzi потрапили до гаплогрупи **B**, тим самим демонструючи, що вівці цієї групи вже були присутні в Альпах понад 5 тис. років тому. З іншого боку, у овець Otzi було виявлено дві транзиції в положенні 16147 і 16440 п.н. мітохондріального геному, які знайдені у сучасних породах овець [14]. Натомість, філогенетичний аналіз незалежно регіону D-петлі та гена цитохрому *b* виявили три чітко розділені кластери, які вказують на три основні материнські лінії, дві з яких було раніше описано як гаплотипи **B** і **A**. Новий гаплотип **C**, присутній у всіх проаналізованих породах, показав значну відмінність. Час дивергенції гаплогруп **B** і **A**, обчислений на основі гена цитохрому *b*, становив приблизно 160-170 тис. років, тим часом дивергенція з гаплогрупою **C** сталася раніше – приблизно 450-750 тис. років тому. Цей час значно древніший доби одомашнення, тому автори припускають, що походження сучасних порід овець було складнішим, ніж вважали раніше. Існування трьох різних гаплотипів дає змогу припустити, що сталося принаймні три незалежні події одомашнення овець [15]. Як генетичні маркери використовують також ендемічні ретровіруси, отримуючи так звані ретротипи (англ. *retrotype*). З використанням цих маркерів та морфологічних ознак було показано, що вівці розповсюдилися по всій Євразії та

Африці шляхом низки окремих міграційних епізодів. Залишки перших переміщень включають муфлона, а також такі місцеві породи північно-західної Європи визнані за їх морфологією «примітивними», як породи Orkney, Soay та скандинавські короткохвості вівці. Більш пізній міграційний епізод відбувся з залученням овець з покращеними ознаками продуктивності і сформував переважну більшість сучасних порід [16].

Таким чином, залучення генетичних маркерів різних типів уможливило диференціацію генетично примітивних овець від більш сучасних порід, що забезпечує цінну можливість проникнення у суть історії одомашнення овець.

Дослідження процесу доместикації великої рогатої худоби. Одомашнення великої рогатої худоби було головним кроком уперед людської передісторії, що сприяло утворенню більш складного суспільства. Під час неоліту зебуподібна рогата худоба *Bos taurus indicus* була, імовірно, самим значним і важливим видом свійської худоби у Південній Азії. На жаль, археологічні докази доместикації зебувидної рогатої худоби на індійському субконтиненті тривалий час залишались сумнівними. Дослідження послідовностей мітохондріальної ДНК 844 зебу, відібраних у 19 країнах Азії, що представляють 8 регіональних груп, дали змогу ідентифікувати 2 різні мітохондріальні гаплогрупи – *I1* та *I2*. Значне збільшення нуклеотидного різноманіття ($P < 0,001$) як для гаплогрупи *I1*, так і для гаплогрупи *I2* в межах північної частини Індійського субконтиненту, узгоджується з походженням всього свійського зебу з цієї місцевості. Генетичне різноманіття гаплогрупи *I1* було найвищим у долині Інду серед трьох передбачуваних центрів одомашнення (долина Інду, долина Гангу та Південна Індія). На користь долини Інду як найбільш імовірного основного центру доместикації зебу свідчить гаплогрупа *I1*. Стосовно гаплогрупи *I2*, вона демонструвала складний приклад різноманітності, що перешкоджає однозначному визначенню точного місця материнського походження зебу [17]. З використанням такого самого підходу було одержано генетичне підтвердження, що завезення свійської худоби на територію Європи відбулося ще до доместикації дикої худоби. Аналіз мітохондріальної ДНК вимерлого дикого тура та сучасної великої рогатої худоби з Європи, Африки та Близького Сходу довів близькосхідне походження європейської великої рогатої худоби і її генетичну відмінність від худоби, доместикованої в Африці [18]. Дослідження азійського центру доместикації великої рогатої худоби шляхом аналізу 11 місцевих порід корів та однієї комерційної породи Південного Китаю показали, що зебу *Bos indicus* та бичачі *Bos taurus* становлять дві головні групи походження популяцій великої рогатої худоби Південного Китаю. Було також визначено, що зебуподібна худоба, імовірно, мала більший вплив на місцеву худобу, ніж бичачі. Гаплотип породи Diqing більше відповідав як *Bos grunniens*, а серед корів породи Dehong було визначено гаплотип, який міг бути успадкований під час незалежної доместикації вірогідно від іншої популяції *Bos indicus*. Дивергенція двох груп великої рогатої худоби відбулась приблизно 268–535 тисяч років тому, тобто набагато раніше 10-тисячолітньої історії скотарства [19]. Кістки великої рогатої худоби, розкопані у поселенні вікінгів віком від 1000 років в Дубліні, було оцінено на присутність збереженої мітохондріальної ДНК. Одинадцять з цих кісток виявилась придатні для ампліфікації контролюючого регіону мітохондріальної ДНК. Проведено порівняльний аналіз результатів послідовностей контролюючого регіону великої рогатої худоби півночі та Ірландії. Різноманітність мітохондріальної ДНК середньовічної популяції та сучасних європейських порід мала аналогічні рівні. Тим не менше, було виявлено нові гаплотипи. Крім того, наявність передбачуваної предкової послідовності

середньовічної популяції з високою імовірністю підтверджує факт швидкого розширення доместикованої ВРХ по Європі [20].

Дослідження процесу доместикації коня. Місце і дата приручення коня – давнє суперечливе питання археозоології. Для з'ясування, з однієї чи декількох популяцій диких коней відбулося одомашнення, була секвенована послідовність регіону D-петлі мітохондріальної ДНК 318 тварин 25 східних і європейських порід, у тому числі американських мустангів. Разом з раніше опублікованими даними загальна кількість становила 652 нуклеотидні послідовності. Аналіз філогенетичних взаємовідносин показав Т. Jansen et al. (2002), що більшість із 93 різних типів мтДНК згруповано у 17 різних філогенетичних кластерів. Кілька кластерів відповідають сучасним породам або географічним районам, зокрема кластер **A2**, який є специфічним для коней Пржевальського; кластер **C1** характерний для північних європейських поні; кластер **D1**, широко представлений в іберійських і північно-західних африканських породах коней. Оцінка швидкості мутації мітохондріальної ДНК коня разом з археологічними даними одомашнення дали змогу встановити, що для успішного розведення тварин, взятих із дикої природи, потрібно принаймні 77 кобил. Значне генетичне різноманіття цих 77 ліній кобил дало змогу авторам дійти висновку про існування кількох різних центрів доместикації коня [21]. Разом з тим, археологічні і генетичні дані про час та спосіб одомашнення диких коней *Equus ferus* продовжують обговорюватись. Так, на думку Р. Forster et al. (2012) високий рівень генетичного різноманіття регіону D-петлі мтДНК коня, зазвичай спотворює структуру філогенетичного древа [22]. Філогенія коня не тільки за високо поліморфним регіоном D-петлі, а й за повним мітохондріальним геномом вибірки 83 зразків сучасних коней Азії, Європи, Близького Сходу, Північної та Південної Америки дала змогу звузити генетичне різноманіття до 18 основних гаплогруп (**A-R**) за часом розходження спадкових мітогеномів кобил (англ. *Ancestral Mare Mitogenome*), у основному приуроченому до неоліту та до більш пізнього часу – приблизно 130–160 тисяч років тому. Майже всі гаплогрупи було виявлено у сучасних коней з Азії, однак гаплогрупу **F** було виявлено лише у *Equus Przewalskii* – єдиним предком дикого коня, який залишився. Таким чином, широкий спектр материнських ліній від вимерлих *E. Ferus* пройшли одомашнення в євразійських степах у період неоліту і були передані сучасним породам *Equus caballus*. Важливим висновком цього дослідження є те, що гаплотипи визначено за спільними нуклеотидними послідовностями (як ділянки кодування, так і контролю) можуть бути використані для класифікації прадавніх останків, заново оцінити варіації гаплогруп сучасних порід, у том числі чистокровної, і, нарешті, оцінити можливу роль зв'язку мтДНК з продуктивними ознаками скакових коней [23].

Дослідження процесу доместикації свині свійської. Дослідження процесу доместикації свині свійської стоїть окремо від таких важливих для людини видів сільськогосподарських тварин, як кінь, велика рогата худоба коза та вівця, неможливе і тому потребує комплексного розгляду.

Неолітична революція почалася 11 тис. років тому на Близькому Сході і передувала міграції на захід до Європи культурних груп та їх аграрної економіки, в тому числі свійських тварин і рослин. Незважаючи на десятиліття досліджень, ступінь впливу на корінні популяції мігрантів або ступінь впливу специфічних компонентів «культурного пакету неоліту» в Європі відображає дійсно незалежний розвиток. За рахунок використання мтДНК з 323 сучасних і 221 стародавніх зразків свиней, відібраних по всій Західній Євразії, було показано, що домашні свині близькосхідного походження, завезені до Європи в епоху неоліту

(потенційно по двох окремих маршрутах), досягли Паризького басейну принаймні на початку 4-го тисячоліття до н.е. Місцеву європейську дику свиню також було одомашнено до того часу, можливо, як прямий наслідок завезення з Близького Сходу свійських свиней. Після того домашні свині європейського походження швидко замінили завезених свійських свиней близькосхідного походження по всій Європі. Згодом, свійські свині сформували ключовий компонент неолітичної революції і тому можуть бути гарною демонстрацією складного комплексу взаємодій і процесів під час розселення ранніх землеробів по Європі [24].

На підтвердження цих висновків вказують і дослідження послідовності мітохондріальної ДНК 686 диких та свійських свиней. Так, було встановлено, що місце походження дикої свині знаходиться на островах Південно-Східної Азії, звідкіля вони на думку авторів розселилися по всій Євразії. Ці попередні морфологічні та генетичні свідчення давали змогу припустити, що domestикація свині мала місце в обмеженому числі місць існування (переважно Близький та Далекий Схід). Нарешті, нові генетичні дані вказали на численні центри domestикації по всій Євразії, і що саме європейська, а не близькосхідна дика свиня – головний предок європейських свійських свиней [25]. Як зазначалось вище, свиню дику було одомашнено незалежно в декількох місцях по всьому світу. Більш детальну картину походження і розселення свійських свиней у Східній Азії було досліджено у роботі G.S. Wu et al. (2007). Філогеномічний аналіз свійських і диких свиней об'єднав всіх досліджених порід свійських свиней у одну філогенетичний кластер *D* з гілками які утворили гаплотипи *D1*, *D2*, *D3*, *D4* чергувалися з дикими свинями Східної Азії. Три гаплотипи в межах гілки *D1* домінували серед місцевих порід в регіоні річки Меконг (*D1a2* і *D1b*) та районах середньої і нижньої течії річки Янцзи (*D1a1a*). На думку авторів, ці два регіони можуть представляти незалежні центри domestикації. Жоден із зразків свійських свиней Північно-Східної Азії, регіону Жовтої ріки і регіону верхньої течії річки Янцзи не потрапив до гаплогрупи місцевих диких свиней. Обмежений регіональний розподіл гаплотипу *D1* (з субгаплотипами), *D2*, *D3*, *D4* свійських свиней дає змогу на думку авторів припустити існування принаймні двох різних центрів domestикації у Східній Азії [26].

Молекулярно-генетичні ознаки domestикації. Після того, як із залученням різних методів – порівняльно-анатомічного (краніологічного), фізіологічного, археологічного, етнографічного, гібридологічного та молекулярно-генетичного були визначені види диких предків свійських тварин, стало питання виявлення молекулярно-генетичних ознак domestикації. Тоді, як зміни, пов'язані зі спеціалізацією продуктивності, як наприклад вим'я у молочній худоби, різноманіття за кількістю та якістю вовни у овець, особливості тілобудови важковозів і верхових коней та не пов'язаних зі спеціалізацією такі, як звислі вуха у собак, кроликів, свиней, овець та ін. добре відомі, дослідження молекулярно-генетичних ознак domestикації тільки почалися. Фактично, сьогодні виявлення молекулярно-генетичних ознак domestикації є однією з нагальних проблем сучасної генетики. За звичай для такого дослідження залучають спосіб порівняння зразків ДНК популяцій диких і порід свійських тварин одного виду та пошук геномних областей, що демонструють суттєву генетичною диференціацією між ними. Генетична диференціація, як правило, ґрунтується на різницях частот алелів між популяціями, які розраховують за допомогою F_{ST} або подібних статистичних методів.

Загалом, такі методи можна розділити на чотири групи методів сфокусовані на 4 групи [27]:

1. Міжвидовому порівнянню патернів замін в генах (точкові мутації, інсерції, делеції, інверсії);
2. Порівнянню спектрів частот та моделях селективного вимітання;
3. Визначенні нерівноважного зчеплення (*LD*) та порівняння структур гаплотипів;
4. Розрахунків патернів генетичної диференціації між популяціями.

Поняття селективного вимітання (англ. *Selective sweep*) потребує певного пояснення. Під селективним вимітанням розуміють процес, за допомогою якого нова корисна мутація збільшує свою частоту і стає фіксованою, тобто досягає у популяції частоти ($q = 1$). Це призводить до зменшення або усунення генетичної варіації серед нуклеотидних послідовностей, які знаходяться поблизу цієї мутації. Під час селективного вимітання позитивний відбір призводить до того, що нова мутація досягає фіксації настільки швидко, що асоційовані з нею алелі можуть «переїхати автостопом» і також закріпитися [28]. У міру збільшення поширення такого корисного алеля в популяції, генетичні варіанти, які випадково були розташовані поряд з корисним алелем, також стануть більш поширеними. Інший наслідок селективного вимітання полягає у тому, що через жорсткий відбір алеля, який виник на єдиному генному фоні, значно знижується генетична варіабельність цього регіону хромосоми.

З метою пошуку регіонів геному, що пов'язані з одомашненням тварин, F.J. Alberto et al. (2018) порівнювали геноми азійського муфлона (*Ovis orientalis*), безоарової кози (*Capra hircus aegagrus*), а також свійських місцевих порід овець та кіз у межах географічних центрів доместикації та транскордонних комерційних порід, які на думку авторів зазнали найбільш сильного селекційного тиску [29].

Відбір зразків проводили у центрі одомашнення та на основних – Північному і Південному Середземноморських та Дунайському шляхах міграції свійських тварин. В результаті сиквенування бібліотеки фрагментів ДНК розміром 300-600 п.н. Illumina® HiSeq2000 та вирівнювання SNP з еталонними геномами вівці (GenBank GCA_000298735.146) та кози (GenBank GCA_000317765.147), було виявлено близько 33 мільйонів SNP виду *Ovis* і 23 мільйони *Capra*. З використанням диференціації гаплотипів як сигнатуру (свідоцтво) відбору, було знайдено 46 та 44 регіонів геному вівці свійської та кози свійської відповідно, що зазнали селекційного тиску. Малюнок кластеризації гаплотипів був схожий у трьох групах свійських тварин по всіх регіонах – Північному і Південному, Середземноморських та Дунайському шляхах міграції. Порівняння нуклеотидної різноманітності та кластеризації гаплотипів між дикими та доместикованими групами підтвердило спрямований позитивний або стабілізуючий відбір для загалом 45 регіонів у овець і 30 регіонів у кіз. Як відомо, стабілізуючий відбір обумовлює збереження адаптивних ознак організмів у постійних умовах довкілля, тобто діє за допомогою видалення або елімінації особин, що відхиляються від середньої норми. Як результат, попри процесу мутагенезу, певна ознака в популяції залишається незмінною.

Решта, 15 регіонів, що зазнали селекційного тиску у вівці свійської та кози свійської були визначені як такі, що пройшли послаблений або диверсифікуючий відбір для якого екстремальні значення ознаки краще проміжних значень.

З цих 90 регіонів для функціональності анотації на основі перекривання, подібності за нуклеотидною послідовністю, або плейотропними ефектами були доступні 59. У даному контексті функціональна анотація визначається як процес збору інформації та опису біологічної ідентичності гена, його різноманітних

псевдонімів, молекулярної функції, біологічної ролі (ролей), субклітинного розташування та доменів його експресії.

Що стосується генної онтології (англ. *Gene Ontology – GO*) то ця методологія описує генні продукти за трьома незалежними категоріями: біологічний процес, клітинний компонент і молекулярна функція, які можуть надавати декілька термінів GO, присвоєних одній нуклеотидній послідовності [30].

Цікаво, що визначена F. J. Alberto et al. (2018) генна онтологія для цих 59 генів відрізнялася від референтної послідовності з бази даних Uniprot через надмірне представлення генів, завдяки відбору пов'язаного з пігментацією і з меншою мірою з ритмічними процесами. У тваринництві, для більшості з цих генів, уже були встановлені асоціації з різними фенотиповими ознаками: резистентності (14 генів), складом молока (11 генів), м'ясними (11 генів), характеристиками вовни (4 гени), репродуктивними (2 гени) та діяльності нервової системи (5 генів). Більшість із 1076 поліморфних варіантів, виявлених в обох родах *Capra* і *Ovis*, продемонстрували сигнатури тиску відбору в некодуючих послідовностях (36 % міжгенних, 50 % інтронних і 14 % вгорі та внизу за течією молекули кДНК та додатково три зміни в екзоні – дві місенс і одна нонсенс). Окрім того, для роду *Capra* було виявлено значне збагачення indel в інтронних послідовностях [31].

Для генів у яких для певних SNPs вже були встановлені асоціації з різними фенотиповими ознаками L. A. Hindorff et al. (2009) запропонували використовувати термін TASs (англ. *trait/disease-associated SNPs – TASs*) [32].

У зв'язку з тим, що більшість із цих досліджень обмежена кількістю залучених порід/популяцій, фенотипових ознак та молекулярних маркерів, пошуку селективних сигнатур продовжується. У дослідженні X. Li et al. (2020) повторно сиквенували геноми 16 азіатських муфлонів, 172 овець 36 місцевих порід та 60 овець шести покращених порід. Були задіяні тести на вибіркове обстеження та дослідження асоціацій у масштабі всього геному (GWAS), ряду регіонів та генів, потенційно змінених одомашненням та пов'язаних з декількома важливими морфологічними та господарсько-корисними ознаками. Крім того, дослідники залучили до аналізу синономічні SNP і гени з варіацією числа копій (CNV), які є частиною селективних сигнатур. Ці дані, на думку авторів, є цінним ресурсом для майбутньої геномної селекції і генетичного поліпшення домашніх овець. Крім того, це дослідження в цілому сприяють розумінню демографічної історії овець та молекулярної основи утворення різних фенотипів у інших видів тварин. [33].

Розвитком статистичних тестів для пошуку селективних сигнатур з використанням біалельних маркерів для визначення генетичних дистанцій (спорідненості) та реконструкції популяційних дерев, став новий метод hapFLK запропонований M. I. Fariello et al. (2013), який замість різниць у частотах алелів, зосереджується на відмінностях частот гаплотипів між популяціями [34].

Під гаплотипом, у даному випадку, розуміють сукупність алелів на локусах однієї хромосоми, які зазвичай успадковуються разом. Якщо ж при кросинговері комбінація алелів змінюється, відбувається утворення нового гаплотипу. Генотип певних генів диплоїдної особини складається із двох гаплотипів, розташованих на парних хромосомах, отриманих від матері та батька відповідно. Гаплотипом також є негомологічна X-хромосомі ділянка Y-хромосоми та мітохондріальний геном.

Друга відміна нового статистичного методу hapFLK що запропонували M. I. Fariello et al. (2013), від більшості статистичних методів полягає у тому, що він враховує ієрархічну структуру популяцій. Так, з використанням комп'ютерного моделювання автори показали, що кожна з цих двох особливостей, використання інформації про гаплотип та ієрархічної структури популяцій, значно підвищує

виявлення відмінностей локусів. Також було продемонстровано, що hapFLK-статистика є надійним методом дослідження ефектів горла пляшки і міграції. Практичне використання hapFLK-статистики було використано для аналізу геномів шести порід овець з Північної Європи. M. I. Fariello et al. (2013) визначили сім регіонів, які зазнали селекційного тиску, що включали вже раніше знайдені, та кілька нових [34].

Інші причини дослідження процесів доместикації тварин. Новим імпульсом необхідності дослідження процесів доместикації тварин став бурхливий розвиток генної інженерії. Введення чужорідних генів тваринам, дозволяє отримати генетично трансформовані особини, у яких введені гени можуть покращувати породні властивості тварин, підвищувати стійкість їх організму до різних інфекційних захворювань, або отримувати тварин-продуцентів фізіологічно активних продуктів, необхідних у медицині, ветеринарії, тваринництві [35, 36]. Генна інженерія в тваринництві стала більш можливою з появою технології, яку зараз часто називають «редагування геному». У цій технології використовують Cas9 – CRISPR асоційований білок 9 (англ. *CRISPR associated protein 9*). У свою чергу CRISPR (англ. *Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats*), це короткі паліндромні повтори, регулярно розташовані групами. Керована за допомогою РНК-гідів (англ. *guide – gRNA*) ендонуклеаза (англ. *Restriction endonuclease FokI*), зв'язана з системою CRISPR-Cas9 дозволяє вносити точкову мутацію не розрізаючи ланцюг ДНК, а шляхом перетворення однієї нуклеотидної основи на іншу.

Одним з перспективних застосувань CRISPR/Cas9 є створення цілеспрямованих мутацій для отримання бажаних ознак у свійських тварин. Однак основним поточним обмеженням для покращення рослинництва та худоби є визначення точних генів і генетичних мутацій, які необхідно сконструювати для отримання певних ознак. Так, V. Courtier-Orgogozo et al. (2020), звертають увагу на переваги редагування геному, на основі введення природних мутацій, для яких вже встановлені асоціації з корисними ознаками в різних лініях (породах, популяціях чи видах). Щоб отримати повне уявлення про потенційні цілі для редагування геному, вони використали базу даних Gephabase (www.gephabase.org), що накопичує опубліковані дані про гени, що відповідають за мутації спричинені еволюцією та доместикацією. Загалом було досліджено більше 1200 мутацій в кодуючих областях генів понад 700 генів тварин, рослин і дріжджів. У тому числі було встановлено, що нуль-алелі (алелі, що втратили функціональну активність), які утворилися в результаті нонсенс-мутацій та мутацій зі зміщенням рамки зчитування, представляють велику частину відомих локусів одомашнення (42 % ідентифікованих кодуючих мутацій) порівняно з внутрішньовидовою (27 %) та міжвидовою еволюцією (11 %), які втрачають здатність кодувати білок. Хоча тенденція встановлена V. Courtier-Orgogozo et al. (2020) може бути предметом дискусії вона узгоджується з ідеєю, що селекціонери вибрали мутації із значним ефектом, що лежать в основі адаптивних ознак у конкретних умовах, але ці мутації та пов'язані з ними фенотипи не витримують примх змін зовнішнього середовища [37].

Висновки. Розуміння процесів доместикації тварин сприяє більш вдумливому веденню селекційної роботи з поліпшення продуктивності тварин, досягнення бажаних генетичних змін за рахунок цілеспрямованих мутацій та геномної селекції. Дослідження процесу доместикації дозволяє по новому глянути на зв'язок між людством та світом тварин та визначити нові етичні стандарти.

Дотримання етичних стандартів. Автор заявляє, що дотримався прийнятих міжнародною спільнотою принципів публікаційної етики, що відображені у рекомендаціях Комітету з етики наукових публікацій (*Committee on Publication Ethics – COPE*), керувався положеннями статті 42 «Академічна доброчесність» Закону України «Про освіту» та рекомендаціями МОН України, наданими у листі «Стосовно забезпечення академічної доброчесності у закладах вищої освіти».

Конфлікт інтересів. Автор заявляє про відсутність конфлікту інтересів, фінансових чи інших.

Фінансування. Робота виконана за підтримки Національної академії аграрних наук України.

REFERENCES

1. Cooper, E. J. (2014). The Evolution of Animal Domestication. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 66(1), 115–136. doi: 10.1146/annurev-ecolsys-120213-091620.
2. Zeder, M. A. (2015). Core questions in domestication research. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(11), 3191–3198; doi: 10.1073/pnas.1501711112.
3. Vigne, J. D. (2011). The origins of animal domestication and husbandry: a major change in the history of humanity and the biosphere. *C. R. Biol.* 334(3), 171–181. doi: 10.1016/j.crvi.2010.12.009.
4. Pinhasi, R., Fort, J., & Ammerman, A. J. (2005). Tracing the origin and spread of agriculture in Europe. *PLoS Biol*, 3(12). doi: e410. doi.org/10.1371/journal.pbio.0030410.
5. Sampietro, M. L., Lao, O., Caramelli, D., Lari, M., Pou, R., Martí, M., ... & Lalueza-Fox C. (2007). Palaeogenetic evidence supports a dual model of Neolithic spreading into Europe. *Proc Biol Sci*, 274(1622), 2161–2167. doi: 10.1098/rspb.2007.0465
6. Seguin-Orlando, A., Korneliusson, T. S., Sikora, M., Malaspina, A. S., Manica, A., Moltke, I., ... Willerslev, E. (2014). Paleogenomics. Genomic structure in Europeans dating back at least 36,200 years. *Science*, 346(6213), 1113–1118. doi: 10.1126/science.aaa0114.
7. Brandt, G., Szécsényi-Nagy, A., Roth, C., Alt, K. W., & Haak, W. (2015). Human paleogenetics of Europe--the known knowns and the known unknowns. *J Hum Evol*, 79, 73–92. doi: 10.1016/j.jhevol.2014.06.017.
8. Lazaridis, I., Patterson, N., Mittnik, A., Renaud, G., Mallick, S., Kirsanow, K., ... & Krause, J. (2014). Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature*, 513(7518), 409–413. doi: 10.1038/nature13673
9. Paschou, P., Drineas, P., Yannaki, E., Razou, A., Kanaki, K., Tsetsos, F. ... & Krause J. (2014). Maritime route of colonization of Europe. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 111(25), 9211–9216.
10. Brotherton, P., Haak, W., Templeton, J., Brandt, G., Soubrier, J., Jane Adler, C., ... & Stamatoyannopoulos, G. (2013). Neolithic mitochondrial haplogroup H genomes and the genetic origins of Europeans. *Nat Commun*, 4, 1764. doi.org/10.1073/pnas.1320811111
11. Vigne, J. D. (2011). The origins of animal domestication and husbandry: a major change in the history of humanity and the biosphere. *C. R. Biol.* 334(3), 171–181. doi: 10.1016/j.crvi.2010.12.009
12. Naderi, S., Rezaei, H. R., Pompanon, F., Blum, M. G., Negrini, R., Naghash, H. R. ... & Taberlet, P. (2008). The goat domestication process inferred from large-scale

mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 105(46), 17659–17664. doi: 10.1073/pnas.0804782105

13. Bar-Gal, G. K., Mader O., Ducos, P., & Horwitz, L. K. (2002). Ancient DNA evidence for the transition from wild to domestic status in neolithic goats: a case study from the site of Abu Gosh, Israel. *Ancient Biomolecules*, 4, 9–17.

14. Olivieri, C., Ermini, L., Rizzi, E., Corti, G., Luciani, S., Marota, I., et al. (2012). Phylogenetic position of a copper age sheep (*Ovis aries*) mitochondrial DNA. *PLoS One*, 7(3), e33792. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0033792>

15. Pedrosa, S., Uzun, M., Arranz, J. J., Gutiérrez-Gil, B., San Primitivo, F., & Bayón, Y. (2005). Evidence of three maternal lineages in Near Eastern sheep supporting multiple domestication events. *Proc Biol Sci*, 272(1577), 2211–2217. doi: 10.1098/rspb.2005.3204.

16. Bruford, M. W., Bradley, D. G., & Luikart, G. (2003). DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nat Rev Genet*, 4(11), 900–910. doi: 10.1038/nrg1203.

17. Chen, S., Lin, B. Z., Baig, M., Mitra, B., Lopes, R. J., Santos, A. M., ... & Beja-Pereira, A. (2010). Zebu cattle are an exclusive legacy of the South Asia neolithic. *Mol Biol Evol*, 27(1), 1–6. doi: 10.1093/molbev/msp213

18. Troy, C. S., MacHugh, D. E., Bailey, J. F., Magee, D. A., Loftus, R. T., Cunningham, P., ... & Bradley, D. J. (2001). Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*, 410(6832), 1088–1091. doi: 10.1038/35074088

19. Yu, Y., Nie, L., He, Z. Q., Wen, J. K., Jian, C. S., & Zhang, Y. P. (1999). Mitochondrial DNA variation in cattle of south China: origin and introgression. *Anim Genet*, 30(4), 245–250. doi: 10.1046/j.1365-2052.1999.00483.x

20. MacHugh, D. E., Troy, C. S., McCormick, F., Olsaker, I., Eythórsdóttir, E., & Bradley, D. G. (1999). Early medieval cattle remains from a Scandinavian settlement in Dublin: genetic analysis and comparison with extant breeds. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 354(1379), 99–108; discussion 108–109. doi: 10.1098/rstb.1999.0363.

21. Jansen, T., Forster, P., Levine, M. A., Oelke, H., Hurles, M., Renfrew, C., ... & Olek, K. (2002). Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 99(16), 10905–10910. doi: 10.1073/pnas.152330099

22. Forster, P., Hurles, M. E., Jansen, T., Levine, M., & Renfrew, C. (2012). Origins of the domestic horse. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 109(46), E3148. doi: 10.1073/pnas.1210326109

23. Achilli, A., Olivieri, A., Soares, P., Lancioni, H., Hooshiar Kashani, B., Perego, U. A., ... & Torroni, A. (2012). Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 109(7), 2449–2454. doi: 10.1073/pnas.1111637109

24. Larson, G., Albarella, U., Dobney, K., Rowley-Conwy, P., Schibler, J., Tresset, A., ... & Cooper, A. (2007). Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 104(39), 15276–15281. doi: 10.1073/pnas.0703411104

25. Larson, (2005). Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science*, 307(5715), 1618–1621. doi: 10.1126/science.1106927.

26. Wu, G. S., Yao, Y. G., Qu, K. X., Ding, Z. L., Li, H., Palanichamy, M. G., ... & Zang, Ya-P. (2007). Population phylogenomic analysis of mitochondrial DNA in wild boars and domestic pigs revealed multiple domestication events in East Asia. *Genome Biol*, 8(11), R245. doi: 10.1186/gb-2007-8-11-r245

27. Nielsen, R. (2005). Molecular signatures of natural selection. *Annu Rev Genet.* 39, 197–218. doi: 10.1146/annurev.genet.39.073003.112420
28. Smith, J. M., Haigh, J. (2007) The hitch-hiking effect of a favourable gene. *Genet Res.* 89(5–6), 391–403. doi: 10.1017/S0016672308009579
29. Alberto, F. J., Boyer, F., Orozco-terWengel, P., Streeter, I., Servin, B., de Villemereuil, P., ... & Pompanon, F. (2018). Convergent genomic signatures of domestication in sheep and goats. *Nature communications*, 9(1), 813. doi: 10.1038/s41467-018-03206-y
30. Ashburner, M., Ball, C. A., Blake, J. A., Botstein, D., Butler, H., Cherry, J. M., ... & Sherlock, G. (2000). Gene ontology: tool for the unification of biology. The Gene Ontology Consortium. *Nat Genet.* 25(1), 25–29. doi: 10.1038/75556
31. Fariello, M. I., Boitard, S., Naya, H., SanCristobal, M., & Servin, B. (2013). Detecting signatures of selection through haplotype differentiation among hierarchically structured populations. *Genetics*, 193(3), 929–941. doi: 10.1534/genetics.112.147231.
32. Hindorff, L. A., Sethupathy, P., Junkins, H. A., Ramos, E. M., Mehta, J. P., Collins, F. S., & Manolio, T. A. (2009). Potential etiologic and functional implications of genome-wide association loci for human diseases and traits. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106(23), 9362–9367. doi: 10.1073/pnas.0903103106
33. Li, X., Yang, J., Shen, M., Xie, X. L., Liu, G. J., Xu, Y. X., ... & Li, M. H. (2020). Whole-genome resequencing of wild and domestic sheep identifies genes associated with morphological and agronomic traits. *Nat Commun*, 11(1), 2815. doi: 10.1038/s41467-020-16485-1
34. Fariello, M. I., Boitard, S., Naya, H., SanCristobal, M., & Servin, B. (2013). Detecting signatures of selection through haplotype differentiation among hierarchically structured populations. *Genetics*, 193(3), 929–941. doi: 10.1534/genetics.112.147231
35. Yamaguchi, H., Xi, Y., & Fujihara, N. (2000). Inter embryonic (homo- or hetero-sexual) transfer of primordial germ cells between chicken embryos. *Cytotechnology*, 33(1–3), 101–108. doi: 10.1023/A:1008167427746
36. Subbaiah, E., Royer, C., Kanginakudru, S., Satyavathi, V., & Babu, A. S. (2013). Engineering silkworms for resistance to baculovirus through multigene RNA interference. *Genetics*, 193(1), 63–75. doi: 10.1534/genetics.112.144402
37. Courtier-Orgogozo, V., & Martin A. (2020). The coding loci of evolution and domestication: current knowledge and implications for bio-inspired genome editing. *J. Exp. Biol.*, 7; 223(Pt Suppl 1), jeb208934. doi: 10.1242/jeb.208934

**STUDY OF ANIMAL DOMESTICATION PROCESSES
USING MITOCHONDRIAL GENOME POLYMORPHISM
(review)**

K. F. Pochernyaev

*Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production of NAAS of Ukraine
Shvedska Mohyla Str., 1, Poltava, Ukraine, 36013*

In the article it is presented the results of studies of domestication processes of the main species of agricultural animals, which were carried out with the involvement of mitochondrial genome polymorphism. Mitochondrial genome polymorphism was used in the research of domestication processes for the reason that the inclusion of mitochondrial genes in domestic animal populations occurred only as a result of domestication of females. Most often, mitochondrial DNA sequences are used to determine possible wild

ancestors, the number of maternal lines and their geographic origin. Domestication can be may be considered as the final phase of intensification of relations between subpopulations of animals or plants and human societies. It consists of several degrees of intensification, which in different ways and during different periods can end with the appearance of domestic animals, plants and microorganisms formed by people. While domestication of wild animals is a form of domestication that does not entail any visible morphological changes, at least from an archeological point of view (Vigne, 2011). The emergence of agriculture in Neolithic times included the domestication of ungulates animals and was a critical moment in human development. The goat (*Capra hircus*) was one of the first domesticated species of ungulates animals. The main centers of domestication are believed to be the eastern half of the Iranian plateau and eastern Anatolia (Naderi et al., 2008). Sheep (*Ovis aries*) were domesticated in the so-called Fertile Crescent region about 9,000–8,000 years ago. Mitochondrial DNA polymorphism studies from 323 modern and 221 fossil pig bones collected throughout western Eurasia showed that domestic pigs of Near Eastern origin introduced to Europe during the Neolithic (potentially via two separate routes) reached the Paris Basin at least as early as the 4th th millennium BC. The native European wild pig had also been domesticated by that time, possibly as a direct result of the introduction of domestic pigs from the Middle East (Larson, et al. 2007). After the species of wild ancestors of domestic animals were determined, the question became of identifying molecular genetic signs of domestication. Traditionally, such research involves comparing DNA samples of wild and domestic animal populations of the same species and searching for genomic regions that demonstrate significant genetic differentiation between them. The genetic differentiation is generally based on differences in allele frequencies between populations, calculated using *FST* or similar statistical methods. For example, a comparison of the genomes of the Asian mouflon (*Ovis orientalis*), the bezoar goat (*Capra hircus aegagrus*), as well as domestic local breeds of sheep and goats within the geographic centers of domestication and cross-border commercial breeds, identified the regions of the genome that were subjected to the strongest selection pressure. By sequencing a library of DNA fragments 300-600 bp in size. sheep and goats, about 33 million *Ovis* and 23 million *Capra* SNPs were identified. Using haplotype differentiation as a signature (evidence) of selection, 46 and 44 regions of the domestic sheep and domestic goat genome, respectively, were found to be under selection pressure (Alberto, et al. 2018). Thus, understanding the processes of animal domestication contributes to more thoughtful breeding work to improve animal productivity, achieve desired genetic changes through targeted mutations and genomic selection. The study of the process of domestication allows us to look at the relationship between humanity and the animal world in a new way and to define new ethical standards. The review will help you form your own opinion about the process of domestication, definition of concepts and further prospects for research in this direction.

Key words: domestication, DNA, mitochondrial genome, haplotype, pigs, horses, sheep, goats, cattle, Neolithic.