

JOANNA STOJAK, KAMILA PLIS

*Instytut Biologii Ssaków PAN
Stoczek 1, 17-230 Białowieża
E-mail: jstojak@ibs.bialowieza.pl*

JAK Z DZIKIEGO ZROBIĆ PRZYJACIELA? HISTORIA UDOMOWIENIA RÓŻNYCH GATUNKÓW ROŚLIN I ZWIERZĄT NA ŚWIECIE

WSTĘP

Udomowienie (domestykacja) jest wynikiem procesów przekształcania się cech i właściwości fizjologicznych, morfologicznych, psychicznych i rozwojowych dzikiego prototypu (przodka) udomowionego gatunku na skutek działalności człowieka (DIAMOND 2002, ZEDER 2006). DARWIN (1868) jako pierwszy zauważył, że udomowione zwierzęta posiadają szerokie spektrum morfologicznych cech łączących je ze swymi dzikimi przodkami. Fenotypowa konwergencja wytworzona w procesie udomowienia, przejawiająca się między innymi w kolorze i strukturze sierści, różnicach w okresach rozrodu, w wielkości i kształcie czaszki czy kształcie uszu, ciekawiła uczonych już od ponad 150 lat.

Ingerencja człowieka, prowadząca do udomowienia gatunków, opierała się głównie na zmianie warunków środowiska, w których dany osobnik zamieszkiwał, oraz modyfikacji jego cech genetycznych w wyniku tzw. sztucznej selekcji. Poprzez selektywny wybór i rozmnażanie osobników o preferowanej cesze, człowiek doprowadził do rozpowszechnienia się i dominacji w populacji określonego fenotypu, charakteryzującego się np. zwiększoną produkcją mleka, dużym przyrostem masy mięśniowej czy większymi nasionami (ZEDER i współaut. 2006). Domestykacja stanowi formę mutualizmu, który wytwarza się pomiędzy człowiekiem a udomowionymi rośliną lub zwierzęciem, zwiększając u obu stron przeżywalność i dostosowanie do panujących warunków środowiskowych. Udomowienie nie jest procesem nagłym, lecz polegającym na kumulatywnym

działaniu sztucznej selekcji prowadzonej przez człowieka, w wyniku której następuje wzrost liczby i jakości cech pożądaných. W procesie udomowienia dobór naturalny pełni jedynie rolę uzupełniającą (PURUGGANAN i FULLER 2009).

Nie jest możliwe udzielenie definitywnej odpowiedzi na pytanie, gdzie i jak zostały udomowione pierwsze organizmy, ponieważ większość z tych wydarzeń nastąpiło w neolicie (około 12 tysięcy lat temu), okresie zbyt odległym, by mógł być szczegółowo zbadany. Analizy filogeograficzne i genomowe umożliwiają jednak opracowanie wzorców dróg migracyjnych człowieka i udomowionych gatunków na świecie, a tym samym odtworzenie przebiegu udomowienia roślin i zwierząt oraz określanie lokalizacji centrów udamawiania.

Celem niniejszego artykułu jest (i) zaprezentowanie definicji udomowienia i przeanalizowanie potencjalnych przyczyn, które doprowadziły do domestykacji tak wielu gatunków roślin i zwierząt, (ii) opisanie pierwotnych centrów udomowienia na świecie i porównanie ich z obszarami współcześnie najbardziej produktywnymi rolniczo oraz (iii) zaprezentowanie wybranych przykładów udomowionych gatunków roślin i zwierząt.

ANTROPOGENEZA I POCZĄTKI UDAMAWIANIA

Pochodzenie człowieka rozumnego *Homo sapiens* od zawsze nurtowało naukowców. Obecnie uważa się, że gatunek ten powstał na terenie sawanny Afryki Wschodniej z populacji miejscowych hominidów, co zdają się

potwierdzać zarówno dane paleontologiczne, jak i metody molekularne¹. Analiza mitochondrialnego DNA (dziedziczonego jedynie w linii matczynej) oszacowała wiek kobiety (nazwanej „mitochondrialną Ewą”), od której pochodzą współcześni ludzie na 200 tysięcy lat (ROHDE i współaut. 2004).

Warunki klimatyczne i zagorzała konkurencja z silnymi drapieżnikami doprowadziły do wypracowania przez *Homo sapiens* specyficznej techniki polowania, z wykorzystaniem długotrwałego biegu, mimo zagrożenia organizmu przegrzaniem. Wymagało to tworzenia dodatkowych, zapasowych neuronów i połączeń równoległych między nimi, a tym samym szybkiego wzrostu mózgu. W rezultacie zwiększyła się sprawność myślenia i powstała mowa (FIAŁKOWSKI i BIELICKI 2008). Ewolucja człowieka rozumnego doprowadziła do przyjęcia postawy wyprostowanej i wykształcenia się silnych nóg, redukcji owłosienia na ciele i wykształcenia się systemu pocenia, w celu skutecznego wydalania nadmiaru ciepła. Dzięki tym przemianom *Homo sapiens* łatwiej przystosowywał się do zmieniającego się środowiska i wykształcił umiejętność współpracy w grupie, przez co szybko wyparł i zastąpił inne gatunki praludzi. Wymienione cechy morfologiczne i fizjologiczne uczyniły go gatunkiem stworzonym do włóczęgi.

Ekspansja człowieka rozumnego z Afryki zaczęła się najprawdopodobniej około 130 tysięcy lat temu, około 100 tysięcy lat temu gatunek dotarł na Bliski Wschód, skąd rozszedł się po świecie (PETRAGLIA i współaut. 2010, BLOME i współaut. 2012, MELLARS i współaut. 2013, SCERRI i współaut. 2014, GROUCUTT i współaut. 2015, BOIVIN i współaut. 2016, HOFFECKER i współaut. 2016). Jedna trasa wędrówki prowadziła wzdłuż południowych wybrzeży Azji, aż do Australii, gdzie człowiek dotarł około 40-60 tysięcy lat temu. Drugie przejście odbyło się na północ, z Bliskiego Wschodu do Europy (gdzie człowiek dotarł około 40 tysięcy lat temu) i Azji (około 67 tysięcy lat temu) oraz dalej przez Beringię, czyli istniejący w okresie zlodowaceń pas łączy łączący dzisiejszą Syberię z terenami północnej Kanady i Alaski, do Ameryki Północnej (około 20 tysięcy lat temu) i Południowej (około 13 tysięcy lat temu).

Człowiek rozumny prowadził początkowo koczowniczy tryb życia, tworząc społeczności złożone z myśliwych i zbieraczy. Dopiero około 12 tysięcy lat temu rozpoczęła się

tzw. „rewolucja neolityczna” (przyjmuje się, że trwała do IV w. p. n. e). Człowiek powoli zaczynał czuć potrzebę osiedlenia się, co wymagało produkcji żywności w oparciu o rolnictwo i hodowlę zwierząt w miejscu jego zamieszkania. Wzrost ilości łatwo dostępnego pokarmu doprowadził do wzrostu zaludnienia. Ludzie nie musieli już walczyć o przeżycie, mogli skupić się na zdobywaniu nowych umiejętności, tworząc tym samym podwaliny cywilizacji (GUPTA 2004). Uznaje się, że swój początek rewolucja neolityczna miała na Bliskim Wschodzie, jednak podobny rozwój nastąpił niezależnie również w innych ośrodkach (Azja Wschodnia, niektóre obszary Ameryki, Nowa Gwinea) (HARARI 2014).

Udomowienie użytecznych dla człowieka gatunków roślin i zwierząt nie było jednak procesem łatwym ani szybkim. Początkowo nie znano żadnej metodyki, człowiek dokonywał powolnej domestykacji metodą prób i błędów. Na przykład, zbieracze obserwując środowisko zauważyli, że istnieją możliwości, by wpłynąć na dziko rosnące rośliny tak, aby zbiory były wydajniejsze (usuwanie chwastów, polepszanie jakości gleby czy usuwanie osobników chorych). Zauważono również, że ziarno rzucone na glebę kiełkowało, a przy odpowiednim nawadnianiu plon można było uzyskać w dowolnie wybranym przez człowieka miejscu. Nieświadomie dokonywano także selekcji, np. podczas zbierania nasion wybierano tylko duże, gdyż takie łatwiej było chwycić, uzyskując w konsekwencji jedynie rośliny produkujące wybrany typ nasion. Z czasem pożywienie można było odłożyć na zapas, a zboża zaczęto obrabiać za pomocą ciężkich narzędzi, których nie sposób było przetranszować z miejsca na miejsce. Osiadły tryb życia stał się faktem, rozpoczęła się również eksplozja demograficzna, która prowadziła do tworzenia nowych osad (GUPTA 2004, BULL i MARON 2016). Proces domestykacji wprowadził zatem zmiany nie tylko w udomowionych organizmach, ale również w zachowaniu człowieka (DIAMOND 2002). Z czasem, zaobserwowane korzystne wyniki przypadkowych działań stały się celowym zabiegiem, człowiek zaczął decydować, które cechy są mu potrzebne i prowadził hodowlę dążącą do ich selekcji. Silna ludzka ingerencja na przestrzeni lat i przystosowywanie gatunku w szeregu pokoleń do wymagań środowiska stworzonego pracą człowieka skutkowało szybkimi zmianami genetycznymi, łatwo obserwowanymi w fenotypie gatunków (ZEDER 2006, JENSEN 2014). Dzięki uprawie roślin i hodowli zwierząt ludzie mieli zapewnione większe bezpieczeństwo i przewidywalność w dostępie do potrzebnych zasobów (mięso, mleko, jaja, miód), źródła

¹Teoria „wyjścia z Afryki” jest jedną z dwóch teorii w paleoantropologii, tłumaczących pochodzenie człowieka współczesnego. Według niej *Homo sapiens* powstał w Afryce, z której następnie zasiedlił resztę świata. Autorzy niniejszej pracy odnoszą się w artykule tylko do tej teorii, gdyż to ona jest uznawana za najrzetelniej potwierdzoną metodami paleontologicznymi i genetycznymi. Drugą, konkurencyjną teorią jest „hipoteza multiregionalna”.

nawozu, surowców do produkcji odzieży, ozdób czy narzędzi, a udomowione zwierzęta można było wykorzystać do pracy (jako siłę pociągową, wierzchową, do orki, a psy pasterskie nawet jako pomoc przy hodowli innych zwierząt) (ZEDER 2006, JENSEN 2014).

Za organizm udomowiony uznaje się zatem organizm, który (i) ma określoną wartość dla człowieka i hodowany jest z określonych przyczyn, (ii) jego hodowla podlega pełnej kontroli człowieka, (iii) jego morfologia i fizjologia wykazują warianty nigdy nie spotykane w dzikich odmianach, a (iv) niektóre z nich nie przeżyłyby samodzielnie w środowisku (CLUTTON-BROCK 1999, TERREL i współaut. 2003).

Historia pokazuje, że nie każdy gatunek można udomowić. W przypadku zwierząt, dzikie osobniki musiały wykazywać mniejszy strach przed człowiekiem. Prawdopodobnie była to pierwsza i najważniejsza odpowiedź na udamawianie. Wydaje się, że proces domestykacji mógł zakończyć się sukcesem tylko wtedy, gdy bliskość człowieka (tłok, hałas, zmienione środowisko czy nawet uwięzienie) nie przeszkadzała zwierzęciu w życiu i rozmnażaniu się (LARSON i BURGER 2013, JENSEN 2014). Tę hipotezę zdają się potwierdzać wieloletnie badania prowadzone nad srebrnymi lisami (będącymi formą melanizmu u lisów rudych *Vulpes vulpes*). Do eksperymentu z grupy lisów wybrano tylko te, które nie bały się kontaktu z ludźmi (takich jak dotyk, karmienie z ręki). W ciągu 3-4 pokoleń około 2% zwierząt zaczęło wykazywać zachowania typowe dla psów: machały ogonem, próbowały lizać twarz naukowca, skomlały i podchodziły do ludzi. W trzydziestym pokoleniu już 50% osobników wyróżniało się opisanym zachowaniem. Dodatkowo zaobserwowano inne charakterystyczne dla udomowienia cechy: zmiana umaszczenia, wcześniejsze dojrzewanie do rozrodu i przesunięcie sezonu rozrodczego (TRUT i współaut. 2009, JENSEN 2014).

Nie należy zapominać o konsekwencjach, jakie niesie za sobą udomowienie. Domestykacja spowodowała pojawienie się chorób infekcyjnych, które prowadziły do śmierci wielu ludzi (m.in. wywołując epidemie). Jednak kontakt ze zwierzętami, będącymi naturalnymi rezerwuarami czynników chorobotwórczych (bakterii, wirusów, pasożytów, pierwotniaków), prowadził również do wytworzenia w organizmie człowieka pamięci immunologicznej i tym samym odporności na choroby. Badania wykazały, że np. odra i zapalenie płuc pojawiły się w populacji ludzkiej w wyniku transferu od bydła, grypa – od kaczek i świń, a ospa – od wielbłądów lub bydła (wciąż kwestia sporna) (DIAMOND 2002, 2010). Nie powinno zatem dziwić, że

podczas prac nad wynalezieniem szczepionki na ospę prawdziwą Edward Jenner z sukcesem wykorzystał ropę pobraną z pęcherza na dłoni kobiety chorej na ospę krowią.

Inną konsekwencją udomowienia było wytworzenie w populacjach ludzkich czynników genetycznej odporności. Powstały m.in. grupy krwi zawierające cztery typy antygenów (A, 0, B i AB). Istnieje przekonanie, że grupa krwi 0 była popularna wśród neolitycznych myśliwych, natomiast grupa krwi A wśród neolitycznych zbieraczy. Zróżnicowanie antygenów wynikało z ich radykalnie innego stylu życia, diety i środowiska, uwidaczniających się w odmiennym funkcjonowaniu przewodu pokarmowego i układu immunologicznego (D'ADAMO i WHITNEY 1998). Analizy szczątków neandertalczyka zdają się potwierdzać, że najstarszą na świecie grupą krwi jest grupa 0 (LALUEZA-FOX i współaut. 2008). Grupa krwi B pojawiła się wraz z rewolucją neolityczną, natomiast grupa AB powstała stosunkowo niedawno (D'ADAMO i WHITNEY 1998). Współcześnie częstotliwość poszczególnych grup krwi w populacjach ludzkich różni się w zależności od ich lokalizacji. Szacuje się, że najrzadziej występującą na świecie grupą krwi jest grupa AB, obecna jedynie u 14% ludzi, najpopularniejszą – grupa 0, obecna u 46% ludzi.

Udomowienie i zmiana diety wywołały również zmiany w funkcjonowaniu układu pokarmowego człowieka. To właśnie przejście z diety łowców-zbieraczy do diety rolników i hodowców bydła doprowadziło do powstania enzymu laktazy w populacjach żywiących się mlekiem (DIAMOND 2010). Utrzymanie wydzielania laktazy to genetyczna cecha, która zapewnia produkcję enzymu także w dorosłym życiu, najczęściej obserwowana w populacjach z obszarów północnej Europy, u niektórych ludów Afryki i nomadów, którzy od dawna pili mleko. Uważa się, że allele warunkujące tę cechę były w populacjach ludzkich bardzo rzadkie i rozpowszechniły się dopiero wtedy, kiedy człowiek udomowił bydło. Hipotezę tę potwierdzają analizy prób pobranych z neolitycznych kości ludzkich z terenów Europy (BURGER i współaut. 2007).

DIAMOND (2010), jako konsekwencje udomowienia, podaje również zmniejszanie się wzrostu i wielkości ciała człowieka oraz nierówność społeczną, będącą wynikiem powstania warstw społecznych.

NIE WSZYSTKO MOŻNA UDOMOWIĆ

Spośród 148 gatunków zwierząt ważących 45 kilogramów lub więcej człowiek udomowił jedynie czternaście. W przypadku roślin, do kanonu gatunków użytkowych trafiło jedynie 100, z występujących na

świecie 200 tysięcy (DIAMOND 2002, 2010). Te statystyki nasuwają pytanie o powód tego, że jedne gatunki roślin lub zwierząt zostały przez nas udomowione, a inne nigdy nie trafiły do naszych domostw. Pytanie to staje się jeszcze ciekawsze, gdy zauważymy, że gatunki takie jak np. koń czy osioł na stałe zagościły w naszym otoczeniu, podczas gdy spokrewniona z nimi zebra nadal pozostaje zwierzęciem dzikim, niepoddającym się wpływowi człowieka. To niezwykle zjawisko można wyjaśnić dzięki prowadzonemu przez człowieka procesowi sztucznej selekcji, która celowała w wyłanianiu spośród wszystkich gatunków napotykanym przez ludzi jedynie charakteryzujących się cechami użytkowymi korzystnymi w uprawie lub hodowli. W odróżnieniu od roślin, których selekcja skierowana była głównie na wybór cech morfologicznych i fizjologicznych, u zwierząt ocenie podlegały cechy związane z ich zachowaniem (ZEDER 2012).

Człowiekowi zależało na tym, aby udomowione zwierzę współpracowało z nim, zatem naturalna skłonność do paniki lub niemożność przystosowania się do życia w niewoli wykluczały domestykację. Dlatego zwierzęta takie jak jelenie, gazy, czy renifery nigdy nie zostały przystosowane przez człowieka do hodowli. Udomawiając zwierzęta, ludzie zwracali również uwagę na koszty utrzymania stada. Gatunki o wyjątkowych wymaganiach pokarmowych, którym trudno było zapewnić odpowiednie pożywienie tanio i bez problemów, z przyczyn oczywistych nie mogły liczyć na zainteresowanie człowieka. Wykarmienie np. mrówkojada w niewoli byłoby zadaniem co najmniej karkołomnym. Inną ważną z punktu widzenia człowieka cechą był niewątpliwie szybki wzrost i rozwój zwierząt hodowlanych oraz występowanie krótkiego okresu pomiędzy kolejnymi pokoleniami. Dla gospodarki istotne było, aby stado powiększało się jak najszybciej, co w przypadku hodowania np. słoni czy goryli okazywało się nieosiągalne. Nie bez przyczyny najstarszym udomowionym gatunkiem był pies; ludzie od zawsze poszukiwali w udomawianych zwierzętach współpracownika, a nie rywala czy zagrożenia. Powoduje to, że gatunki o nieprzyjaznym stosunku do człowieka czy nieposiadające umiejętności przystosowania się do szybko zmieniających się warunków środowiskowych (np. niedźwiedzie czy nosorożce) nadal pozostają gatunkami dzikimi. Inną cechą uniemożliwiającą domestykację był brak naturalnej hierarchii w grupie wolno żyjących gatunków prekursorowych. Naturalnym następstwem udomowienia było przejęcie przez człowieka roli lidera stada, za którym zwierzęta powinny instynktownie podążać. Problem stanowić

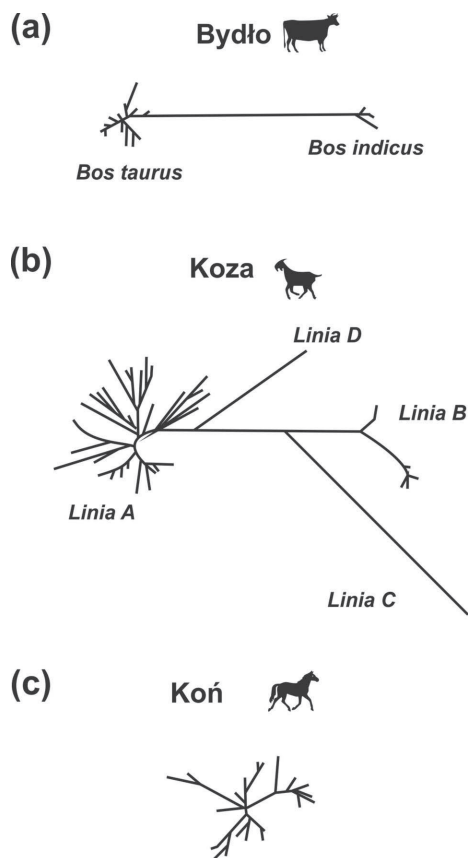
mogła również struktura socjalna zwierząt; terytorializm czy sezonowy rozdział samców i samic przeczył idei domestykacji. Antylopy czy dzikie owce i kozy nadal pozostają zatem poza kręgiem zainteresowań hodowców (DIAMOND 2002, ZEDER 2012).

W przypadku roślin, główne utrudnienie stanowił klimat, który na północnych obszarach Europy i Ameryki bywał niezwykle surowy. Neolityczni rolnicy bardzo szybko zauważyli również, jak ważne było utrzymanie odpowiedniego poziomu nawodnienia gleb, na których prowadzono uprawy. Obszary ubogie w zasoby wodne, takie jak dzisiejsze pustynie czy półpustynie Afryki Środkowej, wykluczały uzyskanie obfitych plonów. W zależności od zamieszkiwanego obszaru człowiek stykał się z różnym poziomem różnorodności gatunkowej. Niska różnorodność ograniczała, a często nawet uniemożliwiała wybór roślin najlepszych i najbardziej użytecznych do udomowienia (DIAMOND 2010, ZEDER 2012).

Z powyższych rozważań jasno wynika zatem, że jednym z głównych czynników nieudomowienia tak wielu gatunków był brak zainteresowania nimi ze strony człowieka. W jego przekonaniu nie posiadały one żadnych cech przydatnych w codziennym życiu. Ich udomowienie stanowiłoby zatem zbędny wysiłek, który nijak nie mógł się opłacać.

Nieustające poszukiwanie przez człowieka populacji potencjalnie odpowiednich do udomowienia spowodowało, że w różnych częściach świata dochodziło do równoległego procesu domestykacji tych samych gatunków roślin lub zwierząt. Potwierdzają to zarówno analizy genetyczne, jak i dowody archeologiczne (ZEDER i współaut. 2006). Warto zauważyć, że proces wielokrotnego udomowienia był częściej obserwowany dla zwierząt niż roślin, co może być związane z szerszym, pierwotnym zasięgiem występowania ich gatunków prekursorowych (ZEDER i współaut. 2006). Natomiast sam przebieg procesu wielokrotnego udomowienia u różnych gatunków nie był jednakowy. Na podstawie filogenetycznych wzorców uzyskanych z mitochondrialnego DNA (mtDNA) wyróżnić można jego trzy podstawowe filogeograficzne typy: nieciągłości, podziału i dyspersji (ZEDER i współaut. 2006), zaprezentowane na Ryc. 1.

Filogeograficzną nieciągłość (Ryc. 1a) zaobserwowano m.in. w przypadku procesu udomowienia bydła *Bos taurus*. Badania filogenetyczne w oparciu o mtDNA wykazały, że ośrodki domestykacji bydła domowego znajdowały się w Azji Mniejszej i Indiach (8 tysięcy lat temu), w Egipcie (5–6 tysięcy lat temu) i Europie (4 tysiące lat temu). Haplotypy występujące u współczesnego by-



Ryc. 1. Prezentacja trzech paradygmatów zróżnicowania genetycznego mitochondrialnego DNA udomowionych zwierząt: (a) filogeograficznej nieciągłości, (b) filogeograficznego podziału i (c) filogeograficznej dyspersji (wg LARSON i BURGER 2013).

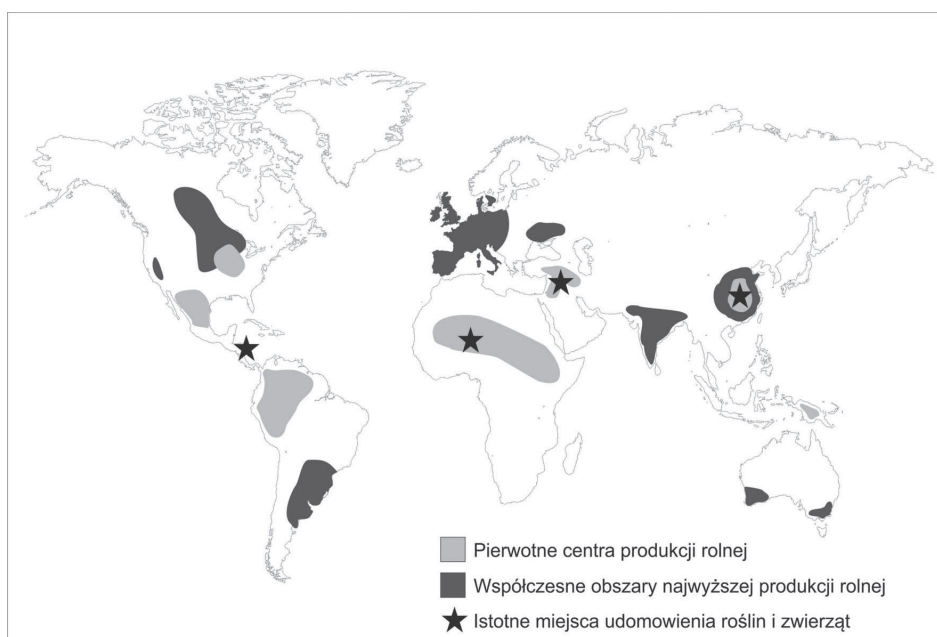
dła grupują się w dwie haplogrupy, popierając scenariusz dwóch oddzielnych centrów udomowienia. To oddzielone od siebie geograficznie oraz wykazujące znaczne różnice genetyczne populacje tura *Bos primigenius* i zebu *Bos indicus* dały początek bydłu domowemu (GENTRY i współaut. 2004, AJMONE-MARSAN i współaut. 2010). Podobny proces opisano u wołu domowego *Bubalus bubalus* i świni domowej *Sus scrofa domestica*, których populacje charakteryzuje wyraźna struktura geograficzna, wskazująca na pochodzenie z kilku ośrodków udomowienia (LARSON i współaut. 2005, ZEDER i współaut. 2006). Analiza mitochondrialnej sekwencji pętli D u współczesnej świni domowej i muzealnych prób dzikich świń ujawniła, że potencjalne miejsca udomowienia gatunku były zlokalizowane w różnych częściach Eurazji, a współczesne świni wywodzą się najprawdopodobniej z Europy, a nie jak poprzednio sądzono z Bliskiego Wschodu. Wyraźna struktura filogeograficzna sugeruje, że to człowiek miał największy wpływ na rozmieszczenie świni domowej na świecie (LARSON i współaut. 2005).

Filogeograficzny podział (Ryc. 1b) od zwierciadła m. in. proces udomowienia kozy *Capra hircus*, której mtDNA ujawnia występowanie jednej głównej i kilku pobocznych linii filogenetycznych (LUKART i współaut. 2001, PIDANCIER i współaut. 2006). Oznacza to, że choć grupa ta została oswojona równolegle w kilku częściach świata, to geny pionierów zmieszały się w całej populacji. Analiza mtDNA wykazała, że w Europie i Afryce dominują współcześnie potomkowie kóz oswojonych w regionie Bliskiego Wschodu (obecne tereny Turcji i Iraku) (LUKART i współaut. 2001). Analizy genetyczne przeprowadzone w populacjach owiec *Ovis aries* i kury domowej *Gallus Gallus* również ujawniły dla tych gatunków występowanie jednego głównego centrum udomowienia i kilku mniejszych, pomiędzy którymi doszło do wtórnej wymiany puli genetycznych (ZEDER i współaut. 2006).

Z kolei słabo wyrażona struktura genetyczna (tzw. filogeograficzna dyspersja, Ryc. 1c) konia *Equus caballus* wskazuje na wzmożoną migrację osobników i brak ograniczeń procesu udomowienia do konkretnych miejsc czy czasu (ZEDER i współaut. 2006). Pierwsze z wielokrotnych udomowień konia miało najprawdopodobniej miejsce na terenie północnego Kazachstanu około 5,5 tys. lat p.n.e. (OUTRAM i współaut. 2009). Obecnie podaje się, że przedstawiciele osiemnastu z dwudziestu jeden współczesnych ras hodowlanych pochodzą jedynie od dwóch linii, linii arabskiej i turkmeńskiej (HAWCROFT 1983). LUDWIG i współaut. (2009), analizując polimorfizm sekwencji DNA z kości dzikich koni z czasów późnego Plejstocenu i wczesnego Holocenu z obszarów Syberii, Europy środkowej i wschodniej oraz półwyspu Iberyjskiego ujawnili, że wskazane populacje charakteryzowały się niższą zmiennością w kolorze sierści niż jest to obserwowane w czasach obecnych. Wzrost zróżnicowania w umaszczeniu zwierząt jest powszechnym wynikiem stosowanej przez człowieka w trakcie procesu udomowienia hodowli selektywnej (FANG i współaut. 2009).

PIERWOTNE CENTRA UDOMOWIENIA

Lokalizacja pierwotnych centrów udomowienia ściśle łączy się z występowaniem na tych obszarach korzystnych warunków siedliskowych oraz dużego zagęszczenia dzikich gatunków roślin i zwierząt, posiadających specyficzne cechy umożliwiające ich udomowienie (patrz poprzedni rozdział). Zaliczane są do nich obszary Mezoameryki, Afryki Środkowej, Żyznego Półksiężycza i Chin, które stanowiły niezwykle istotne miejsca udomowienia imponującej liczby gatunków roślin



Ryc. 2. Lokalizacja pierwotnych i największych współczesnych obszarów produkcji rolnej oraz największych centrów udomowienia różnych gatunków roślin i zwierząt. Warto zauważyć, że (z wyjątkiem obszaru Chin) nie występuje nakładanie się poszczególnych obszarów. Spowodowane jest to tym, że początki rolnictwa nastąpiły na terenach rodzimych dla udomawianych gatunków, natomiast ich produkcja i hodowla okazały się znacznie wydajniejsze w innych lokalizacjach, do których z czasem dotarły udomowione rośliny i zwierzęta.

i zwierząt (Ryc. 2) (DIAMOND 2002). Wymienione lokalizacje charakteryzowały się korzystnymi warunkami klimatycznymi, które umożliwiały rozwój rolnictwa i prowadzenie skutecznej uprawy roślin użytkowych. Ustąpienie lodowca po okresie ostatniego zlodowacenia wywołało znaczne zmiany klimatu i doprowadziło do rozprzestrzenienia się flory i fauny z terenów refugium glacialnych. Pomimo udokumentowanych wielokrotnych ociepleń i ochłodzeń, Holocen (ostatnie 11,7 tysiąca lat) charakteryzował się stosunkowo stabilnymi warunkami klimatycznymi. Wspomniane wyżej fluktuacje klimatyczne były ściśle związane ze zmianami w wilgotności i różniły się w zależności od położenia lądu na kuli ziemskiej. Zmiany klimatu najslabiej odczuwalne były w strefie międzyzwrotnikowej, co tłumaczy opisaną dystrybucję pierwotnych centrów udomowienia.

Porównanie usytuowania głównych centrów udomowienia z lokalizacją obszarów, na których udokumentowano wykształcanie się wyższej kultury i zaawansowanych społeczeństw pozwala dostrzec ich ściśle powiązanie (np. Starożytne Chiny, Mezopotamia, tereny zamieszkałe przez plemiona Majów i Azteków). Szacuje się, że to właśnie zaawansowany i zakończony sukcesami proces domestykacji na tych obszarach spowodował, że ludzie porzucili koczowniczy tryb życia (DIAMOND 2002). Nadal jednak niejasne

są powody, dla których na jednych obszarach ludzie dążyli do osiadłego trybu życia, podczas gdy na innych nadal prowadzono tryb życia łowiecko-zbieracki. Na przykład w Ameryce Północnej w czasach przed przybyciem Kolumba większość plemion uznawało uprawę roli za element zbędny w ich sposobie życia. Również współcześnie istnieją ludy funkcjonujące jedynie w oparciu o łowiectwo i zbieractwo (m.in. Aborygeni w Australii, Indianie w Ameryce Południowej, Inuici na północy).

Niewątpliwie w badaniu przebiegu procesu domestykacji niezbędne jest skorelowanie danych uzyskanych z analiz genetycznych (dotyczących filogeografii współczesnych gatunków roślin i zwierząt oraz człowieka) i badań archeologicznych. Śledzenie i odtwarzanie dróg migracji udomowionych zwierząt (np. psów przez obszary Azji do Ameryki czy świni i szczurów z obszarów Oceanii) ujawnia nowe informacje o kierunkach i tempie migracji ludzkich populacji na te same obszary (MATISOO-SMITH i ROBINS 2004, THOMSON i współaut. 2014).

UDOMOWIONE ROŚLINY

Udamawianie roślin zazwyczaj prowadzi do tak drastycznej zmiany cech pierwotnych gatunku, że nie może się on już rozmnażać bez interwencji człowieka. W procesie poli-

Tabela 1. Wybrane przykłady udomowionych gatunków roślin ze wskazaniem miejsca i czasu udomowienia oraz czasu sprowadzenia gatunku do Europy.

Gatunek udomowionej rośliny	Miejsce udomowienia	Czas udomowienia [liczba lat od teraźniejszości]	Czas sprowadzenia gatunku do Europy
Pszenica		10 000	Neolit
Żyto		11 000	Początek n. e.
Jęczmień		8 000–9 500	Neolit
Groch	Żyzny Półksiężyc na Bliskim Wschodzie	9 000	Neolit
Ciecierzycza		9 200	Neolit
Soczewica		9 100	Neolit
Len		8 500	Neolit
Sorgo	Afryka	2 000	?
Ryż		8 000–9 000	IV w. p. n. e.
Proso		7 000–8 500	Epoka brązu
Morela		4 000	I w. p. n. e.
Brzoskwinia	Chiny	4 000	I w. p. n. e.
Soja		3 000	XVIII w.
Herbata		2 000	XVI–XVII w.
Dynia zwyczajna		9 800–10 700	
Kukurydza	Ameryka Środkowa	6 900	
Fasola		5 500–7 000	
Papryka		6 000	XVI w.
Ziemniak		8 000–10 000	(po odkryciu Ameryki przez Kolumba)
Pomidor	Ameryka Południowa	500	
Kukurydza		6 500–8 000	
Fasola		9 500–10 000	
Papryka		6 000	

plodyzacji, czyli metody stosowanej w celu uzyskania osobników o zwiększonej liczbie chromosomów, uzyskano m.in. gatunki takie jak pszenżyto (*×Triticosecale*), rzepak (*Brassica napus*), fasola (*Phaseolus*) czy ziemniak (*Solanum tuberosum*). Dzięki poliploidyzacji rośliny dają większe plony, charakteryzują się dobrą zdrowotnością i wartością pokarmową². Pszenżyto, które jest mieszańcem pszenicy *Triticum* i żyta *Secale* można z sukcesem uprawiać na stanowiskach słabszych niż dla pszenicy, a trochę lepszych niż dla żyta. Sprawia to, że staje się on coraz bardziej konkurencyjny w stosunku do innych gatunków zbóż.

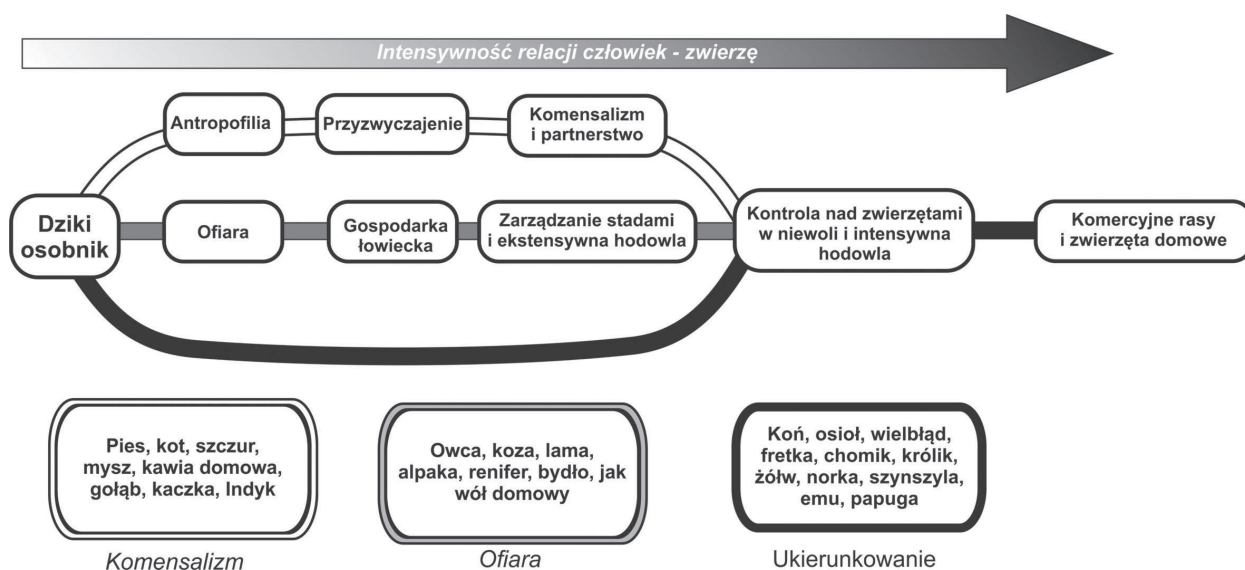
Naukowców od zawsze nurtował ogólny mechanizm udomowienia roślin. Analizy genomów gatunków takich jak kukurydza, ryż czy pszenica umożliwiły identyfikację 9 genów udomowienia oraz 26 loci warunkujących zróżnicowanie (w zależności od preferencji człowieka lub warunków środowiskowych), wspólnych dla udomowionych roślin. Osiem z dziewięciu genów udomowienia koduje aktywatory transkrypcji, natomiast ponad połowa ze wspomnianych wyżej 26 loci koduje enzymy. Wyniki te sugerują, że udomowienie było procesem związanym ze

zmianami w szlakach regulatorowych transkrypcji, ze zwiększoną produkcją niektórych enzymów (DOEBLEY i współaut. 2006, FAN i współaut. 2006, PRETHEPHA 2009).

Jak już wspomniano na początku artykułu, proces domestykacji roślin opierał się głównie na selektywnym zbiorze i użyciu do siewu nasion, które wykazywały pożądane przez człowieka cechy (GEPTS 2002). W ten sposób udomowiono na Bliskim Wschodzie zboża takie jak: pszenicę samopszę *Triticum monococcum*, pszenicę płaskurkę *Triticum dicoccon*, żyto i jęczmień (WILLCOX 2013, LARSON i współaut. 2014, ARRANZ-OTAEGUI i współaut. 2016, KHOURY i współaut. 2016). Analiza polimorfizmów genów związanych z udomowieniem w genomie kukurydzy ujawniła silny wpływ człowieka na proces domestykacji gatunku: aż 2–4% genów znajdowało się pod silną presją selekcyjną (PURUGGANAN i FULLER 2009).

Udomowiony w Chinach ryż *Oryza sativa*, jest obecnie podstawą wyżywienia 1/3 ludności na Ziemi (LARSON i współaut. 2014, SPENGLER i współaut. 2014, DODSON i DONG 2016, KHOURY i współaut. 2016). Wyróżnić można 25 gatunków tej rośliny, jednak 90% światowych upraw stanowią dwie odmiany: japońska i indyjska. Analiza sekwencji chloroplastowego DNA, uzyskanych ze

²W przypadku zwierząt poliploidyzacja często jest procesem letalnym. W wyniku poliploidyzacji uzyskano np. żubronia.



Ryc. 3. Szlaki udomowienia zwierząt na podstawie ZEDER (2012). Kolorem białym zaznaczono szlak udomowienia na drodze komensalizmu, kolorem szarym szlak na drodze zdobyczy, kolorem czarnym szlak na drodze ukierunkowanych procesów.

starożytnych (sprzed 900–2800 lat temu) i współczesnych ziaren ryżu ujawniła, że odmiana indyjska uprawiana była we wschodniej Azji już 2000 lat temu (została na te tereny sprowadzona wcześniej lub tam została udomowiona). Co więcej, powyższe badania wykazały, że 2000 lat temu obie odmiany były obecne w Japonii i na półwyspie koreańskim (KUMAGI i współaut. 2016).

Innym, popularnym na świecie zbożem jest kukurydza, która powstała w Ameryce Środkowej i Południowej w wyniku transformacji dzikiej trawy *Balsas teosinte* (PICKERSGILL 2007, CLEMENT i współaut. 2015). Dokładny czas udomowienia gatunku nie jest znany, jednak odnalezienie narzędzi pokrytych skrobią kukurydzianą pozwoliło naukowcom na oszacowanie, iż mogło mieć to miejsce około 6–8,5 tysięcy lat temu (PIPERNO i współaut. 2009). W Ameryce udomowiono również dziki ziemniak *Solanum brevicaule* (PICKERSGILL 2007, CLEMENT i współaut. 2015). Okazuje się jednak, że najstarszymi warzywami uprawnymi na tych obszarach mogły być dynie. DILLEHAY i współaut. (2007) znaleźli w północnym Peru ślady jej upraw sprzed 9200 lat! W Tabeli 1 wymieniono więcej wybranych udomowionych na świecie gatunków roślin z podaniem miejsca i czasu ich domestykacji oraz czasu sprowadzenia do Europy.

UDOMOWIONE ZWIERZĘTA

Nie wszystkie zwierzęta wchodziły w takie same interakcje w człowiekiem, dlatego drogi ich udomowienia różnią się. ZEDER

(2012) wyróżnia trzy główne szlaki udomowienia zwierząt: na drodze komensalizmu, na drodze zdobyczy oraz na drodze ukierunkowanych procesów (Ryc. 3). Podział na te trzy modele nie tylko poszerza sposób postrzegania procesu domestykacji, ale również pokrywa się z uzyskaną do tej pory wiedzą (w oparciu m.in. o morfologię i genetykę) na temat udomowienia różnych gatunków zwierząt.

Model domestykacji na drodze komensalizmu w centrum procesu stawia zwierzę, które w swoim udomowieniu odgrywa największą rolę. To ono inicjuje początkowe stadia procesu, jako pierwsze zbliżając się, a następnie na stałe pozostając w tej samej co człowiek niszy środowiskowej. Komensalizm jest typem zależności między dwoma gatunkami, w którym jeden z nich czerpie korzyści nie szkodząc drugiemu. Ludzie produkowali atrakcyjne, z punktu widzenia waleśającego się zwierzęcia, odpadki, m.in. resztki upolowanych zdobyczy. Zjadając je zwierzę nie przeszkadzało ludziom, a ciągła bliskość tych gatunków sprawiała, że obie strony przyzwyczajały się do swojej obecności. Z czasem ludzie i zwierzęta zaczęli dzielić się dostępnym pokarmem i pomagać sobie w jego zdobyciu. W ten sposób udomowione zostały pierwsze zwierzęta (m.in. kura domowa, kaczka), w tym najstarsze – psy.

Szlak na drodze zdobyczy charakteryzuje udomowienie gatunków stanowiących początkowo zwierzyne łowną (m.in. owce, kozy, bydło). Początkowo ludzie musieli wyprawiać się na polowania w miejsca znacznie oddalo-

ne od terenów przez siebie zamieszkiwanych. Przekształcanie środowiska naturalnego i wytwarzanie narzędzi umożliwiających złapanie i uwięzienie zwierząt stopniowo doprowadziło do ich gromadzenia w bliskiej odległości od osiedli ludzkich. Zwierzęta te jednak okazywały się dużo trudniejsze do zarządzania niż udomowione na drodze dwóch pozostałych, opisanych przez ZEDER (2012) szlaków. Doprowadziło to do drastycznych zmian w puli genetycznej populacji, m.in. zmniejszenia różnorodności genetycznej i zmian częstości alleli (tzw. efekt wąskiego gardła). Szacuje się, że zmiany te były gwałtowne i zaszły w bardzo krótkim czasie (LARSON i BURGER 2013).

Ostatni model, tzw. szlak na drodze ukierunkowanych procesów, okazuje się najbardziej przemyślanym procesem udomawiania zwierząt, opartym na świadomym zestawie działań ze strony ludzi. Podstawą tych działań było zapotrzebowanie człowieka na konkretną funkcję/cechę. Udomowienie rozpoczynano zatem od selektywnego wyboru dziko żyjących osobników, posiadających ową pożądaną cechę lub zestaw cech. Wszelkie poprzedzające etapy, obecne w innych modelach, takie jak przyzwyczajanie czy zarządzanie populacjami, zostały w tym procesie pominięte. Zdecydowanie większość zwierząt zostało udomowionych właśnie w ten sposób, m.in. konie, osły, chomiki, króliki. Obecnie w ten sposób prowadzona jest m.in. hodowla nerek, ryb akwariowych czy papug.

Całościowe spojrzenie na proces udomowienia zwierząt zwraca uwagę na szczególne znaczenie selekcji cech behawioralnych, a nie morfologicznych, co odróżnia te działania od podjętych w przypadku domestykacji roślin. Udomowione gatunki zwierząt bardzo często niezbyt różnią się wyglądem od swoich dzikich prekursorów. Dzięki temu w łatwy sposób można określić ich pochodzenie, a na podstawie analizy pierwotnych zasięgów występowania odmian dzikich, także ich potencjalne miejsca udomowienia. Taki rodzaj selekcji stwarza jednak problem w określaniu dokładnego czasu domestykacji. Zmiany w wyglądzie (zmiany morfologiczne) wytwarzają się i utrwalają długo po nastąpieniu samego procesu adaptacji do hodowli. Skrajnym przykładem ilustrującym ten problem jest rozbieżność w badaniach dotyczących udomowienia psa. Z wykorzystaniem danych genetycznych, VILA i współaut. (1997) określili, że oddzielenie się psów od linii wilków nastąpiło około 135 tysięcy lat temu. Jest to o ponad 100 tysięcy lat wcześniej, niż sugerują dane archeologiczne. Na podstawie skamieniałych kości psów odnalezionych w Europie i Azji, okre-

ślono ten czas na 13–17 tysięcy lat temu (SABLIN i KHLOPACHEV 2002).

OSIĄGNIĘCIA PRZODKÓW POSZŁY W ZAPOMNIENIE?

Udomowienie często promowało bogatą bioróżnorodność. Dążono do tworzenia nowych ras, charakteryzujących się najróżniejszymi cechami użytkowymi. Na przykład kapusta (*Brassica oleracea*) w zależności od selekcji poszczególnych części rośliny została użyta do stworzenia kilku różnych odmian: jarmużu (selekcja liści), kalarepy (łodygi), brokuła i kalafiora (kwiaty pędów) czy brukselki (pączki) (DIAMOND 2002, 2010). Dodatkowo, wytworzone już ostatecznie poszczególne gatunki roślin użytkowych charakteryzowały się znaczną różnorodnością odmian. Stanowiło to zabezpieczenie przed potencjalnymi stratami. W przypadku hodowli wielu różnych odmian istniała pewność, że znaczna część hodowli przetrwa pomimo zmieniających warunków środowiska. Były one także dostosowane do hodowli w różnych warunkach siedliskowych, co zapewniało stały dostęp do pożywienia w środowiskach niejednorodnych, jakimi były ówczesne obszary rolne.

Metodyka współczesnego rolnictwa i hodowli zwierząt znacznie odbiega od stosowanej przed wiekami. Pojawienie się nawozów sztucznych i mechanizacja rolnictwa doprowadziły do częściowego uniezależnienia człowieka od warunków zewnętrznych, a obecny przemysł rolny skupiony jest głównie na osiągnięciu wysokiego plonu i produkcji. Powoduje to stworzenie gospodarstw wielkoobszarowych oraz hodowli zwierząt uniezależnionej od wymagań siedliskowych gatunku. Stopniowe przesuwanie w kierunku unifikacji, skutkuje zmniejszeniem bioróżnorodności i tworzeniu rozległych połąci monokultur. Na wielkim obszarze uprawiane są rośliny tylko jednego gatunku (lub kilku o podobnych wymaganiach glebowych), a liczbę ras redukuje się jedynie do tych, wykazujących cechy najpotrzebniejsze rolniczo. Monokultury prowadzą do wyjałowienia nawet bardzo żyznej gleby i zmiany jej struktury, ostatecznie prowadzi to do obniżenia uzyskanych plonów. W przypadku roślin, na przestrzeni ostatnich 100 lat widać znaczny spadek liczby wykorzystywanych odmian. Spośród 307 odmian kukurydzy uprawianych na świecie w 1903 r., do czasów obecnych w formie użytkowanej gospodarczo przetrwało jedynie dwanaście. Z siedmiu tysięcy odmian jabłek obecnych w uprawach na początku XIX w., obecnie przetrwało mniej niż sto. To samo dotyczy buraków, kapusty, groszku, rzodkwi, pomidorów i ogórków. W Stanach Zjed-

noczonych ponad 90% odmian roślin znikło bezpowrotnie.

Współcześnie wykorzystywane rolniczo arealy są zlokalizowane w zupełnie innych regionach niż pierwotnie dominujące centra udomowienia i tereny pierwotnej produkcji rolnej. Dziś są to obszary Europy Zachodniej i Centralnej, Indie, Chiny, centralna część Stanów Zjednoczonych oraz centralno-wschodnia część Patagonii w Ameryce Południowej (DIAMOND 2002) (Ryc. 2).

Współcześnie znaczące zastosowanie w poprawie jakości upraw i uzyskaniu większej produkcji znajduje również inżynieria genetyczna. Umożliwia ona tworzenie odmian roślin odpornych m.in. na insekty, wirusy, suszę czy herbicydy. Głównie modyfikacjom genetycznym podlegają gatunki takie jak kukurydza, soja i bawełna (GEPTS 2002). Współczesne odmiany pszenicy zostały tak zmodyfikowane, aby były odporne na wysokie temperatury i zagrażające im choroby. Rośliny transgeniczne cieszą się coraz większą popularnością wśród rolników, ponieważ zmniejszają koszty utrzymania hodowli, niwelują straty i znacznie ułatwiają proces uzyskania plonów (GEPTS 2002).

PODSUMOWANIE

Udomowienie różnych gatunków roślin i zwierząt jest niewątpliwie jednym z najważniejszych osiągnięć człowieka w ciągu całego istnienia gatunku. Szacuje się, że człowiek udomowił 474 gatunki zwierząt i 269 gatunków roślin przez około 11 tysięcy lat. Wynikiem domestykacji jest również udokumentowane powstanie nowych gatunków. Szacuje się, że spośród 40 najważniejszych na świecie gatunków upraw, 6–8 może być uznanych za całkowicie nowe (BULL i MARON 2016). Współcześnie jednak ludzie zaczynają zaprzepaszczać osiągnięcia ostatnich 14 tysięcy lat, dążąc m.in. do zmniejszenia różnorodności upraw czy tworząc nowe rasy psów, których cechy z użytecznością nie mają nic wspólnego. Trudno przewidzieć jednoznaczny wynik tych działań, a na ich długofalowe skutki i ostateczną ocenę będziemy musieli jeszcze poczekać.

Streszczenie

Proces udomowienia charakteryzuje się zmianami w cechach i właściwościach fizjologicznych, morfologicznych, psychicznych czy rozwojowych dzikiego prototypu udomowionego gatunku na skutek działalności człowieka (tzw. sztucznej selekcji). Niniejszy artykuł prezentuje (1) przyczyny prowadzące do udomowienia tak wielu gatunków, (2) lokalizację pierwotnych centrów udomowienia i współcześnie najbardziej produktywnych rolniczo obszarów na świecie oraz (3) przykłady udomowionych gatunków roślin i zwierząt. Dodatkowo w artykule przeanalizowano, jakie potencjalne problemy mogły utrudniać

proces domestykacji, a także czym różni się współczesna metodyka uprawy roślin i hodowli zwierząt od prowadzonej w przeszłości.

LITERATURA

- AJMONE-MARSAN P., GARCIA J. F., LENSTRA J. A., THE GLOBALDIV CONSORTIUM, 2010. *On the origin of cattle: how aurochs became cattle and colonized the world*. *Evol. Anthropol.* 19, 148-157.
- ARRANZ-OTAEGUI A., COLLEDGE S., ZAPATA L., TEIRA-MAYOLINI L. C., ILBÁÑEZ J. J., 2016. *Regional diversity on the timing for the initial appearance of cereal cultivation and domestication in southwest Asia*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 113, 14001-14006.
- BLOME M. W., COHEN A. S., TRYON C. A., BROOKS A. S., RUSSEL J., 2012. *The environmental context for the origins of modern human diversity: a synthesis of regional variability in African climate 150,000-30,000 years ago*. *J. Human Evol.* 62, 563-592.
- BOVIN N. L., ZEDER M. A., FULLER D. Q., CROWTHER A., LARSON G., ERLANDSON J. M., DENHAM T., PETRAGLIA M. D., 2016. *Ecological consequences of human niche construction: examining long-term anthropogenic shaping of global species distributions*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 113, 6388-6396.
- BULL J. W., MARON M., 2016. *How humans drive speciation as well as extinction*. *Proc. Royal Soc. London B, Biol. Sci.* 283, 20160600.
- BURGER J., KIRCHNER M., BRAMANTI B., HAAK W., THOMAS M. G., 2007. *Absence of the lactase-persistence-associated allele in early Neolithic Europeans*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 104, 3736-3741.
- CLEMENT C. R., DENEVAN W. M., HECKENBERGER M. J., JUNQUEIRA A. B., NEVES E. G., TEIXEIRA W. G., WOODS W. I., 2015. *The domestication of Amazonia before European conquest*. *Proc. Royal Soc. London B, Biol. Sci.* 282, 20150813.
- CLUTTON-BROCK J., 1999. *A natural history of domesticated mammals*. Cambridge University Press, Cambridge.
- D'ADAMO P. J., WHITNEY C., 1998. *Eat right for your type*. Century, Londyn.
- DARWIN C., 1868. *The variation of animals and plants under domestication*. John Murray, Londyn.
- DIAMOND J., 2002. *Evolution, consequences and future of plant and animal domestication*. *Nature* 418, 700-707.
- DIAMOND J., 2010. *Strzelby, zarazki, maszyny. Losy ludzkich społeczeństw*. Prószyński i S-ka, Warszawa.
- DILLEHAY T. D., ROSSEN J., ANDERS T. C., WILLIAMS D. E., 2007. *Pre-ceramic adoption of peanut, squash, and cotton in northern Peru*. *Science* 316: 1890-1893.
- DODSON J., DONG G., 2016. *What do we know about domestication in eastern Asia?* *Quarter. Intern.* 426, 2-9.
- DOEBLEY J. F., GAUT B. S., SMITH B. D., 2006. *The molecular genetics of crop domestication*. *Cell* 127, 1309-1329.
- FAN C., XING Y., MAO H., LU T., HAN B., XU C., LI X., ZHANG Q., 2006. *GS3, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein*. *Theoret. Appl. Genet.* 112, 1164-1171.

- FANG M., LARSON G., RIBERIO H. S., LI N., ANDERSSON L., 2009. *Contrasting mode of evolution at a coat color locus in wild and domestic pigs*. PLoS Genetics 5, e1000341.
- FIAŁKOWSKI K., BIELICKI T., 2008. *Homo przypadkiem sapiens*. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa.
- GENTRY A., CLUTTON-BROCK J., GROVES C. P., 2004. *The naming of wild animal species and their domestic derivatives*. J. Archaeol. Sci. 31, 645-651.
- GEPTS P., 2002. *A comparison between crop domestication, classical plant breeding, and genetic engineering*. Crop Sci. 42, 1780-1790.
- GROUCUTT H. S., PETRAGLIA M. D., BAILEY G., SCERRI E. M. L., PARTON A., CLARK-BALZAN L., JENNINGS R. P., LEWIS L., BLINKHORN J., DRAKE N. A., BREEZE P. S., INGLIS R. H., DEVÈS M. H., MEREDITH-WILLIAMS M., BOVIN N., THOMAS M. G., SCALLY A., 2015. *Rethinking the dispersal of Homo sapiens out of Africa*. Evol. Anthropol. 24, 149-164.
- GUPTA A. K., 2004. *Origin of agriculture and domestication of plants and animals linked to early Holocene climate amelioration*. Curr. Sci. 87, 54-59.
- HAWCROFT T., 1983. *Koń. Rasy, pielęgnacja, wychowanie, tresura*. Wydawnictwo Ania, Warszawa.
- HARARI J. N., 2014. *Sapiens - a brief history of humankind*. Penguin Random House, Israel.
- HOFFECCKER J. F., ELIAS S. A., O'ROURKE D. H., SCOTT G. R., BIGELOW N. H., 2016. *Beringia and the global dispersal of modern humans*. Evol. Anthropol. 25, 64-78.
- JENSEN P., 2014. *Behavior genetics and the domestication of animals*. Ann. Rev. Animal Biosci. 2, 85-104.
- KHOURY C. K., ACHICANOY H. A., BJORKMAN A. D., NAVARRO-RACINES C., GUARINO L., FLORES-PALACIOS X., ENGELS J. M. M., WIERSEMA J. H., DEMPEWOLF H., SOTELO S., RAMÍREZ-VILLEGAS J., CASTAÑEDA-ÁLVAREZ N. P., FOWLER C., JARVIS A., RIESEBERG L. H., STRUIK P. C., 2016. *Origins of food crops connect countries worldwide*. Proc. Royal Soc. London B, Biol. Sci. 283, 20160792.
- KUMAGI M., KANEHARA M., SHODA S., FUJITA S., ONUKI S., UEDA S., WANG L., 2016. *Rice varieties in archaic East Asia: reduction of its diversity from past to present times*. Mol. Biol. Evol. 33, 2496-2505.
- LALUEZA-FOX C., GIGLI E., DE LA RASILLA M., FORTEA J., ROSAS A., BERTRANPETIT J., KRAUSE J., 2008. *Genetic characterization of the ABO blood group in Neandertals*. BMC Evol. Biol. 8, 342.
- LARSON G., BURGER J., 2013. *A population genetics view of animal domestication*. Trends Genet. 29, 197-205.
- LARSON G., DOBNEY K., ALBARELLA U., FANG M., MATISOO-SMITH E., ROBINS J., LOWDEN S., FINLAYSON H., BRAND T., WILLERSLEV E., ROWLEY-CONWAY P., ANDERSSON L., COOPER A., 2005. *Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication*. Science 307, 1618-1621.
- LARSON G., PIPERNO D. R., ALLABY R. G., PURUGGANAN M. D., ANDERSSON L., ARROYO-KALIN M., BARTON L., VIGUEIRA C. C., DENHAM T., DOBNEY K., DOUST A. N., GEPTS P., GILBERT M. T. P., GREMILLION K. J., LUCAS L., LUKENS L., MARSHALL F. B., OLSEN K. M., PIRES J. C., RICHERSON P. J., RUBIO DE CASAS R., SANJUR O. I., THOMAS M. G., 2014. *Current perspectives and the future of domestication studies*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 111, 6139-6146.
- LUDWIG A., PRUVOST M., REISSMANN M., BENECKE N., BROCKMANN G. A., CASTAÑOS P., CIESLAK M., LIPPOLD S., LLORENTE L., MALASPINAS A. S., SLATKIN M., HOFREITER M., 2009. *Coat color variation at the beginning of horse domestication*. Science 324, 485.
- LUIKART G., GHELLY L., EXCOFFIER L., VIGNE J.D., BOUVET J., TABERLET P., 2001. *Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 98, 5927-5932.
- MATISOO-SMITH E., ROBINS J. H., 2004. *Origins and dispersals of Pacific peoples: evidence from mtDNA phylogenies of the Pacific rat*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 101, 9167-9172.
- MELLARS P., GORI K. C., CARR M., SOARES P. A., RICHARDS M. B., 2013. *Genetic and archaeological perspectives on the initial modern human colonization of southern Asia*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 110, 10699-10704.
- OUTRAM A. K., STEAR N. A., BENDREY R., OLSEN S., KASPAROV A., ZAIBERT V., THORPE N., EVERSLED R. P., 2009. *The earliest horse harnessing and milking*. Science 323, 1332-1335.
- PETRAGLIA M. D., HASLAM M., FULLER D. Q., BOVIN N., CLARKSON C., 2010. *Out of Africa: new hypotheses and evidence for the dispersal of Homo sapiens along the Indian Ocean rim*. Ann. Human Biol. 37, 288-311.
- PICKERSGILL B., 2007. *Domestication of plants in the Americas: insights from Mendelian and molecular genetics*. Ann. Botany 100, 925-940.
- PIDANCIER N., JORDAN S., LUIKART G., TABERLET P., 2006. *Evolutionary history of the genus Capra (Mammalia, Artiodactyla): Discordance between mitochondrial DNA and Y-chromosome phylogenies*. Mol. Phylogenet. Evol. 40, 739-749.
- PIPERNO D. R., RANERE A. J., HOLST I., IRIARTE J., DICKAU R., 2009. *Starch grain and phytolith evidence for early ninth millennium B.P. maize from the Central Balsas River Valley, Mexico*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 106, 5019-5024.
- PRETHEPHA P., 2009. *The fragrance (fgr) gene in natural populations of wild rice (Oryza rufipogon Griff.)*. Genet. Resour. Crop Evol. 56, 13-18.
- PURUGGANAN M. D., FULLER D. Q., 2009. *The nature of selection during plant domestication*. Nature 457, 843-848.
- ROHDE D. L. T., OLSON S., CHANG J. T., 2004. *Modelling the recent common ancestry of all living humans*. Nature 431, 562-566.
- SABLIN M. V., KHLOPACHEV G. A., 2002. *The Earliest Ice Age Dogs: Evidence from Eliseevichi 1*. Curr. Anthropol. 43, 795-799.
- SCERRI E. M. L., DRAKE N. A., JENNINGS R., GROUCUTT H. S., 2014. *Earliest evidence for the structure of Homo sapiens populations in Africa*. Quat. Sci. Rev. 101, 207-216.
- SPENGLER R., FRACHETTI M., DOUMANI P., ROUSE L., CERASETTI B., BULLION E., MAR'YASHEV A., 2014. *Early agriculture and crop transmission among Bronze Age mobile pastoralists of Central Eurasia*. Proc. Royal Soc. London B, Biol. Sci. 281, 20133382.
- TERREL J. E., HART J. P., BARUT S., CELLINESE N., CURET A., DENHAM T., KUSIMBA C. M., LATINIS K., OKA R., PALKA J., POHL M. E. D., POPE K. O., WILLIAMS P. R., HAINES H., STALLER J. E., 2003. *Domesticated landscapes: the subsistence ecology of plant and animal domestication*. J. Archaeol. Meth. Theory 10, 323-368.

- THOMSON V. A., LEBRASSEUR O., AUSTIN J. J., HUNT T. L., BURNEY D. A., DENHAM T., RAWLENCE N. J., WOOD J. R., GONGORA J., FLINK L. G., LINDERHOLM A., DOBNEY K., LARSON G., COOPER A., 2014. *Using ancient DNA to study the origins and dispersal of ancestral Polynesian chickens across the Pacific*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 111, 4826-4831.
- TRUT L., OSKINA I., KHARLAMOVA A., 2009. *Animal evolution during domestication: the domesticated fox as a model*. BioEssays 31, 349-360.
- VILÁ C., SAVOLAINEN P., MALDONADO J. E., AMORIM I. R., RICE J. E., HONEYCUTT R. L., CRANDALL K. A., LUNDEBERG J., WAYNE R. K., 1997. *Multiple and ancient origins of the domestic dog*. Science 276, 1687-1689.
- WILLCOX G., 2013. *The roots of cultivation in southwestern Asia*. Science 341, 39-40.
- ZEDER M. A., 2006. *Central questions in the domestication of plants and animals*. Evol. Anthropol. 15, 105-117.
- ZEDER M. A., 2012. *The domestication of animals*. J. Anthropol. Res. 68, 161-190.
- ZEDER M. A., EMSHWILLER E., SMITH B. D., BRADLEY D. G., 2006. *Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology*. Trends Genet. 22, 139-155.

KOSMOS Vol. 67, 4, 721-732, 2018

JOANNA STOJAK, KAMILA PLIS

Mammal Research Institute PAS, 1 Stoczek Str., 17-230 Białowieża, E-mail: jstojak@ibs.bialowieza.pl

HOW TO MAKE FRIENDS WITH A WILD? GLOBAL HISTORY OF DOMESTICATION OF DIFFERENT PLANT AND ANIMAL SPECIES

Summary

Process of domestication can be characterized as human-driven changes in physiology, morphology, psyche or development of wild ancestral individuals, based mainly on the process of selective pressure. This article presents: (1) potential causes which led to the domestication of so many species, (2) location of ancient centers of domestication and the most productive contemporary agriculture areas in the world, and (3) examples of domesticated plant and animal species. Moreover, the article analyses problems which might potentially impede domestication processes and differences in crop cultivation and farming nowadays and in the past.

Key words: agricultural production centres, anthropogenesis, centres of origin, domestication, monoculture, Neolithic Revolution