

Древняя ДНК «заговорила»



ПИЛИПЕНКО Александр Сергеевич – кандидат биологических наук, научный сотрудник межинститутского научно-исследовательского сектора молекулярной палеогенетики Института цитологии и генетики СО РАН (Новосибирск). Автор и соавтор более 30 научных работ

На третье место в списке научных итогов первого десятилетия нашего века эксперты «Science» поместили успехи использования молекулярно-генетических методов в археологии и палеонтологии. Развитие новых методов расшифровки ДНК, позволивших получать информацию о строении генома даже у ископаемых организмов, живших десятки и тысячи лет назад, породило небывалый прогресс в этих достаточно традиционных областях знания

Палеогенетика – современная область исследований, находящаяся на стыке археологии и молекулярной генетики, – в последние годы стала активно развиваться благодаря все более широкому применению высокопроизводительных методов секвенирования (расшифровки) ДНК.

Развитию этого научного направления до недавних пор мешал ряд нерешенных проблем, главная из которых была связана с возможным загрязнением древнего генетического материала современной ДНК. Сегодняшние технологии секвенирования ДНК позволяют эффективно решать эту проблему, так как с их помощью можно получить информацию о степени деградирования древней ДНК, которая служит самым надежным критерием ее аутентичности. Так, уже разработана система оценки достоверности относительно коротких фрагментов, химическая деградация нуклеотидов, а также характер распределения химически модифицированных оснований ДНК по длине секвенированных фрагментов (в частности, их концентрацию на концах молекул) (Krause *et al.*).

Сами технологические процедуры, которые проводятся в процессе высокопроизводительного секвенирования, намного менее подвержены влиянию загрязнения современным генетическим материалом, чем высокочувствительные варианты метода ПЦР, используемые в традиционном палеогенетическом исследовании. Поэтому полученные результаты способны убедить даже отчаянных скептиков. Это открывает новые перспективы для исследований ДНК древних микроорганизмов и архаичного человека.

Любое палеогенетическое исследование носит деструктивный характер – для получения образца ДНК требуется разрушить определенное количество палеоматериала (например, костной ткани). А эти источники древней ДНК, как правило, сами по себе обладают высокой научной ценностью. Поэтому перед исследователем всегда стоит задача получения максимально возможного объема информации (в данном случае – максимально возможного количества информативных генетических маркеров) при минимальной степени разрушения исходного образца. Раньше экстракция ДНК из нескольких сотен миллиграммов костного порошка позволяла получать информацию о структуре лишь небольшого фрагмента митохондриальной ДНК или ограниченного числа коротких локусов в ядерной ДНК. Однако теперь на основе анализа нескольких десятков миллиграммов исходного палеоматериала можно получить несопоставимо больший объем информации, вплоть до расшифровки полного генома организма, останки которого подвергаются исследованию.

Возможность проведения полногеномного исследования древнего организма как бы уравнивает информативность молекулярно-генетического

анализа древних и современных образцов ДНК, которая на сегодня ограничена лишь уровнем развития молекулярной генетики, т. е. уровнем знаний об устройстве и функционировании генома самого организма.

Конечно, в реальных условиях исследователи по-прежнему будут сталкиваться с плохой сохранностью ДНК в останках, чрезмерным уровнем внешнего загрязнения и другими проблемами. Для большинства отечественных исследовательских коллективов немалым препятствием на пути использования новых методов послужит и высокая стоимость эксплуатации приборов, препятствующая проведению серийных анализов.

Тем не менее потенциальная информативность палеогенетических исследований с использованием методов высокопроизводительного секвенирования ДНК многократно возрастает. Так, можно смело говорить о рождении новой области палеогенетики – *палеогеномики*, изучающей структуру геномов вымерших организмов. В этом отношении особенно впечатляющими выглядят перспективы исследования организмов эпохи плейстоцена, от вымерших видов животных и растений до представителей рода *Номо*.

Ярким примером достижений в этой области служит открытие на Алтае нового вида ископаемого человека, сосуществовавшего с человеком современного типа, а также установление вклада неандертальцев и денисовцев в генофонд современного человечества. Эти открытия позволяют по-новому взглянуть на концепцию одного из наиболее интригующих эволюционных феноменов – происхождения



В Межинститутском научно-исследовательском секторе молекулярной палеогенетики СО РАН работы с палеоматериалами проводятся по строгим международным стандартам

человека. В этом направлении предстоит еще многое сделать. В том числе в рамках перспективной программы совместных исследований новосибирских Института цитологии и генетики СО РАН и Института археологии и этнографии СО РАН, которая будет реализована в ближайшие годы, планируется оценить вклад этих видов гоминид в формирование генофонда древнего и современного населения.

Использование высокопроизводительных методов секвенирования ДНК будет способствовать прогрессу и в исследованиях более поздних периодов человеческой истории, от эпохи неолита до средневековья. Стимул для развития получит ряд таких актуальных работ, как реконструкция расо- и этногенетических процессов, процессов доместикировки животных и растений, возникновения и распространения патологий человека и т. д.

Возможность реального совмещения преимуществ палеогенетики, т. е. возможности непосредственного изучения геномов древних организмов и современной молекулярной генетики с ее технологиями массового анализа большого числа информативных генетических маркеров, позволит археологии подняться на новую ступень в реконструкции прошлого человека и среды его обитания.

Литература

Kirsanow K., Burger J. Ancient human DNA // *Annals of Anatomy*. 2012. V. 194. P. 121–132.

Pilipenko A. S., Molodin V. I. Paleogenetic analysis in archeological studies // *Russian Journal of Genetics: Applied Research*. 2011. V. 1. P. 51–72.

Ключевые слова: древняя ДНК, палеогенетика, палеогеномика.
Key words: ancient DNA, paleogenetics, paleogenomics