

# Нейронную сеть научили находить древние включения в геноме

**Ученые настроили нейронную сеть на поиск включений в геном современного человека фрагментов ДНК от древних людей. Более того, машина научилась выделять из них адаптивные интрогрессии, поддерживаемые отбором.**

Исследователи из GLOBE Institute Университета Копенгагена создали новый метод для более эффективного поиска адаптивных древних включений в геноме современного человека, они изложили его в [статье в журнале eLife](#). Метод основан на так называемых [свёрточных нейронных сетях \(convolutional neural network, CNN\)](#), это специальная архитектура нейронных сетей, нацеленная на эффективное распознавание образов, входит в технологии глубокого обучения.

Задача состоит в поиске в геноме современного человека фрагментов, которые были включены в него в ходе метисации *Homo sapiens* с древними видами человека, прежде всего неандертальцами и денисовцами, и были подхвачены положительным отбором, поскольку оказались полезными для выживания. Такие включения в геном называются адаптивными интрогрессиями. Метод CNN не требует данных о динамике частоты заимствованных аллелей в геноме.

Чтобы настроить нейронную сеть на поиск адаптивных интрогрессий в геноме, ученые обучали ее на тысячах изображений геномных последовательностей разных видов, которые в природе обмениваются генами. При этом сеть отличает адаптивные интрогрессии от нейтральных или тех, которые вымываются отбором из генома.

Применив новый метод к геному человека, авторы нашли в нем не только уже известные адаптивные интрогрессии от древних видов человека, но и множество новых.

«В европейских геномах мы нашли два сильных кандидата на адаптивную интрогрессию от неандертальцев – в регионе, влияющем на состав крови, включая количество клеток крови. В геномах меланезийцев мы нашли кандидатный вариант, полученный от денисовцев, потенциально влияющий на множество параметров крови и на заболевания, связанные с кроветворением, а также на супрессию опухолей и метаболизм. Пока не ясно, как эти черты выражены у современных носителей древних аллелей, он и для них нейтральны, позитивны или негативны. Но в прошлом эти аллели способствовали выживанию и были подхвачены отбором», — говорит Грэхем Говер, первый автор статьи.

Следующая задача, которую поставили перед собой авторы, это адаптировать метод для выявления более сложных демографических сценариев, происходящих в прошлом, чтобы проследить судьбу генетического материала от неандертальцев и денисовцев в динамике. Более сложной задачей представляется поиск в современных геномах фрагментов, полученных от еще не известных, «призрачных» популяций древних людей, существование которых ученые предсказывают лишь теоретически.

## Источник:

[Graham Gower, Pablo Iáñez Picazo, Matteo Fumagalli, Fernando Racimo](#). Detecting adaptive introgression in human evolution using convolutional neural networks // eLife, 2021 <http://dx.doi.org/10.7554/eLife.64669>

[Статья в свободном доступе](#).

Цитата про [пресс-релизу на сайте EurekAlert](#)