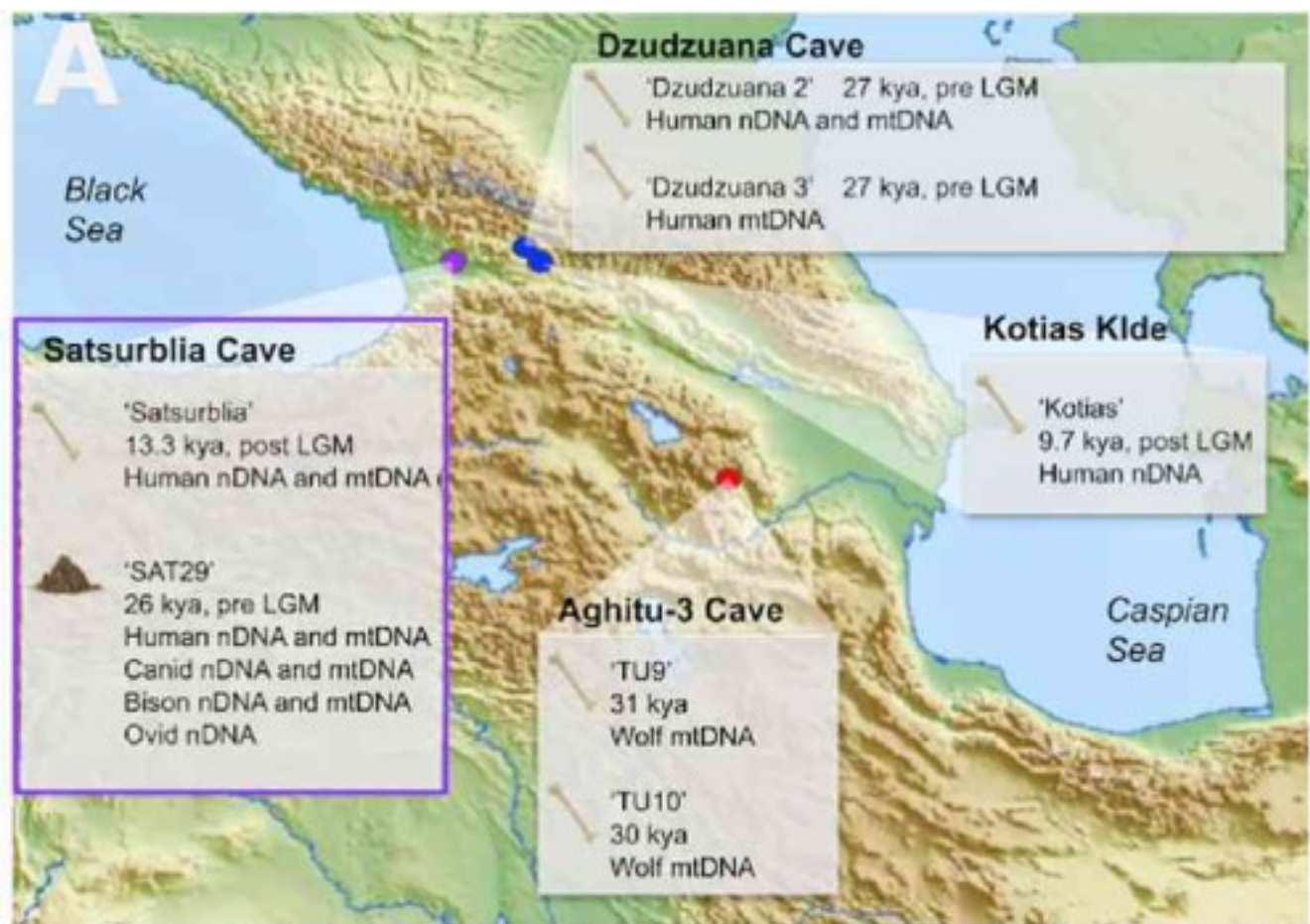


Палеогенетики изучили ДНК человека, волка и бизона из отложений в пещере

В осадочных отложениях грузинской пещеры Сацурблия возрастом около 25 тысяч лет обнаружена и изучена ДНК человека, волка и бизона. Ядерная ДНК человека показала его принадлежность к базальной евразийской линии, внесшей вклад в постледниковые популяции Ближнего Востока, Северной Африки и части Европы. ДНК волка и бизона позволила частично проследить их историю, в частности, изменения популяций после максимума оледенения. Исследование продемонстрировало возможность анализа ДНК из отложений для реконструкции популяционной истории видов млекопитающих.

Выделение и анализ ДНК из осадочных отложений в пещерах уже утвердился как метод палеогенетики, позволяющий исследовать геномы древних популяций в отсутствие костных останков. Очередное исследование [опубликовано в журнале Current Biology](#). Авторы исследовали отложения в пещере Сацурблия, в западной Грузии, где ранее были найдены костные останки человека возрастом 13,3 тыс. лет и артефакты верхнего палеолита. Проанализировали шесть образцов из разных слоев в двух областях осадочных отложений пещеры: А (до последнего ледникового максимума, ПЛМ) и В (после ПЛМ).

Выделенную ДНК генетики секвенировали методом дробовика для поиска среди нее ДНК млекопитающих. В одном образце (SAT29), из слоя с датировкой 25,4-25,5 тыс. лет назад, они обнаружили ДНК человека и еще трех родов млекопитающих, которую подвергли глубокому секвенированию.



Пещеры Кавказа, из которых была выделена древняя ДНК людей (синие точки), животных (красная точка) или тех и других (фиолетовая точка). Образцы для выделения ДНК – кости или осадочные отложения (пещера Сацурблия).

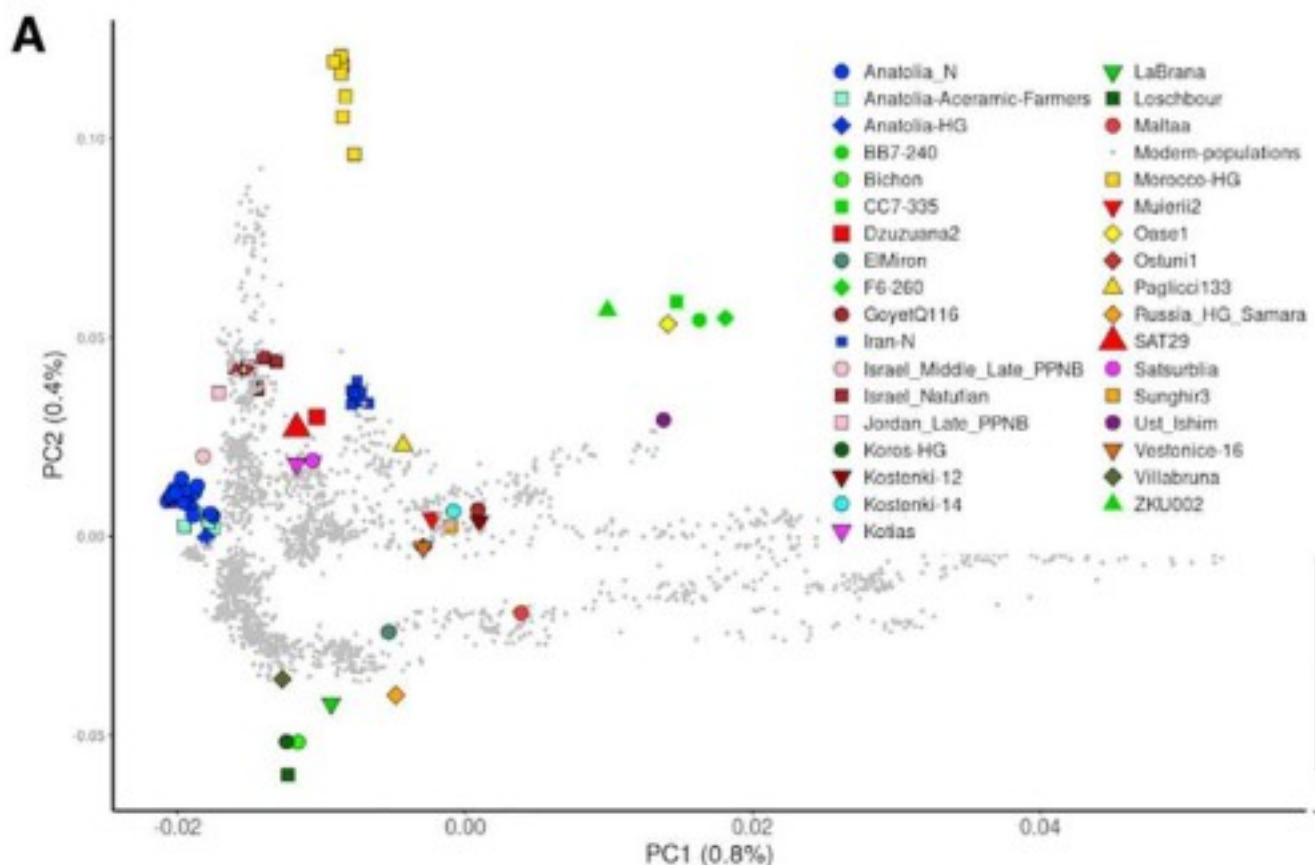
Четыре рода млекопитающих, ДНК которых была обнаружена в отложениях пещеры Сацурблия, это Canis (волк), Bos (бык), Ovis (овца) и Homo. С достаточным качеством удалось секвенировать митохондриальную и ядерную ДНК человека, волка и быка, который при уточнении оказался бизоном. Анализ последовательности мтДНК всех трех родов показал, что она принадлежала не одному, а нескольким индивидам. По сравнению фрагментов ДНК X-хромосомы и аутосом ученые выяснили, что мтДНК человека принадлежала женщине или нескольким женщинам, мтДНК волка и бизона представляла

смесь мужских и женских особей.

Митохондриальная гаплогруппа человека находилась в пределах разнообразия гаплогруппы N, возникшей за пределами Африки из гаплогруппы L3 от 50 до 60 тысяч лет назад; сегодня она обычна в популяциях Ближнего Востока и редка у европейцев. Молекулярная датировка указала на возраст человеческой мтДНК — 28 543 лет, сходный возраст получен для мтДНК волка — 28 257 лет, а мтДНК бизона оказалась моложе — 21 928 лет.

Из образца SAT29 авторы выделили также 661 765 ридов ядерной ДНК человека. Результат они проанализировали методом главных компонент в контексте 2335 современных и 82 древних геномов. Предыдущие исследования говорят о наличии двух генетических линий на Кавказе в позднем плейстоцене и раннем голоцене. Первую представляет верхнепалеолитический (13,3 тыс. лет назад) геном из пещеры Сарцублия и мезолитический (9,7 тлн) из соседней пещеры Котиас – это линия кавказских охотников-собирателей (CHG), отделившаяся от западноевразийских охотников-собирателей около 45 тыс. лет назад, вскоре после появления современного человека в Европе. Вторую, более древнюю линию (до ПЛМ) представляют геномы двух индивидов из пещеры Дзудзуана на Южном Кавказе (26 тыс. лет назад).

Выяснилось, что ДНК из образца SAT29 генетически ближе к более древним геномам из Дзудзуаны, чем к более молодому геному (13,3 тыс. лет назад) из костных останков в пещере Сарцублия. Среди современных популяций к SAT29 генетически ближе северные и западные европейцы, чем жители Центральной и Южной Азии. Как пишут авторы, в образце SAT29 выявлен ранее не описанный на Кавказе генетический компонент периода до ПЛМ, вошедший в поздние популяции Евразии.



Анализ главных компонент 2 335 геномов современных популяций Евразии, на который спроектированы 82 древних генома. Геном из образца SAT29 (большой красный треугольник) ближе всего к геному Дзудзуана2 (красный квадрат).

Долю неандертальских последовательностей в геноме SAT29 авторы оценили в 1%. Такая низкая цифра вызвала у них сомнения в том, что ДНК из отложений можно адекватно использовать для оценки древнего вклада в геном.

Анализ ядерной ДНК волка из образца SAT29 показал его генетическое сходство с другими древними волками с Кавказа. Молекулярная датировка волка по ядерной ДНК обозначила несколько более молодой его возраст — 19 937 лет. Авторы пишут о генетической непрерывности популяций волка на Кавказе, по крайней мере, по мтДНК, в течение 10 тысяч лет, с окончания ПЛМ. Древний бизон из образца SAT29 оказался генетически близок к древним и современным европейским

зубрам, больше, чем к бизонам Северной Америки. Это говорит о том, что расхождение между европейскими и американскими популяциями этих животных возникло до жизни бизона из пещеры Сарцублия. Судя по геномным данным, популяции как волка, так и бизона сформировались в позднем плейстоцене, но значительно изменились после ПЛМ.

Итак, как продемонстрировали авторы работы, путем анализа древней ДНК из отложений в пещере можно получить геномные данные, информативные для филогении разных таксонов млекопитающих. Полученная таким способом информация сопоставима с анализом ДНК из костей и зубов, прочитанной с низким покрытием. Она позволяет реконструировать некоторые детали популяционной истории видов. Ограничение этого метода в том, что он дает смесь геномной информации от нескольких особей, но не индивидуальные геномы.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Pere Gelabert, Susanna Sawyer, Anders Bergström et al. Genome-scale sequencing and analysis of human, wolf, and bison DNA from 25,000-year-old sediment // Current Biology 31, 1–11

August 23, 2021 <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.06.023>