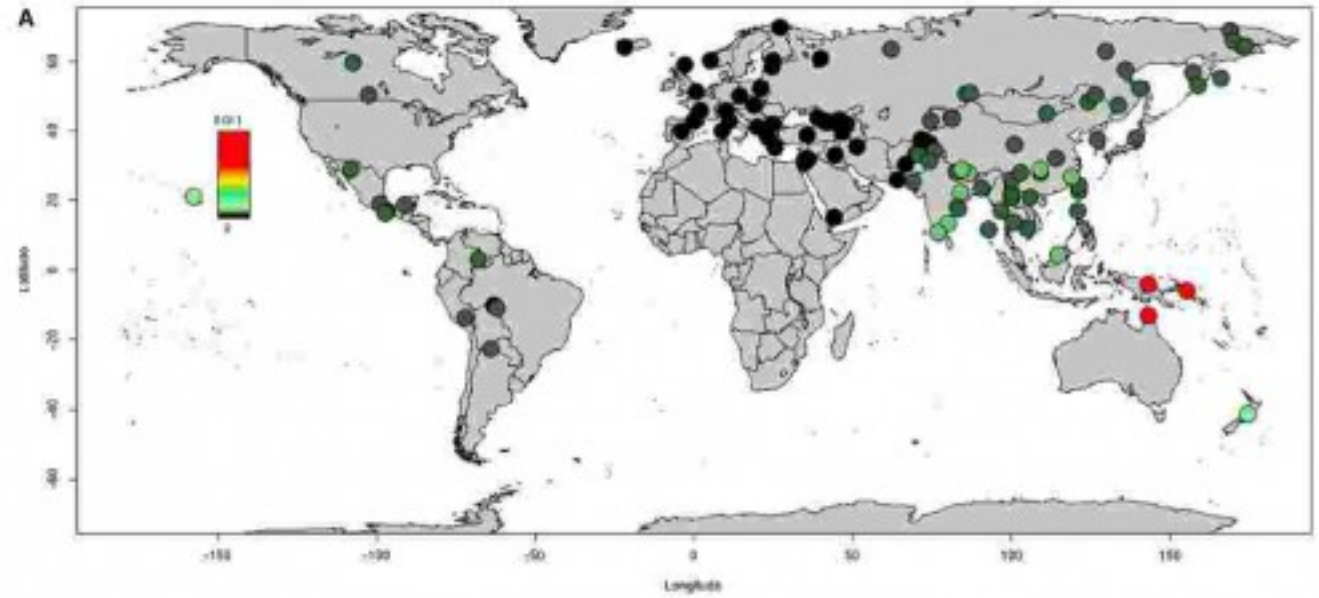
Ландшафт денисовских включений в современный геном уточнили

В журнале Current Biology вышла еще одна статья, посвященная поиску ДНК древних видов человека в геномах современных людей (онлайн публикация). Команда Дэвида Райха, профессора Гарвардской медицинской школы в Бостоне, сосредоточила свое внимание на денисовцах, так как их генетический след в современном геноме изучен слабее, чем след неандертальцев. Поиски велись на большой базе – авторы использовали данные по секвенированию полных геномов 257 индивидов из 120 популяций мира, среди которых было 20 жителей Океании с большой долей денисовских предков в геноме. Используя свой собственный метод, исследователи получили уточненный генетический ландшафт с фрагментами неандертальского и денисовского происхождения. По данным авторов, денисовский след в популяциях Южной Азии оказался выше, чем считалось ранее. Они также обнаружили, что подобно неандертальским включениям в геном, денисовские включения также часто элиминируются в непосредственной близости от функционально важных генов. В частности, практически нет архаичных включений в участках, содержащих гены, работающие в семенниках. Это свидетельствует о сниженной мужской фертильности межвидовых метисов.



Доля ДНК денисовского происхождения в современных неафриканских геномах.

Статью можно скачать здесь Sankararaman et al.