

Сибирское отделение Российской академии наук
Институт химической биологии и фундаментальной медицины

II Всероссийская конференция
с международным участием
**«Высокопроизводительное секвенирование
в геномике»**

18-23 июня 2017 г.

Новосибирск

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ ДРЕВНИХ ЛОШАДЕЙ АРХЕОЛОГИЧЕСКОГО ПАМЯТНИКА ЯЛОМАН-II

Куслий М.А.^{1,2*}, Дружкова А.С.¹, Воробьева Н.В.¹, Макунин А.И.¹, Тишкин А.А.², Попова К.О.¹, Графодатский А.С.¹, Трифонов В.А.¹, Дымова М.А.³, Филипенко М.Л.³

¹ Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск

² Алтайский государственный университет, г. Барнаул

³ Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН, г. Новосибирск

*e-mail: kusliy.maria@mcb.nsc.ru

Археологический памятник Яломан-II (Онгудайский район, Республика Алтай) был открыт экспедицией Алтайского государственного университета в 2003 г. и содержал группу курганных захоронений, которые относятся к усть-эдиганскому (II в. до н.э. – I в. н.э.) этапу булан-кобинской культуры. В преобладающем большинстве исследованных могил нашли костные останки лошадей. Изучение генетической структуры этой древней популяции лошадей представляет большой интерес, поскольку оно может пролить свет на представление о тех признаках, которые отбирались народом булан-кобинской культуры во время одомашнивания. Целью данной работы было исследование генетического состава упомянутой выше популяции лошадей. Для изучения были выбраны фенотипические ДНК-маркеры: гены окраски и маркеры определения пола. Из костных образцов, принадлежавших древним

лошадям из могильника Яломан-II, была выделена ДНК. С выделенной древней ДНК и праймерами для всех исследуемых ДНК-маркёров была проведена мультиплексная ПЦР. Из продуктов мультиплексной ПЦР были приготовлены библиотеки для секвенирования, затем была проведена их квантификация и секвенирование на платформе MiSeq (Illumina). Анализ данных секвенирования показал, что в популяции древних лошадей Яломана-II встречались генотипы гнедой и мышастой мастей, отличных от дикого типа, следовательно, люди булан-кобинской культуры проводили селекцию этих окрасок. Все исследуемые лошади оказались жеребцами, значит, кобыл вместе с людьми хоронили достаточно редко.

Работа была поддержана грантами РФФ 16-18-10033 и 16-14-10009.

ИЗУЧЕНИЕ ДРЕВНЕЙ ДНК: МИТОГЕНОМЫ И В-ХРОМОСОМЫ СИБИРСКОЙ КОСУЛИ

Попова К.О.^{1,2*}, Воробьева Н.В.^{1,2}, Дружкова А.С.^{1,2}, Макунин А.И.¹, Васильев С.К.³, Оводов Н.Д.³, Трифонов В.А.^{1,2}, Графодатский А.С.^{1,2}

¹ Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск

² Новосибирский государственный университет, г. Новосибирск

³ Институт археологии и этнографии СО РАН, г. Новосибирск

*e-mail: popkseniya@gmail.com

В настоящее время современная биология вышла на новый уровень исследований благодаря возможности изучать геномы не только современных, но и древних организмов. Анализ древней ДНК с помощью секвенирования нового поколения дает возможность сравнить компоненты их геномов и митохондриальную ДНК с аналогичными данными по современным представителям этих же или родственных видов, что имеет большое значение для понимания механизмов эволюции. Объектом данного исследования является представитель рода *Capreolus* – сибирская косуля. В отличие от европейской косули *Capreolus capreolus*, косуля сибирская *Capreolus pygargus* исследована с молекулярно-генетической точки зрения очень слабо. Изучение полиморфизма популяций и межвидовых отличий обычно

проводится путем анализа контрольного района мтДНК, так как он является удобным генетическим маркером [1]. В ходе данного исследования мы секвенировали полные митохондриальные геномы древних сибирских косуль, а также провели анализ вариабельных элементов генома сибирской косули – В-хромосом. Это расширит имеющиеся представления как о популяционной истории рода *Capreolus*, так и об особенностях их добавочных хромосом.

Работа поддержана грантом РФФ № 16-14-10009 и программой фундаментальных научных исследований по теме 0310-2016-0004.

1. Vorobieva N.V., Sherbakov D.Y., Druzhkova A.S., Stanyon R., Tsybankov A.A., et al. (2011) Genotyping of *Capreolus pygargus* Fossil DNA from Denisova Cave Reveals Phylogenetic Relationships between Ancient and Modern Populations, PLoS ONE 6(8): e24045.