

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ КАК ОСНОВА ИНТЕГРАЦИИ НАУК О ЖИЗНИ И ЧЕЛОВЕКЕ

Н.К. Янковский, С.А. Боринская

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия, e-mail: yankovsky@vigg.ru

В последние десятилетия развитие технологий секвенирования и компьютерного анализа нуклеотидных последовательностей привели к накоплению огромного массива данных о структуре генов и геномов различных организмов – от вирусов и бактерий до млекопитающих. Анализ древней ДНК различных видов организмов позволяет исследовать былые биоты, предоставляя факты для опровержения или подтверждения гипотез, выдвинутых на основе данных археологии, палеонтологии, палеоэкологии и других наук. Сравнительные исследования полных геномов и их отдельных участков внесли вклад в решение задач как естественнонаучных, так и гуманитарных дисциплин. Полученные новые данные применяются в систематике и таксономии, изучении закономерностей эволюции и видообразования, происхождения жизни и человека. Особый интерес не только специалистов, но и широкой публики вызывает развитие молекулярной антропологии и эволюционной генетики человека, которые внесли большой вклад в исследование процессов антропогенеза, в реконструкцию истории расселения человека по Земле и формирования популяций, представляющих разные этнические группы, в исследование закономерностей распространения языков, культурных и технологических инноваций, в том числе появления и распространения земледелия и скотоводства. Перспективным направлением исследования возникновения и распространения элементов материальной и духовной культуры являются формирование и сравнительный анализ электронных баз данных, характеризующих генетическую структуру древнего и современного населения, а также содержащих описание хозяйственно-культурных традиций различных обществ.

Ключевые слова: генетика, ДНК, геномы, генофонды, популяции, реконструкция эволюции.

Накопление огромного массива данных о структуре генов и геномов различных организмов, от вирусов и бактерий до млекопитающих, связано с развитием в последние десятилетия технологий секвенирования и компьютерного анализа нуклеотидных последовательностей. Сравнительные исследования полных геномов и их отдельных участков внесли вклад в решение задач как естественнонаучных, так и гуманитарных дисциплин. Полученные новые данные применяются в систематике и таксономии, изучении закономерностей эволюции и видообразования, происхождения жизни и человека.

Примеры изменения классификации организмов в соответствии со сходством их нуклеотидных последовательностей многочисленны. К наиболее существенным относятся разделение прокариот на группы эубактерий (Eubacteria) и архебактерий (Archaeobacteria, Archaea) (Woese,

Fox, 1977) и пересмотр классификации первичноротых с выделением клады Ecdysozoa («линяющие»), включает круглых и головоногих червей, членистоногих, онихофор, тихоходок) и Lophotrochozoa («спиральные» – плоские и кольчатые черви, моллюски, брахиоподы, мертины) (Aguinaldo *et al.*, 1997; Philippe *et al.*, 2005; Rogozin и др., 2005; Dunn *et al.*, 2008).

Сравнительный анализ полных геномов архей, бактерий и эукариот дал эмпирическую основу для реконструкции ранних этапов развития живого. Так, в серии исследований группы Е. Кунина (National Center for Biotechnology Information, Bethesda, USA) на основе сравнительного анализа геномов с привлечением экспериментальных исследований возможности зарождения жизни в гидротермальных условиях предложена модель возможного происхождения клеточных форм жизни и рассмотрена после-

довательность появления ключевых ферментативных систем. Предполагается, что общий предок ныне существующих клеточных форм жизни (LUCA, last universal common ancestor) не имел биогенных мембран, характеризовался системой трансляции, сходной с современными, но не имел двунитовой ДНК как основы воспроизведения генома в поколениях, обладая вместо этого репликативной системой, основанной на РНК. Предполагается, что ферментативные системы, обеспечивающие репликацию двунитовой ДНК и, следовательно, способность использовать ДНК как основную молекулу для хранения информации, эволюционировали отдельно у археобактерий и эубактерий, хотя некоторые компоненты системы синтеза ДНК, такие, как ферменты биосинтеза предшественников ДНК (рибонуклеотидредуктаза и тимидилаткиназа) ДНК-лигаза и участвующая в синтезе ДНК АТФаза являются гомологичными у всех прокариот и могли присутствовать у LUCA (Koonin, Martin, 2005).

Выявление гомологии между компонентами АТФаз различных типов (в том числе АТФ-синтаз) – молекулярных машин, сопрягающих перенос ионов через мембрану с синтезом или гидролизом АТФ, позволило установить их родство с гексамерными хеликазами и предложить возможную схему их происхождения из мембранных белковых транслоказ, которые сами эволюционировали из РНК-транслоказ (Walker, 1998; Mulkidjanian *et al.*, 2007; Enemark, Joshua-Tor, 2008).

В этих принципиальных для биологической картины мира открытиях анализ и сравнение нуклеотидных последовательностей различных организмов играли ключевую роль. Однако сравнительный анализ генов находит применение не только в реконструкции этапов биологической эволюции, но и в изучении истории человечества и в такой, казалось бы, далекой от биологии области, как эволюция культуры. Особый интерес как у специалистов, так и у широкой публики вызывает развитие молекулярной антропологии и эволюционной генетики человека, которые внесли большой вклад в исследование процессов антропогенеза, в реконструкцию истории расселения человека по Земле и формирования популяций, представляющих разные этнические группы, в ис-

следование закономерностей распространения языков, культурных и технологических инноваций, в том числе появления и распространения земледелия и скотоводства.

В исследованиях генетического разнообразия человечества классические популяционно-генетические подходы (классические генетические маркеры и синтетические карты) дали ценную информацию о картине глобального разнообразия популяций человека и, в сопоставлении с данными лингвистики и археологии, привели к формулированию ряда концепций, относящихся к распространению языков и неолитической культуры (Cavalli-Sforza *et al.*, 1988, 1994). Однако эти подходы не позволяли определить ни направление миграций, ни временную последовательность событий на основе генетических данных. Появившиеся позже подходы (такие, как метод медианных сетей), использующие преимущественно филогенетический анализ разнообразия гаплогрупп митохондриальной ДНК и Y-хромосомы, позволяют определять последовательность появления новых мутаций (Bandelt *et al.*, 1995, 2009). В результате стало возможным определить даты и основные направления глобальных миграций при расселении человека по Земле, вклад различных предковых групп в генофонды современных популяций (Cavalli-Sforza, Feldman, 2003; McMahon, 2004; Underhill, Kivisild, 2007; Wang *et al.*, 2007; Behar *et al.*, 2008; Karafet *et al.*, 2008; см. более подробно также статью Е.В. Балановской в этом номере журнала).

Исследование древней ДНК из останков человека позволяет не только уточнить происхождение древнего населения различных регионов, но и с большой вероятностью предположить наличие фенотипических характеристик, определение которых иными способами недоступно. К таким исследованиям относится определение нуклеотидной последовательности гена *MC1R* из останков неандертальцев, на основе которого было выдвинуто предположение о рыжей окраске волос (Lalueza-Fox *et al.*, 2007), а также исследование гена лактазы, показавшее высокую распространенность непереносимости молока у раннеолитического населения Европы (Burger *et al.*, 2007), и ряд других работ, касающихся сравнения генетических характеристик древнего и современного населения (Zakharov *et al.*

al., 2004; Naak *et al.*, 2005; Hedrick, Verrelli, 2006; Харьков и др., 2008; Федорова и др., 2008).

Исследование ДНК микроорганизмов из древних останков человека вносит вклад в палеоэпидемиологию (Iniguez *et al.*, 2006; Drancourt *et al.*, 2007; Hershkovitz *et al.*, 2008).

Исследования геномов культурных растений и домашних животных и сравнение с родственными им дикими видами позволили уточнить время и регионы одомашнивания растений и животных, идентифицировать множественные эпизоды независимого одомашнивания животных крупного рогатого скота, свиней, овец, коз (Zeder, 2008) и растений (см обзор и ссылки (Vaughan *et al.*, 2007)), например, два эпизода окультуривания ячменя (Morrell, Clegg, 2007) и независимое происхождение подвидов культурного риса *indica* и *japonica* (Sweeney, McCouch, 2007; Gao, Innan, 2008).

Генетические данные позволяют также установить не только источники, но и пути распространения одомашненных животных и растений. Так, показано, что тыква-горлянка и собака были одомашнены задолго до развития земледелия и принесены в Америку во время колонизации Нового Света палеоиндейцами (Leonard *et al.*, 2002; Erickson *et al.*, 2005). Распространение первоначально одомашненной в Восточном Средиземноморье свиньи в период между 5,5 тыс. и 3 тыс. лет до н. э. в Европе впоследствии сменилось тем, что позже одомашненные свиньи европейского происхождения вытеснили исходные линии даже на Ближнем Востоке (Larson *et al.*, 2005; Zeder, 2008).

Анализ ДНК из археологических останков животных в сочетании с появляющимися новыми данными о соотношении генотип–фенотип позволяет реконструировать влияние одомашнивания на фенотипическое и генетическое разнообразие животных, например масти лошадей (Ludwig *et al.*, 2009; Outram *et al.*, 2009). При этом генетическое разнообразие локальных групп домашних животных отражает хозяйственно-культурные особенности населения соответствующих регионов. Так, разнообразие белка казеина коровьего молока особенно высоко в северо-западных регионах Европы, что объясняется интенсивным искусственным отбором пород скота там, где потребление молока было особенно высоко и важно для выживания.

Максимум разнообразия по гену казеина у коров совпадает с максимумом частоты аллеля гена лактазы *LCT**-13910T в популяциях человека. Указанный аллель детерминирует продолжение экспрессии гена лактазы после окончания периода грудного вскармливания (снижение уровня экспрессии гена лактазы по окончании периода грудного вскармливания характерно для многих популяций человека и является предковым признаком), что позволяет взрослым употреблять в пищу молоко без негативных последствий для здоровья (Beja-Pereira *et al.*, 2003). Интересно отметить, что развитие молочного животноводства привело к отбору в африканских и евразийских популяциях человека нескольких независимо возникших мутаций в регуляторном участке гена лактазы, обладающих сходным фенотипическим эффектом (персистенция лактазы у взрослых) (Tishkoff *et al.*, 2007). Известны и другие примеры отражения в генетических характеристиках популяций человека особенностей традиционного питания (Боринская и др., 2009). При изменении образа жизни человека, например, при переходе от кочевого скотоводства к оседлому земледелию, адаптивная ценность аллелей может изменяться за относительно короткие промежутки времени, и это касается не только генов, вовлеченных в процессы пищеварения, но и генов, связанных с поведением (Chen *et al.*, 1999; Eisenberg *et al.*, 2008).

Сопоставление ареалов и частот распространения генетических линий (преимущественно используются гаплогруппы митохондриальной ДНК и Y-хромосомы), маркирующих миграции человека, с определенными археологическими данными позволяет выдвигать предположения о том, какие именно элементы материальной культуры были перенесены при расселении носителей этих гаплогрупп, маркирующих исторические и доисторические миграции. Так, установлено, что распространение в Греции, на Балканах и поселениях бассейна Дуная определенного типа неолитических статуэток и расписной керамики коррелирует с распространенностью характерной для населения Средиземноморья гаплогруппы Y-хромосомы J-M172, которая, как предполагается, могла распространиться в данной области в результате неолитических миграций из Анатолии и Леванта в Европу и/или в более поздний период через морские пути и

торговую активность в процессе греческой или финикийской экспансии (King, Underhill, 2002; Di Giacomo *et al.*, 2004; King *et al.*, 2008).

Генетические данные о расселении и контактах различных популяций привлекались к исследованию закономерностей распространения и взаимодействия языков. Это привело в последние два десятилетия к разработке ряда моделей, включающих географические, демографические и другие факторы, что оказалось весьма перспективным для дальнейшего изучения закономерностей передачи столь важного культурного признака, как язык (Cavalli-Sforza, 1997; Rosser *et al.*, 2000; Examining ..., 2002; Karafet *et al.*, 2002; Diamond, Bellwood, 2003; McMahon, 2004). Сопоставление популяционно-генетических характеристик со структурой и особенностями культуры человеческих обществ позволило получить пока немногочисленные, но весьма интересные сведения о влиянии социокультурных характеристик общества, таких, как социальная иерархия, брачные системы и локальность брачного поселения, на степень геногеографической дифференциации вариантов митохондриальной ДНК и Y-хромосомы (Balaesque, Jobling, 2007). Привлечение генетических данных открывает новые возможности в исследовании закономерностей социальной эволюции, в том числе факторов, влияющих на вертикальную (от предков к потомкам) и горизонтальную (между контактирующими, но неродственными популяциями) передачу культурных признаков. Инструментами таких исследований могут являться формирование и сравнительный анализ электронных баз данных, характеризующих генетическую структуру современного и древнего населения (по гаплогруппам мтДНК, Y-хромосомы и по аутосомным маркерам), с базами данных, содержащими описания особенностей обществ. Пример формализованных описаний социальных и культурных характеристик, которые могут быть использованы для статистической обработки, представлен в Этнографическом атласе Дж.П. Мердока (Murdock, 1967). Этот атлас может быть значительно расширен и дополнен в соответствии с новыми целями исследований. Такой междисциплинарный анализ с привлечением генетических данных поможет проверить существующие и выдвинуть новые гипотезы

о времени и месте возникновения, закономерностях изменения и распространения элементов материальной и духовной культуры.

Исследование поддержано подпрограммой «Генофонды и генетическое разнообразие» программы Президиума РАН «Биологическое разнообразие».

Литература

- Балановская Е.В. Генетические следы исторических и доисторических миграций: континенты, регионы, народы // Информ. вестник ВОГиС. 2009. Т. 13. № 2. С. 401–409.
- Боринская С.А., Козлов А.И., Янковский Н.К. Гены и традиции питания // Этнографическое обозрение. 2009. № 3 (в печати).
- Рогозин И.Б., Вульф Ю.И., Бабенко В.Н., Кунин Е.В. Эволюция геномов эукариот и принцип максимальной парсимонии // Информ. вестник ВОГиС. 2005. Т. 9. № 2. С. 141–152.
- Федорова С.А., Степанов А.Д., Адоян М. И. др. Филогенетический анализ линий древней митохондриальной ДНК в Якутии // Молекуляр. биология. 2008. Т. 42. № 3. С. 445–453.
- Харьков В.Н., Степанов В.А., Медведева О.Ф. и др. Происхождение якутов: анализ гаплотипов Y-хромосомы // Молекуляр. биология. 2008. Т. 42. № 2. С. 226–237.
- Aguinaldo A.M., Turbeville J.M., Linford L.S. *et al.* Evidence for a clade of nematodes, arthropods and other moulting animals // Nature. 1997. V. 387. № 6632. P. 489–493.
- Balaesque P., Jobling M.A. Human populations: houses for spouses // Curr. Biol. 2007. V. 17. № 1. P. 14–16.
- Bandelt H.J., Forster P., Sykes B.C., Richards M.B. Mitochondrial portraits of human populations using median networks // Genetics. 1995. V. 141. № 2. P. 743–753.
- Bandelt H.J., Yao Y.G., Bravi C.M. *et al.* Median network analysis of defectively sequenced entire mitochondrial genomes from early and contemporary disease studies // J. Hum. Genet. 2009. V. 54. № 3. P. 174–181.
- Behar D.M., Villems R., Soodyall H. *et al.* Genographic Consortium. The dawn of human matrilineal diversity // Am. J. Hum. Genet. 2008. V. 82. № 5. P. 1130–1140.
- Beja-Pereira A., Luikart G., England P.R. *et al.* Gene-culture coevolution between cattle milk protein genes and human lactase genes // Nat. Genet. 2003. V. 35. № 4. P. 311–313.

- Burger J., Kirchner M., Bramanti B. *et al.* Absence of the lactase-persistence-associated allele in early Neolithic Europeans // *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2007. V. 104. № 10. P. 3736–3741.
- Cavalli-Sforza L.L., Piazza A., Menozzi P., Mountain J. Reconstruction of human evolution: Bringing together genetic, archaeological, and linguistic data // *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 1988. V. 85. № 16. P. 6002–6006.
- Cavalli-Sforza L.L., Menozzi P., Piazza A. *History and Geography of Human Genes*. Princeton, N.J.: Princeton Univ. Press, 1994. 428 p.
- Cavalli-Sforza L.L. *Genes, peoples and languages* // *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 1997. V. 94. № 15. P. 7719–7724.
- Cavalli-Sforza L.L., Feldman M.W. The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution // *Nat. Genet.* 2003. V. 33. № 3. P. 266–275.
- Chen C.S., Burton M., Greenberger E., Dmitrieva J. Population migration and the variation of dopamine D4 receptor (DRD4) allele frequencies around the globe // *Evol. Hum. Behav.* 1999. V. 20. № 5. P. 309–324.
- Di Giacomo F., Luca F., Popa L.O. *et al.* Y chromosomal haplogroup J as a signature of the post-neolithic colonization of Europe // *Hum. Genet.* 2004. V. 115. № 5. P. 357–371.
- Diamond J., Bellwood P. Farmers and their languages: the first expansions // *Science*. 2003. V. 300. № 5619. P. 597–603.
- Drancourt M., Signoli M., Dang L.V. *et al.* *Yersinia pestis orientalis* in remains of ancient plague patients // *Emerg. Infect. Dis.* 2007. V. 13. № 2. P. 332–333.
- Dunn C.W., Hejnal A., Matus D.Q. *et al.* Broad phylogenomic sampling improves resolution of the animal tree of life // *Nature*. 2008. V. 452. № 7188. P. 745–750.
- Eisenberg D.T., Campbell B., Gray P.B., Sorenson M.D. Dopamine receptor genetic polymorphisms and body composition in undernourished pastoralists: an exploration of nutrition indices among nomadic and recently settled Ariaal men of northern Kenya // *BMC Evol. Biol.* 2008. V. 10. № 8. P. 173.
- Enemark E.J., Joshua-Tor L. On helicases and other motor proteins // *Curr. Opin. Struct. Biol.* 2008. V. 18. № 2. P. 243–257.
- Erickson D.L., Smith B.D., Clarke A.C. *et al.* An Asian origin for a 10,000-year-old domesticated plant in the Americas // *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2005. V. 102. № 51. P. 18315–18320.
- Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis / Eds P. Bellwood, C. Renfrew. Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Res., 2002. 505 p.
- Gao L.Z., Innan H. Nonindependent domestication of the two rice subspecies, *Oryza sativa* ssp. indica and ssp. japonica, demonstrated by multilocus microsatellites // *Genetics*. 2008. V. 179. № 2. P. 965–976.
- Haak W., Forster P., Bramanti B. *et al.* Ancient DNA from the first European farmers in 7500-year-old Neolithic sites // *Science*. 2005. V. 310. № 5750. P. 1016–1018.
- Hedrick P.W., Verrelli B.C. «Ground truth» for selection on CCR5-Delta32 // *Trends Genet.* 2006. V. 22. № 6. P. 293–296.
- Hershkovitz I., Donoghue H.D., Minnikin D.E. *et al.* Detection and molecular characterization of 9,000-year-old *Mycobacterium tuberculosis* from a Neolithic settlement in the Eastern Mediterranean // *PLoS ONE*. 2008. V. 3. № 10. P. e3426.
- Iniguez A.M., Reinhard K., Carvalho Gonçalves M.L. *et al.* RNA gene recovery from *Enterobius vermicularis* ancient DNA in pre-Columbian human coprolites // *Int. J. Parasitol.* 2006. V. 36. № 13. P. 1419–1425.
- Karafet T.M., Osipova L.P., Gubina M.A. *et al.* High levels of Y-chromosome differentiation among native Siberian populations and the genetic signature of a boreal hunter-gatherer way of life // *Hum. Biol.* 2002. V. 74. № 6. P. 761–789.
- Karafet T.M., Mendez F.L., Meilerman M.B. *et al.* New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree // *Genome Res.* 2008. V. 18. № 5. P. 830–838.
- King R.J., Ozcan S.S., Carter T. *et al.* Differential Y-chromosome Anatolian influences on the Greek and Cretan Neolithic // *Ann. Hum. Genet.* 2008. V. 72. № 2. P. 205–214.
- King R.K., Underhill P.A. Congruent distribution of Neolithic painted pottery and ceramic figurines with U-chromosome lineages // *Antiquity*. 2002. V. 76. P. 707–714.
- Koonin E.V., Martin W. On the origin of genomes and cells within inorganic compartments // *Trends Genet.* 2005. V. 21. № 12. P. 647–654.
- Lalueza-Fox C., Römpler H., Caramelli D. *et al.* A melanocortin 1 receptor allele suggests varying pigmentation among Neanderthals // *Science*. 2007. V. 318. № 5855. P. 1453–1455.
- Larson G., Dobney K., Albarella U. *et al.* Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication // *Science*. 2005. V. 307. № 5715. P. 1618–1621.
- Leonard J.A., Wayne R.K., Wheeler J. *et al.* Ancient DNA evidence for Old World origin of New World dogs // *Science*. 2002. V. 298. № 5598. P. 1613–1616.
- Ludwig A., Pruvost M., Reissmann M. *et al.* Coat color variation at the beginning of horse domestication // *Science*. 2009. V. 324. № 5926. P. 485.

- McMahon R. Genes and languages // *Community Genet.* 2004. V. 7. № 1. P. 2–13.
- Morrell P., Clegg M. Genetic evidence for a second domestication of barley (*Hordeum vulgare*) east of the Fertile // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2007. V. 104. № 9. P. 3289–3294.
- Mulkidjanian A.Y., Makarova K.S., Galperin M.Y., Koonin E.V. Inventing the dynamo machine: the evolution of the F-type and V-type ATPases // *Nat. Rev. Microbiol.* 2007. V. 5. № 11. P. 892–899.
- Murdock G.P. *Ethnographic Atlas.* Pittsburgh: Univ. of Pittsburgh Press, 1967. 128 p.
- Outram A.K., Stear N.A., Bendrey R. *et al.* The earliest horse harnessing and milking // *Science.* 2009. V. 323. № 5919. P. 1332–1335.
- Philippe H., Lartillot N., Brinkmann H. Multigene analyses of bilaterian animals corroborate the monophyly of Ecdysozoa, Lophotrochozoa, and Protostomia // *Mol. Biol. Evol.* 2005. V. 22. № 5. P. 1246–1253.
- Rosser Z.H., Zerjal T., Hurles M.E. *et al.* Y-chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language // *Am. J. Hum. Genet.* 2000. V. 67. № 6. P. 1526–1543.
- Sweeney M., McCouch S. The complex history of the domestication of rice // *Ann. Bot. (Lond.).* 2007. V. 100. № 5. P. 951–957.
- Tishkoff S.A., Reed F.A., Ranciaro A. *et al.* Convergent adaptation of human lactase persistence in Africa and Europe // *Nat. Genet.* 2007. V. 39. № 1. P. 31–40.
- Underhill P.A., Kivisild T. Use of Y chromosome and mitochondrial DNA population structure in tracing human migrations // *Annu Rev. Genet.* 2007. V. 41. P. 539–564.
- Vaughan D.A., Balázs E., Heslop-Harrison J.S. From crop domestication to super-domestication // *Ann. Bot. (Lond.).* 2007. V. 100. № 5. P. 893–901.
- Walker J.E. ATP synthesis by rotary catalysis (Nobel lecture) // *Angew. Chem. Int. Ed. Engl.* 1998. V. 37. P. 2309–2319.
- Wang S., Lewis C.M., Jakobsson M. *et al.* Genetic variation and population structure in native Americans // *PLoS Genet.* 2007. V. 3. № 11. P. e185.
- Woese C.R., Fox G.E. Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 1977. V. 74. № 11. P. 5088–5090.
- Zakharov I.A., Derenko M.V., Maliarchuk B.A. *et al.* Mitochondrial DNA variation in the aboriginal populations of the Altai-Baikal region: implications for the genetic history of North Asia and America // *Ann. N.-Y. Acad. Sci.* 2004. № 1011. P. 21–35.
- Zeder M.A. Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2008. V. 105. № 33. P. 11597–11604.

GENETIC STUDIES AS A BRIDGE BETWEEN LIFE AND HUMANITARIAN SCIENCES

N.K. Yankovsky, S.A. Borinskaya

Vavilov Institute of General Genetics RAS, Moscow, Russia, e-mail: yankovsky@vigg.ru

Summary

Large amount of data are gained in last decade as a result of DNA sequencing and computer analysis of genes and genomes of different organisms from viruses to plant, animals and humans. Ancient DNA analysis of different species allows to accept or reject hypotheses created on the basis of data of archaeology, palaeontology, palaeoecology and other sciences. Comparative studies of variable sequences of particular fragments or whole genome DNA made a great impact in both life and humanitarian sciences. The comparative data are used in taxonomy and evolution studies, origin of life and speciation, humans included. Special attention of specialists as well as lay public is paid to molecular anthropology that revolutionized the study of anthropogenesis, human migrations and populations, rising and spreading of ethnic groups, languages, culture and technology innovations (agriculture and cattle husbandry included). Electronic databases are recently formed to store and mine data on genetic structure of modern and ancient human populations. Electronic databases on features of material and spiritual culture of human populations were created even before that describes household and cultural traditions of different societies. Comparative studies of the two types of databases allow us to understand origin, spreading and transitions of cultural traits as a dynamic process based on origin and spreading of human populations and put the genetic and cultural processes in common time and space frames.