

В декабрьском номере журнала *Science*, основной темой которого стали орнитологические исследования, вышел цикл статей, освещающий основные результаты работы международного научного коллектива. В его состав вошли более 200 ученых из 20 стран и 80 научных лабораторий. Среди соавторов статей – выпускники НГУ и ученые Денис Ларкин (University of London) и Полина Перельман (Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН).

Группа ученых под руководством Эрика Джарвиса (Duke University) и Годжи Джанга (Beijing Genomics Institute) поставила задачу разрешить [филогенетические вопросы](#) с помощью самых современных данных – данных по сравнению ДНК последовательностей всего генома.

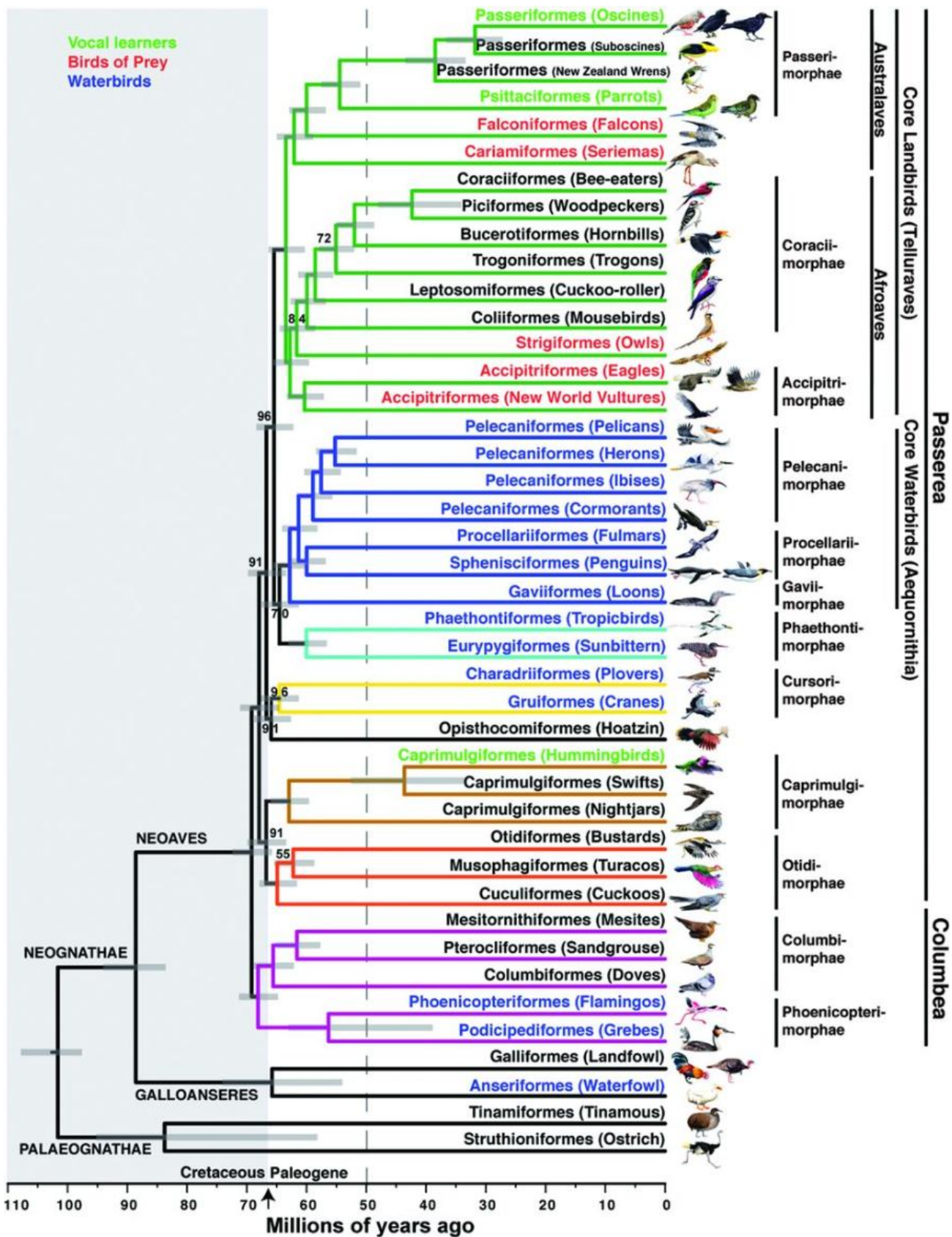
*До 2008 года учеными был секвенирован только один геном птицы – курицы. Потом появились данные по геному земляного вьюрка (2008), индейки (2009), волнистого попугайчика (2011) и древесного вьюрка (2013). Это были первые важные шаги, но существует около 10 тысяч видов птиц. Систематика птиц имеет множество нерешенных вопросов не только на уровне видов-подвидов, но и на высоких уровнях отрядов ученые не могут прийти к консенсусу по поводу порядка ответвления на древе птиц.*

Предпринимаемые ранее попытки разрешить спорные вопросы систематики птиц с помощью традиционных методов сравнения по морфологическим признакам или по сравнению ограниченного набора ДНК последовательностей (менее 20 генов) так и не смогли разрешить все вопросы. Идея исследования состояла в том, чтобы секвенировав полностью геном и получив данные по генам и районам ДНК, эволюционирующим с различными скоростями и найдя схожие участки ДНК, можно было наверняка определить степень родства видов птиц и последовательность их появления в ходе эволюции. Даже полногеномные данные пока не смогли дать на выходе однозначную картину эволюции птиц. Одна из причин – очень быстрое и «одновременное» по меркам эволюции появление множества новых видов птиц, которое произошло после вымирания динозавров, «освободивших» экологические ниши, которые заняли птицы и млекопитающие. Однако многие ответы все же удалось получить.

– Эта статья – новая веха в исследованиях недавно появившегося направления филогеномики – построения эволюционных древ на основе геномных данных, – рассказывает **Полина Перельман**. – На сегодняшний день секвенировано уже немало геномов животных. Однако только для птиц была специально отобрана группа геномов для секвенирования, чтобы потом провести всеобъемлющий анализ всего класса.

Ученые из Новосибирска участвовали в проекте на первых этапах.

– Мы осуществляли проверку принадлежности выделенной ДНК к определенному виду птиц. Например, образец ДНК дальневосточного журавля не был подтвержден и в результате его не выбрали для геномного секвенирования. Нередки случаи, когда при сборе образцов или при их обработке происходит путаница, или существуют трудности в установлении принадлежности к определенному виду или полу, поэтому важно все проверить на нескольких этапах перед секвенированием. Наш отдел разнообразия и эволюции геномов ИМКБ СО РАН является участником проекта «Геном 10К», возглавляемого Стивеном О'Брайеном, Дэвидом Хаслером и Оливером Райдером, который ставит амбициозную цель секвенирования 10 тысяч геномов животных. Серия работ по расшифровке геномов птиц – прямой результат этого исследования, положившего начало новому «Консорциуму Геномов Птиц», который будет заниматься курированием полученных данных и дальнейшим их изучением», – отмечает Полина.



– Сейчас наступает один из интереснейших этапов – расшифровки геномных данных. Огромный шаг уже сделан – геномы отсеквенированы, теперь можно приниматься за самые интересные вопросы – исследовать как работают гены для создания определенного признака (например, внешних признаков, таких как окрас перьев или форма клюва или признаков, относящийся ко внутреннему устройству, таких как формирование пения, полета, перьев и других характерных для птиц черт). Для нашей лаборатории цитогенетики животных в Институте молекулярной и клеточной биологии интересным и совершенно нерешенным вопросом остается установление связи между данными геномного секвенирования и конкретными носителями генетической информации – хромосомами. А также вопрос преобразования различных наборов хромосом в ходе эволюции.

В ходе же всего проекта по секвенированию и анализу геномов птиц было сделано множество новых открытий, поэтому была опубликована не одна статья, а цикл, в который вошло около тридцати статей.

Новое древо птиц из статьи по филогенетике теперь безусловно войдет в учебники.

---

У основания древа птиц отделились нелетающие птицы, потом гусино- и куринообразные. Затем появляется большая группа Neoaves – современных птиц. Здесь ученые выделили две новых систематических группы у птиц – Columbea (фламингообразные, поганкообразные, голубиные, рябкообразные, мадагаскарские пастушки) и Passerea (остальные отряды Neoaves). Когда все отряды были расставлены «по местам», стало видно, что некоторые морфологические признаки, казалось бы, объединяющие виды в одну группу (способность к вокальному обучению у колибри, попугаев и певчих воробьиных или способность к плаванию под водой у поганок и в другой ветви – у бакланов и гагар), возникали независимо несколько раз в классе птиц.

*– Нужно понимать, что древо включает в основном только представителей отрядов, необходимо продолжать работу, чтобы создать детальную систематику на основе данных ДНК для уровней семейств, родов и видов. Биоинформатические инструменты в области анализа сверхпротяженных геномных данных для филогеномных исследований как раз и были созданы в ходе этого проекта. Другой важный вклад проекта – создание базы полногеномных последовательностей основных отрядов птиц. Это необъятный материал для дальнейших исследований, особенно в области сравнения, в том числе и с геномом человека, – заключила Полина Перельман.*

Подготовила Василиса Петрова

Последняя редакция: 19.12.2014 12:31