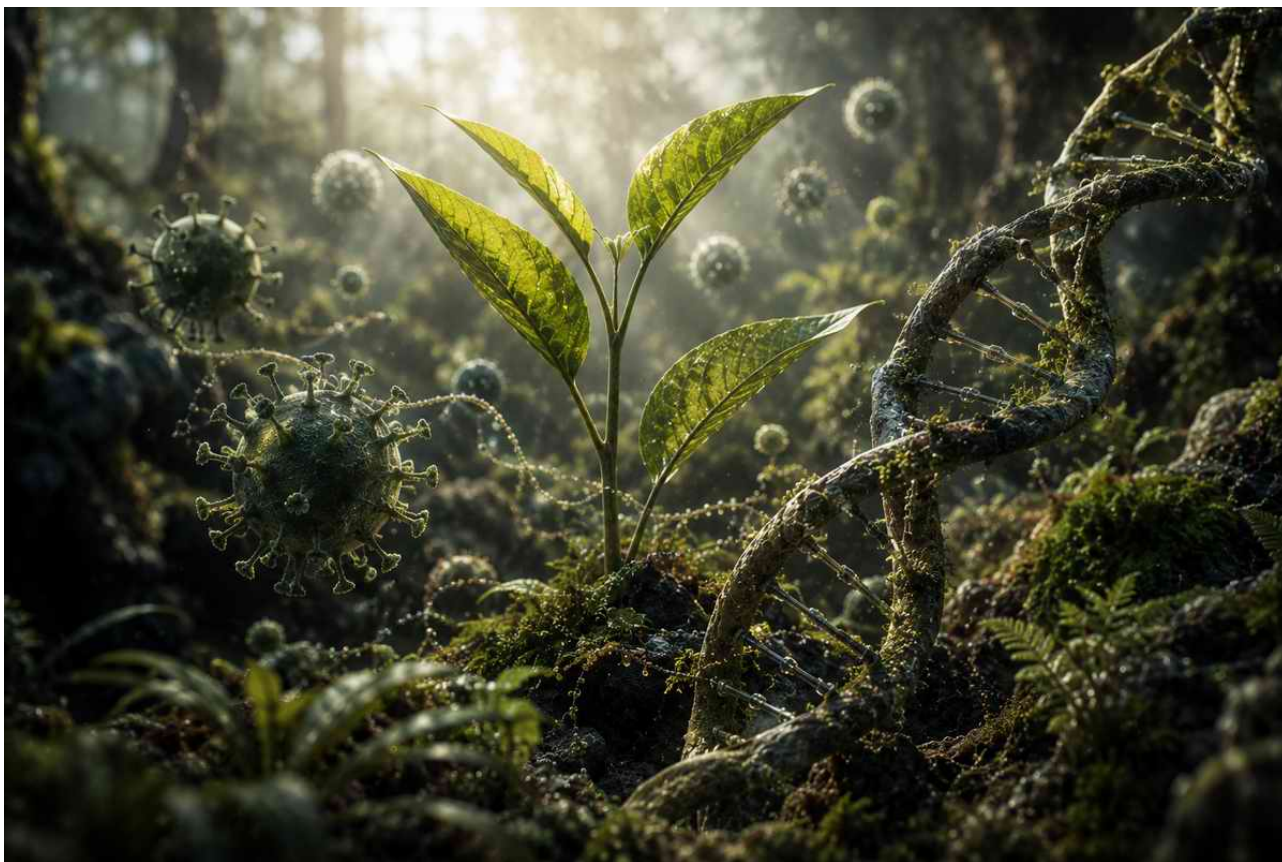


## В ДНК растений обнаружили вирусные «окаменелости» возрастом до 300 миллионов лет



Дата публикации: 03.07.2026

Современные геномы растений оказались настоящими архивами древнейшей истории жизни на Земле. Международная группа исследователей из французских научных организаций INRAE и CIRAD обнаружила, что ДНК современных растений хранит тысячи своеобразных «молекулярных окаменелостей» вирусов, существовавших сотни миллионов лет назад. Благодаря этим генетическим следам ученым удалось заглянуть в эволюционное прошлое вирусов и проследить их развитие на протяжении почти 300 миллионов лет.

Исследование, опубликованное в журнале PLOS Pathogens, показывает, что геномы растений содержат значительно больше информации об истории вирусов, чем предполагалось ранее. Более того, эти древние генетические фрагменты позволяют реконструировать события, происходившие задолго до появления человека, динозавров и даже цветковых растений.

Обычно вирусы воспринимаются как временные паразиты, которые заражают клетки, размножаются и исчезают. Однако некоторые из них

способны оставлять после себя долговечные следы. Во время инфекции отдельные участки вирусной ДНК могут случайно встраиваться в хромосомы организма-хозяина. Если подобное происходит в клетках, участвующих в размножении, эти фрагменты начинают передаваться следующим поколениям и могут сохраняться в геноме на протяжении миллионов лет.

Такие участки ДНК получили название эндогенных вирусных элементов. По сути, они представляют собой своеобразные генетические ископаемые, подобно тому как отпечатки древних организмов сохраняются в осадочных породах. Только вместо камня роль хранилища выполняет сама наследственная информация живых существ.

Авторы новой работы сосредоточили внимание на семействе вирусов *Caulimoviridae*. Эти вирусы поражают исключительно растения и отличаются необычной особенностью: хотя они не относятся к классическим ретровирусам, представители этого семейства способны интегрировать фрагменты своего генома в ДНК хозяина, где они могут сохраняться в течение огромных промежутков времени.

Чтобы восстановить историю этих вирусов, ученые провели масштабный сравнительный анализ геномов 93 видов растений, представляющих практически все основные эволюционные линии наземной флоры. В исследование вошли мхи, плауны, папоротники, хвойные растения, голосеменные и многочисленные цветковые виды.

Результаты оказались впечатляющими. Исследователям удалось обнаружить свыше 47 тысяч древних вирусных последовательностей, сохранившихся в геномах растений. Каждая такая последовательность представляет собой своеобразную запись о древнем заражении, произошедшем иногда сотни миллионов лет назад.

Анализ показал, что семейство *Caulimoviridae* обладает значительно большим разнообразием, чем предполагалось ранее. Исследователи выявили 35 ранее неизвестных эволюционных групп вирусов, многие из которых никогда не наблюдались среди современных представителей этого семейства. Особенно интересной оказалась новая группа вирусов, обнаруженная исключительно у некоторых хвойных растений.

Это открытие свидетельствует о том, что значительная часть древнего вирусного разнообразия исчезла, а современные вирусы представляют лишь небольшую часть огромной эволюционной истории этой группы.

Особый интерес представляет сравнение эволюции вирусов и их хозяев. Выяснилось, что многие представители семейства *Caulimoviridae* сопровождали

развитие сосудистых растений практически с момента их появления на суше. Такая многомиллионная совместная история говорит о чрезвычайно тесной связи между вирусами и растительным миром.

Однако совместная эволюция вовсе не была простой и непрерывной. В течение сотен миллионов лет вирусы неоднократно переходили на новые виды растений, некоторые эволюционные линии полностью исчезали, а другие, наоборот, активно распространялись, занимая освободившиеся экологические ниши.

Особенно любопытной оказалась возможная связь вирусной эволюции с крупнейшими катастрофами в истории Земли. Исследователи предполагают, что массовые вымирания в конце пермского периода около 252 миллионов лет назад и в конце мелового периода около 66 миллионов лет назад могли оказать серьезное влияние не только на животных и растения, но и на вирусный мир.

Во время подобных глобальных кризисов исчезало огромное количество видов-хозяев. Вместе с ними могли вымирать и связанные с ними вирусы. Одновременно появлялись новые экологические условия, способствовавшие развитию совершенно других вирусных линий. Таким образом, вирусная эволюция могла следовать тем же глобальным закономерностям, что и развитие всей биосферы.

Работа также демонстрирует, насколько важную роль играют вирусы в истории жизни. Сегодня становится все более очевидно, что вирусы не являются исключительно возбудителями заболеваний. На протяжении миллиардов лет они активно участвовали в эволюции живых организмов, переносили генетический материал между видами, способствовали возникновению новых адаптаций и формировали современные геномы.

Многие ученые даже рассматривают вирусы как один из важнейших факторов эволюции, наряду с естественным отбором и мутациями. Встроенные вирусные последовательности нередко становятся источником новых генов или регуляторных элементов, которые впоследствии начинают использоваться самим организмом.

Современные методы секвенирования ДНК позволяют превращать геномы живых организмов в своеобразные исторические архивы. Если раньше палеонтологи восстанавливали прошлое по костям, отпечаткам листьев и окаменелостям, то теперь биологи получают возможность изучать события глубокой древности непосредственно по молекулярным следам, сохранившимся в наследственном материале современных организмов.

Подобные исследования имеют значение не только для фундаментальной

науки. Понимание длительной эволюции вирусов помогает лучше прогнозировать появление новых патогенов, изучать механизмы адаптации вирусов к новым хозяевам и понимать, каким образом изменения окружающей среды влияют на распространение инфекций.

Особенно актуальными такие исследования становятся в эпоху глобального изменения климата, когда экосистемы снова начинают быстро перестраиваться. История древних вирусов позволяет увидеть, каким образом подобные процессы происходили в прошлом и какие последствия они могли иметь для всей биосферы.

Основные результаты исследования: обнаружено более 47 тысяч эндогенных вирусных элементов; изучены геномы 93 видов растений; выявлено 35 ранее неизвестных эволюционных групп вирусов семейства Caulimoviridae; подтверждена совместная эволюция вирусов и сосудистых растений на протяжении почти 300 миллионов лет; показана возможная связь вирусной эволюции с крупнейшими массовыми вымираниями в истории Земли.

Авторы исследования подчеркивают, что геномы современных растений представляют собой уникальные природные архивы, позволяющие изучать эволюцию вирусов в масштабах, недоступных традиционной палеонтологии. Каждая новая расшифрованная последовательность ДНК открывает дополнительные страницы древней истории жизни, показывая, что даже мельчайшие вирусы оставили заметный след в развитии растительного мира и всей биосферы нашей планеты.

**Ссылка:** «Эндогенные вирусные элементы прослеживают древнее происхождение и раннюю эволюцию семейства Caulimoviridae» [DOI: 10.1371/journal.ppat.1014340](https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1014340).