Результат важный, но степень его надежности неизвестна

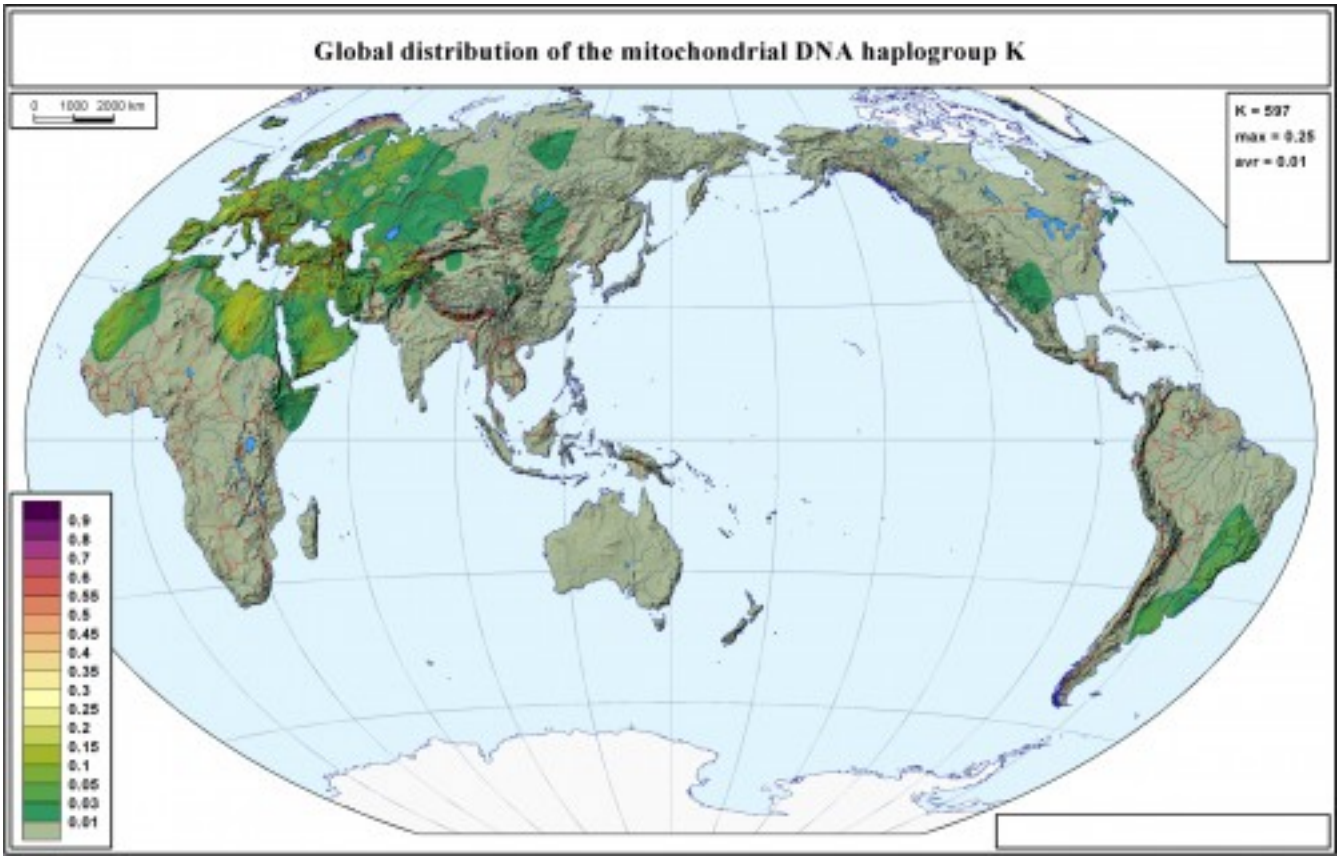
Олег Балановский

Мнение эксперта по материалу "Древнее население арктической Сибири было близко к европейцам?"

ссылка «Древнее население арктической Сибири было близко к европейцам?»

Авторами этой статьи получен результат, еще один раз иллюстрирующий, что географическое положение западно-евразийских и восточно-евразийских генофондов в древности было не таким, как сейчас. Правда, в нашей работе по Оленьим островам было показано значительное присутствие восточного компонента в части древней Европы, а в этом исследовании, напротив, преобладание западного компонента в отдельных районах древней Сибири. Но общий вывод один — древние генофонды могли значительно отличаться от современных генофондов той же территории. Правда, такая ситуация является не правилом, а исключением – иначе бы она не вызывала удивление у самих авторов.

Прокомментирую распределение гаплогруппы К: на построенной нами карте, основанной на практически всех опубликованных в мире данных по изменчивости мтДНК, не наблюдается «протуберанца» у хантов и манси. Как видно на рисунке, гаплогруппа К практически отсутствует в Сибири, за исключением 1-5% частоты на юго-западных окраинах Сибири и локальной зоны частоты (едва превышающей 1%) в Средней Сибири. Но это только подтверждает общий вывод авторов, что сейчас эта гаплогруппа является западно-евразийской, а в Восточной Евразии (включая современные генофонды Сибири) почти отсутствует.



Карта глобального распределения митохондриальной гаплогруппы К (О.П.Балановский)

И напоследок о самом главном. Рассматривая работы по древней ДНК, мы прежде всего должны задаваться вопросом: насколько достоверны сами первичные данные? Но по этой статье я не могу судить о достоверности: неясно, в какой лаборатории проводился анализ, какова репутация этой лаборатории и насколько в ней соблюдаются те драконовские требования, которые необходимо соблюдать, чтобы минимизировать риск контаминации (случайного изучения современной ДНК вместо древней). Мне неизвестна не только лаборатория, но и фамилии авторов (кроме первых двух – не генетиков), хотя надежно работающих с древней ДНК российских генетиков я бы скорее всего узнал. Вызывают некоторую настороженность и сами данные: из 8 образцов четыре (№№ 4, 6, 8, 10 таблицы результатов авторов) полностью идентичны, а

еще два (№№12 и 13) идентичны между собой и отличаются от первой группы двумя мутациями. Учитывая сложности секвенирования древней ДНК, нельзя исключать, что эти две мутации присутствовали и у последних двух образцов, но не смогли быть прочитаны, тогда мы получаем 6 идентичных гаплотипов из 8 изученных. Такое низкое разнообразие крайне редко встречается в современных популяциях и нетипично даже для древних популяций. Хотя в силу изолированности этой популяции или захоронения группы родственников такая картина в принципе могла возникнуть. Для снятия этих сомнений хотелось бы знать технические подробности анализа и митохондриальные гаплотипы самих исследователей – не окажется ли один из них точно таким же (что свидетельствовало бы о контаминации с ДНК самого исследователя). Еще лучше было бы верифицировать эти результаты при анализе тех же образцов в одной из уже признанных зарубежных лабораторий.

Результаты генотипирования образцов мтДНК палеоантропологических остатков из Жоховской стоянки*

№	Образец	Позиция маркеров ПДРФ	ГВС-1 (–16000)	Гапло-группа
1	C130L	–9052 HaeII +12308 HinfI +10394 DdeI –9053 HhaI +4643 RsaI	298C 319A	UK/V?
4	C130R2a	+8249/ AvaII –9052 HaeII/ +12308 HinfI +10394 DdeI –9053 HhaI/ +4643 RsaI	093C/t 223T/c 224T/c 293A/g 311C 319A/g 355T/c	U-K
6	ED140	+8249/ AvaII –9052 HaeII/ +12308 HinfI +10394 DdeI/ –9053 HhaI/ +4643 RsaI	093C 223T/c 224T/c 293A/g 311C 319A/g 355C/t	U-K
7	Nn200	+8249/ AvaII –9052 HaeII/ +12308 HinfI +10394 DdeI –9053 HhaI/ +4643 RsaI	016C 017C 223T 292T 311C 319A	W?
8	O023	+8249/ AvaII –9052 HaeII/ +12308 HinfI +10394 DdeI –9053 HhaI/ +4643 RsaI	093C 223T/c 224T/c 293A/g 311C 319A/g 355C/t	U-K
10	Pp240	+8249/ AvaII –9052 HaeII/ +12308 HinfI +10394 DdeI –9053 HhaI/ +4643 RsaI	093C 223T/c 224T/c 293A/g 311C 319A/g 355C/t	U-K
12	Nn220-1	–9052 HaeII +12308 HinfI +10394 DdeI –9053 HhaI +4643 RsaI	093C 224C 293G 311C 355T	U-K
13	Nn220-2	–9052 HaeII +12308 HinfI +10394 DdeI –9053 HhaI +4643 RsaI	093C 224C 293G 311C 355T	U-K

*Не анализировались позиции +3592 HpaI (африканская L) и –4577NlaI (гаплогруппа V). Гаплотипы мтДНК представлены по результатам сравнения структуры ГВС-I мтДНК палеоантропологических остатков Жоховской стоянки с уточненной Кембриджской референсной последовательностью мтДНК (Sequence and organization of the human mitochondrial genome / S. Anderson [et al.] // Nature. 1981. № 290. P. 457–465). Полиморфные позиции имеют соответствующее буквенное обозначение. Порядковые номера образцов соответствуют номерам в табл. 1

С учетом сказанного, я отношусь к полученным данным как к очень любопытному, но ПРЕДПОЛОЖИТЕЛЬНОМУ указанию на преобладание западно-евразийского генофонда в одной из древних популяций севера Сибири.