

Результаты двух статей согласуются, но интерпретации различны

Марина Чухряева, н. сотр. лаб. геномной географии ИОГен РАН и лаб. популяционной генетики человека МГНЦ

Нашим коллективом (лаборатории популяционной генетики ФГБНУ «МГНЦ» и лаборатории геномной географии ИОГен РАН) недавно было закончено масштабное исследование генофонда Юго-Западной Азии (Balanovsky et al., in prep). Поэтому статья «Mapping Post-Glacial expansions: The Peopling of Southwest Asia» представляет особый интерес, позволяя сравнить выводы работ двух коллективов, независимо работавших над одной и той же проблемой.

Главные выводы этих двух работ полностью согласуются, а вот интерпретация и используемые доказательства довольно сильно различаются. В обоих исследованиях выявлено подразделение региона на 3 различные зоны (с некоторыми отличиями, но для простоты назовем их так): Кавказ, Анатолия и Аравийский полуостров. Особенно наглядно сходство полученных результатов проявляется на графиках главных компонент из статьи Daniel E., Platt et al. и многомерного шкалирования из статьи Balanovsky et al.. Несмотря на разные системы – широкогеномную панель и маркеры Y-хромосомы, полученные картины крайне схожи.

В нашей работе показано, что географический рельеф (горная/равнинная местность) создал и генетический барьер между генофондами Анатолии странами Аравийского полуострова. В работе Daniel E., Platt et al. дано другое объяснение обнаруженным отличиям – они объясняются существованием древних рефугиумов. При этом другие гипотезы, объясняющие выявленную картину, просто не рассматриваются.

Одним из доводов в пользу своей гипотезы, авторы выдвигают результаты Admixture. При этом данный вид анализа представлен несколько отличным от общепринятого образом – даны расчеты лишь при небольшом количестве K, меняется цветовая кодировка компонент при переходе на следующее количество K, не приведены показатели достоверности для каждого из вариантов.

Некоторое удивление вызывает и формулирование выводов о генофонде Кавказа на основании данных об одной лишь Грузии.

Таким образом, в статье представлено много новых данных, дана их интересная интерпретация. Когда будет опубликована статья нашего коллектива по генофонду Юго-Западной Азии, читатели смогут сравнить две версии, объясняющие структуру генофонда региона. Но в любом случае, с появлением все большего количества методов анализа полногеномных данных, становится понятно, что помимо ярких выводов нужно очень внимательно знакомиться с методами используемыми авторами, вникать в технические подробности проведенного анализа и только тогда с уверенностью принимать заключения авторов.