

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра генетики

КЛИМАНСКАЯ
Анастасия Владиславовна

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА НАСЕЛЕНИЯ ВОСТОЧНОЙ ЕВРОПЫ В
КОНТЕКСТЕ МИРОВОЙ ПОПУЛЯЦИИ ЧЕЛОВЕКА

Аннотация
к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук
В.С. Панкратов

Минск, 2019

РЕФЕРАТ

Количество страниц - 36, рисунков - 9, таблиц – 1, использованных источников - 29.

Ключевые слова: ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА, ВОСТОЧНАЯ ЕВРОПА, ГЕНОТИПИРОВАНИЕ, IBD-СЕГМЕНТЫ, АНАЛИЗ ГЛАВНЫХ КОМПОНЕНТ, КЛАСТЕРИЗАЦИЯ, ЭФФЕКТИВНЫЙ РАЗМЕР ПОПУЛЯЦИИ.

Объект исследования: SNP-чип генотипы 1530 индивидуумов из различных регионов Евразии.

Цель работы: изучить генетическую структуру населения Восточной Европы в контексте мировой популяции человека.

Методы исследования: анализ главных компонент, детекция IBD-сегментов с помощью программ IBDseq и Refined IBD, алгоритм fineSTRUCTURE, подсчет эффективного размера популяции с помощью программы IBDNe.

Полученные результаты: в ходе проделанной работы мы применили различные методы изучения генетической структуры. Мы смогли более подробно изучить генетическую структуру Восточной Европы и сделать некоторые выводы:

1. Наши результаты АГК и кластеризации показывают то, что генетическая структура Европы определяется географией.
2. По результатам кластеризации можно выделить большой Европейский кластер, внутри которого выделяются несколько групп, соответствующих географическому местоположению образцов: Восточная Европа, Западная Европа, Северная Европа и Южная Европа.
3. В кластер Восточной Европы входят белорусы, украинцы, поляке, литовцы, латыши. В кластер Западной Европы - немцы, шведы, французы, валлийцы, оркнейцы. В кластер Северной Европы - вепсы, карелы, финны, ингерманландские финны. В кластер Южной Европы - греки, итальянцы, венгры, молдаване, южные славяне.
4. По результатам реконструирования эффективного размера популяций для каждого поколения в прошлом можно сказать следующее: Восточная Европа характеризуется значительным ростом эффективного размера популяции, который начался примерно 50-40 поколений назад. Это, в свою очередь, может объяснить относительную генетическую гомогенность данного региона.

РЭФЕРАТ

Колькасць старонак – 36, малюнкаў – 9, табліц - 1, выкарыстаных крыніц – 29.

Ключавыя словы: ГЕНЕТЫЧНАЯ СТРУКТУРА, УСХОДНЯЯ ЕЎРОПА, ГЕНАТЫПІРАВАННЕ, IBD-СЕГМЕНТЫ, АНАЛІЗ ГАЛОЎНЫХ КАМПАНАНТ, КЛАСТАРЫЗАЦЫЯ, ЭФЕКТЫЎНЫ ПАМЕР ПАПУЛЯЦЫІ.

Аб'ект даследавання: SNP-чып генатыпы 1530 людзей з розных рэгіёнаў Еўразіі.

Мэта працы: вывучыць генетычную структуру насельніцтва Усходняй Еўропы ў кантэксце сусветнай папуляцыі чалавека.

Метады даследавання: аналіз галоўных кампанент, пошук IBD-сегментаў з дапамогай праграм IBDseq і Refined IBD, алгарытм fineSTRUCTURE, падлік эфектыўнага памеру папуляцыі з дапамогай праграмы IBDNe.

Атрыманыя вынікі: у ходзе праведзенай працы мы скарысталі розныя метады вывучэння генетычнай структуры і, у цэлым, істотных памылак не назіралася. Мы змаглі больш падрабязна вывучыць генетычную структуру Усходняй Еўропы і зрабіць некаторыя вынікі:

1. Нашы вынікі АГК і кластарызацыі паказваюць тое, што генетычная структура Еўропы вызначаецца геаграфіяй.
2. Па выніках кластарызацыі можна вылучыць вялікі еўрапейскі кластэр, усярэдзіне якога вылучаюцца некалькі груп, адпаведных геаграфічнаму месцазнаходжанні людзей: Усходняя Еўропа, Заходняя Еўропа, Паўночная Еўропа і Паўднёвая Еўропа.
3. У кластар Усходняй Еўропы ўваходзяць беларусы, украінцы, палякі, літоўцы, латвійцы. У кластар Заходняй Еўропы немцы, шведы, французы, валійцы, аркнейцы. У кластар Паўночнай Еўропы вепсы, карэлы, фіны, інгерманландскія фіны. У кластар Паўднёвай Еўропы грэкі, італьянцы, венгры, малдаване, паўднёвыя славяне.
4. Па вынікам рэканструявання эфектыўнага памеру папуляцыі для кожнага пакалення ў мінулым можна сказаць наступнае: Усходняя Еўропа характарызуецца значным ростам эфектыўнага памеру папуляцыі, які пачаўся прыкладна 50-40 пакаленняў таму. Гэта, ў сваю чаргу, можа растлумачыць адносную генетычную гамагеннасць дадзенага рэгіёну.

SUMMARY

Number of pages – 36, figures – 9, tables – 1, used sources – 29.

Key words: GENETIC STRUCTURE, EAST EUROPE, GENOTYPED, IBD SEGMENTS, PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS, CLUSTERING, EFFECTIVE POPULATION SIZE.

Object research: SNP-chip genotypes of 1530 individuals from different regions of Eurasia

Research methods: principal component analysis, using IBDseq and Refined IBD for detection of IBD segments, fineSTRUCTURE algorithm, calculate effective population size using IBDNe.

Results: in the course of this work we have used different methods to study the genetic structure of Europe. We can study the genetic structure of Eastern Europe more detail and made some conclusions:

1. Our results of PCA and clustering show that the genetic structure of Europe is correlated with geography.
2. After clustering we can see the Europe cluster which contain several groups: East Europe, West Europe, North Europe and South Europe.
3. The cluster of East Europe includes belarusians, ukrainians, poles, lithuanians, latvians. In the cluster of West Europe - germans, swedes, french, welsh, orkneys. In the North Europe cluster - veps, karelians, finns, ingermanland finns. In the cluster of South Europe - greeks, italians, hungarians, moldovans, southern slavs. After clustering we can see the Europe cluster which container several groups.
4. According to the results of the reconstruction of the effective population size for each generation in the past, the following can be said: Eastern Europe is characterized by a significant increase in the effective population size, which began about 50-40 generations ago. This, in turn, may explain the relative genetic homogeneity of the region.