

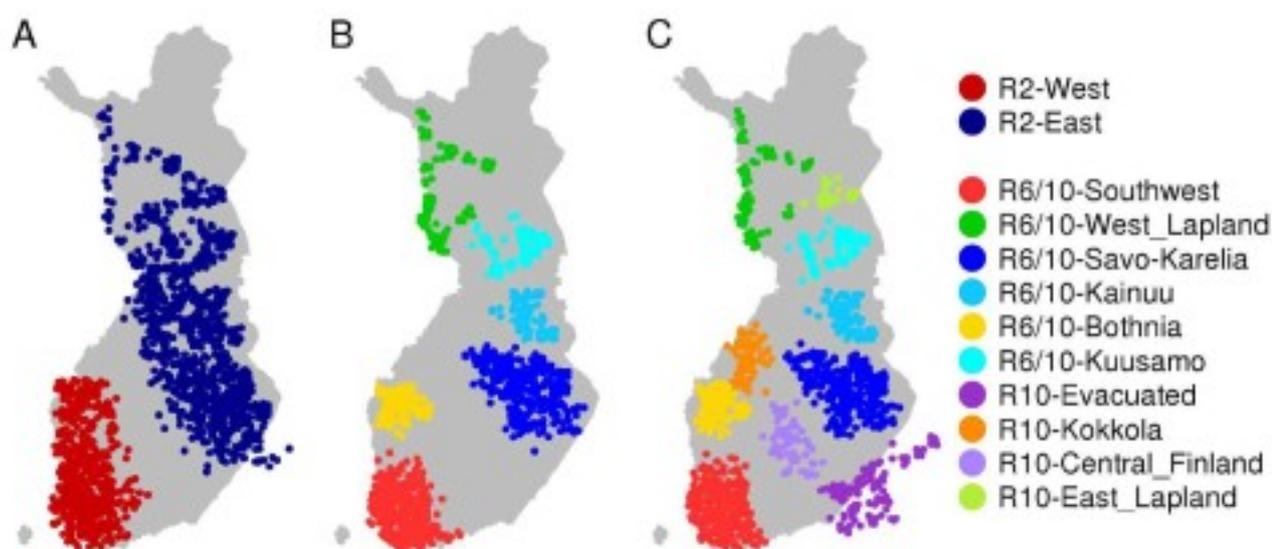
Индивидуальные профили происхождения финнов отразили демографические события XX века

Определение индивидуальных профилей происхождения 18 с лишним тысяч жителей Финляндии позволило проследить динамику структуры популяции в XX веке. Генетические изменения отразили важнейшие демографические события, прежде всего, эвакуацию населения из Западной Карелии в период Второй мировой войны. Исследователи подчеркивают перспективность такого подхода для реконструкции генетической истории одной отдельно взятой страны.

Генетические методы помогают выявлять миграции, происходившие тысячи лет назад, и реконструировать биологическую историю народов. Финские ученые из Университета Хельсинки применили аналогичный подход в масштабах своей страны, чтобы реконструировать ее недавнюю генетическую историю. Результаты этой работы [опубликованы в журнале PLOS Genetics](#).

Финляндия среди всех европейских стран относится к наиболее генетически изученным. Более полумиллиона образцов ДНК финнов хранится в геномом банке, собранном по проекту FinnGen (<https://www.finnngen.fi/en>), а к 2023 году планируется увеличить их число до 10% населения. На структуру популяции финнов оказали влияние некоторые события XX века. В первую очередь, это масштабная миграция финнов во время Второй мировой войны, когда более 400 тысяч человек были эвакуированы из Западной Карелии, которая отошла Советскому Союзу. А с 1950-х годов началась интенсивная урбанизация, когда население со всей территории активно перемещалось в крупные города на юге и западе страны.

Подход, традиционно используемый для определения происхождения популяций, авторы работы применили на уровне отдельных индивидов. В основе исследования лежит определение индивидуальных профилей происхождения по месту рождения предков. На первом этапе надо было сформировать адекватные референсные выборки. Авторы взяли 2741 человек из разных регионов Финляндии с точно известным местом рождения их предков. Для формирования из них референсных групп использовали методы Chromo-Painter и FineSTRUCTURE. В первом варианте референсных групп было всего две – восток и запад страны. Во втором и третьем вариантах этих групп было, соответственно, шесть и десять. Происхождение всех референсных кандидатов оценивали, исходя из количества групп. После определенной фильтрации были сформированы шесть и десять референсных групп, географически привязанных к разным регионам.



Географическое расположение референсных групп (каждая точка – один индивид). А – две референсных группы (n=1 472); В – шесть референсных групп (n=1 026); С – десять референсных групп (n=1 236). Фиолетовым цветом отмечена группа в зоне эвакуации.

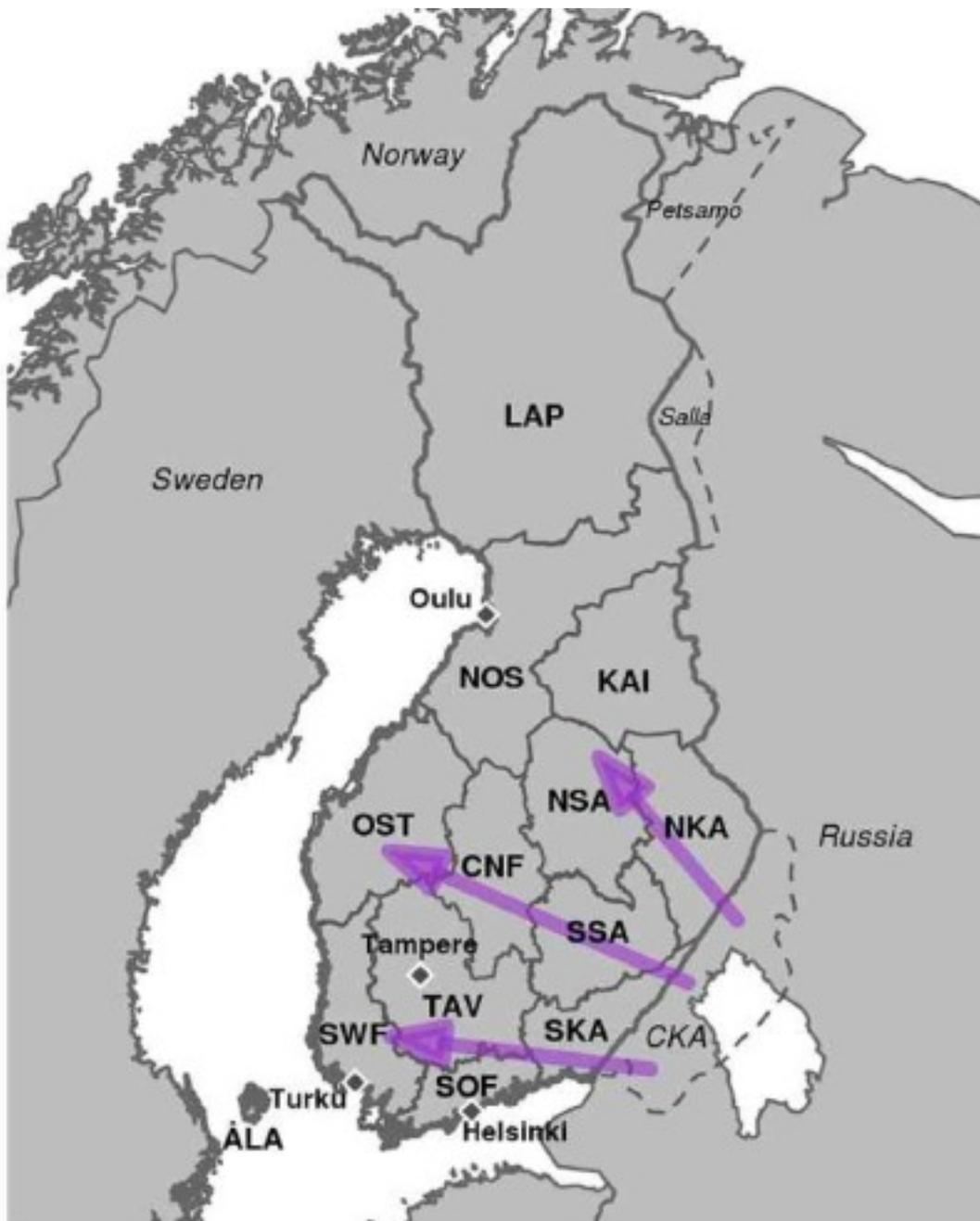
Исследуемую выборку составили 18 463 индивидов из национального популяционного медико-генетического исследования FINRISK; оно проводится каждые пять лет с 1972 года, а, начиная с 1992 года, у участников берут образцы ДНК. Эти образцы ДНК генотипировали на чипе Illumina's HumanCoreExome с анализом около 230 тысяч SNP.

Для каждого индивида определяли индивидуальный профиль происхождения по соотношению генетических компонентов референсных групп. Для этого использовали программу SOURCEFIND, основанную на методах ChromoPainter и FineSTRUCTURE. Профиль происхождения определяли на глубину до пяти поколений, то есть для 32 предков каждого индивида. Вернее, поставили такую задачу, но выяснилось, что с использованием двух референсных групп (восток, запад) можно определить их долю в происхождении индивида до 4-го поколения с вероятностью 75%, а до 5-го поколения это сделать уже нельзя. С использованием большего числа референсных групп (шесть и десять) можно определить географическое происхождение индивида точнее, но не более чем на три, а в некоторых случаях на два поколения. Такой подход позволил выявить, как менялась генетическая структура финской популяции со временем.

В итоге, популяционную динамику Финляндии удалось проследить на несколько десятилетий, начиная с 1920-х годов, и это позволило увидеть в генетике отражение основных демографических событий. Результаты показали, что наиболее сильные изменения в структуре популяции происходили в 1940-х годах. В это время во всех регионах страны увеличивается доля генетического компонента с восточных территорий, это связано с перемещением эвакуированных жителей Западной Карелии. Дальнейшая динамика в разных регионах расходится. В одних доля восточного компонента оставалась постоянной, в других после 1945 года уменьшилась, в третьих – увеличилась; и это согласуется с демографическими данными.

Урбанизация после 1950-х годов также отразилась на генетической структуре популяции, но в гораздо меньшей степени, чем миграция населения из Западной Карелии. Кроме того, генетики отмечают также смешение населения различных регионов, которое происходило в 1900-х годах. Наиболее интенсивное генетическое смешение охватило юго-западную часть страны, где расположено наибольшее число крупных городов.

Такой подход — оценка индивидуального происхождения для выявления демографических событий и их влияния на структуру популяции — был впервые использован в пределах одной страны. По результатам своей работы авторы считают его перспективным для оценки значения тех или иных событий в истории народа.



Географические регионы Финляндии на карте; SKA – зона Западной Карелии, перешедшая к СССР; фиолетовыми стрелками обозначены направления миграций из Западной Карелии в другие регионы страны.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Sini Kerminen, Nicola Cerioli, Darius Pacauskas et al. Changes in the fine-scale genetic structure of Finland through the 20th century // PLOS Genetics | <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1009347> March 4, 2021

[Статья в открытом доступе](#)