



ГЕНЕТИКА

УДК 577.17

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ФАМИЛИЙ ДЛЯ ОПИСАНИЯ ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО “ЛАНДШАФТА” НАСЕЛЕНИЯ

**И.Н. СОРОКИНА
И.С. ПОЛЯКОВА
Н.А. ГОРЯИНОВА
И.В. БАТЛУЦКАЯ
В.И. ЕВДОКИМОВ
М.И. ЧУРНОСОВ**

*1) Белгородский государственный
национальный исследовательский
университет*

e-mail: sorokina@bsu.edu.ru

В статье даны характеристики фамилий как эффективных “квазигенетических” маркеров при описании генетических соотношений между элементарными популяциями.

Ключевые слова: генетический “ландшафт”, фамилии, генофонд.

В предыдущей работе [1] нами была дана характеристика фамилий как “квазигенетических” маркеров, показаны возможности использования фамилий для описания популяционно-генетических характеристик населения Центральной России. В настоящей работе будут рассмотрены вопросы использования фамилий при изучении генетических взаимоотношений между элементарными популяциями центральной России.

Для всестороннего анализа генетической структуры популяций и оценки генетических взаимоотношений между ними широко применяются методы многомерной статистики: кластерный анализ, факторный анализ, многомерное шкалирование.

На основе частот фамилий могут быть рассчитаны генетические расстояния между популяциями [2]. В популяционной генетике генетические расстояния широко используются для исследования взаимоотношений между элементарными популяциями по степени их генетического сходства и установления характера генетического родства между популяциями, то есть генетические расстояния позволяют судить о степени сходства и различий между популяциями по частотам генов (или их аналогов – фамилий) в терминах “генетической близости” или “генетической удаленности” популяций [3-5]. На основе матриц генетических расстояний проводится кластерный анализ, обладающий большой гибкостью [6]. Для получения еще более наглядной картины взаимосвязей между популяциями по соответствующим дендрограммам составляются картографические схемы, на которых элементарные популяции, относящиеся к определенным кластерам, объединяются на карте эквидистантными фигурами. Такая картографическая схема представляет собой “генетический ландшафт” местности [6].

Способ описания генетической структуры популяций с помощью эквидистантных фигур, последовательно объединяющих популяции в соответствии с их генетическими расстояниями друг от друга и создающий таким образом “генетический ландшафт” исследуемой популяции может являться инструментом для выделения границ элементарных популяций [7, 8].

В исследовании Курбатовой О.Л. и др. [9], посвященном изучению пространственно-территориальной подразделенности московской популяции на основе частот

фамилий, анализируемая популяция представлена в виде дендрограммы квазигенетических расстояний между полицейскими частями Москвы в 1882 г. Авторами выявлено четыре кластера, три из которых связаны географически (Центральный, Южный и Северный).

В работе Парадеевой Г.М. [10], выполненной на модели шести районов Костромской области, по частотам встречаемости фамилий в сельсоветах этих районов построены матрицы генетических расстояний для западной (Солигачский, Галичский, Буйский районы) и восточной (Межевский, Пыщугский, Шарьинский районы) групп районов. На дендрограммах, полученных из матриц генетических расстояний, четко выражена приуроченность сельских советов к соответствующим районам: подавляющее большинство сельсоветов расположены в пределах кластера соответствующего района. Анализ дендрограмм в пределах отдельных районов свидетельствует, что сельские советы группируются вокруг районного центра в порядке возрастания их расстояний до него. В последнюю очередь к кластерам районов присоединяются популяции, расположенные на границе области с другими районами Костромской области. На схеме элементарных популяций восточной группы районов эквидистантные линии располагаются более или менее концентрично ни разу не пересекаясь. Таким образом, по мнению автора, взаиморасположение элементарных популяций, построенное на основе генетических расстояний между ними, хорошо совпадает с действительным расположением сельсоветов вокруг районного центра. Также показано, что с увеличением географических расстояний между популяциями генетические расстояния растут, что подтверждает наличие изоляции расстоянием в русских популяциях.

Мамедовой Р.А. с соавторами [11,12] на основе матриц генетических расстояний, рассчитанных по частотам частых фамилий, был проведен кластерный анализ и построены дендрограммы для трех групп районов Кировской области: Афанасьевский и Верхнекамский (34 сельсовета); Фаленский и Зуевский (33 сельсовета); Сунский, Богородский и Немский (34 сельсовета) районы, а также получена одна общая дендрограмма для описания генетической близости всех рассматриваемых районов Кировской области. Анализ дендрограмм, построенных на основе матриц генетических расстояний для сельсоветов трех групп районов показал четкое соответствие между генетической и административной картой для всех районов. При рассмотрении дендрограммы, построенной для популяций уровня района авторами установлено, что первыми объединяются между собой районы, расположенные в центре (5 районов) и на юге (2 района) области. Неожиданным для исследователей оказалось поведение двух районов: Верхнекамского и Афанасьевского. Верхнекамский район территориально находящийся на севере области соединялся с южными районами – Вятско-Полянским и Малмыжским, отдаленными от него на расстоянии 300 км. Авторы связывают это с наличием на территории данных районов татарского населения практически отсутствующего в других районах. Генетическая близость Афанасьевского района с другими районами Кировской области минимальна. Таким образом, разные популяции, находящиеся на территории Кировской области, обладают различной и достаточно сложной генетической структурой.

Серия работ Ельчиновой Г.И. и др. посвящена изучению генетического ландшафта ряда популяций Костромской областей, республики Адыгея, Марий Эл, Чувашии. В работе [13] приводится схема генетического ландшафта Октябрьского и Теучежского районов Адыгеи, где на некоторых территориях (поселки Октябрьский, Яблоновский, Новый, Новая Адыгея) происходили массовые миграции населения. Это, по мнению авторов, является причиной наиболее сложного поведения эквидистантных фигур на данных территориях. На схеме генетического ландшафта Алатырского района республики Чувашия имеет место объединение населенных пунктов в зависимости от близости железной дороги и этнического состава населения [13, 14].

Исследование, проведенное в районах республики Марий Эл (Моркинский, Горномарийский, Оршанский, Звениговский, Советский, Сернурский районы) [13] показало, что во всех изученных районах, кроме Моркинского, концентричные эквидистантные фигуры группируются вокруг районного центра, что говорит об отсутствии в них подразделенности. Авторы считают, что элементарной популяцией в данном случае оказывается единица, территориально никак не меньше данного



района. В Сернурском районе имеется несколько центров кластеризации, что позволяет авторам сделать вывод о том, что данный район представляет собой подразделенную популяцию, в которой размер элементарной популяции меньше, чем весь район. Особо в работе выделен Моркинский район, так как районный центр – п.г.т. Морки оказался в стороне от центра кластеризации. Отмечается, что такое явление встречается не впервые при изучении различных популяций на территории России. Это связывается с большой численностью татар, у которых фамилия, по мнению авторов, не пригодна для использования в качестве генетического маркера. Также в исследовании обращается внимание на отсутствие ориентации эквидистантных фигур относительно дорог и рек, что обычно имело место при изучении русских сельских популяций Костромской и Кировской области.

Таким образом, следует отметить, что данные антропонимики позволяют эффективно описывать генетический ландшафт популяции и выявлять влияние на популяционно-генетическую структуру населения таких факторов, как административные границы популяций, история их формирования, этнический состав популяции и ее инфраструктура. Однако, следует отметить, что большинство исследований в этом направлении выполнено на модели сельских советов или одного района или нескольких, как правило, рядом расположенных районов одной области. Насколько эффективны будут квазигенетические маркеры в выявлении генетических соотношений многочисленных районных популяций одной области, а также множества территориально удаленных районных популяций разных областей до настоящего времени остается неясным.

Начиная с 90-х гг. широкое применение получил метод картографического анализа фамилий с помощью технологий компьютерной геногеографии [15-18]. Серия работ Балановской Е.В. и её сотрудников посвящена геногеографическому анализу частот ряда фамилий в различных популяциях. В работе [17] представлены результаты изучения географии случайного инбридинга по частотам фамилий адыгов. В данной работе впервые объединены две технологии: компьютерная геногеография и анализ квазигенетических маркеров, что позволило получить принципиально новую информацию о пространственной изменчивости генофонда. Впервые построены компьютерные карты частот фамилий (1340 карт), а на их основе – карта случайного инбридинга. Показано, что такое изучение высоко информативно лишь для определенного ранга популяций – для этносов и их подразделений, где частоты фамилий еще достаточно велики и информативны.

Преимущества и недостатки картографического анализа представлены в работе Почешховой Э.А. и др. [19]. На основе карт частот фамилий адыгов построена серия карт генетических расстояний. “Синтетические” карты воспроизводя средние (по совокупности всех 1340 фамилий) генетические расстояния от одного из подразделений этноса до каждой популяции адыгейцев позволили изучить пространственную структуру генофонда адыгейцев; увидеть “тонкую” структуру генофонда и определить, существуют ли реально генетические границы между подразделениями (племенами) адыгейцев.

В работах Балановского О.П. и др. [20] три основных метода изучения структуры генофонда по данным антропонимики (оценка инбридинга, генетические расстояния и анализ главных компонент) были объединены с двумя новыми мощными методами – компьютерной картографией и анализом пространственно-временной динамики в ряду поколений и включены в комплексную геногеографическую технологию анализа квазигенетических маркеров. На основе этого авторами [20, 21] проведен анализ пространственной изменчивости частот русских фамилий с помощью компьютерной геногеографии. Показана перспективность геногеографии фамилий для популяционных исследований в масштабе русского генофонда. В рамках данной работы авторами был проведен анализ частот фамилий в 64 сельсоветах (33 тыс. человек) 52 районов, относящихся к 22 областям Европейской России. Для каждой их 75 “распространенных” фамилий построена компьютерная карта ее встречаемости. На основе всех 75 карт отдельных фамилий рассчитаны и картографированы главные компоненты. Первые пять из 75 компонент отражают половину всей дисперсии, что указывает на высокую разрешающую способность фамилий. Карта первой главной компоненты, отражающей 20% общей дисперсии, демонстрирует тренд “северо-запад-восток.” Направление изменчивости второй компоненты близко к широтному: “юго-запад-север.” Оно совпадает с широтным трендом главных компонент по трем системам данных: генетики, ан-



тропологии и дерматоглифики. Это позволяет считать широтный тренд основным направлением изменчивости русского генофонда. Сходство основных «сценариев» изменчивости генофонда по генетическим (иммуно-биохимические маркеры, данные дерматоглифики, антропологии) и «квазигенетическим» маркерам указывает на эффективность использования фамилий для изучения русского генофонда. Также этот анализ показал, что географическая изменчивость распространенных русских фамилий отражает не только события районного масштаба, но и этническую историю русского народа в целом [21].

В настоящее время геногеографические исследования фамилий, осуществляются в рамках проектов «Геногеография», «Русский генофонд», «Геногеография русских фамилий», «Однофамильцы» выполняемых в ГУ «МГНЦ РАМН» [Балановская Е.В. и др.], где изучаются разнообразие фонда фамилий; географическая приуроченность отдельных фамилий и их групп и критерии использования фамилий как маркера при изучении генофонда; общие закономерности распространения фамилий; особенности отдельных регионов по данным о частотах фамилий.

Таким образом, анализ литературных данных свидетельствует о том, что, фамилии являются одним из эффективных популяционно-генетических маркеров, широко используемых как в работах зарубежных, так и в работах отечественных исследователей, для оценки генетических соотношений между элементарными популяциями.

Работа выполнена в рамках реализации ФЦП «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009-2013 годы (государственный контракт № 14.740.11.0627 «Разработка новых подходов использования фамилий для популяционно-генетического анализа населения Центральной России»).

Список литературы

1. Сорокина, И.Н. Фамилии как квазигенетические маркеры при популяционно-генетических исследованиях / И.Н. Сорокина, И.Н. Лепендина, Н.А. Рудых, А.В. Верзилина, М.И. Чурносков // Научные ведомости БелГУ. Серия медицина. Фармация. – 2010. – №22(93), выпуск 12. – С. 72-79.
2. Наследственные болезни в популяциях человека / Е.К. Гинтер / Под ред. Е.К. Гинтера. – М.: Медицина, 2002. – 304 с.
3. Barraï, I. Isonymy and isolation by distance in Netherlands / I. Barraï, A. Rodriguer-Larralde, F. Manni, C. Scapoli // Ann. Human Biol. – 2002. – V. 74, № 2. – P. 263–283.
4. Barraï, I. Isolation by language and distance in Belgium / I. Barraï, A. Rodriguez-Larralde, F. Manniet all. // Ann. Hum Genet. – 2004. – V.68, №1. – P. 1-16.
5. Пасеков, В.П. Генетические расстояния / В.П. Пасеков // Итоги науки и техники. Сер. Общая генетика. Теоретическая и популяционная генетика. – 1983. – Т.8. – С. 3–75.
6. Дерябин, В.Е. Многомерные биометрические методы для антропологов / В.Е. Дерябин. – М.: ВИНТИ, 2001. – С.105-265.
7. Ельчинова, Г.И. Реконструкция матрицы генетических расстояний / Г.И. Ельчинова, А.А. Ревазов, М.Ю. Кадошникова // Генетика. – 1989. – Т.25, №12. – С. 2242-2246.
8. Ельчинова, Г.И. Выявление особенностей генетической структуры популяции с помощью метода описания «генетического ландшафта» / Г.И. Ельчинова, М.Ю. Кадошникова, Р.А. Мамедова // Генетика. – 1991а. – Т.27, №11. – С. 1994-2001.
9. Свежинский, Е.А. Опыт исторической реконструкции генетико-демографической структуры московской популяции на рубеже XIX – XX веков / Е.А. Свежинский, О.Л. Курбатова // Генетика. – 1999. – Т.35, №8. – С. 1149-1159.
10. Парадеева, Г.М. Медико-генетическое изучение населения Костромской области. Сообщение III. Коэффициент инбридинга и его динамика в сельских популяциях и городах районного масштаба / Г.М. Парадеева, Л.П. Большакова, А.Н. Петрин и др. // Генетика. – 1986. – Т.22, №9. – С. 2355–2360.
11. Мамедова, Р.А. Генетическая структура и груз наследственных болезней в пяти популяциях Архангельской области / Р.А. Мамедова, Г.И. Ельчинова, Е.И. Старцева и др. // Генетика. – 1996. – Т.32, №6. – С. 837–841.
12. Мамедова, Р.А. Медико-генетическое описание населения двух районов Краснодарского края / Р.А. Мамедова, М.Ю. Кадошникова, В.А. Галкина и др. // Генетика. – 1999. – Т.35, №1. – С. 68-73.
13. Ельчинова, Г.И. Опыт применения методов популяционно-генетического анализа при изучении популяций России с различной генетико-демографической структурой / Г.И. Ельчинова / Автореф. дисс....доктор. биол. наук. – М., МГНЦ РАМН, 2001. – 48 с.
14. Ельчинова, Г.И. Популяционно-генетическое исследование Алатырского района Республики Чувашия / Г.И. Ельчинова, Ю.В. Рощина, Р.А. Зинченко и др. // Генетика. – 2002б. – Т.38, №2. – С.251–258.



15. Рычков, Ю.Г. Геногеография народонаселения: опыт компьютерного картографирования популяционно-генетических данных / Ю.Г. Рычков, А.В. Рычков, Е.В. Балановская и др. // Генетика. – 1990. – Т.26, №2. – С. 332-340.

16. Балановская, Е.В. Геногеография народонаселения: создание регионального геногеографического атласа с помощью ЭВМ / Е.В. Балановская, Ж. Батсуурь, А.Н. Белковский и др. // Генетика. – 1990а. – Т.26, №5. – С. 925-935.

17. Балановская, Е.В. Компьютерная технология геногеографического изучения генофонда. IV. Популяции в пространстве главных компонент / Е.В. Балановская, С.Д. Нурбаев // Генетика. – 1997. – Т.33, №12. – С. 1693-1710.

18. Балановская, Е.В. Геногеографический анализ подразделенной популяции II. География случайного инбридинга (по частотам фамилий у адыгов) / Е.В. Балановская, Э.А. Почешхова, О.П. Балановский, Е.К. Гинтер // Генетика. – 2000. – Т.36, №8. – С. 1126-1139.

19. Почешхова, Э.А. Геногеографическое изучение народов Западного Кавказа / Э.А. Почешхова / Автореф. дисс....докт. мед. наук. – М., 2008. – 48 с.

20. Балановский, О.П. Русский генофонд. Геногеография фамилий / О.П. Балановский, А.П. Бужилова, Е.В. Балановская // Генетика. – 2001. – Т.37, №7. – С. 974-990.

21. Балановская, Е.В. Русский генофонд на Русской равнине / Е.В. Балановская, О.П. Балановский – М.: Луч, 2007. – 416 с.

USAGE OF FAMILY NAMES FOR DEACRIPTION OF POPULATION "LANDSCAPE"

I.N. SOROKINA

I.S. POLJAKOVA

N.A. GORYAINOVA

M.I. CHURNOSOV

*Belgorod National
Research University*

e-mail: sorokinat@bsu.edu.ru

In article characteristics of surnames as effective "quasigenetic" markers are given at the description of genetic correlation between elementary populations.

Key words: genetic "landscape", surnames, a gene pool