



ОПЫТ ПРИМЕНЕНИЯ ФАМИЛИЙ В ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ

И.Н. СОРОКИНА

*Белгородский государственный
национальный исследовательский
университет*

e-mail: sorokina@bsu.edu.ru

В статье рассмотрены возможности использования фамилий (квазигенетические маркеры) для оценки популяционно-генетической структуры населения.

Ключевые слова: генофонд, генетические маркеры, фамилий, уровень подразделенности.

Метод применения фамилий в качестве аналога генетических маркеров, подробно разработанный Grow и Mange еще в 70-х гг. [1], получил дальнейшее широкое применение и развитие в работах как зарубежных [2] так и отечественных исследователей: Ревазова А.А. [3], Рычкова Ю.Г. [4, 5], Гинтера Е.К. [6], Ельчиновой Г.И. [7, 8], Балановской Е.В. [9-11] и др. [12-14].

Принципиальный вклад в описание локальной дифференциации частот генов в подразделенной популяции с использованием фамилий был внесен С.Райтом. На основе данных о распределении фамилий Райтом была дана оценка инбридинга [15, 16]. Он предложил называть ее индексом фиксации одного аллеля и утраты другого в двухаллельном локусе в результате генетического дрейфа. Таким образом, инбридинг выступает в качестве меры интенсивности генетического дрейфа, что позволяет на основе данных о распределении фамилий вычленить эффекты генетического дрейфа и миграционного процесса из прочих факторов, формирующих генетическую структуру популяций [1].

С использованием данных антропоники к настоящему времени изучена генетическая структура целого ряда популяций как зарубежных, так и популяций на пространстве бывшего СССР: русских [3, 6-13], адыгских [14], марийских [17], среднеазиатских [18], алтайских [19] и других. Следует отметить значительную вариабельность уровня F_{st} по представленным популяциями: он варьирует от 0,1116 в Республике Алтай [19] до 0,000065 в Краснодарском крае (Краснодар-2) [20]. Вариабельность внутренней подразделенности в русских популяциях, расположенных в пределах исконного ареала русского народа также существенна: от 0,001090 в Афанасьевском районе Кировской области [21] до 0,000041 в г. Клинцы Брянской области [21]. Различия в уровне подразделенности вышерассмотренных популяций могут быть связаны: 1) с использованием разными исследователями различных коэффициентов k для расчета показателя F_{st} – в одних работах он равняется 4, в других – с учетом поправки на неравное представление полов у промежуточных предков он составляет 28 [3]; 2) с разным иерархическим уровнем рассматриваемых популяций (село, сельсовет, район и др.); 3) с особенностями популяционно – генетической структуры изученных популяций, связанными с различной миграционной активностью, степенью урбанизации и др.

В работах Рычкова Ю.Г. и др. [22, 23] показано хорошее соответствие между поведением некоторых маркеров крови и распределением фамилий. Данные о фамильно-родовой структуре популяций были использованы авторами для контроля предсказуемого и фактического уровня генетической дифференциации популяции, а также для описания степени селективной нейтральности генных локусов и подверженности их стабилизирующему или же дифференцирующему давлению окружающей среды [23].

Одна из первых масштабных работ в нашей стране, связанных с использованием фамилий для описания популяционно-генетической структуры населения, была выполнена А.А. Ревазовым и сотрудниками в 70-80-х годах XX столетия при изучении ряда русских популяций Европейского Севера [3, 24, 25]. В работе [24] при популяционно-генетическом изучении 11 деревень двух районов Архангельской области (за период с 1792 по 1912 гг.) показано, что фамилии можно использовать в качестве косвенного метода для описания популяционной структуры и процессов, влияющих на ее динамику, так как они не подвержены отбору как другие маркеры. Распределение фамилий определяется случайными процессами, и в нем отражается этническая история, т.е. результат среднего уровня миграций за много поколений. Авторами установлено, что использование фамилий в качестве косвенного метода для получения генетических данных позволяет выявить генетические различия не только внутри популяции, но и между популяциями. Несмотря на достаточную трудоемкость этого метода показано еще одно преимущество в использовании данного метода – он дает описание популяционной структуры, какой она сложилась к некоторому поколению или моменту времени под влиянием миграций и стохастических процессов, которое недоступно для родословных, т.е. с момента возникновения фамилий.

В последующей работе Ревазова А.А. и др. [3] приведены данные по проверке пригодности русских фамилий в качестве “квазигенетического” маркера на популяциях разного иерархического уровня (элементарная популяция – сельсовет и популяция ранга района). Авторами были составлены матрицы генетических, квазигенетических и миграционных расстояний и подсчитаны коэффициенты корреляции между матрицами генетических (получены по маркерам ABO, MN, RH, HP, PTC) и квазигенетических (получены из частот фамилий) расстояний. Проведенное исследование показало, что средний коэффициент корреляции был равен $0,32 \pm 0,15$. Квазигенетические и генетические расстояния были связаны обратной зависимостью с уровнем обмена гаметам: средние коэффициенты корреляции составили $-0,63 \pm 0,13$ и $-0,23 \pm 0,16$, соответственно. Также авторами были рассчитаны коэффициенты корреляции матриц квазигенетических и географических расстояний ($0,39 \pm 0,08$) и квазигенетических и среднегеометрических расстояний ($-0,42 \pm 0,08$). Показано, что связи между коррелирующими параметрами достаточно сильны, что еще раз доказывает пригодность фамилий для оценки популяционной структуры как в элементарных популяциях, так и в популяциях более высокого иерархического уровня.

Несмотря на достаточно хорошую освещенность проблемы пригодности русских фамилий в качестве генетического маркера до 90-х гг. в литературе не были рассмотрены вопросы оценки размеров территорий и размеров популяций, для которых использование фамилий еще дает адекватные результаты. Как правило, анализ, проводимый большинством исследователей ограничивался рамками отдельных районов или областей. Этот аспект впервые рассматривается в работах Ельчиновой Г.И. и др. [21] при изучении особенностей генетической структуры Фаленского и Зуевского районов Кировской области. Авторы отмечают, что при использовании фамилий в качестве генетического маркера реальное родство супругов, родившихся на расстоянии свыше 200 км друг от друга, не исключено, хотя время существования фамилий не позволяет его выяснить [21]. Поэтому авторы считают, что в русских сельских популяциях при использовании фамилий в качестве генетического маркера, не искаженную оценку генетического родства популяций можно получить для одного района, в крайнем случае, двух-трех соседних районов, если общая граница между ними весьма значительна [6, 21].

Наряду с этим следует отметить, что в ряде работ как зарубежных, так и отечественных ученых фамилии эффективно используются для сравнительного описания генетических характеристик географически удаленных друг от друга популяций.

Масштабная серия работ с использованием фамилий для медико-генетического описания населения различных регионов России (Архангельская, Костромская, Кировская, Брянская, Ростовская, Тверская области, Краснодарский край, Республика Адыгея, Республика Марий Эл, Чувашия) выполнена сотрудниками лаборатории генетической эпидемиологии Медико-генетического научного центра РАМН под руководством академика РАМН Е.К.Гинтера. В работе Парадеевой Г.М. и др. [18] были рассчитаны коэффициенты инбридинга и исследована их динамика в сельских популяциях и популяциях районных городов Костромской области двумя независимыми методами – через изонимию и эндогамию. Коэффициент инбридинга, оцененный через эндогамию, составил для старых деревень $0,001185$, через изонимию – $0,001341$, для современных деревень – $0,000786$ и $0,000682$, соответственно. В обоих случаях авторы отмечают хорошее совпадение двух оценок коэффициента инбридинга, полученных разными методами.

В работе Ревазова А.А. и др., [26] получены оценки случайной составляющей коэффициента инбридинга по 67 сельсоветам и 6 районным городам и рабочим поселкам районов Костромской области. Показано колебание уровня инбридинга в сельских популяциях Костромской области в широких пределах – от $0,005$ до $0,0003$. Среднее значение F_{st} для сельских популяций составило $0,000832 \pm 0,000075$, что в 2,5 раза больше, чем для районных городов и рабочих поселков ($0,000291 \pm 0,000067$). Авторами одними из первых в серии подобных работ выявлена связь между распространенностью аутосомно-рецессивной патологии и значениями F_{st} в популяциях: непараметрический коэффициент корреляции по Чупрову для всех сельсоветов и районных городов шести исследованных районов составил $0,34$ ($\chi^2=8,45$, $p<0,05$).

При популяционно- и медико-генетическом исследовании населения Кировской области [27] установлено, что значения F_{st} для отдельных районов варьировали от $0,000212$ до $0,001090$, а средние значения F_{st} для популяций районного уровня были выше, чем в Костромской области. Также в данной работе авторами при подсчете F_{st} в Малмыжском и Вятско-Полянском районах рассматривается вопрос о допустимости использования татарских фамилий в качестве генетического маркера. Показано, что при исключении татарского населения из анализа значения случайного инбридинга меняются незначительно. Сравнительный анализ случайной составляющей инбридинга (F_{st}), проведенный Мамедовой Р.А., в городских и сельских популяциях Кировской области показал, что в среднем, случайный инбридинг в городских популяциях составил $0,000099$, то есть практически не отличим от 0, а в сельских он значим, и составляет в среднем $0,00068$, с не очень выраженной дисперсией. В предыдущих исследованиях по Костромской области автором были получены сходные результаты:



для городских популяций F_{st} составило 0,00028, для сельских – 0,0000850, то есть в 3-4 раза подразделенность сельских популяций была выше, нежели в городских популяциях.

В Краснодарском крае обнаружена небольшая, но достоверная генетическая подразделенность [20]. Значение случайного инбридинга (F_{st}), рассчитанного из частот фамилий в популяции Краснодар-2 составило 0,000065 и достоверно отличалось от 0, тогда как в предыдущих исследованиях популяции Краснодар-1 оно было равно 0.

При проведении исследования на территории республики Чувашия выявлено, что фамилии в этой популяции являются непригодными для описания ее генетической структуры в силу невыполнения всех основных требований, которые предъявляются к фамилиям как генетическому маркеру [21]. В работах [19] фамилии использовались для популяционно – генетического изучения населения республики Тува и Якутия. Установлено, что величины коэффициента родства по изонимии, рассчитанные для отдельных этнических групп (якуты, эвены, русские) и суммарно для представителей всех национальностей, проживающих в обследованных населенных пунктах, определялись географической удаленностью сравниваемых популяций и интенсивностью миграционных процессов.

В обобщающей работе Е.К. Гинтера и др. [28], посвященной анализу роли факторов популяционной динамики в распространении наследственной патологии в российских популяциях (Кировская, Костромская, Тверская, Брянская области, республика Чувашия, республика Марий Эл, Адыгея) продемонстрированы достоверные различия в значениях F_{st} городских и сельских популяций. Средневзвешенные значения F_{st} составили 0,62x10⁻³ и 6,64x10⁻³, соответственно для городских и сельских популяций.

Результаты исследования популяционно-генетической структуры Ростовской области [7, 29, 0] показали, что абсолютные значения случайного инбридинга, как у городского населения, так и сельского, не высоки. Наименьшие значения случайного инбридинга F_{st} выявлены в г. Цимлянск, наибольшие – в Миллеровском районе. Несмотря на низкие абсолютные значения случайного инбридинга F_{ST} , средневзвешенные значения случайного инбридинга для населения сельской местности (0,00092) в 4 раза выше, чем для городского (0,00024), что говорит о различном уровне генетической подразделенности городского и сельского населения [29]. В последующих работах детально проанализировав показатели инбридинга в Тверской области, а также в ранее изученных популяциях Ростовской, Кировской, Костромской, Брянской, Архангельской областях и Республике Марий Эл, Чувашия, было высказано предположение, что в наблюдающихся различиях в уровне подразделенности основное значение имеет временная компонента, а не пространственная [30]. Авторы выявили взаимосвязи уровня подразделенности со степенью урбанизации популяций (F_{st} изменялось от 0,000038 в г. Алатырь (республика Чувашия) до 0,000577 в г. Буй Костромской области, что значительно выше, чем в сельской местности 0,00021 < F_{st} < 0,00109).

В результате проведенного исследования распределения фамилий в районах Курской области [12] авторами установлена вариабельность показателя инбридинга от 0,000142 до 0,000997 при среднем значении по области 0,000650. Значение случайной составляющей инбридинга, рассчитанной из частот фамилий, давало хорошее совпадение с локальным инбридингом Малекко.

Анализ показателей внутренней подразделенности элементарных популяций Белгородской области (20 районов) выявил их выраженную территориальную вариабельность 0,00003 < f_r^* < 0,00125 при среднем значении по области $f_r^* = 0,00031$ [31-34].

Популяционно-генетический анализ народов Западного Кавказа, выполненный Почешховой Э.А. [14] на основе изучения распределения частот фамилий в семи народах Западного Кавказа (абхазы, адыгейцы, кабардинцы, абазыны, черкесы, карачаевцы, казаки кубанские) выявил наименьший показатель инбридинга у кубанских казаков ($f_r \cdot 102 = 0,06$), а максимальный – у абхазов ($f_r \cdot 102 = 3,13$). В группу с высоким уровнем инбридинга ($f_r \cdot 102 \geq 2$) вошли абхазы, адыгейцы и кабардинцы. В группу с низким уровнем инбридинга (значительно ниже средней величины $f_r \cdot 102 \leq 1,35$) вошли абазыны, черкесы и карачаевцы, у которых показатели инбридинга варьируют в узких пределах ($0,6 \leq f_r \cdot 102 \leq 0,9$). В популяциях пришлого населения – кубанских казаков – уровень инбридинга (0,06) на порядок ниже, чем у коренных народов Кавказа. В результате проведенного популяционно-генетического анализа генофонда адыгов автор делает заключение о том, что, там, где фамилии соответствуют требованиям, предъявляемым к генетическим маркерам, наиболее корректно проведение исследований в три этапа: 1) анализ распределения фамилий и уровня случайного инбридинга во всех подразделенных популяциях; 2) выбор наиболее характерных подразделений; 3) анализ генных маркеров (ДНК и классических) в избранных подразделениях тотальной популяции. При таком планировании можно обеспечить интерполяцию полученных результатов на тотальную популяцию в целом [14].

Интересные данные получены Балановской Е.В. и др., [9, 10] при изучении изменчивости «квазигенетических» маркеров – более 50 тыс. фамилий – в пяти основных географических регионах исконного ареала русского народа (Западный, Центральный, Восточный, Северный и Южный регионы, представленных сельским населением 49 районов). В работе было применено несколько новых методических подходов в изучении фамилий: анализ самых частых фамилий («топ-50», «топ-20»,



«топ-10» и «топ-5»); выделение «общих» фамилий; анализ индекса места фамилий IP; сравнение по частотам фамилий; сравнение по семантике фамилий. Авторами сделан важный методический вывод о том, что результаты рассмотрения только 50 или даже 20 частых фамилий хорошо согласуются с анализом всего массива фамилий и позволяет классифицировать генофонды. Сравнение каждого исследованного региона по частотам фамилий и индексу места фамилий IP5 (по 5 частым фамилиям), IP10 (по 10 частым фамилиям), IP20 (по 20 частым фамилиям) как с общерусским («магистральным») списком всех фамилии, так и с другими регионами, выявило своеобразие «фамильного портрета» Южного региона, которое проявляется как в спектре фамилий, так и в отсутствии ярко выраженных «лидеров» – все распространенные фамилии представлены примерно равными невысокими частотами, наблюдается обилие «профессиональных» фамилий. «Фамильный портрет» Северного региона демонстрирует максимальное своеобразие, которое выражено еще ярче, чем в Южном регионе. Это своеобразие наиболее отражено в огромном числе «иных» фамилий, главным образом, диалектных. «Фамильный портрет» Восточного региона сочетает в себе как черты своеобразия (экстремальная частота Смирновых, редкость календарных фамилий, преобладание «звериных» и «приметных» фамилий), так и близость то к одним, то к другим регионам, а в целом – к чертам общерусского генофонда. Главная черта «фамильного портрета» Западного региона – его типичность, сходство со всеми другими регионами. Однако при этом он отличается от всех иных регионов резким преобладанием календарных фамилий. Центральный регион оказался действительно центральным в пространстве русских фамилий практически по всем показателям. Однако, несмотря на «усредненность» Центрального региона, связанного с его географически срединным положением, у него есть и свои собственные черты. Это, прежде всего, необычайно большой и пестрый массив «звериных» фамилий – они составляют половину «топ-50» Центрального региона [10].

Таким образом, анализ литературных данных свидетельствует о том, что, фамилии являются одним из эффективных маркеров, широко используемым в работах отечественных исследователей при описании популяционно – генетической структуры различных групп населения.

Работа выполнена при финансовой поддержке грант РГНФ № 14-16-31010 "Изучение структуры генофонда населения Белгородской области и его места в системе русского генофонда Центральной России (по данным антропонимики)".

Литература

1. Crow, J.F. Surnames as biological marker / J.F. Crow // Hum. Biol. – 1983. – V.55, №2. – P. 383-397.
2. Sykes, B. Surnames and the Y Chromosome / B. Sykes, C. Irvan // Am. J. Hum. Genet. – 2000. – V.6. – P. 1417-1419.
3. Ревазов, А.А. Пригодность русских фамилий в качестве «квазигенетического» маркера / А.А. Ревазов, Г.М. Парадеева, Г.И. Русакова // Генетика. – 1986. – Т.22, №4. – С.699-703.
4. Генофонд и геногеография народонаселения. Геногеографический атлас населения России и сопредельных стран / Ю.Г. Рычков ; под ред. Рычкова Ю.Г. – СПб.: Наука, 2003. – Т.II. – 711 с.
5. Генофонд и геногеография народонаселения. Генофонд населения России и сопредельных стран / Ю.Г. Рычков ; под ред. Рычкова Ю.Г. – СПб.: Наука, 2000. – Т.I. – 611 с.
6. Наследственные болезни в популяциях человека / Е.К. Гинтер ; под ред. Е.К. Гинтера. – М.: Медицина, 2002. – 304 с.
7. Ельчинова, Г.И. Анализ популяционно-генетической структуры десяти районов Ростовской области через расширение изонимного метода, предложенное Барраи с коллегами / Г.И. Ельчинова, Н.В. Кривенцова, И.Г. Тереховская, С.С. Амелина // Генетика. – 2007. – Т.43, № 12. – С. 1690-1693.
8. Ельчинова, Г.И. Методы обработки популяционно-генетических данных: списки избирателей / Г.И. Ельчинова, Н.В. Кривенцова // Медицинская генетика. – 2004. – Т.3, №5. – С.220-225.
9. Балановская, Е.В. «Фамильные портреты» пяти русских регионов / Е.В. Балановская, Д.С. Соловьева, О.П. Балановский и др. // Мед. генетика. – 2005. – №1. – С.2-10.
10. Балановская, Е.В. Русский генофонд на Русской равнине / Е.В. Балановская, О.П. Балановский – М.: Луч, 2007. – 416 с.
11. Балановский, О.П. Русский генофонд. Геногеография фамилий / О.П. Балановский, А.П. Бужилова, Е.В. Балановская // Генетика. – 2001. – Т.37, №7. – С. 974-990.
12. Иванов, В.П. Распределение фамилий в сельских районах Курской области / В.П. Иванов, М.И. Чурнос, А.И. Кириленко // Генетика. – 1998. – Т.32. – №8. – С. 1114-1119.
13. Чурнос, М.И. Описание структуры генофонда русского населения юга Центральной России / М.И. Чурнос, И.Н. Сорокина, И.Н. Лепендина, И.К. Аристова, М.С. Жерлицына и др. // Медицинская генетика. – 2006. – Т. 5. – № 6. С. 16-20.
14. Почепцова, Э.А. География фамилий и генетических расстояний (адыги Западного Кавказа) / Э.А. Почепцова, // Медицинская генетика. – 2008. – Т.7, № 1. – с.21-29.
15. Wright, S. Isolation by distance / S. Wright // Genetics. – 1943. – V.28. – P. 114-138.
16. Wrih, S. The genetical structure of population / S. Wrih // Ann. Eugen. – 1951. – V.15. – P.323-354.



17. Ельчинова, Г.И. Луговые марийцы: гены, фамилии и миграции / Г.И. Ельчинова, О.И. Кравчук, Е.А. Старцева и др. // Генетика. – 1996. – т.32, №10. – С. 1421-1422.
18. Парадеева, Г.М. Факторы подразделенности русских популяций Нечерноземья / Г.М. Парадеева/ Автореф. дисс....канд. биол. наук.– М., 1987. – 22 с
19. Кучер, А.Н. Популяционная структура коренного и пришлого населения Сибирского региона/ А.Н. Кучер // Медицинская генетика. – 2002. – №6. – С. 262-270.
20. Мамедова, Р.А. Медико-генетическое описание населения двух районов Краснодарского края / Р.А. Мамедова, М.Ю. Кадошникава, В.А. Галкина и др. // Генетика. – 1999. – т.35, №1. – С. 68-73.
21. Ельчинова, Г.И. Опыт применения методов популяционно-генетического анализа при изучении популяций России с различной генетико-демографической структурой / Г.И. Ельчинова / Автореф. дисс....докт. биол. наук. М., МГНЦ РАМН, 2001. – 48 с.
22. Рычков, Ю.Г. Генетика и антропология таежных охотников–оленьеводов Сибири. Сообщение I. Родовая структура, субизоляты и инбридинг в эвенкийской популяции / Ю.Г. Рычков, Н.Е. Таусик, Т.Н. Таусик и др. // Вопр. антропол. – 1974. – вып. 47. – С. 3.
23. Рычков, Ю.Г. Генетика и антропология таежных охотников–оленьеводов Сибири. Сообщение III. Генетические маркеры и генетическая дифференциация в популяции эвенков Средней Сибири / Ю.Г. Рычков, В.А. Шереметьева, Т.Н. Таусик и др. // Вопр. антропол. – 1976. – вып. 53. – С. 38.
24. Казаченко, Б.Н. Использование фамилий для изучения факторов динамики популяционной структуры / Б.Н. Казаченко, А.А. Ревазов, Л.В. Тарлычева, В.А. Лавровский // Генетика. – 1980. – т.16, №11. – С. 2049-2057.
25. Ревазов, А.А. Медико-генетическое изучение населения Самаркандской области. Сообщение 2. Популяционно-генетическое описание четырех кишлаков Ургутского района/ А.А. Ревазов, Н.И. Ахмина, Е.К. Гинтер и др // Генетика. – 1977. – т.13, №11. – С. 2033-2044.
26. Ревазов, А.А. Медико-генетическое изучение населения Костромской области. Сообщение VIII. Генетическая структура крупных подразделенных популяций и ее связь с распространенностью аутосомно-рецессивной патологией / А.А. Ревазов, Г.М. Парадеева, Г.И. Ельчинова и др. // Генетика. – 1988. – т.24, №11. – С. 2035-2042.
27. Гинтер, Е.К. Отягощенность аутосомно-рецессивной патологией популяций Кировской области и ее связь с инбридингом / Е.К. Гинтер, Р.А. Мамедова, Г.И. Ельчинова и др. // Генетика. – 1993. – Т.29, №6. – С. 1042-1046.
28. Гинтер, Е.К. Роль факторов популяционной динамики в распространении наследственной патологии в российских популяциях / Е.К. Гинтер, Р.А. Зинченко, Г.И. Ельчинова и др. // Медицинская генетика. – 2004. – Т.3, №12. – С. 548-555.
29. Амелина, С.С. Эпидемиология моногенной наследственной патологии и врожденных пороков развития у населения Ростовской области / С.С. Амелина / Автореф. дисс....доктор. мед. наук. – М., МГНЦ РАМН, 2006. – 43 с.
30. Ельчинова, Г.И. Медико-генетическое изучение населения Ростовской области: анализ распределения фамилий в семи районах / Г.И. Ельчинова, Н.В. Кривенцова, С.С. Амелина и др. // Генетика. – 2006. – Т.42, №. 4. – С. 558-565.
31. Сорокина, И.Н. Генофонд населения Белгородской области. I. Дифференциация всех районных популяций по данным антропоники / И.Н. Сорокина, Е.В. Балановская, М.И. Чурносов // Генетика. – 2007. – Т.43, №6. – С. 841-849.
32. Сорокина, И.Н. Генофонд населения Белгородской области. II. «Фамильные портреты» в группах районов с разным уровнем подразделенности и роль миграций в их формировании / И.Н. Сорокина, М.И. Чурносов, Е.В. Балановская // Генетика. – 2007. – Т.43, №8. – С. 1120-1128.
33. 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. Чурносов // Научные ведомости БелГУ. Серия: медицина Фармация. – 2010. – № 22(93), вып. 12. – С. 72-79.
34. Сорокина, И.Н. Генофонд населения Белгородской области. Описание “генетического ландшафта” 22 районных популяций / И.Н. Сорокина, М.И. Чурносов, Е.В. Балановская // Генетика. – 2009. – Т. 45. – №5. – С. 700-710.

EXPERIENCE OF SURNAMEN IN POPULATION GENETIC STUDIES

I.N. SOROKINA

*Belgorod National
Research University*

e-mail: sorokinat@bsu.edu.ru

The article presents about possibilities of the use of surnames (quasigenetic markers) to assess the population genetic structure of the population.

Keywords: gene pool, genetic markers, names, level of subdivision.