

ОБЗОРНЫЕ СТАТЬИ

УДК 577.17

ПРИМЕНЕНИЕ ФАМИЛИЙ В ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ (НА ПРИМЕРЕ ЗАРУБЕЖНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ)

APPLICATION FAMILIA IN POPULATION-GENETIC STUDIES (ON THE EXAMPLE OF FOREIGN POPULATION)

И.Н. Сорокина¹, Н.А. Рудых¹, Е.Н. Крикун¹, С.Н. Сокорев²
I.N. Sorokina¹, N.A. Rudykh¹, E.N. Krikun¹, S.N. Sokorev²

¹⁾ Белгородский государственный национальный исследовательский университет
Россия, 308015, г. Белгород, ул. Победы, 85

²⁾ Белгородская областная клиническая больница Святителя Иоасафа
308007, Россия, г. Белгород, ул. Некрасова, 8/9

¹⁾ Belgorod National Research University
Russia, 308015, Belgorod, Pobedy St., 85

²⁾ Belgorod Region Clinical Hospital of Saint Ioasaf
Russia, 308007, Belgorod, Nekrasov St., 8/9

E-mail: sorokina@bsu.edu.ru, rudyh@bsu.edu.ru, krikun@bsu.edu.ru

Аннотация: В статье рассмотрены возможности применения фамилий (квазигенетические маркеры) в популяционно-генетических исследованиях, проводимых зарубежными исследователями. Фамилии, как специфические маркеры, использовались для оценки уровня инбридинга, для оценки уровня генетической дифференциации населения. В работах, проводимых в Англии, Ирландии изучалась сопряженности фамилий и Y хромосомы. Учеными Италии, США, Австрии, Нидерланд, Испании, Бельгии, Франции показана возможность использования списков телефонных абонентов в качестве источника информации о фамилиях.

Resume: The article discusses the possibility of using names (quasi genetic markers) in population genetic studies conducted by foreign researchers. Surnames as specific markers were used to assess the level of inbreeding, to estimate the level of genetic differentiation. The work carried out in England, Ireland, studied conjugation of names and Y chromosome. Scientists in Italy, USA, Austria, Netherlands, Spain, Belgium, France, the possibility of using the telephone subscriber lists as a source of information about the names.

Ключевые слова: генетические маркеры, генофонд, фамилии, уровень подразделенности.
Keywords: genetic markers, gene pool, the names, the level of subdivision.

Фамилии нашли широкое применение и в популяционно-генетических исследованиях зарубежных ученых при изучении населения Испании [Rodriguer-Larralde et al., 2003; Esparza et al., 2006], Германии [Rodriguer-Larralde et al., 1998; Immel et al., 2006], Венесуэлы [Rodriguer-Larralde et al., 1997, 2000], Австрии [Barrai et al., 2000], Нидерландов [Barrai et al., 2002], Аланских остров [Mieke, 1976;], Японии [Imaizumi et al., 1997], Италии [Guglielmino et al., 1998; Barrai, 1999; De Silvestri et al., 2004; Caravello et al., 2007], Сардинии [Zei et al., 1983, 2003; Sanna et al., 2001; Caravello et al., 2002;], Аргентины [Colantonio et al., 2006, 2007], Чили и Боливии [Chakraborty et al., 1989] и др. [Barrai et al., 1999; Long et al., 1986, 1987; Nei, 1973, 1977; Tavares-Neto et al., 1978; Yuan et al., 2000; Bedoya et al., 2006; Tasso et al., 2005; Cabral et al., 2005; Boattini et al., 2006; Hui 2007; Maji et al., 2007; McEvoy et al., 2008; Lucchetti et al., 2008; Bejarano et al., 2009; Caravello et al., 2009; Leviyang, 2010].

В исследовании, проведенном Yuan Yi-Da et al [2000], показано, что у китайцев-хань насчитывается более 3000 фамилий и каждую фамилию можно оценивать как специфический маркер, наследуемый по мужской линии. Анализ распределения фамилий в разных районах Китая на протяжении длительного времени (начиная от времени династий Сонг и Мин в 10-14 вв. до настоящего времени) выявил исторически стабильное преобладание в разных регионах Китая определен-



ных фамилий. Обнаружены две группы фамилий – частые (примерно 5% от всех фамилий, они характерны для 95 % населения) и редкие (95% фамилий, характерны для 5% населения). Фамилии первой группы распределены по всему Китаю и указывают на связь между разными регионами страны, тогда как редкие фамилии, напротив, характеризуют отдельные регионы Китая [Yuan Yi-Da et al, 2000].

По данным частот 126485 фамилий среди 2.4 млн. человек, полученных в работах Barrai et al [2002], было проведено изучение генетической структуры населения 226 городов Нидерланд. Авторами была построена дендрограмма, на которой анализируемые голландские города дифференцируются на несколько групп, большинство из которых соответствует традиционным голландским областям. Коэффициент корреляции между генетическими и географическими расстояниями составил 0.47 ± 0.006 . Показано, что изоляция расстоянием в Нидерландах выражена слабее, чем в Швейцарии, Австрии, Италии и Германии. Также отмечается, что значения инбридинга по исследуемым голландским популяциям отличаются незначительно.

На основе изучения распределения фамилий среди 26.2 млн. человек, проживающих в 2094 городах 125 регионов 8 стран Западной Европы [Scapoli et al., 2007] установлено, что значения инбридинга (F_{st}) было самым высоким в испанских регионах, а самым низким во Франции. Авторами была построена дендрограмма, в которой кластеры, образованные 125 исследуемыми регионами, соответствовали их этническим характеристикам. В работе отмечается связь популяционной структуры, оцененной на основе фамилий, с лингвистическими особенностями изученного населения. Установлен значимый коэффициент корреляции (0.610 ± 0.009) между генетическими расстояниями Нея и географическими расстояниями.

Фамилии использовались для изучения генетической структуры Албанской популяции [Mikerezi et al., 2003]. Показано, что важное значение в детерминации генетической структуры албанской популяции имели изоляция расстоянием и генетический дрейф.

В работе Madrigal et al. [2001] представлены результаты популяционно-генетического исследования двух групп населения, живущих в Коста Рика. На основе данных о частотах фамилий среди 375 индивидуумов был рассчитан уровень подразделенности F_{st} . Для испанской группы он составил 0.00558, для афро-лимоненской группы – 0.05137. Высокий уровень подразделенности афро-лимоненской группы, по мнению авторов, является результатом длительной изоляции Коста Рика.

Следует отметить, что интерес к фамилиям у генетиков в последнее время усилился – благодаря сопряженности фамилий и Y хромосомы, которые должны наследоваться параллельно по отцовской линии и действительно, нередко ведут себя согласованно [Балановская Е.В. и др., 2007].

В настоящее время выделяется два направления исследований в этой области:

1) изучение связи конкретной фамилии и генотипа;

2) изучение сопряженности фамилий и Y хромосомы, направленное на анализ генетических различий между популяциями, различающихся по происхождению фамилий. К настоящему времени с использованием фамилий и Y-хромосомы изучено множество зарубежных популяций: колумбийских [Gomez et al, 2008,] ирландских [McEvoy et al, 2006a,b], английских [Sykes et al, 2000; Bowden et al, 2008; King et al, 2009 a, b], португальских (Азорские острова) [Santos et al, 2005], голландских [Manni et al, 2005, 2008], аргентинских [Bronberg et al, 2009] и др. [Legay et al, 2000; Jobling, 2001; Morelli et al, 2002; Trumme et al, 2004; Deng et al, 2007].

В работе [Sykes et all, 2000] показано преимущественное распределение отдельных гаплотипов Y-хромосомы среди мужского населения Англии, являющегося носителем одной фамилии. Авторами установлено, что 43.8% мужчин с фамилией “Сикс” имеют гаплотип 15-23-11-14 микросателлитов Y-хромосомы, а следующий по частоте гаплотип встречается с частотой в 4 раза реже. Это позволило авторам оценить время жизни основателя гаплотипа.

Среди 1125 мужчин, имеющих 43 различные фамилии в Ирландии, было изучено 17 STR локусов Y-хромосомы. На основе анализа гаплотипов Y-хромосомы установлено, что ирландские фамилии, встречающиеся в настоящее время с высокой частотой, такие как O’Sullivan и Ryan имеют общего предка, тогда как другие - Murphy и Kelly имели многочисленных основателей [McEvoy et al, 2006a,b].

В работе Zei et al [2003] исследуется население Сардинии. Выборка подразделяется по месту происхождения сардинских фамилий, которое определяется областями Сардинии с максимальными частотами данной фамилии и историческими источниками. Анализируемые фамилии были отнесены к трем историко-географическим зонам Сардинии и показаны генетические различия между популяциями, фамилии которых принадлежат к разным регионам.

В работах отечественных исследователей в качестве источника получения информации о фамилиях, как правило, выступают списки избирателей [Ельчинова и др., 2004, 2006, 2009; Иванов и др., 1998; Балановская и др., 2000, 2005, 2007; Балановский и др. 2001], данные родословных [Почешхова и др., 2008], реже – посемейные списки из домовых книг (похозяйственные списки сельсоветов [Пасеков, 1975; Ревазов. и др., 1979; Почешхова и др., 2008]. Как показывают результаты этих исследований использование фамилий из списков избирателей позволяет корректно описывать генетическую структуру многочисленных подразделенных популяций, так как они охватывают значительную часть населения. Однако перед исследователями довольно часто возни-

кают вопросы, касающиеся того, как получить необходимую информацию – списки избирателей. Нередко в силу ряда объективных и субъективных причин это достаточно сложно.

В значительном количестве работ, проведенных зарубежными исследователями, базой данных для анализа распределения фамилий среди населения послужили телефонные справочники. Данный подход использовался для изучения популяционно-генетических характеристик населения Европы [Legay et al., 2000; Barral et al., 1999, 2000, 2002, 2004; Rodriguer-Larralde et al., 2003; Scapoli et al., 2005, 2007], Америки [Barral et al., 2001; Rodriguer-Larralde et al., 2007], азиатского региона [Taylor et al., 2009] и др. [Branco et al., 2003] Очевидно, что, получить фамилии из телефонных справочников значительно проще.

Масштабные популяционно-генетические исследования с использованием фамилий телефонных абонентов проведены Barral I. и др. [Barral et al., 1999, 2001, 2002, 2004; Rodriguer-Larralde et al., 2003, 2007; Scapoli et al., 2005] в различных регионах мира (США, Италия, Австрия, Нидерланды, Испания, Бельгия, Франция).

На основе изучения распределения 899585 фамилий среди 18 млн. жителей изучены генетические характеристики населения 247 городов в 48 штатах США. Показано, что значения инбридинга были выше в южно-центральной области США по сравнению с прибрежными областями, особенно на Восточном побережье. Установлен значимый коэффициент корреляции между генетическими расстояниями, рассчитанными по частотам фамилий и географическими расстояниями (0.21 ± 0.01) [Barral et al., 2001].

По данным о частотах 215623 фамилий среди 5043580 телефонных абонентов, проведено изучение генетической структуры населения в 123 городах Италии, удаленных друг от друга на различные расстояния – от 5 км до 1136 км [Barral et al., 1999]. Авторами была построена дендрограмма, на которой анализируемые итальянские города образовывали 5 групп кластеров: первый кластер включал города южной части страны, второй города, расположенные около центра страны, третий города северной части Италии. Коэффициент корреляции между генетическими и географическими расстояниями составил 0.63:10.008. Показано, что изоляция расстоянием в Италии выражена сильнее, чем в Швейцарии и Германии. Также отмечается, что значения инбридинга были выше в южных районах Италии по сравнению) с северными [Barral et al., 1999]. Аналогичное исследование было проведено в Австрии, где на основе распределения 140766 фамилий среди 1081002 телефонных абонентов, проживающих в 120 городах, было выделено пять главных групп кластеров: первая группа кластеров включала города центральной части страны, вторая города северной части Австрии, в третью и четвертую группу вошли города северо-восточного и западного регионов страны, соответственно, и отдельную небольшую пятую группу образовывали города, расположенные на границе со Словенией. Установлена значимая корреляция между генетическими и географическими расстояниями ($0.56510.011$) [Barral et al., 2000]. Авторами делается вывод о том, что изоляция расстоянием в Австрии выражена сильнее, чем в Германии, но меньше, чем в Италии, Швейцарии и Венесуэле.

Следует отметить, что в доступной нам литературе мы не встретили ни одной работы, посвященной анализу возможности использования фамилий телефонных абонентов для популяционно-генетического изучения населения России.

Благодарности

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РГНФ № 15-16-31003 «Изучение истории формирования населения Белгородской области».

Список литературы References

- Ельчинова Г.И., Кривенцова Н.В. 2004. Методы обработки популяционно-генетических данных: списки избирателей. Медицинская генетика. 3 (5): 220-225.
 El'chinova G.I., Kriventsova N.V. 2004. Metody obrabotki populyatsionno-geneticheskikh dannykh: spiski izbirateley. [Processing methods of population-genetic data: the voter lists] Meditsinskaya genetika. 3 (5): 220-225. (in Russian)
- Ельчинова Г.И., Кривенцова Н.В., Амелина С.С. Шокарев Р.А., Зинченко Р.А. 2006. Медико-генетическое изучение населения Ростовской области: анализ распределения фамилий в семи районах. Генетика. 42 (4): 558-565.
 El'chinova G.I., Kriventsova N.V., Amelina S.S. Shokarev R.A., Zinchenko R.A. 2006. Mediko-geneticheskoe izuchenie naseleniya Rostovskoy oblasti: analiz raspredeleniya familiy v semi rayonakh. [Medical and genetic study of the population of the Rostov area: the analysis of the distribution of surnames in seven districts] Genetika. 42 (4): 558-565. (in Russian)
- Ельчинова Г.И., Тереховская И.Г., Осетрова А.А., Порядина О.А., Зинченко Р.А. 2009. Распределение фамилий и случайный инбридинг в Кировской области. Генетика. 45 (10): 1411-1419.
 El'chinova G.I., Terexovskaya I.G., Osetrova A.A., Porjadina O.A., Zinchenko R.A. 2009. Распределение фамилий и случайный инбридинг в Кировской области. Генетика. 45 (10): 1411-1419. (in Russian)

- El'chinova G.I., Terekhovskaya I.G., Osetrova A.A., Poryadina O.A., Zinchenko R.A.. 2009. Raspredelenie familiy i sluchaynyy inbreeding v Kirovskoy oblasti. [Distribution of surnames and random inbreeding in the Kirov region] Genetika. 45 (10): 1411-1419. (in Russian)
- Иванов В.П., Чурносов М.И., Кириленко А.И. 1998. Распределение фамилий в сельских районах Курской области. Генетика. 1998. 32 (8): 1114-1119.
- Ivanov V.P., Churnosov M.I., Kirilenko A.I. 1998. Raspredelenie familiy v sel'skikh rayonakh Kurskoy oblasti. [Distribution of surnames in rural areas of Kursk region] Genetika. 1998. 32 (8): 1114-1119. (in Russian)
- Балановская Е.В., Балановский О.П. 2007. Русский генофонд на Русской равнине. М.: Луч, 416.
- Balanovskaya E.V., Balanovskiy O.P. 2007. Russkiy genofond na Russkoy ravnine. [Russian gene pool of the Russian Plain] M.: Luch, 416. (in Russian)
- Балановская Е.В., Почепхова Э.А., Балановский О.П., Гинтер Е.К. 2000. Геногеографический анализ подразделенной популяции II. География случайного инбридинга (по частотам фамилий у адыгов). Генетика. 36 (8): 1126 – 1139.
- Balanovskaya E.V., Pocheshkhova E.A., Balanovskiy O.P., Ginter E.K. 2000. Genogeograficheskiy analiz podrazdelennoy populatsii II. Geografiya sluchaynogo inbreedinga (po chastotam familiy u adygov). [Genogeographical analysis subdivided population II. Geography random inbreeding (the frequencies of names from Circassians)] Genetika. 36 (8): 1126 – 1139. (in Russian)
- Балановская Е.В., Соловьева Д.С., Балановский О.П., Чурносов М.И., Сорокина И.Н., Евсеева И.В., Аболмасов Н.Н., Почепхова Э.А., Серегин Ю.А., Пшеничнов А.С. 2005. "Фамильные портреты" пяти русских регионов. Медицинская генетика. (1): 2-10.
- Balanovskaya E.V., Solov'eva D.S., Balanovekiy O.P., Churnosov M.I., Sorokina I.N., Evseev I.V., Abolmasov N.N., Pocheshhova E.A., Seregin Y.A., Pshenichnov A.S. 2005. "Famil'nye portrety" pyati russkikh regionov. ["Family portraits" of five Russian regions] Meditsinskaya genetika. (1): 2-10. (in Russian)
- Балановский О.П., Бужилова А.П., Балановская Е.В. 2001. Русский генофонд. Геногеография фамилий. Генетика. 37 (7): 974-990.
- Balanovskiy O.P., Buzhilova A.P., Balanovskaya E.V. 2001. Russkiy genofond. Genogeografiya familiy. [Russian gene pool. Genogeography names] Genetika. 37 (7): 974-990. (in Russian)
- Пасеков В.П., Ревазов А.Л. 1975. К популяционной генетике населения Европейского Севера. Сообщение I. Данные по структуре шести деревень Архангельской области. Генетика. 11 (7): 145-154.
- Pasekov V.P., Revazov A.L. 1975. K populatsionnoy genetike naseleniya Evropeyskogo Severa. Soobshenie I. Dannye po strukture shesti dereven' Arkhangel'skoy oblasti. [By population genetics of the population of the European North. Posted I. Data on the structure of the six villages of the Arkhangelsk region] Genetika. 11 (7): 145-154. (in Russian)
- Почепхова Э.А., Балановская Е.В., Серегин Ю.А., Голубцов В.И., Балановский О.П. 2008. Динамика генофонда во времени по данным о фамилиях и родословных. Медицинская генетика. 7 (8): 25-29.
- Pocheshkhova E.A., Balanovskaya E.V., Seregin Yu.A., Golubtsov V.I., Balanovskiy O.P. 2008. Dinamika genofonda vo vremeni po dannym o familiyakh i rodoslovnykh. [The dynamics of the gene pool over time according to the names and pedigrees] Meditsinskaya genetika. 7 (8): 25-29. (in Russian)
- Ревазов А.А., Козаченко К.П., Тарлычена Л.В., Филиппов И.К. 1979. К популяционной генетике населения европейского Севера РСФСР. Сообщение 3. Демографические и генетические характеристики двух сельских Советов Пинежского района Архангельской области. Генетика. 15 (5): 917-926.
- Revazov A.A., Kozachenko K.P., Tarlychena L.V., Filippov I.K. 1979. K populatsionnoy genetike naseleniya evropeyskogo Severa RSFSR. Soobshchenie 3. Demograficheskie i geneticheskie kharakteristiki dvukh sel'skikh Sovetov Pinezhskogo rayona Arkhangel'skoy oblasti. [By population genetics of the population of the European North of the RSFSR. Message 3. Demographic and genetic characteristics of two rural councils Pinega District of the Arkhangelsk Region] Genetika. 15 (5): 917-926. (in Russian)
- Сорокина И.Н., Лепендина И.Н., Рудых П.А., Верзилина А.В., Чурносов М.И. 2010. Фамилии как квазигенетические маркеры при популяционно-генетических исследованиях. Научные ведомости БелГУ. Серия медицина. Фармация. 22 (93) (12): 72-79.
- Sorokina I.N., Lependina I.N., Rudykh P.A., Verzilina A.V., Churnosov M.I. 2010. Familii kak kvazigeneticheskie markery pri populatsionno-geneticheskikh issledovaniyah. [Names like kvazigeneticheskie markers in population genetic studies] Nauchnye vedomosti Bel GU. Seriya meditsina. Farmatsiya. 22 (93) (12): 72-79. (in Russian)
- Сорокина И.Н., Балановская Е.В., Чурносов М.И. 2007а. Генофонд населения Белгородской области. I. Дифференциация всех районных популяций по данным антропонимии. Генетика. 43 (6): 841-849.
- Sorokina I.N., Balanovskaya E.V., Churnosov M.I. 2007a. Genofond naseleniya Belgorodskoy oblasti. I. Differentsiatsiya vsekh rayonnykh populatsiy po dannym antroponimik. The gene pool of the population of the Belgorod region. I. Differentiation all district populations according antroponimii] Genetika. 43 (6): 841-849. (in Russian)
- Сорокина И.Н., Чурносов М.И., Балановская Е.В. 2007б. Генофонд населения Белгородской области. II. "Фамильные портреты" в группах районов с разным уровнем подразделенности и роль миграций в их формировании. Генетика. 43 (8): 1120-1128. [
- Sorokina I.N., Churnosov M.I., Balanovskaya E.V. 2007b. Genofond naseleniya Belgorodskoy oblasti. II. "Famil'nye portrety" v gruppakh rayonov s raznym urovнем podrazdelennosti i rol' migrantsiy v ikh formirovaniyi. [The gene pool of the population of the Belgorod region. II. "family portraits" in groups of areas with different levels of subdivision and the role of migration in their formation] Genetika. 43 (8): 1120-1128. (in Russian)
- Сорокина И.Н., Чурносов М.И., Балановская Е.В. 2009б. Генофонд населения Белгородской области. Описание "генетического" ландшафта 22 районных популяций. Генетика. 45 (5): 700-710.
- Sorokina I.N., Churnosov M.I., Balanovskaya E.V. 2009b. Genofond naseleniya Belgorodskoy oblasti. Opisanie "geneticheskogo" landschafta 22 rayonnykh populatsiy. [The gene pool of the population of the Belgorod region. Description of "genetic" landscape 22 district populations] Genetika. 45 (5): 700-710. (in Russian)
- Сорокина И.И., Чурносов М.И., Балановская Е.В. 2009а. Генофонд населения Белгородской области. Динамика генетических соотношений популяций за последние 50 лет. Генетика. 45 (4): 555-563.

Sorokina I.I., Churnosov M.I., Balanovskaya E.V. 2009a. Genofond naseleniya Belgorodskoy oblasti. Dinamika geneticheskikh sootnosheniy populyatsiy za poslednie 50 let. [The gene pool of the population of the Belgorod region. Dynamics of genetic relationships of populations over the last 50 years] Genetika. 45 (4): 555-563. (in Russian)

Чурносов М.И., Сорокина И.Н. 2010. Моделирование генетического ландшафта населения юга Центральной России. Научные ведомости БелГУ. Серия: Медицина. Фармация. 10 (81) (10): 36 -41.

Churnosov M.I., Sorokina I.N. 2010. Modelirovaniye geneticheskogo landshafta naseleniya yuga Tsentral'noy Rossii. [Modeling the genetic landscape of the population of the south of Central Russia] Nauchnye vedomosti BelGU. Seriya: Meditsina. Farmatsiya. 10 (81) (10): 36 -41. (in Russian)

Сорокина И.Н., Крикун Е.Н. 2015. "Фамильный портрет" районных популяций Белгородской области. Научные ведомости БелГУ. Серия: Медицина. Фармация. 10 (207) (30): 113-120.

Sorokina I.N., Krikun E.N. 2015. "Famil'nyy portret" rayonnykh populyatsiy Belgorodskoy oblasti. ["Family portrait" of regional populations of the Belgorod region] Nauchnye vedomosti BelGU. Seriya: Meditsina. Farmatsiya. 10 (207) (30): 113-120. (in Russian)

Сорокина И.Н. 2014. Опыт применения фамилий в популяционно-генетических исследованиях. Научные ведомости БелГУ. Серия: Медицина. Фармация. 11 (182) (26): 214-218.

Sorokina I.N. 2014. Opyt primeneniya family v populyatsionpo-geneticheskikh issledovaniyah. [Experience in the use of surnames in the population genetic studies] Nauchnye vedomosti BelGU. Seriya: Meditsina. Farmatsiya. 11 (182) (26): 214-218. (in Russian)

Barrai I., Rodriguez-Larralde A., Manni F., Scapoli C. 2002. Isonomy and isolation by distance in Netherlands. Ann. Human Biol. 74 (2): 263 -283.

Barrai I., Rodriguez-Larralde A., Manni F., Ruggiero V., Tartari D., Scapoli C. 2004. Isolation by language and distance in Belgium. Ann. Hum Genet. 68 (1): 1-16.

Bedoya G., Garcia J., Montoya P., Rojas W., Amézquita M.E., Soto I., López M.C., Ospina-Duque J., Ruiz-Linares A. 2006. Isonomy analysis between 2 populations in northwestern Colombia. Biomedica. 26 (4): 538- 545.

Bejarano I.F., Dipierri J.E., Andrade A., Alfaro E.I.. 2009. Geographic altitude, surnames, and height variation of Jujuy (Argentina) conscripts. Am. J. Phys. Anthropol. 138 (2): 158-163.

Boattini A., Calboli F.C., Blanco Villegas M.J., Gueresi P., Franceschi M.G., Paoli G., Cavicchi S., Pettener D. 2006. Migration matrices and surnames in populations with different isolation patterns: Val di Lima (Italian Apennines), Val di Sole (Italian Alps), and La Cabrera (Spain). Am. J. Hum. Biol. 18 (5): 676-690.

Bowden G.R., Balaresque P., King T.E., Hansen Z., Lee A.C., Pergl-Wilson G., Hurley E., Roberts S.J., Waite P., Jesch J., Jones A.L., Thomas M.G., Harding S.E., Jobling M. 2008. Excavating past population structures by surname-based sampling: the genetic legacy of the Vikings in northwest England. Mol. Biol. Evol. 25 (№2): 301-309.

Branco C.C., Mota-Vieira I. 2003. Population structure of Sao Miguel Island, Azores: a surname study. Hum. Biol. 75 (6): 929 -939.

Bronberg R.A., Dipierri J.E., Alfaro E.I., Barrai I., Rodríguez-Larralde A., Castilla E.E., Colonna V., Rodríguez-Arroyo G., Bailliet G. 2009. Isonomy structure of Buenos Aires city Hum. Biol. 81 (4): 447 461.

Cabral R., Branco C.C., Costa S., Caravello G., Tasso M., Peixoto B.R., Mota-Vieira L. 2005. Geography of surnames in the Azores: specificity and spatial distribution analysis. Am. J Hum. Biol. V.17 (5): 634 645.

CaravelloG., Tasso M. 2002. Use of surnames for a demo-ecological analysis: a study in southwest Sardinia. Am. J. Phys. Anthropol. V.14 (3): 391-397.

Caravello G., Tasso M., Pizzetti P., Luehetti E. 2009. Distribution of surnames over the Alto Adige Südtirol region according to local geographic, historical and linguistic features. Anthropol. Anz. V.67(2): 165-180.

Caravello G.U., Tasso M. Surnames as alleles: spatial distribution of surnames in a province of the Italian Alps. J. Biosoc. Sci. 2007. V.39 (3): 409-419.

Chakraborty R., Barton S.A., Ferrell R.E., Schull W.J. 1989. Ethnicity determination by names among the Aymara of Chile and Bolivia. Hum. Biol. V.61 (2): 159-177.

Colantonio S.E., Fuster V., Kiiffer C. 2007. Isonymous structure in the white population of Cordoba, Argentina, in 1813. Hum. Biol. V.79 (5): 491-500.

Colantonio S.E., Fuster V., Marellino A.J. 2006. Class endogamy, inbreeding and migration during the Argentinean colonial period: analysis based on individuals of European ancestry. Anthropol. Anz. V.64 (3): 311-319.

Crow J.F. 1983. Surnames as biological marker. Hum. Biol. V.55 (2): 383-397.

De Silvestri A., Guglielmino C.R. 2004. Sicilian provinces: population subdivisions revealed by surname frequencies. Hum. Biol. V.76 (6): 901-920.

Deng Z.H., Li Q., Wang D.M., Gao S.Q., Zeng J.Q. 2007. Genetic polymorphisms of Y-STR haplotypes in unrelated male blood donors from the surname of Li, Wang and Zhang population in Shenzhen. Yi Chuan. V.29(11): 1336-1344.

Esparza M., Garcia-Moro C., Hernandez M. 2006. Genetic relationships between parishes in the Ebro delta region (Spain) as estimated by migration matrix and surnames. Hum. Biol. V.78 (6): 647-662.

Gomez A., Avila S.J., Briceno I. 2008. Correlation analysis of surnames and Y-chromosome genetic heritage in 3 provinces of southwestern Colombi. Biomedica. V.28 (3): 357-370.

Guglielmino C.R., Silvestri A. De, Rossi A., De Micheli V. 1998. Surnames, HLA genes and ancient migrations in the Po Valley (Italy). Ann. Hum. Genet. V.62 (3): 261-269.

Hui D. The 'hundred surnames' of China run into thousands. Nature. 2007. V. 2 (448(7153)): 533.

Imazumi Y., Kaneko R. 1997. Surname and consanguineous marriages in Japan. J. Biosoc. Sci. V.29(4): 401- 413.

Immell U.D., Krawezak M., Udolph J., Richter A., Rodig H., Kleiber M., Klantschar M. 2006. Y-chromosomal STR haplotype analysis reveals surname-associated strata in the East-German population. Eur. J. Hum. Genet. V.14 (5): 577-582.

Jobling M.A. 2001. In the name of the father: surnames and genetics. Trends Genet. V.17 (6): 353-357.

King T.E., Jobling M.A. 2009 a. Founders, drift, and infidelity: the relationship between Y chromosome diversity and patrilineal surnames. Mol. Biol. Evol. V. 26 (5): 1093 1102.



- King T.K., Jobling M.L. 2009 b. What's in a name? Y chromosomes, surnames and the genetic genealogy revolution. *Trends Genet.* V.25 (8): 351-360.
- Legay J.M., Vernay M. 2000. The distribution and geographical origin of some French surnames. *Am. Hum. Biol.* V.27 (6): 587-605.
- Leviyang S. 2010. The distribution of Fst and other genetic statistics for a class of population structure models. *J. Math Biol.* V.26.'
- Long J.C., Smouse P.E., Wood J.W. 1987. The Allelic correlation structure of Gainj- and Kalam-speaking people. II. The genetic distance between population subdivisions. *Genetics.* V. 117: 273-283.
- Long J.C. 1986. The allelic correlation structure of Gainj and Kalam speaking people. 1. The estimation and interpretation of Wright's F-statistics. *Genetics.* V.112: 629-643.
- Lucchetti E., Tasso M., Pizzetti P., DE Iasio S., Caravello G.U. 2008. Similarities in the surnames of island and continental populations of the north western Mediterranean area. *J. Biosoc Sci.* V.40 (3): 359-377.
- Madrigal L., Ware R., Miller R., Saenz G., Chavez M., Dykes D. 2001. Ethnicity, gene flow, and population subdivision in Limon, Costa Rica. *Am. J. Phys. Anthropol.* V.114 (2): 99-108.
- Maji S., Krithika S., Vasulu T.S. 2007. Genetic kinship among an isolated Adi tribe of Arunachal Pradesh: isonymy in the Adi Panggi. *Hum. Biol.* V.79 (3): 321-337.
- Manni F., Heeringa W., Toupance B., Nerbonne J. 2008. Do surname differences mirror dialect variation? *Hum. Biol.* V.80 (1): 41-64.
- Manni F., Toupance B., Sabbagh A., Heyer K. 2005. New method for surname studies of ancient patrilineal population structures, and possible application to improvement of Y-chromosome sampling. *Am. J. Phys. Anthropol.* V.126 (2): 214-228.
- McFvoy B., Bradley D.G. 2006 a. Y-chromosomes and the extent of patrilineal ancestry in Irish surnames. *Hum. Genet.* V.119 (1-2): 212-219.
- McEvoy B., Brady C., Moore L.T., Bradley D.G. 2006 b. The scale and nature of Viking settlement in Ireland from Y chromosome admixture analysis. *Eur. J. Hum. Genet.* V.14 (12): 1288-1290.
- McFvoy B., Simms K., Bradley D.G. 2008. Genetic investigation of the patrilineal kinship structure of early medieval Ireland. *Ann. J. Phys. Anthropol.* V.136 (4): 415 -422.
- Mieke T.H., Workman P.L., Feliman G.O., Eriksson A.W. 1976. Population structure of the Aland Islands. Finland. *Adv. Hum. Genet.* V.6: 241-321.
- Mikerezi I., Pizzetti P., Lucchetti E., Ekonomi M. 2003. Isonymy and genetic structure of Albanian populations. *Coll. Antropol.* V.27 (2): 507-514.
- Morelli L., Paoli G., Francalacci P. 2002. Surname analysis of the Corsican population reveals an agreement with geographical and linguistic structure. *J. Biosoc. Sci.* V.34 (3): 289-301.
- Nei M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A.* V. 70(12): 3321-3323.
- Nei M. 1977. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Am. Hum. Genet.* V.41: 225-233.
- Rodriguez-Larraide A., Barrai I. 1997. Isonymy structure of Sucre and Tachira, two Venezuelan states. *Hum. Biol.* V.69 (5): 715-731.
- Rodriguez-Larraide A., Barrai I., Nesti C., Mamolini E., Scapoli C. 1998b. Isonymy and isolation by distance in Germany. *Am. Human. Biol.* V.70 (6): 1041-1056.
- Rodriguez- Larralde A., Gonzales-Martin A., Seapoli C., Barrai I. 2003. The names of Spain: a study of the isonymy structure of Spain. *Am. J. Phys. Anthropol.* V.121 (3): 280-292.
- Rodriguez-Larraide A., Morales J., Barrai I. 2000. Surnames frequency and the isonymy structure of Venezuela. *Am. Human. Biol.* V.12 (3): 352 -362.
- Rodriguez-Larraide A., Scapoli C., Mamolini E., EBarrai I. 2007. Surnames in Texas: a population study through isonymy. *Hum. Biol.* V.79 (2): P. 215-239.
- Sanna E., Melis M., Floris G. 2001. Coefficient of relationship by isonymy between 14 Sardinian villages in the periods 1800-1824 and 1950-1974. *Z. Morphol. Anthropol.* V.83 (1): 117-127.
- Santos C., Abade A., Cantons J., Mayer F.M., Aluja M.P., Lima M. 2005. Genetic structure of Flores island (Azores, Portugal) in the 19th century and in the present day: evidence from surname analysis. *Hum. Biol.* V. 77 (3): 317-341.
- Scapoli C., Goebl H., Sobota S., Mamolini E., Rodriguez-Larraide A., Barrai I. 2005. Surnames and dialects in France: population structure and cultural evolution. *Theor. Popul. Biol.* V.7 (1): 75-86.
- Scapoli C., Mamolini E., Carrieri A., Rodriguez-Larraide A., Barrai I. 2007. Surnames in Western Europe: a comparison of the subcontinental populations through isonymy. *Theor. P. Biol.* V.71 (1): 37-48.
- Sykes B., Irven C. 2000. Surnames and the Y Chromosome. *Am. J. Hum. Genet.* V.6: 1417-1419.
- Tasso M., Lucchetti E., Pizzetti P., Vidovic M., Caravellopoul o G.U. 2005. Distribution of surnames and linguistic-cultural identities in Western Slovenia. *Coll. Antropol.* V.29 (1): 327-336.
- Tavares-Neto I., Azevedo E.S. 1978. Family names and ABO blood group frequencies in a mixed population of Bequia. *Hum. Biol.* V.5 (3): 361.
- Taylor V.M., Nguyen T.T., Hoai Do H., Li L., Yasui Y. 2009. Lessons Learned from the Application of a Vietnamese Surname List for Survey Research. *J. Immigr. Minor. Health.* V. 2.
- Trumme T., Herrmann B., Hummel S. 2004. Genetics in genealogical research-reconstruction of a family tree by means of Y-haplotyping. *Anthropol. Anz.* V.62 (4): 379-386.
- Yuan Y.D., Zhang C., Yang Ming H. 2000. Population genetics of Chinese surnames. I. Surname frequency distribution and genetic distribution and genetic diversity in Chinese. *Aeta. genet. Sin.* V. 27(6): 471-476.
- Zei G., Guglielmino C.R., Siri E., Moroni A., Cavalli-Sforza L.L. 1983. Surnames as neutral alleles: Observations in Sardinia. *Hum. Biol.* V.55 (2): 357- 365.
- Zei G., Lisa A., Fiorani O., Magri C., Quintana-Murci L., Semino O., Santachiara-Benerecetti A.S. 2003. From surnames to the history of Y chromosomes: the Sardinian population as a paradigm. *Eur. J. Hum. Genet.* V.11 (10): 802.