

ИЗОНИМИЯ КАК ПОКАЗАТЕЛЬ ИНБРИДИНГА В ДЕТСКИХ ПОПУЛЯЦИЯХ ЯМАЛЬСКОЙ И ГЫДАНСКОЙ ТУНДРЫ

© С.Л. Аврусин¹, В.Г. Часнык¹, И.В. Солодкова¹, Е.В. Синельникова¹, Я.Н. Бобко¹, Т.Е. Бурцева²

¹ГБОУ ВПО «Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет» Минздрава России;

²Учреждение РАМН «Якутский научный центр комплексных медицинских проблем» СО РАМН, Якутск

Резюме. Известно, что под термином «инбридинг» понимают производство потомства родителями, состоящими в близком родстве. В результате инбридинга в популяции увеличивается количество гомозигот и, соответственно, уменьшается количество гетерозигот, что ухудшает качество популяции (инбридинг-депрессия), поскольку увеличивает вероятность того, что потомство будет страдать от болезней, ассоциированных с рецессивными генами. В изолированных популяциях со временем происходит выбраковка индивидов, получивших вследствие инбридинга неблагоприятные признаки (Kirkpatrick et al., 2000). Уменьшение генетического разнообразия в результате инбридинга приводит, как правило, к тому, что индивид и популяция теряют способность к адаптации к изменяющимся условиям внешней среды, поскольку многие функции организма генетически детерминированы. Простейшие статистические расчеты указывают на то, что все люди являются родственниками. Коэффициент инбридинга может быть определен при анализе генеалогических деревьев путем подсчета количества предков до общего предка обоих родителей. *Целью исследования* было определение коэффициента инбридинга по оценке изонимии в детской популяции ненцев и хантов ямальской и гыданской тундр Ямало-Ненецкого автономного округа. Структура изонимии у жителей гыданской и ямальской тундр была анализирована по распределению фамилий у 2043 детей, живущих в поселках, и у жителей тундр, приписанных к интернатам, расположенным в поселках Салемал, Панаевск, Яр-Сале, Новый Порт и Гыда. Коэффициент инбридинга рассчитывали по брачной изонимии с использованием подхода Crow, Mange (1965). В ходе исследования определена ожидаемая частота изонимичных браков для отдельных фамилий ненцев и хантов, проживающих в ярсалинской, салемальской, панаевской, ново-портовской и гыданской тундрах. В гыданской тундре для одной из фамилий, не входящей в список наиболее распространенных ни в одном из обследованных поселков, зафиксирована рекордная ожидаемая частота изонимичных браков — 0,189. Значения коэффициентов случайного инбридинга в популяциях ямальской и гыданской тундр колеблются в диапазоне 0,02 – 0,058, что существенно выше, чем, например, в модельном районе Якутии (0,0007) (Кучер и соавт., 2010) и в Кировской области (0,00321 – 0,01063) (Кадышев, 2011). Наибольшее значение коэффициента случайного инбридинга (0,058) — третье по величине из опубликованных к настоящему времени в мире — зарегистрировано нами у жителей гыданской тундры.

Ключевые слова: анализ изонимии; дети; коэффициент инбридинга; коренные малочисленные народности севера России; Ямало-Ненецкий автономный округ.

ВВЕДЕНИЕ

Известно, что под термином «инбридинг» понимают производство потомства родителями, состоящими в близком родстве [27]. В результате инбридинга в популяции увеличивается количество гомозигот и, соответственно, уменьшается количество гетерозигот, что ухудшает качество популяции (инбридинг-депрессия) [21, 31], поскольку увеличивает вероятность того, что потомство будет страдать от болезней, ассоциированных с рецессивными генами. Например, непараметрический коэффициент корреляции между грузом аутосомно-доминантной наследственной изолированной офтальмопатии и коэффициентом случайного инбридинга F_I составил $0,98 \pm 0,09$, а между значениями случайного инбридинга F_I и отягощенностью популяции аутосомно-рецессивной наследственной изолированной офтальмопатии он составил $0,70 \pm 0,36$ [5].

В изолированных популяциях со временем происходит выбраковка индивидов, получивших вследствие инбридинга неблагоприятные признаки

[17, 34]. Уменьшение генетического разнообразия в результате инбридинга приводит, как правило, к тому, что индивид и популяция теряют способность к адаптации к изменяющимся условиям внешней среды, поскольку многие функции организма генетически детерминированы.

Хотя инбридинг изменяет частоту генотипов по сравнению с расчетной по уравнению Hardy–Weinberg, предполагающему случайное образование пар родителей, он не изменяет частоты аллелей.

Инбридинг рассчитывают, как долю вероятности двух аллелей быть идентичными вследствие происхождения от одного предка. Эта доля называется коэффициентом инбридинга. Таким образом, коэффициент инбридинга — мера вероятности того, что индивид имеет идентичные аллели из-за наличия общих предков.

Генетическая структура человеческой популяции может быть описана в терминах инбридинга внутри ее субпопуляций и обмена генами между субпопуляциями [42, 51]. Если так, то паттерн структуры популяции может быть представлен в виде распре-

деления коэффициентов генетических расстояний или коэффициентов родства (коэффициента инбридинга) внутри каждой субпопуляции или между всеми возможными парами субпопуляций.

Простейшие статистические расчеты указывают на то, что все люди являются родственниками. Коэффициент инбридинга может быть определен при анализе генеалогических деревьев путем подсчета количества предков до общего предка обоих родителей. При этом может использоваться метод пути (path method) или табличный метод (tabular method), в том числе и в варианте James R. Hardiman [30], по сути, варианты, описываемые в наиболее общем виде формулой, предложенной в 1922 году [53, 54, 55]:

$$F_x = \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n+1} (1 + F_A) \right],$$

где F_x — коэффициент инбридинга индивида X , n — количество связей между родителями индивида X через общего предка, F_A — коэффициент инбридинга общего предка A .

На популяционном уровне средний коэффициент инбридинга рассчитывается усреднением коэффициентов инбридинга по всем парам.

В отличие от популяций, живших в древности — например, египтян и инков, поощрявших браки между братьями и сестрами правящей династии — все известные живущие в настоящее время человеческие сообщества категорически не приемлют инцеста (браков родителей с детьми и браков сибсов), но относятся значительно более лояльно к бракам двоюродных братьев и сестер. Поскольку фамилии передаются потомкам по отцовской линии, исследование их распространения является одним из способов изучения уровня инбридинга в популяции.

Как известно, фамилии являются, по сути, аллелями одного локуса [47].

В таком случае, распределение фамилий и их эволюция могут быть описаны в терминах теории нейтральных мутаций для конечной популяции [56].

В 1875 году сын Чарльза Дарвина — Джордж впервые попытался установить частоту близкородственных браков по совпадению фамилий [25, 35]. В 1965 году Crow и Mange развили эту методологию, обосновав введение в практику коэффициента инбридинга, используя в качестве этого обоснования известный математический аппарат. Таким образом, Crow и Mange предложили способ расчета коэффициентов инбридинга по частоте браков между индивидами, имеющими одну фамилию (изонимия) и показали, что уровень изонимии является марке-

ром инбридинга в популяции независимо от степени родства брака. Внедрение дополнительных методов анализа позволило расширить приложения метода изонимии на оценку генетического расстояния и динамики во времени [37, 38, 39, 44, 47, 48, 49, 50, 52].

С тех пор термин «изонимия», под которым понимаются браки, когда фамилии жениха и невесты одинаковы, стал широко использоваться в медицине. Crow и Mange, по сути, представили простые соображения, позволяющие рассчитать соотношение изонимии и коэффициента инбридинга для случаев близкородственных браков. Например, если невеста — двоюродная сестра жениха, то у них есть общие бабушка или дедушка. На рисунке 1 представлены все возможные комбинации родственных связей в этом случае. Но поскольку фамилия передается только по отцовской линии, то изонимичным будет только 1 брак из четырех — только тот, когда отцы жениха и невесты — братья.

Соответственно, в случае близкородственного брака второго уровня, только 1 из 16 вариантов является изонимичным. Ожидаемая частота изонимии прямо пропорциональна ожидаемому коэффициенту инбридинга. Так, если отношение изонимии у потомков первого уровня близкородственного родства (двоюродные сестры) = $1/4$ а у их детей — $1/16$, то отношение изонимии — $1/4$: $1/16 = 4$. Для браков второго и третьего уровней отношение изонимии тоже равно 4 ($1/16$: $1/64$; $1/64$: $1/256$ соответственно).

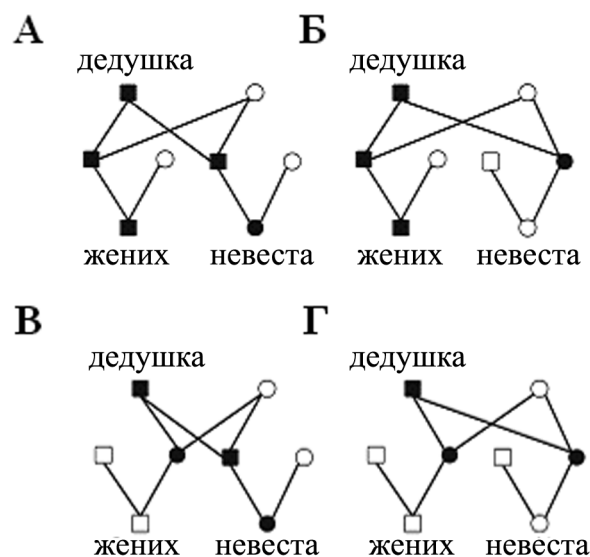


Рис. 1. Наследование фамилии в случае брака двоюродных родственников [40]. А. Отцы жениха и невесты — братья. Б. Отец жениха и мать невесты — брат и сестра. В. Мать жениха и отец невесты — сестра и брат. Г. Матери жениха и невесты — сестры

Таким образом, если нам известна общая частота изонимии в популяции, то мы можем определить для нее уровень инбридинга, используя простую формулу:

$$F = P/4,$$

где P — относительная частота изонимичных браков в популяции, F — коэффициент инбридинга. Коэффициент F может быть определен не только подсчетом числа изонимических браков, но также и подсчетом вероятности изонимии в конкретном поколении предков [47], т.е. простым подсчетом однофамильцев с учетом пола.

При принятии предположения о том, что уровень изонимии — простой маркер общности происхождения, можно различить случайный (F_r) и неслучайный (F_n) компоненты коэффициента инбридинга F .

Случайный компонент определяется тем, что даже при случайном выборе есть вероятность — тем большая, чем меньше численность популяции — выбрать генетически близкую пару. Неслучайный компонент определяется индивидуальными пристрастиями в выборе пары.

Для расчета случайного и неслучайного компонента надо знать ожидаемую (P_r) и действительную (P) частоту изонимичных браков. Действительная частота определяется по отношению изонимичных браков к общему количеству браков, а ожидаемая частота — по вероятности случайного выбора пары с такой же фамилией. Последнее рассчитывается по доле однофамильцев в парах мужчина — женщина с любой фамилией.

Таким образом, коэффициенты инбридинга могут быть рассчитаны по следующим формулам:

$$\begin{aligned} F_r &= P_r / 4 \\ F_n &= (P - P_r) / 4 (1 - P_r) \\ F &= F_n + (1 - F_n) F_r \end{aligned}$$

Необходимо обратить внимание на то, что, теоретически, общий коэффициент инбридинга не может быть равен простой сумме случайного и неслучайного компонентов, поскольку инбридинг может быть *только* случайным или неслучайным. Поэтому случайный компонент коэффициента должен быть еще умножен на вероятность того, что в действительности он не является случайным ($1 - F_n$). В настоящее время в реальных популяциях неслучайный компонент весьма незначителен, и им пренебрегают. Для абсолютного большинства популяций коэффициент корреляции между F_r и F составля-

ет порядка 0,7–0,8. Например, в работе Fuster V., Colantonio S. [28], изучавших коэффициент инбридинга в Испании, он составлял 0,743 ($p < 0,01$).

Цель настоящего исследования: определить коэффициент инбридинга по частоте изонимии в детской популяции ненцев, проживающих в ямальской и гыданской тундрах.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В ходе обследования 2043 детей ненцев и хантов, в 2009–2012 гг. проживавших в поселках и тундрах Ямальского и Тазовского районов Ямало-Ненецкого автономного округа, анализирована частота изонимии.

Географическое положение поселков представлено на рисунке 2.

Транспортная инфраструктура обследованных поселков неразвита. Постоянно действующего автомобильного сообщения поселков с окружным центром (Салехард) и друг с другом нет. Есть круглогодичное регулярное авиасообщение (вертолет), в зимний период пользуются дорогами, проложенными по льду рек (зимники), в периоды открытой воды — моторными лодка-



Рис. 2. Географическое положение обследованных поселков Ямало-Ненецкого округа (<https://www.google.com/maps/@70.3797093,75.477204,5z?hl=en-US>)

ми и катерами. Между Салехардом и поселками Ямальского района летом курсирует рейсовый теплоход. Поселок Гыда и Гыданская тундра являются наиболее изолированными местами проживания. Связи с поселками Ямальского района и Ямальской тундрой из-за значительной удаленности практически нет.

Уровень изонимии оценен в популяции детей, проживающих в семьях в поселках Ямальского района (группа «Ямальский район») а также в тундрах, закрепленных за интернатами, расположенными в поселках Салемал, Панаевск, Яр-Сале, Новый Порт и Гыда.

При расчете коэффициента инбридинга использована методология Crow и Mange и подход V. Weiss [47], неслучайным компонентом пренебрегали.

Частота фамилии определялась отдельно для девочек (f) и мальчиков (m), ожидаемая частота изонимичных браков — по вероятности случайного выбора пары с такой же фамилией (по доле однофамильцев в парах мальчик — девочка в популяции).

РЕЗУЛЬТАТЫ

Результаты расчета ожидаемой частоты изонимичных браков для отдельных фамилий по местам проживания представлены в таблицах 1–6.

Таблица 1

Ожидаемая частота изонимичных браков (Pr) в детской популяции Ямальского района Ямало-Ненецкого автономного округа

Фамилия	Всего	Девочки	Мальчики	f	m	Pr
Ана	10	5	5	0,011	0,011	0,000121
Вак	2	1	1	0,002	0,002	0,000004
Ван	68	36	32	0,077	0,071	0,005467
Выл	13	7	6	0,015	0,013	0,000195
Вэй	1	1	0	0,002	0	0
Вэн	4	2	2	0,004	0,004	0,000016
Еза	41	16	25	0,034	0,054	0,001836
Лаг	1	0	1	0	0,002	0
Лад	2	1	1	0,002	0,002	0,000004
Лам	5	3	2	0,006	0,004	0,000024
Ладон	16	7	9	0,015	0,020	0,000300
Лап	1	1	0	0,002	0	0
Лат	55	27	28	0,058	0,061	0,003538
Нар	7	3	4	0,006	0,009	0,000054
Нер	3	1	2	0,004	0,004	0,000016
Ног	2	0	2	0	0,004	0
Няг	1	0	1	0	0,002	0
Няд	1	1	0	0,002	0	0
Няр	18	6	12	0,013	0,026	0,000338
Око	87	45	42	0,096	0,092	0,008832
Пан	3	1	2	0,002	0,004	0,000008
Пар	6	2	4	0,004	0,009	0,000036
Пер	2	2	0	0,004	0	0
Пуй	18	8	10	0,017	0,022	0,000374
Пыр	42	27	15	0,057	0,033	0,001881
Сал	53	28	25	0,060	0,054	0,003240
Сус	17	11	6	0,024	0,013	0,000312
Сэр	169	79	90	0,168	0,196	0,032928
Сэп	4	2	2	0,004	0,004	0,000016
Сяд	1	0	1	0	0,002	0
Тад	7	6	1	0,015	0,002	0,000030
Тиб	10	9	1	0,019	0,002	0,000038
Тог	9	6	3	0,015	0,007	0,000105
Тси	2	0	2	0	0,004	0
Тус	14	5	9	0,011	0,020	0,000220
Тыс	1	0	1	0	0,002	0
Тэс	1	1	0	0,002	0	0
Хар	2	1	1	0,002	0,002	0,000004
Хор	48	33	15	0,071	0,033	0,002343

Таблица 1 (Окончание)

Фамилия	Всего	Девочки	Мальчики	f	m	Pr
Хоо	3	2	1	0,004	0,002	0,000008
Худ	122	53	69	0,113	0,150	0,016950
Хун	5	1	4	0,002	0,009	0,000018
Юси	2	0	2	0	0,004	0
Ядн	2	2	0	0,004	0	0
Япт	43	24	19	0,051	0,041	0,002091
Япу	1	1	0	0,002	0	0
Яун	2	1	1	0,002	0,002	0,000004
Всего	927	468	459	1,000	1,000	0,081351

Таблица 2

Ожидаемая частота изонимичных браков (Pr) в детской популяции ярсалинской тундры Ямало-Ненецкого автономного округа

Фамилия	Всего	Девочки	Мальчики	F	m	Pr
Ван	19	11	8	0,094	0,088	0,0083
Выл	7	4	3	0,034	0,033	0,0011
Вэн	1	1	0	0,009	0	0
Ези	6	1	5	0,009	0,055	0,0005
Лаг	1	0	1	0	0,011	0
Лад	2	1	1	0,009	0,011	0,0001
Лам	5	3	2	0,026	0,022	0,0006
Лап	3	2	1	0,017	0,011	0,0002
Ног	1	0	1	0	0,011	0
Око	17	8	9	0,068	0,099	0,0067
Пар	1	0	1	0	0,011	0
Пуй	2	0	2	0	0,022	0
Пыр	1	1	0	0,009	0	0
Сал	14	11	3	0,094	0,033	0,0031
Сус	3	2	1	0,017	0,011	0,0002
Сэр	39	23	16	0,197	0,175	0,0345
Сэп	3	1	2	0,009	0,022	0,0002
Тиб	6	5	1	0,042	0,011	0,0005
Тси	2	0	2	0	0,022	0
Тус	4	2	2	0,017	0,022	0,0004
Хор	3	2	1	0,017	0,011	0,0002
Хоо	3	2	1	0,017	0,011	0,0002
Худ	52	27	25	0,230	0,275	0,0633
Хун	1	0	1	0	0,011	0
Япт	12	10	2	0,085	0,022	0,0019
Всего	208	117	91	1,000	1,000	0,1220

Таблица 3

Ожидаемая частота изонимичных браков (Pr) в детской популяции салемальской тундры Ямало-Ненецкого автономного округа

Фамилия	Всего	Девочки	Мальчики	F	m	Pr
Ана	8	4	4	0,093	0,090	0,0084
Ван	3	2	1	0,047	0,022	0,0010
Выл	2	1	1	0,023	0,022	0,0005
Еза	6	2	4	0,047	0,089	0,0042
Лам	7	6	1	0,139	0,022	0,0031
Лап	11	6	5	0,139	0,111	0,0154
Няр	1	0	1	0	0,022	0
Око	9	5	4	0,116	0,089	0,0103
Пан	1	0	1	0	0,022	0
Пуй	11	5	6	0,116	0,133	0,0154
Пыр	7	4	3	0,093	0,067	0,0062
Сус	4	2	2	0,047	0,044	0,0021
Сэр	5	0	5	0	0,112	0

Таблица 3 (Окончание)

Фамилия	Всего	Девочки	Мальчики	F	m	Pr
Тад	1	0	1	0	0,022	0
Тиб	2	2	0	0,047	0	0
Худ	5	3	2	0,070	0,044	0,0031
Япт	3	0	3	0	0,067	0
Яун	2	1	1	0,023	0,022	0,0005
Всего	88	43	45	1,000	1,000	0,0702

Таблица 4

Ожидаемая частота изонимичных браков (Pr) в детской популяции панаевской тундры Ямало-Ненецкого автономного округа

Фамилия	Всего	Девочки	Мальчики	F	m	Pr
Ана	1	0	1	0	0,005	0
Ван	8	5	3	0,027	0,015	0,00040
Выл	4	2	2	0,011	0,010	0,00011
Вэн	3	1	2	0,005	0,010	0,00005
Еза	21	7	14	0,037	0,072	0,00270
Лап	1	1	0	0,005	0	0
Лат	40	18	22	0,096	0,113	0,01085
Нар	8	4	4	0,021	0,021	0,00044
Нер	4	2	2	0,011	0,010	0,00011
Ног	1	0	1	0	0,005	0
Няг	1	0	1	0	0,005	0
Няд	1	1	0	0,005	0	0
Няр	4	2	2	0,011	0,010	0,00011
Око	22	13	9	0,069	0,046	0,00317
Пан	2	1	1	0,005	0,005	0,00003
Пар	4	2	2	0,011	0,010	0,00011
Пуй	2	1	1	0,005	0,005	0,00003
Пыр	35	21	14	0,112	0,073	0,00118
Сал	16	6	10	0,032	0,052	0,00166
Сус	2	2	0	0,011	0	0
Сэр	112	52	60	0,276	0,310	0,08556
Сяд	1	0	1	0	0,005	0
Тыр	1	1	0	0,005	0	0
Тус	2	2	0	0,011	0	0
Хор	45	31	14	0,165	0,073	0,01205
Худ	35	10	25	0,053	0,130	0,00689
Япт	6	3	3	0,016	0,015	0,00024
Всего	382	188	194	1,000	1,000	0,12569

Таблица 5

Ожидаемая частота изонимичных браков (Pr) в детской популяции новопортовской тундры Ямало-Ненецкого автономного округа

Фамилия	Всего	Девочки	Мальчики	f	m	Pr
Ван	36	16	20	0,151	0,172	0,027
Вэй	1	1	0	0,009	0	0
Еза	9	7	2	0,066	0,017	0,001
Лап	1	1	0	0,009	0	0
Няр	8	2	6	0,019	0,052	0,001
Око	34	19	15	0,179	0,129	0,023
Пер	2	2	0	0,019	0	0
Пуй	3	2	1	0,019	0,009	0,000
Пыр	1	1	0	0,009	0	0
Сал	19	11	8	0,105	0,069	0,007
Сус	8	5	3	0,047	0,026	0,001
Сэр	15	5	10	0,047	0,086	0,004
Тад	6	1	5	0,009	0,043	0,000
Тиб	1	1	0	0,009	0	0

Таблица 5 (Окончание)

Фамилия	Всего	Девочки	Мальчики	f	m	Pr
Тог	9	6	3	0,057	0,026	0,001
Тус	8	1	7	0,009	0,060	0,001
Тыс	1	0	1	0	0,009	0
Тэс	1	1	0	0,009	0	0
Худ	29	13	16	0,124	0,139	0,017
Хун	3	0	3	0	0,026	0
Юси	2	0	2	0	0,017	0
Ядн	2	2	0	0,019	0	0
Яма	3	1	2	0,009	0,017	0,000
Япт	19	7	12	0,067	0,103	0,007
Япу	1	1	0	0,009	0	0
Всего	222	106	116	1,000	1,000	0,090

Таблица 6

Ожидаемая частота изонимичных браков (Pr) в детской популяции гыданской тундры Ямало-Ненецкого автономного округа

Фамилия	Всего	Девочки	Мальчики	F	m	Pr
Ана	4	2	2	0,015	0,024	0,000360
Ван	3	3	0	0,023	0	0
Выл	5	3	2	0,023	0,024	0,000552
Лап	94	57	37	0,434	0,435	0,188790
Нер	11	4	7	0,031	0,082	0,002542
Ног	4	3	1	0,023	0,012	0,000276
Око	22	14	8	0,107	0,093	0,009951
Пыр	6	6	0	0,046	0	0
Сал	7	5	2	0,038	0,024	0,000912
Сэр	5	4	1	0,031	0,012	0,000372
Сяд	9	5	4	0,038	0,047	0,001786
Тай	23	13	10	0,099	0,117	0,011583
Тиб	1	0	1	0	0,012	0
Худ	21	12	9	0,092	0,106	0,009752
Ядн	1	0	1	0	0,012	0
Всего	216	131	85	1,000	1,000	0,226876

Фамилии редуцированы до трех букв, шрифтом выделены фамилии с наибольшей вероятностью изонимичных браков.

Коэффициенты инбридинга для популяций исследованных регионов, а также, для сравнения, для популяции якутов, проживающих в Усть-Алданском улусе [8, 9] и жителей сельских регионов Кировской области [5] — представлены на рисунке 3.

Анализ данных, представленных в таблицах 1–6, свидетельствует о том, что в целом наиболее распространенными фамилиями в Ямальском районе являются Сэр и Худ. В ярсалинской тундре — Худ, в салемальской тундре — Лап, Око и Пуй, в панаевской — Лат, в новопортовской — Око и Худ, в гыданской — Лап, Тай, Худ. В гыданской тундре для фамилии Лап, не входящей в список наиболее распространенных ни в одном из обследованных поселков, зафиксирована рекордная ожидаемая частота изонимичных браков — 0,189.

Коэффициенты инбридинга (рис. 3) для поселков Ямальского района и поселка Гыда существенно

выше, чем в Усть-Алданском улусе Якутии и в Кировской области.

ОБСУЖДЕНИЕ

Анализ эволюции человека приводит к выводу о том, что в развитых странах популяции структурируются социально и географически в течение многих тысяч лет. С одной стороны, теоретические выкладки [1] свидетельствуют о том, что в иерархически структурированной популяции естественный отбор более эффективен, а скорость эволюционного процесса больше, чем в неструктурированной. С другой стороны, структурирование популяций приводит к тому, что в некоторых субпопуляциях инбридинг получает широкое распространение.

Метод оценки уровня близкородственных браков по изонимии в популяции несовершенен. Для некоторых популяций коэффициент инбридинга и изонимии не равен 4 [23, 24].

Использование в расчетах частоты изонимичных браков может занижать уровень инбридинга (напри-

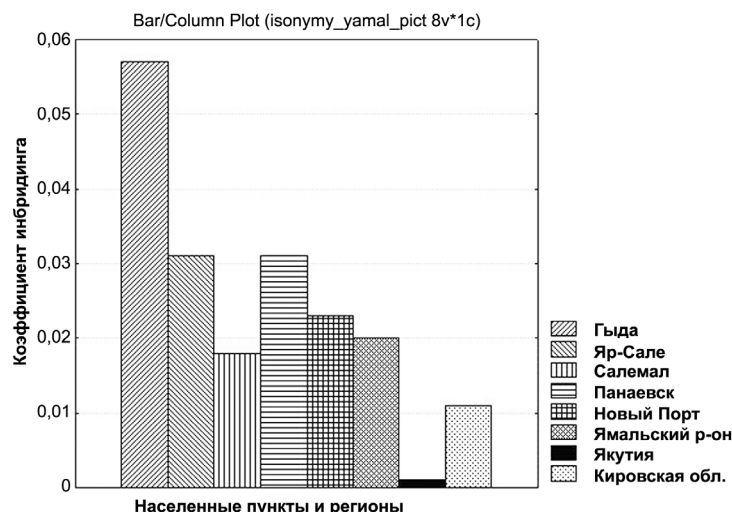


Рис. 3. Коэффициенты инбридинга, рассчитанные для детской популяции Ямальского района и гыданской тундры, а также для популяции якутов [8, 9] и жителей Кировской области (максимальное значение для сельских жителей) [5]

мер, в случае широкого распространения близкородственных браков у предков), или завышать его (например, в случае появления тех же фамилий извне).

Еще одной проблемой является учет глубины родства. В случае построения генеалогических деревьев референтным поколением является поколение, данные которого мы можем зарегистрировать. В случае исследований, основанных на статистике изонимичных браков, референтным является гипотетическая группа людей, у которых каждый мужчина обладал уникальной фамилией [13, 28, 41].

На практике это приводит к тому, что коэффициенты, получаемые при использовании статистики изонимичных браков всегда больше, чем полу-

чаемые при построении генеалогических деревьев. Необходимо помнить, что усыновление, удочерение и незарегистрированные браки также являются источниками ошибок при использовании оценки уровня инбридинга по частоте изонимии.

Однако очевидным следует считать и высокий уровень соответствия коэффициентов инбридинга, рассчитываемых по частоте изонимии и по результатам анализа генеалогических деревьев [22, 32, 39, 41, 46].

Особый интерес представляет сопоставление полученных нами коэффициентов инбридинга с рассчитанными ранее в ходе исследования популяций других регионов России и мира (табл. 7).

Таблица 7

Коэффициенты инбридинга, рассчитанные для популяций регионов России и мира

Этническая группа/регион	Год исследования	F _g	Метод	Авторы
Нганасаны	1976–78	0,0307	изонимия	[2, 3]
Авамские нганасаны	1991	0,0230	изонимия	[3, 4]
Ханты (ЯНАО)	1982–83	0,0138	изонимия	[14, 15, 16]
Алтайцы (с. Кулада)	1981–1998	0,1000	изонимия	[10, 11]
Алтайцы (с. Бешпельтир)	1981–1998	0,1090	изонимия	[10, 11]
Алтайцы (с. Курмач-Байгол)	1981–1998	0,1090	изонимия	[10, 11]
Тувинцы (шинаанцы)	1993–1997	0,0023	изонимия	[18]
Тувинцы (бай-тангинцы)	1993–1997	0,0094	изонимия	[18]
Тувинцы (тоджинцы)	1993–1997	0,0041	изонимия	[18]
Хакасы (кызыльцы)	до 1982*	0,0260	изонимия	[6]
Хакасы (сагайцы)	до 1986*	0,0420	изонимия	[6]
Саха (якуты)	до 2004*	0,0007	изонимия, повторы пар	[8, 9, 12]
Ростовская область	2006*	0,000064–0,000186	изонимия	[7]
Кировская область (13 районов): городская популяция сельская популяция	2011*	0,00056–0,00142 0,00321–0,01063	изонимия	[5]

Таблица 7 (Продолжение)

Этническая группа/регион	Год исследования	Fr	Метод	Авторы
племя Adi Panggi (Прадеш, Индия), в целом — в том числе, по населенным пунктам: Geku Town Peram Ramku Kumku Sumsing Sibum	до 2007*	0,0376 0,0316 0,0326 0,0417 0,0137 0,0415 0,0139	изонимия	[36]
Италия, западные Альпы по населенным пунктам: Gressoney-Saint-Jean Gressoney – La-Trinite Issime Gabi	1828–1863 1864–1888 1889–1913 1914–1938 в целом 1828–1863 1864–1888 1889–1913 1914–1938 в целом 1828–1863 1864–1888 1889–1913 1914–1938 в целом 1828–1863 1864–1888 1889–1913 1914–1938 в целом	0,0128 0,0076 0,0046 0,0054 0,0076 0,0150 0,0181 0,0141 0,0041 0,0128 0,0158 0,0151 0,0119 0,0115 0,0136 0,0168 0,0219 0,0182 0,0161 0,0182	повторы пар	[19]
Азорские острова, в целом — в том числе по островам: Corvo Flores Graciosa Santa Maria Sao Jeorge Faial Pico Terceira Sao Miguel — в том числе, по населенным пунктам: Salga Sete Cidades Achada Nordeste Ginetes Maia Furnas Bretanha Povocao Rabo-de-Peixe Ponta Delgada	2001	0,0039 0,0062 0,0038 0,0158 0,0064 0,0056 0,0056 0,0048 0,0027 0,0033 0,0144 0,0112 0,0114 0,0073 0,0069 0,0062 0,0044 0,0058 0,0060 0,0046 0,0032	изонимия	[20] [38]
Коста-Рика, 37 провинций	1990	0,0015–0,0061	изонимия	[43]
Deerfield, США	1790–1809 1820–1839	0,0005 0,0006	изонимия	[45]
Этническая группа Ком, Индия	2011*	0,0626	изонимия	[33]

Таблица 7 (Окончание)

Этническая группа/регион	Год исследования	Fr	Метод	Авторы
Этническая группа Meitei, Индия	2011*	0	изонимия	[33]
Андорра	2002*	0,0031	изонимия	[29]
Испания, регионы:				
Tormes	1875–1894 1895–1914 1915–1934 1935–1954 1955–1975	0,00475 0,00563 0,00584 0,00624 0,00590		
Alberche	1875–1894 1895–1914 1915–1934 1935–1954 1955–1975	0,01060 0,00820 0,00900 0,00895 0,00830	изонимия	[28]
Tietar	1875–1894 1895–1914 1915–1934 1935–1954 1955–1975	0,00483 0,00536 0,00535 0,00544 0,00526		
Torbel, Швейцария	1975*	0,03130	изонимия	[26]

* — дата публикации

Общепринятых допустимых границ коэффициента инбридинга для оценки частоты эндогамных браков в популяции нет.

Некоторые исследователи считают, что высокой частоте эндогамных браков соответствует значение коэффициента инбридинга 0,00273 [45]. Saenz A. E., Barrantes R. [43] при классификации провинций по уровню инбридинга использовали следующие граничные значения:

- $0,0015 < Fr < 0,0025$ — для низкого уровня инбридинга,
- $0,0025 < Fr < 0,0040$ — для среднего уровня инбридинга,
- $0,0040 < Fr < 0,0061$ — для высокого уровня инбридинга.

Вместе с тем, известно, что в некоторых случаях коэффициент инбридинга в изолированных популяциях бывает невысоким. Например, Gonzalez-Martin A., Toja D.I. в 2002 году [29] зарегистрировали коэффициент инбридинга 0,0031 — средний по сравнению с соседними районами — в горной местности Андорры.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Рассчитанные нами коэффициенты инбридинга в детских популяциях ямальской и гыданской тундры очень велики. Сравнительный анализ зарегистрированных нами и представленных для сравнения в таблице 7 значений коэффициентов инбридинга приводит к выводу о том, что уровень близкородственных браков в ямальской тундре (уровень $Fr = 0,018–0,031$) высок. Он выше,

чем у живущих южнее хантов [14] и соответствует уровню близкородственных браков у нганасан [3]. Очень большое значение коэффициента случайного инбридинга, зарегистрированное нами в гыданской тундре ($Fr = 0,058$), в настоящее время является третьим в мире по величине коэффициентом инбридинга после зарегистрированных у жителей алтайских сел Кулада, Бешпельгир, Курмач-Байгол [10, 11] и у этнической группы Ком в Индии [33].

Исследование проведено при поддержке гранта Rock Foundation, New York, USA

ЛИТЕРАТУРА

1. Бунимович Л.А. Об одной характерной модели иерархической структуры популяции человека. Генетика. 1975; 11 (10): 134–43.
2. Гольцова Т.В. Родственные браки, инбридинг и его эффекты у нганасан Таймыра. Генетика. 1981; 17 (5): 896–905.
3. Гольцова Т.В., Абанина Т.В. Динамика популяционной структуры коренных жителей Таймыра — нганасан: брачная миграция, инбридинг. Генетика и патология человека. Ред. В.П. Пузырев. Томск. 2000; 31–38.
4. Гольцова Т.В., Осипова Л.П. Генетико-демографическая структура популяций коренных народов Сибири в связи с проблемами микроэволюции. Вестник ВОГиС. 2006; 10 (1): 126–54.
5. Кадышев В.В. Эпидемиология и клинико-генетические особенности изолированной наследственной офтальмопатологии в Кировской области. Автореферат дисс... канд. мед. наук. Москва; 2011.

6. Казаченко Б.Н. Генетико-демографический подход в антропологических исследованиях. III. Использование фамилий для изучения структуры хакасских популяций. Науч. докл. высшей школы. Биологические науки. 1987; 7: 78–83.
7. Кривенцова Н.В. Популяционно-генетическая характеристика населения региона с высоким уровнем иммиграции: на примере Ростовской области. Автореферат дис... канд. биол. наук. Москва. 2006.
8. Кучер А.Н., Максимова Н.Р., Ноговицина А.Н., Сухомясова А.Л. Генетико-демографическое описание сельского населения Усть-Алданского улуса Республики Саха (Якутия): миграция и структура браков. Генетика. 2004; 40 (5): 685–90.
9. Кучер А.Н., Максимова Н.Р., Ноговицина А.Н., Сухомясова А.Л. Генетико-демографическое описание сельского населения Усть-Алданского улуса Республики Саха (Якутия): национальный и половозрастной состав, витальные статистики, фамильная структура. Генетика. 2004; 40 (5): 677–84.
10. Кучер А.Н., Тадинова В.Н., Пузырев В.П. Генетико-демографическая характеристика сельских популяций Республики Алтай: динамика брачной структуры. Генетика. 2005; 41 (2): 261–68.
11. Кучер А.Н., Тадинова В.Н., Пузырев В.П. Генетико-демографическая характеристика сельских популяций Республики Алтай: половозрастной состав, фамильная и родовая структура. Генетика. 2005; 41(2): 254–60.
12. Кучер А.Н., Данилова А.Л., Конева Л.А., Ноговицина А.Н. Структура браков якутских популяций: этнический состав и изонимический инбридинг. Генетика. 2010; 46 (3): 408–16.
13. Лавряшина М.Б. Комплексное исследование динамики демографических процессов и структуры генофонда коренных народов Южной Сибири. Автореферат дис... д-ра биол. наук. Москва. 2012.
14. Пузырев В.П., Абанина Т.А., Назаренко Л.П. и соавт. Медико-генетическое исследование хантыйского населения сельского Совета Овгорт Ямало-Ненецкого автономного округа. Генетика. 1985; 21(2): 332–37.
15. Пузырев В.П., Абанина Т.А., Назаренко Л.П. Цели и задачи исследования. Популяционно-генетическая характеристика северных хантов. Генетика. 1987; 23 (2): 355–63.
16. Пузырев В.П., Абанина Т.А., Назаренко Л.П. и др. Комплексное медико-генетическое изучение населения Западной Сибири I. Постановка проблемы. Цели и задачи исследования. Популяционно-генетическая характеристика северных хантов. Генетика. 1987; 23 (2): 355–63.
17. Пузырёв В.П., Назаренко Л.П. Генетико-эпидемиологическое исследование наследственной патологии в Западной Сибири. Томск: STT; 2000.
18. Санчат Н.О. Популяционно-генетическое изучение народонаселения Республики Тува. Автореферат дис... канд. биол. наук. Томск: ТНЦ СО РАМН. 1998.
19. Boattini A., Griso C., Pettener D. Are ethnic minorities synonymous for genetic isolates? Comparing Walser and Romance populations in the Upper Lys Valley (Western Alps). Journal of Anthropological Sciences. 2011; 89: 161–73.
20. Branco C.C., Mota-Vieira L. Surnames in the Azores: Analysis of the Isonymy Structure. Hum Biol. 2005; 77 (1): 37–44.
21. Chen X. Comparison of inbreeding and outbreeding in hermaphroditic *Arianta arbustorum* (L.). Heredity. 1993; 71: 456–61.
22. Choi B.C.K. et al. Use of surnames to identify individuals of Chinese ancestry. Am.J. Epidemiol. 1993; 138: 723–34.
23. Crow J.F., Mange A.P. Measurement of inbreeding from the frequency of marriages between persons of the same surname. Eugenics Quarterly. 1965; 12: 199–203.
24. Crow J.F. Surnames as biological markers – discussion. Hum. Biol. 1983; 55: 383–97.
25. Darwin G.H. Marriages between first cousins in England and their effects. J. Statist. Soc. 1875; 38: 153–84.
26. Ellis W.S., Starmer W.T. Inbreeding as Measured by Isonymy, Pedigrees, and Population Size in Torbel, Switzerland. Am J Hum Genet. 1978; 30: 366–76.
27. American Psychological Association (APA): inbreeding (n.d.). The American Heritage. Stedman's Medical Dictionary. Available from: <http://dictionary.reference.com/browse/inbreeding> (Accessed 11/10/2014).
28. Fuster V., Colantonio S. Isonymic Analysis of Population Structure in Gredos, Spain. Coll. Antropol. 2006; 30 (1): 199–203.
29. Gonzalez-Martin A., Toja D.I. Inbreeding, Isonymy, and Kin-Structured Migration in the Principality of Andorra. Human Biology. 2002; 74 (4): 587–600.
30. James R Hardiman. Inbreeding. Available from: <http://www.highflyer.supanet.com/inbreeding.htm> (Accessed 11/10/2014).
31. Jiménez J.A., Hughes K.A., Alaks G., Graham L., Lacy R.C. An experimental study of inbreeding depression in a natural habitat. Science. 1994; 266 (5183): 271–73.
32. Jobling M.A. In the name of the father: surnames and genetics. Trends in Genetics. 2001; 17 (6): 353–57.
33. Kiranmala N., Asghar M., Saraswathy K.N. A Study of Isonymy and some socio-demographic variables among Koms and Meiteis of Manipur, India. International Journal of Human Sciences. 2011; 8 (2): 334–342.
34. Kirkpatrick M., Jarne P. The Effects of a Bottleneck on Inbreeding Depression and the Genetic Load. Am Nat. 2000; 155 (2): 154–67.
35. Lasker G.W. Surnames and Genetic Structure. Cambridge University Press; 1985.

36. Maji S., Krithika S., Vasulu T.S. Genetic Kinship Among an Isolated Adi Tribe of Arunachal Pradesh: Isonymy in the Adi Panggi. *Human Biology*. 2007; 9 (3): 321–37.
37. Manni F., Toupance B., Sabbagh A. Heyer E. New method for surname studies of ancient patrilineal population structures, and possible application to improvement of Y-chromosome sampling. *American Journal of Physical Anthropology*. 2005; 126: 214–28.
38. Margarida C., Branco A.C. Characterization of the genetic structure of the Azorean population. *Doutoramento em Genética Molecular. Universidade de Lisboa, Faculdade de Ciências. Departamento de Química e Bioquímica*; 2007.
39. Relethford J.H. Estimation of kinship and genetic distance from surnames. *Human Biology*. 1988; 60: 475–492.
40. Relethford J.H. *Human Population Genetics*. Wiley Blackwell. 2012.
41. Rogers A.R. Doubts about isonymy. *Hum.Biol.* 1991; 63: 663–68.
42. Rojas-Alvarado M.A., Garza-Chapa R. Relationships by isonymy between persons with monophyletic and polyphyletic surnames from the Monterrey metropolitan area, Mexico. *Human Biology*. 1994; 66: 1021–36.
43. Saenz A.E., Barrantes R. Human population structure of the Costa Rican Central Provinces An evaluation through isonymic methods. *Rev. Biol. Trop. Int.J. Trop. Biol.* 2009;57 (Suppl. 1): 371–79.
44. Scapoli C., Mamolini M., Carrieri A., Rodriguez-Laralbe A., Barra I. Surnames in Western Europe: a comparison of the subcontinental populations through isonymy. *Theoretical Population Biology*. 2007; 71: 37–48.
45. Swedlund A.C. «Chapter 2, Population Numbers» Research Report 07: The Genetic Structure of a Historical Population: a Study of Marriage and Fertility in Old Deerfield, Massachusetts. 2008; Paper 4, 28pp Available from: http://scholarworks.umass.edu/anthro_res_rpt7/4 (Accessed 11/10/2014).
46. Sykes B. Irvén C. Surnames and the Y chromosome. *Am.J. Hum. Genet.* 2000; 66: 1417–419.
47. Weiss V. Eine neue Methode zur Schätzung des Inzuchtkoeffizienten aus den Familiennamenshäufigkeiten der Vorfahren. *Biologische Rundschau*. 1973; 11: 314–15. Available from: <http://www.v-weiss.de/publ4-inzucht.html> (Accessed 11/10/2014).
48. Weiss V. Die Verwendung von Familiennamenshäufigkeiten zur Schätzung der genetischen Verwandtschaft. Ein Beitrag zur Populationsgenetik des Vogtlandes. *Ethnographisch-Archaeologische Zeitsch.* 1974; 15: 433–51.
49. Weiss V. Geographische Distanz und genetische Identität von Personen, geschätzt mittels Familiennamenshäufigkeiten der Vorfahren (Erzgebirge, Vogtland 16.-19. Jahrhundert). *Mitteilungen der Sektion Anthropologie der DDR*. 1976; 32/33: 107–15.
50. Weiss V. Familiennamenshäufigkeiten in Vergangenheit und Gegenwart als Ausgangspunkt fuer interdisziplinäre Forschungen von Linguisten, Historikern, Soziologen, Geographen und Humangenetikern. *Namenskundliche Informationen*. 1977; 31: 27–32. Available from: <http://www.v-weiss.de/familiennamen.html> (Accessed 11.10.2014).
51. Weiss V. Inbreeding and genetic distance between hierarchically structured populations measured by surname frequencies. *Mankind Quarterly*. 1980; 21: 135–49.
52. Weiss V. Zur Bevölkerungsgeschichte des Erzgebirges unter fruehkapitalistischen Bedingungen vom 16. bis 18. Jahrhundert. (Mittweida, Markersbach, Unterscheibe und Schwarzbach). *Sachsische Heimatbl.* 1981; 27: 28–30.
53. Wright S. The effects of inbreeding and crossbreeding on guinea pigs. I. Decline in vigor. *U.S. Dept. Agric. Bull.* 1922; 1090: 1–36.
54. Wright S. The effects of inbreeding and crossbreeding on guinea pigs. II. Differentiation among inbred families. *U.S. Dept. Agric. Bull.* 1922; 1090: 37–63.
55. Wright S. The effects of inbreeding and crossbreeding on guinea pigs. III. Crosses between highly inbred families. *U.S. Dept. Agric. Bull.* 1922; 1121: 1–59.
56. Yasuda N., Cavalli-Sforza L.L., Skolnick M., Moroni A. The evolution of surnames: an analysis of their distribution and extinction. *Theoretical Population Biology*. 1974; 5: 123–42

ISONYMY AS AN INDICATOR OF INBREEDING IN CHILD POPULATIONS OF YAMAL AND GYDA TUNDRA

Avrusin S.L., Chasnyk V.G., Solodkova I.V., Sinelnikova E.V., Bobko Ya., N., Burtseva T. E.

◆ **Resume.** It is known that the term «inbreeding» refers to a descendant of close relatives. As a result of inbreeding in the population the number of homozygotes increases and thus the number of heterozygotes reduces, which degrades the quality of the population (inbreeding-depression), since it increases the frequency of diseases associated with recessive genes in such children. In isolated populations individuals with adverse signs as a result of inbreeding eventually get culled of (Kirkpatrick et al., 2000). Decrease in genetic diversity as a result of inbreeding, usually leads to that the individual and the population lose their ability to adapt to changing environmental conditions, as many body functions are genetically determined. Simple statistical calculations indicate that all human beings are relatives to some extent. The inbreeding coefficient can be determined by analyzing the family tree based on the number of ancestors to the shared ancestor for both parents. The purpose of this study was to determine the inbreeding coefficient by means of isonymic analysis of the population of 2043 Nenets and Khanty children living in the villages of the Yamal region as well as in tundra assigned to boarding schools located in villages Salemal, Panaevsk, Yar-Sale, Novy Port and Gyda

of the Yamal-Nenets autonomous district. Inbreeding coefficient was calculated using marital isonymy to estimate the frequency of consanguineous marriages as a measure of inbreeding (Crow and Mange, 1965). We calculated the frequency of prospective isonymic marriages for individual Nenets and Khanty surnames for inhabitants of Yar-Sale, Salemal, Panaevsk, Novy Port and Gyda tundra. In Gyda tundra for one of the not very common in the region surnames the highest frequency of prospective consanguineous marriages was revealed (0.189). Values of the coefficient of random inbreeding for inhabitants of Yamal and Gyda tundra vary from 0.02 to 0.058 which is much higher than for example in the population of one of the Yakutia regions (0.0007) (Kucher et al., 2010) or in the population of Kirovsk region (0.00321–0.01063) (Kadyshev, 2011). In the population of Gyda tundra we revealed the highest coefficient of random inbreeding (0.058), which is the third world's largest value published to date.

◆ **Key words:** isonymy analysis; children; inbreeding coefficient; indigenous people of Russian North; Yamal-Nenets autonomous district.

REFERENCES

1. Bunimovich L.A. Ob odnoy kharakternoy modeli ierarkhicheskoy struktury populyatsii cheloveka [About one characteristic model of the hierarchical structure of the human population]. *Genetica*. 1975; 11 (10): 134–43.
2. Gol'tsova T.V. Rodstvennye braki, inbriding i ego efekty u nganasan Taymyra [Related marriages, inbreeding and its effects in Nganasan Taimyr]. *Genetica*. 1981; 17(5): 896–905.
3. Gol'tsova T.V., Abanina T.V. Dinamika populyatsionnoy struktury korennykh zhitel'ey Taymyra – nganasan: brachnaya migratsiya, inbriding. *Genetika i patologiya cheloveka* [The dynamics of the population structure of the native peoples of Taimyr - Nganasan: marriage migration, inbreeding. *Genetics and human pathology*]. Red. V.P. Puzyrev. Tomsk. 2000; 31–38.
4. Gol'tsova T.V., Osipova L.P. Genetiko-demograficheskaya struktura populyatsiy korennykh narodov Sibiri v svyazi s problemami mikroevolyutsii [Genetic and demographic structure of populations of indigenous peoples of Siberia in connection with the problems of microevolution]. *Vestnik VOGiS*. 2006; 10 (1): 126–54.
5. Kadyshev V.V. Epidemiologiya i kliniko-geneticheskie osobennosti izolirovannoy nasledstvennoy oftal'mopatologii v Kirovskoy oblasti [Epidemiology and clinical and genetic features of isolated hereditary eyes diseases in the Kirov region]. *Avtoreferat diss... kand. med. nauk. Moskva*; 2011.
6. Kazachenko B.N. Genetiko-demograficheskiy podkhod v antropologicheskikh issledovaniyakh. III. Ispol'zovanie familiy dlya izucheniya struktury khakasskikh populyatsiy [Genetic-demographic approach in anthropological research. III. The use of surnames to study the structure of Khakass populations]. *Nauch. dokl. vysshey shkoly. Biologicheskie nauki*. 1987; 7: 78–83.
7. Kriventsova N.V. Populyatsionno-geneticheskaya kharakteristika naseleniya regiona s vysokim urovnem immigratsii: na primere Rostovskoy oblasti [Population genetic characteristics of the population of the region with high levels of immigration: the case of the Rostov region]. *Avtoreferat dis... kand. biol. nauk. Moskva*. 2006.
8. Kucher A.N., Maksimova N.R., Nogovitsina A.N., Sukhomyasova A.L. Genetiko-demograficheskoe opisanie sel'skogo naseleniya Ust'-Aldanskogo ulusa Respubliki Sakha (Yakutiya): migratsiya i struktura brakov [Genetic-demographic description of the rural population of Ust-Aldan ulus of the Sakha Republic (Yakutia): migration and the structure of marriage]. *Genetica*. 2004; 0 (5): 685–90.
9. Kucher A.N., Maksimova N.R., Nogovitsina A.N., Sukhomyasova A.L. Genetiko-demograficheskoe opisanie sel'skogo naseleniya Ust'-Aldanskogo ulusa Respubliki Sakha (Yakutiya): natsional'nyy i polovozrastnoy sostav, vital'nye statistiki, famil'naya struktura [Genetic-demographic description of the rural population of Ust-Aldan ulus of the Sakha Republic (Yakutia): the national and the sex and age composition, vital statistics, family structure]. *Genetica*. 2004; 40(5): 677–84.
10. Kucher A.N., Tadinova V.N., Puzyrev V.P. Genetiko-demograficheskaya kharakteristika sel'skikh populyatsiy Respubliki Altay: dinamika brachnoy struktury [Genetic-demographic characteristics of the rural populations of the Altai Republic: dynamics of marriage patterns]. *Genetica*. 2005; 41 (2): 261–68.
11. Kucher A.N., Tadinova V.N., Puzyrev V.P. Genetiko-demograficheskaya kharakteristika sel'skikh populyatsiy Respubliki Altay: polovozrastnoy sostav, famil'naya i rodovaya struktura [Genetic-demographic characteristics of rural Altai Republic population: sex and age composition, family and tribal structure.]. *Genetica*. 2005; 41 (2): 254–60.
12. Kucher A.N., Danilova A.L., Koneva L.A., Nogovitsina A.N. Struktura brakov yakutskikh populyatsiy: etnicheskay sostav i izonimicheskiy inbriding [The structure of the marriages of the Yakut population: ethnic composition and ishemicheskiy inbreeding]. *Генетика*. 2010; 46 (3): 408–16.
13. Lavryashina M.B. Kompleksnoe issledovanie dinamiki demograficheskikh protsessov i struktury genofonda korennykh narodov Yuzhnoy Sibiri [A comprehensive study of the dynamics of demographic processes and patterns of gene pool of the indigenous peoples of southern Siberia]. *Avtoreferat dis... d-ra biol. nauk. Moskva*. 2012.
14. Puzyrev V.P., Abanina T.A., Nazarenko L.P. et al. Mediko-geneticheskoe issledovanie khantyyskogo naseleniya

- sel'skogo Soveta Ovgort Yamalo-Nenetskogo avtonomnogo okruga [Genetic research Khanty population of the village Council Augart Yamalo-Nenets Autonomous Okrug]. *Genetica*. 1985; 21 (2): 332–37.
15. Puzyrev V.P., Abanina T.A., Nazarenko L.P. Tseli i zadachi issledovaniya. Populyatsionno-geneticheskaya kharakteristika severnykh khantov [Goals and objectives of the study. Population genetic characteristics of the Northern Khants]. *Genetica*. 1987; 23 (2): 355–63.
 16. Puzyrev V.P., Abanina T.A., Nazarenko L.P. et al. Kompleksnoe mediko-geneticheskoe izuchenie naseleniya Zapadnoy Sibiri I. Postanovka problemy. Tseli i zadachi issledovaniya. Populyatsionno-geneticheskaya kharakteristika severnykh khantov [Comprehensive genetic study of the population of Western Siberia I. statement of the problem. Goals and objectives of the study. Population genetic characteristics of the Northern Khants]. *Genetica*. 1987; 23 (2): 355–63.
 17. Puzyrev V.P., Nazarenko L.P. Genetiko-epidemiologicheskoe issledovanie nasledstvennoy patologii v Zapadnoy Sibiri [Genetic-epidemiological study of hereditary pathology in Western Siberia]. Tomsk: STT; 2000.
 18. Sanchat N.O. Populyatsionno-geneticheskoe izuchenie narodonaseleniya Respubliki Tuva [Population genetic study of the population of the Republic of Tuva]. Avtoreferat dis... kand. biol. nauk. Tomsk: TNTs SO RAMN. 1998.
 19. Boattini A., Griso C., Pettener D. Are ethnic minorities synonymous for genetic isolates? Comparing Walser and Romance populations in the Upper Lys Valley (Western Alps). *Journal of Anthropological Sciences*. 2011; 89: 161–73.
 20. Branco C.C., Mota-Vieira L. Surnames in the Azores: Analysis of the Isonymy Structure. *Hum Biol*. 2005; 77 (1): 37–44.
 21. Chen X. Comparison of inbreeding and outbreeding in hermaphroditic *Arianta arbustorum* (L.). *Heredity*. 1993; 71: 456–61.
 22. Choi B.C.K. et al. Use of surnames to identify individuals of Chinese ancestry. *Am.J. Epidem.* 1993; 138: 723–34.
 23. Crow J.F., Mange A.P. Measurement of inbreeding from the frequency of marriages between persons of the same surname. *Eugenics Quarterly*. 1965; 12: 199–203.
 24. Crow J.F. Surnames as biological markers – discussion. *Hum. Biol.* 1983; 55: 383–97.
 25. Darwin G.H. Marriages between first cousins in England and their effects. *J. Statist. Soc.* 1875; 38: 153–84.
 26. Ellis W.S., Starmer W.T. Inbreeding as Measured by Isonymy, Pedigrees, and Population Size in Torbel, Switzerland. *Am J Hum Genet.* 1978; 30: 366–76.
 27. American Psychological Association (APA): inbreeding (n.d.). The American Heritage. Stedman's Medical Dictionary. Available from: <http://dictionary.reference.com/browse/inbreeding> (Accessed 11/10/2014).
 28. Fuster V., Colantonio S. Isonymic Analysis of Population Structure in Gredos, Spain. *Coll. Antropol.* 2006; 30 (1): 199–203.
 29. Gonzalez-Martin A., Toja D.I. Inbreeding, Isonymy, and Kin-Structured Migration in the Principality of Andorra. *Human Biology*. 2002; 74 (4): 587–600.
 30. James R Hardiman. Inbreeding. Available from: <http://www.highflyer.supanet.com/inbreeding.htm> (Accessed 11/10/2014).
 31. Jiménez J.A., Hughes K.A., Alaks G., Graham L., Lacy R.C. An experimental study of inbreeding depression in a natural habitat. *Science*. 1994; 266 (5183): 271–73.
 32. Jobling M.A. In the name of the father: surnames and genetics. *Trends in Genetics*. 2001; 17 (6): 353–57.
 33. Kiranmala N., Asghar M., Saraswathy K.N. A Study of Isonymy and some socio-demographic variables among Koms and Meiteis of Manipur, India. *International Journal of Human Sciences*. 2011; 8 (2): 334–342.
 34. Kirkpatrick M., Jarne P. The Effects of a Bottleneck on Inbreeding Depression and the Genetic Load. *Am Nat*. 2000; 155 (2): 154–67.
 35. Lasker G.W. Surnames and Genetic Structure. Cambridge University Press; 1985.
 36. Maji S., Krithika S., Vasulu T.S. Genetic Kinship Among an Isolated Adi Tribe of Arunachal Pradesh: Isonymy in the Adi Panggi. *Human Biology*. 2007; 9 (3): 321–37.
 37. Manni F., Toupance B., Sabbagh A. Heyer E. New method for surname studies of ancient patrilineal population structures, and possible application to improvement of Y-chromosome sampling. *American Journal of Physical Anthropology*. 2005; 126: 214–28.
 38. Margarida C., Branco A.C. Characterization of the genetic structure of the Azorean population. *Doutoramento em Genética Molecular. Universidade de Lisboa, Faculdade de Ciências. Departamento de Química e Bioquímica*; 2007.
 39. Relethford J.H. Estimation of kinship and genetic distance from surnames. *Human Biology*. 1988; 60: 475–92.
 40. Relethford J.H. *Human Population Genetics*. Wiley Blackwell. 2012.
 41. Rogers A.R. Doubts about isonymy. *Hum. Biol.* 1991; 63: 663–68.
 42. Rojas-Alvarado M.A., Garza-Chapa R. Relationships by isonymy between persons with monophyletic and polyphyletic surnames from the Monterrey metropolitan area, Mexico. *Human Biology*. 1994; 66: 1021–36.
 43. Saenz A.E., Barrantes R. Human population structure of the Costa Rican Central Provinces An evaluation through isonymic methods. *Rev. Biol. Trop. Int.J. Trop. Biol.* 2009; 57 (Suppl. 1): 371–79.
 44. Scapoli C., Mamolini M., Carrieri A., Rodriguez-Larralde A., Barrai I. Surnames in Western Europe: a comparison of the subcontinental populations through isonymy. *Theoretical Population Biol.* 2007; 71: 37–48.

45. Swedlund A.C. «Chapter 2, Population Numbers» Research Report 07: The Genetic Structure of a Historical Population: a Study of Marriage and Fertility in Old Deerfield, Massachusetts. 2008; Paper 4, 28pp Available from: http://scholarworks.umass.edu/anthro_res_rpt7/4 (Accessed 11/10/2014).
46. Sykes B. Irvén C. Surnames and the Y chromosome. *Am.J. Hum. Genet.* 2000; 66: 1417–419.
47. Weiss V. Eine neue Methode zur Schätzung des Inzuchtcoeffizienten aus den Familiennamenhäufigkeiten der Vorfahren. *Biologische Rundschau.* 1973; 11: 314–15. Available from: <http://www.v-weiss.de/publ4-inzucht.html> (Accessed 11/10/2014).
48. Weiss V. Die Verwendung von Familiennamenhäufigkeiten zur Schätzung der genetischen Verwandtschaft. Ein Beitrag zur Populationsgenetik des Vogtlandes. *Ethnographisch-Archaeologische Zeitsch.* 1974; 15: 433–51.
49. Weiss V. Geographische Distanz und genetische Identität von Personen, geschätzt mittels Familiennamenhäufigkeiten der Vorfahren (Erzgebirge, Vogtland 16.-19. Jahrhundert). *Mitteilungen der Sektion Anthropologie der DDR.* 1976; 32/33: 107–15.
50. Weiss V. Familiennamenhäufigkeiten in Vergangenheit und Gegenwart als Ausgangspunkt fuer interdisziplinäre Forschungen von Linguisten, Historikern, Soziologen, Geographen und Humangenetikern. *Namenkundliche Informationen.* 1977; 31: 27–32. Available from: <http://www.v-weiss.de/familiennamen.html> (Accessed 11.10.2014).
51. Weiss V. Inbreeding and genetic distance between hierarchically structured populations measured by surname frequencies. *Mankind Quarterly.* 1980; 21: 135–49.
52. Weiss V. Zur Bevölkerungsgeschichte des Erzgebirges unter fruehkapitalistischen Bedingungen vom 16. bis 18. Jahrhundert (Mittweida, Markersbach, Unterscheibe und Schwarzbach). *Sachsische Heimatblätter.* 1981; 27: 28–30.
53. Wright S. The effects of inbreeding and crossbreeding on guinea pigs. I. Decline in vigor. *U.S. Dept. Agric. Bull.* 1922; 1090: 1–36.
54. Wright S. The effects of inbreeding and crossbreeding on guinea pigs. II. Differentiation among inbred families. *U.S. Dept. Agric. Bull.* 1922; 1090: 37–63.
55. Wright S. The effects of inbreeding and crossbreeding on guinea pigs. III. Crosses between highly inbred families. *U.S. Dept. Agric. Bull.* 1922; 1121: 1–59.
56. Yasuda N., Cavalli-Sforza L.L., Skolnick M., Moroni A. The evolution of surnames: an analysis of their distribution and extinction. *Theoretical Population Biology.* 1974; 5: 123–42

◆ Информация об авторах

Аврусин Сергей Львович — канд. мед. наук, доцент, кафедра госпитальной педиатрии. ГБОУ ВПО «Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет» Минздрава России. 194100, Санкт-Петербург, ул. Литовская, д. 2. E-mail: avrusin4@gmail.com.

Часнык Вячеслав Григорьевич — д-р мед. наук, профессор, заведующий кафедрой госпитальной педиатрии. ГБОУ ВПО СПбГПМУ Минздрава России. 194100, Санкт-Петербург, ул. Литовская, д. 2. E-mail: chasnyk@gmail.com.

Солодкова Ирина Владимировна — канд. мед. наук, доцент, кафедра госпитальной педиатрии. ГБОУ ВПО «Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет» Минздрава России. 194100, Санкт-Петербург, ул. Литовская, д. 2. E-mail: isolodkova@mail.ru.

Синельникова Елена Владимировна — д-р мед. наук, профессор, заведующая кафедрой лучевой диагностики и биомедицинской визуализации ФП и ДПО. ГБОУ ВПО СПбГПМУ Минздрава России. 194100, Санкт-Петербург, ул. Литовская, д. 2. E-mail: sinelnikavae@gmail.com.

Бобко Ярослав Николаевич — д-р мед. наук, профессор кафедры реабилитологии факультета повышения квалификации и последипломной подготовки. ГБОУ ВПО СПбГПМУ Минздрава России. 194100, Санкт-Петербург, ул. Литовская, д. 2. E-mail: chasnyk@list.ru.

Бурцева Татьяна Егоровна — д-р. мед. наук, заместитель директора по научной работе. ФГБНУ «Якутский научный центр комплексных медицинских проблем». 677009, Якутск, Сергеевское шоссе, д. 4. E-mail: bourtsevat@yandex.ru.

Avrusin Sergey Lvovich — MD, PhD, Associate Professor, Chair of Hospital Pediatrics. Saint Petersburg State Pediatric Medical University. 2, Litovskaya St., St. Petersburg, 194100, Russia. E-mail: avrusin4@gmail.com.

Chasnyk Vyacheslav Grigoryevich — MD, PhD, Dr Med Sci, Professor, Head of the Department of Hospital Pediatrics. Saint Petersburg State Pediatric Medical University. 2, Litovskaya St., St. Petersburg, 194100, Russia. E-mail: chasnyk@gmail.com.

Solodkova Irina Vladimirovna — MD, PhD, Associate Professor, Chair of Hospital Pediatrics. Saint Petersburg State Pediatric Medical University. 2, Litovskaya St., St. Petersburg, 194100, Russia. E-mail: isolodkova@mail.ru.

Sinelnikova Yelena Vladimirovna — MD, PhD, Dr Med Sci, Professor, Head, Department of Radiology and Biomedical Imaging Faculty of Postgraduate Education. Saint-Petersburg State Pediatric Medical University. 2, Litovskaya St., St. Petersburg, 194100, Russia. E-mail: sinelnikavae@gmail.com.

Bobko Yaroslav Nikolayevich — MD, PhD, Dr Med Sci, Professor, Department of Rehabilitation Faculty Training and Postgraduate Training. Saint-Petersburg State Pediatric Medical University. 2, Litovskaya St., St. Petersburg, 194100, Russia. E-mail: chasnyk@list.ru.

Burtseva Tatyana Yegorovna — MD, PhD, Dr Med Sci, Deputy Director Research. Yakut Research Center for Complex Medical Problems. 4, Sergelyakhskoe shosse, Yakutsk, 677009, Russia. E-mail: bourtsevat@yandex.ru.