

... ГЕНЕТИКА ... GENETICS ...

УДК: 575.17

Украинские фамилии как квазигенетические маркёры. Ассоциация с группами крови и гаплогруппами Y-хромосомы М.Ю.Горпинченко¹, В.В.Буркова², О.М.Утевская¹, Л.А.Атраментова¹

¹Харьковский национальный университет имени В.Н.Каразина (Харьков, Украина)

²Институт проблем криобиологии и криомедицины НАН Украины (Харьков, Украина)
gelios-01@mail.ru

В статье обоснована правомерность использования украинских фамилий в качестве квазигенетических маркёров. На основании частот фамилий рассчитаны межпопуляционные расстояния, даны оценки инбридинга и этнической структуры популяций. Межпопуляционные расстояния, рассчитанные по частотам фамилий, положительно коррелировали с межпопуляционными генетическими расстояниями, рассчитанными по частотам алелей систем АВ0 и Rh ($r=0,69$; $p=0,007$), а также по частотам гаплогрупп Y-хромосомы ($r=0,60$; $p=0,06$). Коэффициенты случайного инбридинга, рассчитанные на основании фамилий, были обратно пропорциональны размерам популяций. Структура этнической принадлежности наиболее частых фамилий на Слобожанщине, в Закарпатье, Полесье и Запорожье объективно отражала исторические и приграничные миграции населения. В целом, украинские фамилии, подобно традиционным маркёрам, дают надёжные оценки структуры популяций, что подтверждает возможность их использования в качестве квазигенетических маркёров.

Ключевые слова: украинские фамилии, квазигенетические маркёры, гаплогруппы Y-хромосомы, группы крови АВ0 и Rh, случайный инбридинг.

Українські прізвища як квазігенетичні маркери. Асоціація з групами крові та гаплогрупами Y-хромосоми М.Ю.Горпинченко, В.В.Буркова, О.М.Утевська, Л.О.Атраментова

У статті обґрунтовується правомірність використання українських прізвищ в якості квазігенетичних маркерів. За частотами прізвищ розраховані міжпопуляційні відстані, надані оцінки інбридингу та етнічної структури популяцій. Міжпопуляційні відстані, розраховані за частотами прізвищ, позитивно корелювали з міжпопуляційними генетичними відстанями, розрахованими за частотами алелей систем АВ0 і Rh ($r=0,69$; $p=0,007$), а також за частотами гаплогруп Y-хромосоми ($r=0,60$; $p=0,06$). Коефіцієнти випадкового інбридингу, розраховані за прізвищами, були зворотно пропорційні розмірам популяцій. Структура етнічної приналежності найбільш частих прізвищ на Слобожанщині, в Закарпатті, Поліссі та Запоріжжі об'єктивно відображала історичні та прикордонні міграції населення. В цілому, українські прізвища, подібно до традиційних маркерів, дають надійні оцінки структури популяцій, що підтверджує можливість їх використання в якості квазігенетичних маркерів.

Ключові слова: українські прізвища, квазігенетичні маркери, гаплогрупи Y-хромосоми, групи крові АВ0 і Rh, випадковий інбридинг.

Ukrainian surnames as quasi-genetic markers. The correlation with blood group and Y-chromosome haplogroups M.Yu.Gorpynchenko, V.V.Burkova, O.M.Utevska, L.A.Atramentova

The article substantiates the validity of usage Ukrainian surnames as quasi-genetic markers. The inter-population distances, inbreeding values and ethnic population structure were estimated using the frequency of surnames. The interpopulation distances based on the surnames frequencies correlated positively with the inter-population genetic distances calculated from the allelic frequencies of АВ0 and Rh systems ($r=0.69$; $p=0.007$), and from the frequencies of Y-chromosome haplogroups ($r=0.60$; $p=0.06$). Random inbreeding coefficients obtained from the surnames frequencies, were inversely proportional to population size. The ethnic structure of the most common surnames in Slobozhanschyna, Transcarpathia, Polesie and Zaporozhye reflected objectively the historical and

cross-border migrations. In general, Ukrainian surnames provide reliable estimates of a population structure, that confirms the possibility of their use as quasigenetic markers.

Key words: *Ukrainian surnames, quasi-genetic markers, Y-chromosome haplogroups, blood groups ABO and Rh, random inbreeding.*

Вступ

С тех пор как в 1965 году Дж.Кроу и А.Мэндж (Crow, Mange, 1965) предложили использовать фамилии в качестве инструмента популяционно-генетических исследований, прошло полвека. Успехи, достигнутые за это время, показали, что фамилии хорошо работают в качестве маркёров при решении некоторых научных и практических задач, а в ряде случаев их использование имеет и преимущества. К последним относятся, прежде всего, техническая доступность материала и экономическая целесообразность работ. Высокая стоимость молекулярно-генетических анализов ограничивает объём выборок, что всякий раз создаёт проблему репрезентативности. Этого не происходит при работе с фамилиями, поскольку имеется возможность использовать тотальные списки населения.

Использование фамилий в качестве квазигенетических маркёров базируется на сходстве их передачи в поколениях с наследованием Y-хромосомы – по мужской линии (Crow, 1980; Почешхова и др., 2008). Установлено, что между популяционными показателями, полученными с использованием белковых и ДНК-маркёров, и теми же показателями, полученными с помощью фамилий, имеется хорошее соответствие (Казаченко и др., 1980; Старцева, 1994; Атраментова, Горпинченко, 2014; Горпинченко, Атраментова, 2015а). Коэффициент корреляции между показателями попарного сходства русских популяций, рассчитанных по частотам гаплогрупп Y-хромосомы и частотам фамилий, довольно высок и составляет примерно $r=0,6$ (Атраментова, Горпинченко, 2014). Изучение связи между фамилиями и Y-хромосомой на индивидуальном уровне также основано на сходстве их наследования по мужской линии (Ellis, Starmer, 1978; Lasker, Mascie-Taylor, 1983; Barraï et al., 1999, 2000; Rodriguer-Laralde et al., 2000; Sykes, Irvén, 2000; Yuan et al., 2000; Jobling, 2001; Zei et al., 2003; Immel et al., 2006; McEvoy, Bradley, 2006; King et al., 2006; King, Jobling, 2009a). Показано, что носители редких фамилий чаще оказывались родственниками, чем обладатели частых фамилий (Балановская и др., 2011). Анализ Y-хромосомы по STR и SNP маркёрам позволил датировать появление отдельных английских фамилий (Rodriguer-Laralde et al., 2000; McEvoy, Bradley, 2006; King, Jobling, 2009b), определить уровень полифилетичности русских фамилий (Балановская и др., 2011).

Имеющееся соответствие между квазигенетическими и биологическими маркёрами позволяет использовать фамилии для генетических прогнозов, в частности, при оценке уровня инбридинга и груза наследственной патологии (Cavalli-Sforza, Bodmer, 1971). Связь между фамилиями и ДНК-маркёрами даёт возможность использовать разнообразие Y-хромосомы и фамилий для взаимного прогноза (Vedoya et al., 2006; Балановская и др., 2011), поскольку предполагается, что популяции, сходные по набору фамилий, сходны и по фонду Y-хромосомы.

Украинские фамилии стали объектом внимания генетиков лишь недавно. Исследования были посвящены инвентаризации фамильного фонда украинцев (Горпинченко и др., 2013) и их возможности дифференцировать группы населения различных территориально-исторических образований Украины (Атраментова, Горпинченко, 2014; Горпинченко, Атраментова, 2015б). Цель данной работы – протестировать возможность использования украинских фамилий в качестве квазигенетических маркёров. Задачами исследования было: 1) оценить корреляции между фамилиями и генетическими маркёрами, 2) проверить возможность использования фамилий для оценки уровня эндогамии, 3) проверить возможность оценки миграционных потоков с помощью фамилий.

Материалы и методы

Фамилии в украинских популяциях

В качестве источника фамилий использованы полные списки граждан Украины состоянием на 03.02.2006 (52 884 414 записей о жителях 24 областей Украины и Автономной республики Крым). Хранение и преобразование информации обеспечено программой «Сronos». В табл. 1 представлен список популяций, взятых для статистического анализа в данной работе. Подготовка списков фамилий осуществлялась в программе Microsoft Office Excel 2007.

Группы крови и гаплогруппы Y-хромосомы

Использованы данные о частотах Y-гаплогрупп в популяциях украинцев, ранее опубликованные нами в работе (Kushniarevich et al., 2015). Частоты групп крови по системам АВ0 и Rh изучены в Житомирской (n=100), Ровенской (n=100), Черновицкой (n=100), Харьковской (n=56), Сумской (n=100) и Запорожской (n=86) областях (табл. 2). Частоты аллелей соответствующих локусов рассчитаны по формулам Харди-Вайнберга и Бернштейна (Ли, 1978) (табл. 3).

Корреляция между матрицами генетических расстояний

Для одних и тех же населённых пунктов из шести областей (Житомирской, Ровенской, Черновицкой, Харьковской, Сумской и Запорожской) построены три матрицы парных генетических расстояний, рассчитанных по частотам аллелей локусов АВ0 и Rhesus, по частотам гаплогрупп Y-хромосомы, а также по частотам фамилий. Для расчёта генетического расстояния между популяциями *i* и *j* использована формула Nei (Nei, 1975):

$$D_{NEI\ ij} = -\ln \frac{\sum_{a=1}^l p_{ai} \cdot p_{aj}}{\sqrt{\sum_{a=1}^l p_i^2 \sum_{a=1}^l p_j^2}}$$

где p_{ai} – частота аллеля *a* в популяции *i*, *l* – общее число аллелей в локусах, по которым проведено сравнение.

Коэффициенты корреляции (парные и частные) между матрицами генетических расстояний рассчитаны с помощью теста Мантеля в программе Arlequin 3.11 (Patterson et al., 2006). Многомерное шкалирование выполнено в программе Statistica 8.0.

Таблица 1.

Перечень украинских популяций для статистического анализа

Область	Район	Населённый пункт	Население, чел.	Число фамилий
Харьковская	Змиевской	с. Лиман	5 078	1 116
Харьковская	Изюмский	с. Пасека	48	24
Харьковская	Богодуховский	с. Мерло	593	154
Харьковская	Валковский	г. Валки	11 894	2 261
Ровенская	Сарненский	г. Сарны	35 720	4 858
Черновицкая	Вижницкий	г. Вижница	4 712	1 522
Сумская	Недригайловский	пгт Недригайлов	6 482	1 108
Запорожская	Бердянский	с. Осипенко	4 776	1 217
Житомирская	Володарск-Волынский	пос. Володарск-Волынский	9 423	1 437
Закарпатская	Ужгородский	с. Среднее	4 156	869

Таблица 2.

Частоты групп крови по системам АВ0 и Rh в украинских популяциях

Популяция	Частоты фенотипов, %					
	I(0)	II(A)	III(B)	IV(AB)	Rh +	Rh -
Житомирская область, г. Володарск-Волынский	31,0	42,0	17,0	10,0	88,0	12,0
Ровенская область, г. Сарны	27,3	45,5	18,2	9,0	88,1	11,9
Черновицкая область, г. Вижница	27,9	51,2	18,6	2,3	83,7	16,3
Харьковская область, г. Валки	35,3	43,1	19,6	2,0	86,0	14,0
Запорожская область, с. Осипенко	28,0	45,0	17,0	10,0	81,0	19,0
Сумская область, пгт Недригайлов	30,0	40,0	24,0	6,0	85,0	15,0

Таблиця 3.

Частоты аллелей I^A , I^B , i^0 , R , r в украинских популяциях

Популяция	Частоты аллелей				
	I^A	I^B	i^0	R	r
Житомирская область, пос. Володарск-Волинский	0,30	0,15	0,55	0,66	0,34
Ровенская область, г. Сарны	0,30	0,18	0,52	0,65	0,35
Черновицкая область, г. Вижница	0,29	0,19	0,53	0,60	0,40
Харьковская область, г. Валки	0,21	0,20	0,59	0,63	0,37
Запорожская область, с. Осипенко	0,22	0,12	0,66	0,66	0,34
Сумская область, пгт Недригайлов	0,27	0,13	0,58	0,61	0,39

Кoeffициент случайного инбридинга

Значение показателя случайного инбридинга по частотам фамилий определяли по формуле:

$$f_{in} = \frac{I}{4}$$

где I – коэффициент изонимии (ожидаемая частота однофамильных браков в j -той популяции).

Кoeffициент изонимии вычисляли по формуле

$$I = \sum P_j^2$$

где P_j – частота i -той фамилии в j -той субпопуляции (Crow, Mange, 1965; Crow, 1980).

Результаты и обсуждение**Генетические расстояния между популяциями**

Прямым доказательством правомерности использования фамилий как квазигенетических маркёров является соответствие результатов, полученных с их использованием, результатам, полученным с помощью обычных генетических маркёров. В данной работе были сопоставлены межпопуляционные генетические расстояния (Nei, 1975), рассчитанные по следующим маркёрам:

- 1) вариантам аллелей групп крови по системам ABO и Rhesus;
- 2) SNP маркёрам Y-хромосомы;
- 3) фамилиям.

Полученные матрицы расстояний визуализированы на графиках многомерного шкалирования (рис. 1). Обращает на себя внимание подобие графиков для Y-хромосомных маркёров и фамилий (рис. 1 б, в). Их общей чертой является относительная обособленность Запорожской и Черновицкой областей на фоне сгруппированных вместе популяций Слобожанщины и Полесья.

Между матрицами генетических расстояний рассчитаны парные и частные коэффиценты корреляции (табл. 4). Корреляция между матрицами расстояний, рассчитанных для истинных биологических маркёров, как и следовало ожидать, оказалась наиболее сильной ($r=0,69$). Парный коэффицент корреляции между матрицами для фамилий и Y-хромосомных маркёров равен $r=0,58$, для фамилий и групп крови – $r=0,60$. Эти значения указывают на достаточно сильное соответствие между фамилиями и биологическими маркёрами на популяционном уровне. Полученные результаты свидетельствуют о том, что украинские фамилии в целом достаточно хорошо отражают межпопуляционную структуру, которая оценивается по «настоящим» биологическим маркёрам – группам крови и гаплогруппам Y-хромосомы.

Оценка случайного инбридинга

Важнейшим фактором, определяющим уровень инбридинга, является размер популяции. С уменьшением численности населения в популяции возрастает уровень инбридинга. Мы оценили коэффицент случайного инбридинга как вероятность браков между однофамильцами при панмиксии для популяций разного размера (табл. 5). Коэффицент инбридинга оказался обратно пропорциональным количеству жителей в населённых пунктах, что полностью соответствует известному факту о большей вероятности родственных браков в малочисленных населённых пунктах по сравнению с крупными. Полученный результат показывает, что использование фамилий даёт адекватные оценки частоты родственных браков в популяции и применимо для оценки степени инбридинга.

Таблица 4.

Корреляции между матрицами генетических расстояний

Пары признаков	Коэффициенты корреляции, r	
	парные	частные
Фамилии – системы АВ0, Rh	0,69 ($p=0,007$)	0,53 ($p=0,033$)
Фамилии – Y хромосома	0,60 ($p=0,060$)	0,35 ($p=0,153$)
Y хромосома – системы АВ0, Rh	0,58 ($p=0,085$)	0,27 ($p=0,210$)

Примечание: p – уровень значимости.

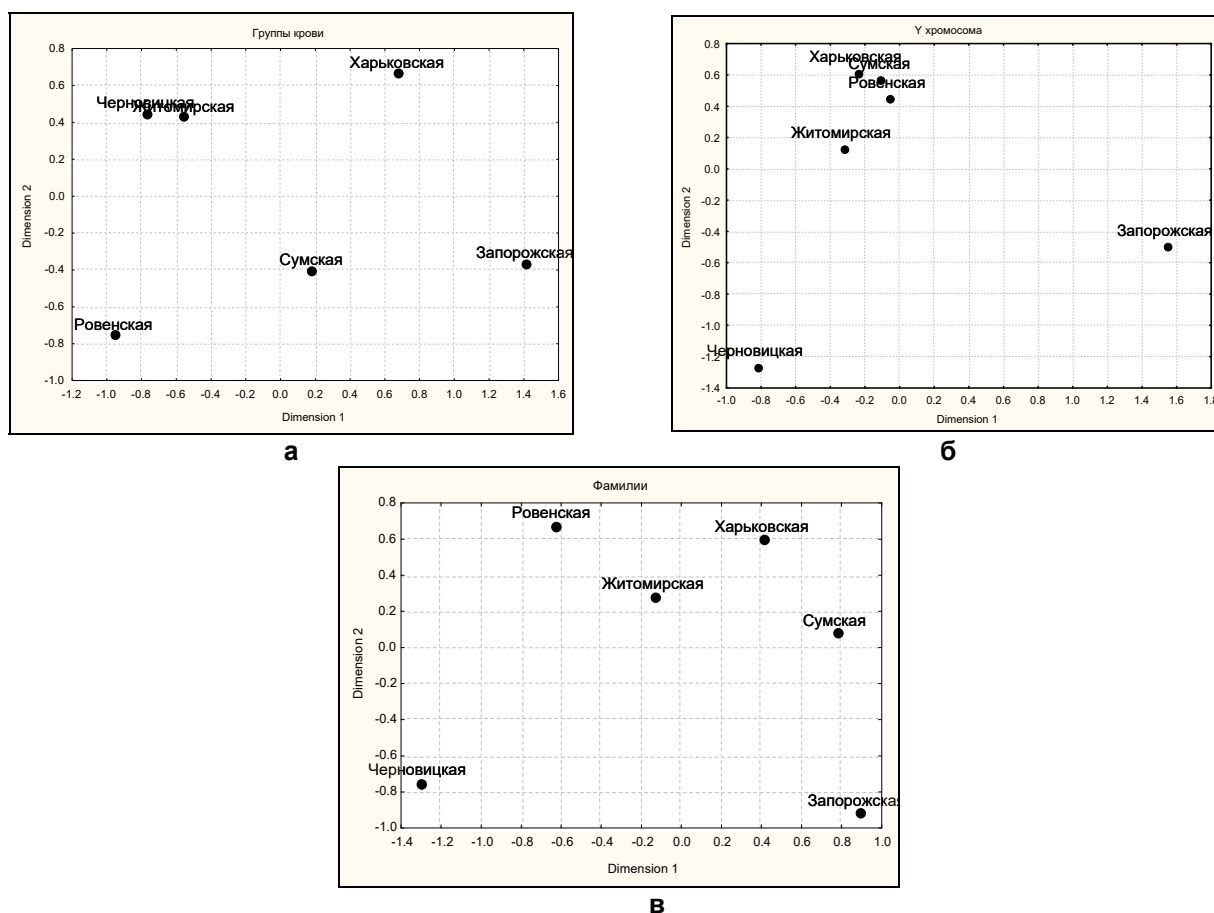


Рис. 1. Сходство украинских популяций по генетическим и квазигенетическим маркерам: а) по аллелям групп крови (алиенация=0,034, стресс=0,018), б) по гаплогруппам Y-хромосомы (алиенация=0,0005, стресс=0,0003), в) по фамилиям (алиенация=0,021, стресс=0,011)

Таблица 5.

Коэффициент случайного инбридинга в населённых пунктах разного размера (Харьковская область)

Населённый пункт	Население, чел.	Число фамилий	Коэф. случайного инбридинга f_r
с. Пасека, Изюмский район	48	24	0,0152
с. Мерло, Богодуховский район	593	154	0,0061
с. Лиман, Змиевской район	5078	1116	0,0008

Миграционные потоки

Происхождение фамилий довольно точно маркируется лингвистическими этномаркёрами – специфичными корнями, суффиксами, окончаниями. Используя данные по этномаркёрам (Редько, 1966, 1968), было определено вероятное происхождение десяти наиболее частых фамилий в ряде населённых пунктов из разных областей Украины (табл. 6, рис. 2).

Таблица 6.**Этническое происхождение фамилий**

Населенный пункт	Фамилия	Частота, %	Вероятное происхождение
с. Лиман, Змиевской район, Харьковская область	КОСТЕНКО	1,45	украинское
	КУЩ	1,18	украинское
	СОЛОНИН	1,12	российское
	ЮНОШЕВ	1,10	российское
	КРАВЧЕНКО	0,96	украинское
	ОЛЕЙНИК	0,93	общеславянское
	ГОРОБЕЦ	0,85	украинское
	РИЗВАН	0,85	татарское
	КОВАЛЕНКО	0,81	украинское
	СРИБНЫЙ	0,79	украинское
пос. Володарск-Волынский, Володарск-Волынский район, Житомирская область	ПАНЧЕНКО	2,41	украинское
	КОВАЛЬЧУК	1,25	белорусское
	МЕЛЬНИК	1,22	общеславянское
	ЯКОВЕНКО	1,21	украинское
	ТКАЧУК	1,09	белорусское
	ОПАНАСЮК	1,07	белорусское
	СИДОРЕНКО	1,07	украинское
	ДЕМЬЯНЧУК	1,06	белорусское
	ШАПИРЕНКО	1,06	украинское
	ФЕДОРЕНКО	1,00	украинское
пгт Среднее, Ужгородский район, Закарпатская область	СУРМАЙ	2,41	австро-венгерское
	СКАКАНДИЙ	1,27	австро-венгерское
	СТЕГУН	1,27	австро-венгерское
	САБОВЧИК	1,06	австро-венгерское
	БАЛОГ	1,03	австро-венгерское
	ВАРОДЫ	1,03	австро-венгерское
	БОИОК	1,01	австро-венгерское
	ШТЕФАНЯК	1,01	австро-венгерское
	ВЕЙГЕШИ	0,82	австро-венгерское
ОЛАГ	0,82	австро-венгерское	
пгт Недригайлов, Недригайловский район, Сумская область	ГОРДИЕНКО	3,27	украинское
	ТОКАРЕНКО	1,88	украинское
	ОЛЕЙНИК	1,65	общеславянское
	КОРЕНЕВ	1,27	российское
	ЗАХАРЧЕНКО	1,08	украинское
	ПИЛИПЕНКО	1,05	украинское
	СОКРУТА	0,96	белорусское
	СТРОКОЛИС	0,94	белорусское
	ЛЫСЕНКО	0,91	украинское
ВЕРЕТИЛЬНИК	0,83	российское	
с. Осипенко, Бердянский район, Запорожская область	СОЛОНСКИЙ	4,54	общеславянское
	ЗУБКО	1,72	украинское
	ГОЛОВАТЫЙ	1,51	украинское (казацк.)
	БЕЛОВОЛ	1,11	российское
	ГАВЯЗ	1,01	украинское?
	ПРОЦЕНКО	0,98	украинское
	КОЛОМОЕЦ	0,94	белорусское
	КАЛЬЧЕНКО	0,88	украинское
ПОГОРЕЛЫЙ	0,86	украинское (казацк.)	
МОСКАЛЕНКО	0,80	украинское	

В Харьковской области преобладают фамилии украинского происхождения, что согласуется с историей Слобожанщины, которая в XVII–XVIII вв. заселялась переселенцами из Правобережной Украины. Данный регион граничит с южными районами России, поэтому для него также характерно значительное присутствие русских фамилий. В Житомирской области, территориально граничащей с белорусским Полесьем, преобладают украинские и белорусские фамилии. В Закарпатской области наиболее частые фамилии имеют, предположительно, австро-венгерское происхождение, что вполне согласуется с историей региона. Сумская область расположена на стыке Украины, Белоруссии и России, что отражается в перечне наиболее частых фамилий. В Запорожской области вполне закономерно преобладание украинских фамилий и присутствие среди них характерных казачьих кличек (с. Осипенко – пункт расположения Азовского казачьего войска в XVIII–XIX вв.).

Таким образом, фамилии объективно отражают миграции населения, сопровождающиеся изменениями этнического состава.



Рис. 2. Этническое происхождение фамилий в украинских популяциях (среди десяти наиболее частых фамилий)

Заключение

Проведённые тесты показали, что украинские фамилии могут адекватно описывать генетическую структуру популяции. Коэффициенты случайного инбридинга, рассчитанные на основании фамилий, обратно пропорциональны размерам популяций исследуемых областей, что согласуется с теорией популяционной генетики. Генетические расстояния между популяциями, рассчитанные по фамилиям, и расстояния, рассчитанные по биохимическим и молекулярно-генетическим маркерам, проявляют сильную положительную корреляцию. Этническая принадлежность наиболее распространённых фамилий объективно отражает исторические и приграничные миграции населения. В целом, украинские фамилии, подобно традиционным маркерам, дают надёжные оценки структуры популяций, что подтверждает возможность их использования в качестве квазигенетических маркеров.

Список литературы

Атраментова Л.А., Горпинченко М.Ю. О возможности использования украинских фамилий для оценки уровня инбридинга // IX Міжн. наук. конф. «Фактори експериментальної еволюції організмів». – Умань, 2014. – Т.14. – С. 182–186. /Atramentova L.A., Gorpynchenko M.Yu. O vozmozhnosti ispolzovaniya ukrainiskikh familiy dlya otsenki urovnya inbridinnga // IX Mizhn. nauk. konf. «Faktery eksperymentalnoyi evolyutsiyi organizmiv». – Uman, 2014. – T.14. – S. 182–186./

- Балановская Е.В., Романов А.Г., Балановский О.П. Однофамильцы или родственники? Подходы к изучению связи между гаплогруппами Y-хромосомы и фамилиями // Молекулярная биология. – 2011. – Т.45, №3. – С. 473–485. /Balanovskaya Ye.V., Romanov A.G., Balanovskiy O.P. Odnofamiltsy ili rodstvenniki? Podkhody k izucheniyu svyazi mezhdz gaplogruppami Y-khromosomy i familiyami // Molekulyarnaya biologiya. – 2011. – T.45, №3. – S. 473–485./
- Горпинченко М.Ю., Атраментова Л.О. Популяційно-генетичні характеристики населення України, отримані з використанням прізвищ // Вісник КНУ. Біологія. – 2015а. – Т.1, №69. – С. 68–71. /Gorpychenko M.Yu., Atramentova L.O. Populyatsiyno-genetychni kharakterystyky naselennya Ukrayiny, otrymani z vykorystannyam pryzvyshch // Visnyk KNU. Biologiya. – 2015a. – T. 1, №69. – S. 68–71./
- Горпинченко М.Ю., Атраментова Л.О. Здатність показника I_p розрізняти українські популяції регіонального рівня // X Міжн. наук. конф. «Фактори експериментальної еволюції організмів». – Чернівці, 2015б. – Т.16. – С. 192–196. /Gorpychenko M.Yu., Atramentova L.O. Zdatnist pokaznyka I_p rozrinyaty ukrayinski populyatsiyi regionalnogo rinvya // X Mizhn. nauk. conf. «Faktoy eksperymentalnoyi evolyutsiyi organizmiv». – Chernivtsi, 2015b. – T. 16. – S. 192–196./
- Горпинченко М.Ю., Утевская О.М., Атраментова Л.А. Миграционная структура населения Валковского района Харьковской области по данным о квазігенетических маркерах // VIII Міжн. наук. конф. «Фактори експериментальної еволюції організмів». – Алушта, 2013. – Т.13. – С. 296–299. /Gorpychenko M.Yu., Utevskeya O.M., Atramentova L.A. Migratsionnaya struktura naseleniya Valkovskogo rayona Kharkovskoy oblasti po dannym o kvazigeneticheskikh markerakh // VIII Mizhn. nauk. conf. «Faktoy eksperymentalnoyi evolyutsiyi organizmiv». – Alushta, 2013. – T.13. – S. 296–299./
- Казаченко Б.Н., Ревазов А.А., Тарлычева Л.В., Лавровский В.А. Использование фамилий для изучения факторов динамики популяционной структуры // Генетика. – 1980. – Т.16, №11. – С. 2049–2057. /Kazachenko B.N., Revazov A.A., Tarlycheva L.V., Lavrovskiy V.A. Ispolzovaniye familiy dlya izucheniya faktorov dinamiki populyatsionnoy struktury // Genetika. – 1980. – T.16, №11. – S. 2049–2057./
- Почешхова Э.А., Балановская Е.В., Серегин Ю.А. и др. Динамика генофонда во времени по данным о фамилиях и родословных // Мед. генетика. – 2008. – №7. – С. 3–10. /Pocheshkhova E.A., Balanovskaya Ye.V., Seregin Yu.A. i dr. Dinamika genofonda vo vremeni po dannym o familiyakh i rodoslovnykh // Med. genetika. – 2008. – №7. – S. 3–10./
- Редько Ю.К. Довідник українських прізвищ. – Київ: Радянська школа, 1968. – 256с. /Redko Yu.K. Dovidnyk ukrayinskykh pryzvyshch. – Kyiv: Radyanska shkola, 1968. – 256s./
- Редько Ю.К. Сучасні українські прізвища. – Київ: Наукова думка, 1966. – 216с. /Redko Yu.K. Suchasni ukrayinski pryzvyshcha. – Kyiv: Naukova dumka, 1966. – 216s./
- Старцева Е.А., Ельчинова Г.И., Мамедова Р.А., Гинтер Е.К. Использование индекса миграций, показателя разнообразия фамилий, энтропии и избыточности распределения фамилий при описании структуры популяций // Генетика. – 1994. – Т.30, №7. – С. 978–981. /Startseva Ye.A., Yelchinova G.I., Mamedova R.A., Ginter Ye.K. Ispolzovaniye indeksa migratsiy, pokazatelya raznoolbraziya familiy, entropii i izbytochnosti raspredeleniya familiy pri opisani struktury populyatsiy // Genetika. – 1994. – T.30, №7. – S. 978–981./
- Ли Ч. Введение в популяционную генетику. – Москва: Мир, 1978. – 560с. /Li Ch. Vvedeniye v populyatsionnyu genetiku. – Moskva: Mir, 1978. – 560s./
- Barral I., Rodriquer-Larralde A., Mamolini E. et al. Elements of the surname structure of Austria // Ann. Human Biol. – 2000. – Vol.27, №6. – P. 607–622.
- Barral I., Rodriquer-Larralde A., Mamolini E., Scapoli C. Isonymy and isolation by distance in Italy // Ann. Human Biol. – 1999. – Vol.71, №6. – P. 947–961.
- Bedoya G., Montoya P., Garcia J. Admixture dynamics in hispanics: a shift in the nuclear genetic ancestry of a South American population isolate // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. – 2006. – Vol.103, №19. – P. 7234–7239.
- Cavalli-Sforza L.L., Bodmer W.F. The genetics of human populations. – San Francisco: W.H.Freeman and Co, 1971. – 965p.
- Crow J.F., Mange A. Measurement of inbreeding from the frequency of marriages between person of the same surname // Eugenics Quart. – 1965. – Vol.12. – P. 199–203.
- Crow J.F. The estimation of inbreeding from isonymy // Human Biol. – 1980. – Vol.52. – P. 1–12.
- Ellis W.S., Starmer W.T. Inbreeding as measured by isonymy, pedigrees and population size in Torbel, Switzerland // Amer. J. Hum. Genet. – 1978. – Vol.30. – P. 366–376.
- Immel U.D., Krawczak M., Udolph J. et al. Y-chromosomal STR haplotype analysis reveals surname associated strata in the East-German population // Eur. J. Hum. Genet. – 2006. – Vol.14 (5). – P. 577–582.
- Jobling M.A. In the name of the father: surnames and genetics // Trends Genet. – 2001. – Vol.17, №6. – P. 353–357.
- King T.E., Jobling M.A. Founders, drift, and infidelity: the relationship between Y chromosome diversity and patrilineal surnames // Mol. Biol. Evol. – 2009a. – Vol.26, №5. – P. 1093–1102.
- King T.E., Jobling M.A. What's in a name? Y chromosomes, surnames and the genetic genealogy revolution // Trends Genet. – 2009b. – Vol.25, №8. – P. 351–360.

-
- King T.E., Ballereau S.J., Schurer K.E., Jobling M.A. Genetic signatures of coancestry within surnames // *Current biology*. – 2006. – Vol.21, №16. – P. 384–388.
- Kushniarevich A., Utevskaya O., Chuhryaeva M. et al. Genetic heritage of the Balto-Slavic speaking populations: a synthesis of autosomal, mitochondrial and Y-chromosomal data // *PLoS One*. – 2015. – Vol.10 (9). – e0135820.
- Lasker G.W., Mascie-Taylor C.G.N. Surnames in the five English villages: relationship to each other, to surrounding areas and to England and Wales // *J. Biosoc. Sci.* – 1983. – Vol.15. – P. 25–34.
- McEvoy B., Bradley D.G. Y-chromosomes and the extent of patrilineal ancestry in Irish // *Hum. Genet.* – 2006. – Vol.119, № 1–2. – P. 212–219.
- Nei M. *Molecular population genetics and evolution*. – North-Holland American Elsevier, 1975. – 288p.
- Patterson N., Price A.L., Reich D. Population structure and eigenanalysis // *PLoS Genet.* – 2006. – Vol.2. – e190.
- Rodriguer-Larralde A., Morales J., Barrai I. Surnames frequency and the isonymy structure of Venezuela // *Am. Human. Biol.* – 2000. – Vol.12, №3. – P. 352–362.
- Sykes B., Irven I. Surnames and the Y chromosome // *Am. J. Hum. Genet.* – 2000. – Vol.66, №4. – P. 1417–1419.
- Yuan Y.D., Zhang C., Yang H.Ming Population genetics of Chinese surnames. I. Surname frequency distribution and genetic diversity in Chinese // *Acta Genet. Sin.* – 2000. – Vol.27, №6. – P. 471–476.
- Zei G., Lisa A., Fiorani O. et al. From surnames to the history of Y chromosomes: the Sardinian population as a paradigm // *Eur. J. Hum. Genet.* – 2003. – Vol.11, №10. – P. 802–807.

Представлено: О.В.Філіпцова / Presented by: O.V.Filipstova

Рецензент: Є.Є.Перський / Reviewer: Ye.E.Persky

Подано до редакції / Received: 04.10.2015