

ГОРПИНЧЕНКО М.Ю., УТЕВСКАЯ О.М., АТРАМЕНТОВА Л.А.

*Харьковской национальной университет имени В.Н. Каразина
Украина, 61022, г. Харьков, пл. Свободы, 4, e-mail: gelios-01@mail.ru*

МИГРАЦИОННАЯ СТРУКТУРА НАСЕЛЕНИЯ ВАЛКОВСКОГО РАЙОНА ХАРЬКОВСКОЙ ОБЛАСТИ ПО ДАННЫМ О КВАЗИГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЁРАХ

Одним из видов квазигенетических маркёров, позволяющих осуществлять масштабные исследования при невысоких затратах, являются фамилии, которые, как правило, передаются от отца к сыну и далее в поколениях, повторяя характер наследования Y-хромосомных вариантов. Частоты фамилий в популяциях можно рассматривать как частоты аллелей одного локуса и применять к ним стандартные подходы популяционной генетики. Методику использования фамилий в качестве аналога генетических маркёров предложили Дж.Ф. Кроу и А.П. Мэндж в

1965 году [2]. С тех пор фамилии применялись для изучения генофондов европейских популяций [1, 3, 4, 5], в том числе и российских [6, 7, 8, 9]. В частности, по квазигенетическим маркёрам была изучена генетическая структура алтайских, северо-кавказских, приуральских, среднеазиатских и других популяций. На высоком уровне исследована Белгородская область РФ [8, 9]. По украинским популяциям, однако, такие работы отсутствуют, и представленное исследование является одним из первых.

Материалы и методы

Исследовался Валковский район Харьковской области. Территория района составляет 1011 км², численность населения на 2006 г. составила 35 тыс. человек, в районе 102 населённых пункта.

Район исследован по разнообразию фамилий тотально, всего проанализирована информация о 30 447 жителях района, среди которых выявлено 2375 фамилий. В исследовании использовались данные о пунктах с населением от 50 до 11 500 человек. Для исключения случайных и недавних мигрантов в исследование включались фамилии, частота которых в районе была не ниже 5, в селах с населением более 250 человек – не ниже 3, малые сёла обследовались полностью. Популяцией считался один населённый пункт. Все фамилии были

приведены к единому стандарту (женские формы фамилий были заменены на мужские).

Для расчёта частоты фамилий в каждой популяции использовалась программа Microsoft Office Excel 2007. Расчёт квазигенетических расстояний проводился с помощью программы Statistica 8 (кластерный анализ, евклидовы расстояния), расчёт географических расстояний проводился по координатам (программа DistGeo, разработана в МГНЦ РАМН под руководством О.П. Балановского, г. Москва). Корреляция между матрицами квазигенетических и географических расстояний была рассчитана по методу Мантеля (программы Arlequin 3.1). Для 100 наиболее частых фамилий проанализировано этническое происхождение (согласно рекомендациям <http://genofond.ru>).

Результаты и обсуждение

Среди 30 447 жителей района встретилось 2375 фамилий. Наиболее частые из них представлены в таблице.

Анализ сопряжённости между географическими и квазигенетическими межпопуляционными расстояниями проводился с использованием корреляционного теста по Мантелю. По результатам теста коэффициент корреляции $r = 0.017 \pm 0.002$, то есть значимая корреляция отсутствует. Аналогичные результаты получены для ряда европейских стран [4]. Это свидетельствует, прежде всего, о высокой миграционной активности населения района, которая приводит к сглаживанию локальных генетических различий.

Более детальная картина географической подразделённости по фамильным маркёрам получена по результатам кластерного анализа. Все населённые пункты объединились в несколько кластеров (рис. 1).

Этническое происхождение фамилий отражает миграционные потоки, которые формировали население района. Харьковская область граничит с Россией, её население исторически сформировано переселившимися украинцами из Правобережной Украины, которые в 17 веке защищали южные границы от набегов крымских татар. Анализ фамилий по этническому происхождению позволил выявить следы этих миграционных потоков. Проанализировав фамилии по

етническому происхождению, мы получили данные, представленные на рис. 2. Подавляющее большинство фамилий (63 %), встреченных в Валковском районе, имеют украинское происхождение. Фамилии с общеславянскими этно-маркерами составляли около 14 %. Белорусские, русские и тюркские фамилии составляли соответственно 5 %, 3 % и 2 %. Эти данные соотно-

сятся с результатами переписи населения 2001 г. (ukrcensus.gov.ua), согласно которым в районе доминирующим является украинской этнос (более 95 %). Для ряда фамилий этническое происхождение определить не удалось, так как они образованы от кличек, названий предметов быта, ремёсел и не соотносятся с определёнными этносами.

Таблица. Наиболее распространённые фамилии в Валковском районе Харьковской области

№ п/п	Фамилия	Количество носителей	№ п/п	Фамилия	Количество носителей	№ п/п	Фамилия	Количество носителей
1	ГУБСЬКИЙ	435	18	ГОНЧАРЕНКО	133	35	ПОЛТАВСЬКИЙ	108
2	ОЛЬХОВСЬКИЙ	320	19	ПАНЧЕНКО	133	36	ВАЩЕНКО	104
3	МАКАРЕНКО	279	20	КРАВЧЕНКО	130	37	БУЦЬКИЙ	102
4	ШЕВЧЕНКО	265	21	ПОНОМАРЕНКО	129	38	БОЇДАР	102
5	БИЛЕЦЬКИЙ	256	22	КОВАЛЕНКО	128	39	НАЗАРЕНКО	102
6	БОНДАРЕНКО	243	23	ХАРЧЕНКО	128	40	КИРИЧЕНКО	101
7	САВЧЕНКО	226	24	ІВАНСЬКИЙ	124	41	НЕСТЕРЕНКО	101
8	МЕЛЬНИК	216	25	САЛАЩЕНКО	124	42	КАДИГРІБ	101
9	КОРСУН	178	26	КОЛЯДА	123	43	СУПРУН	100
10	ПЕТРЕНКО	166	27	ХВОРОСТ	116	44	СВИНАР	96
11	КОЛІСНИК	165	28	КОСЕНКО	115	45	БОРИСЕНКО	95
12	ПЕРЕСАДА	157	29	РОЗУМНИЙ	114	46	ВЛАСЕНКО	95
13	ГУРА	153	30	КОВАЛЬ	111	47	МИНКО	95
14	КЛИМЕНКО	153	31	МІЗЯК	111	48	ПАСНИК	91
15	ЦИБУЛЬНИК	148	32	ТУПИЦЯ	111	49	СТЕПАНЕНКО	91
16	КОБЗАР	146	33	МИРОШНИЧЕНКО	110	50	ВОЙТЕНКО	89
17	КОТЕЛЕВЕЦЬ	134	34	ГУДЗЕНКО	108			

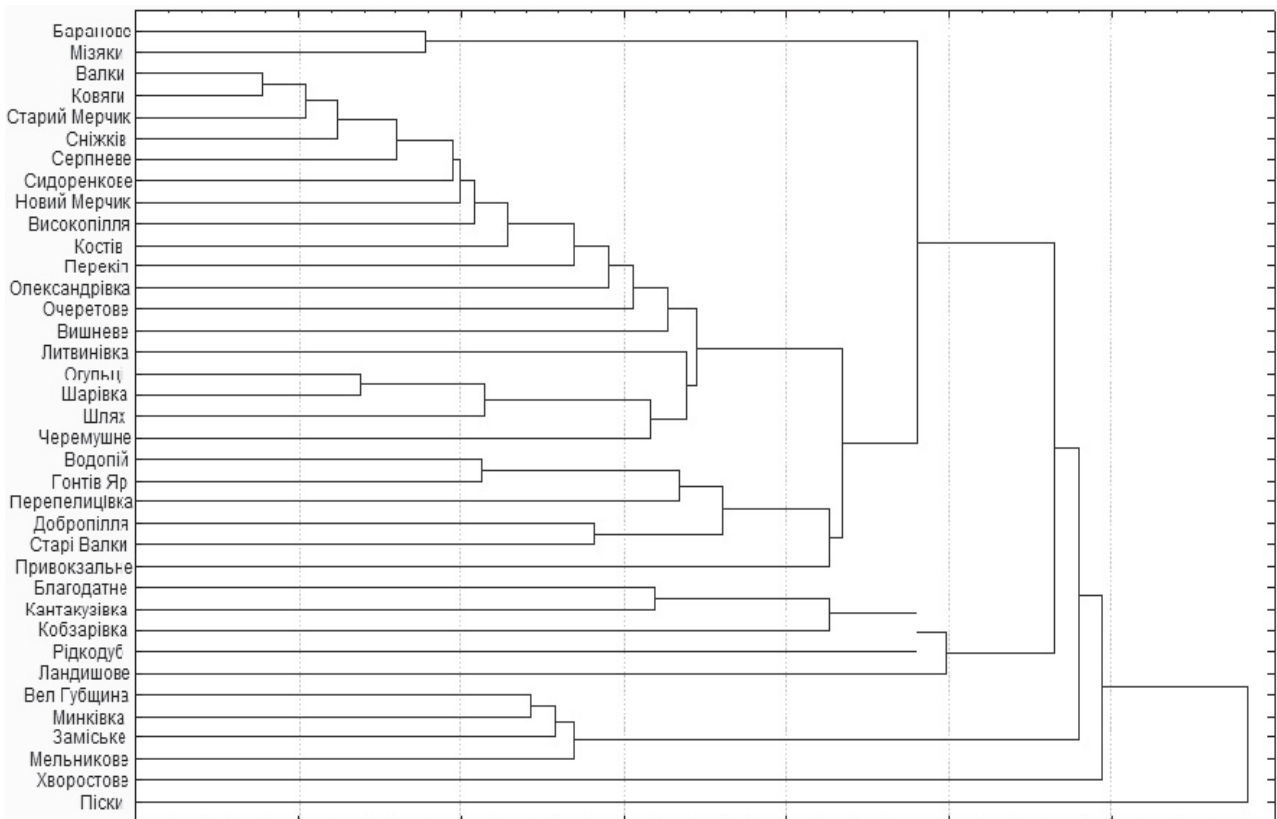


Рис. 1. Дендрограмма сходства населённых пунктов друг с другом на основании квазигенетических маркёров

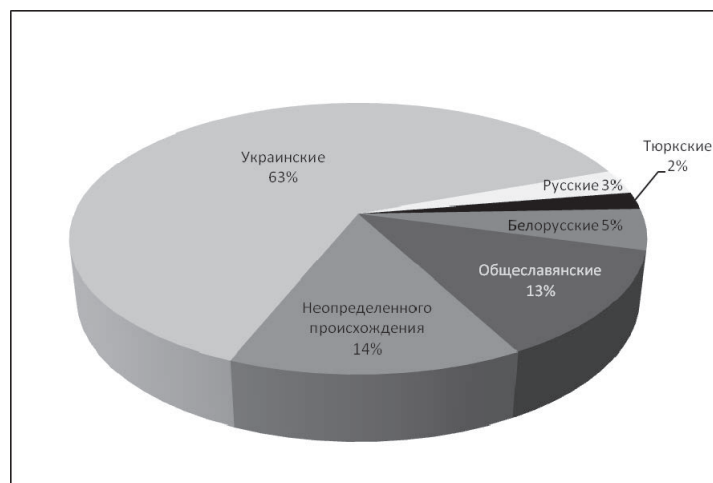


Рис. 2. Частотное распределение фамилий по этнической принадлежности

Выводы

Преобладание среди населения Валковского района Харьковской области фамилий с украинскими этномаркерами маркирует исторически документированное заселение района в 17 веке выходцами с территории Правобережной Украины. Небольшой процент фамилий иного этнического происхождения свидетельствует о практическом отсутствии миграции в район из смежных регионов России и Беларуси.

Квазигенетические расстояния между популяциями, рассчитанные по фамилиям, не связаны с географической удалённостью населённых пунктов, что свидетельствует об интенсивных миграциях внутри района, которые перемешивают население, делая его генетически однородным. В одном случае обнаружена кластеризация нескольких географически близких популяций по сходству квазигенетических маркеров.

Литература

1. Barrai I., Rodriguer-Larralde A., Mamolini E., Scapoli C. Isonymy and isolation by distance in Italy // *Ann. Human Biol.* – 1999. – Vol. 71, № 6. – P. 947–961.
2. Crow J.F., Mange A.P. Measurement of inbreeding from the frequency of marriages between person of the same surname // *Eugen. Quart.* – 1965. – Vol.12. – P. 199–203.
3. Lasker G.W., Mascie-Taylor C.G.N. Surnames in the five English villades: relationship to each other, to surrounding areas and to England and Wales // *J. Biosoc. Sci.* – 1983. – Vol. 15. – P. 25–34.
4. Rodriguer-Larralde A., Gonzales-Martin A., Scapoli C., Barrai I. The names of Spain: a study of the isonymy structure of Spain // *Am. J. Phys. Antropol.* – 2003. – Vol. 121, №3. – P. 280–292.
5. Rodriguer-Larralde A., Barrai I., Nesti C. et all. Isonymy and isolation by distance in Germany // *Ann. Human Biol.* – 1998. – Vol. 70, № 6. – P. 1041–1056.
6. Балановская Е. В., Балановский О. П. Русь фамильная // *Химия и жизнь.* – 2007. – №7.
7. Сорокина И. Н., Лепендина И.Н., Рудых Н.А., Верзилина А.В., Чурносов М.И. Фамилии как квазигенетические маркеры при популяционно-генетических исследованиях // *Научные ведомости БелГУ. Сер. Медицина. Фармация.* – 2010. – №22, вып. 12. – С. 72–79.
8. Сорокина И.Н., Балановская Е.В., Чурносов М.И. Генофонд населения Белгородской области. I. Дифференциация всех районных популяций по данным антропонимики // *Генетика.* – 2007. – Т. 43, №6. – С. 418–449.
9. Сорокина И.Н., Чурносов М.И., Балановская Е.В. Генофонд населения Белгородской области. II. «Фамильные портреты» в группах районов с разным уровнем подразделенности и роль миграций в их формировании // *Генетика.* – 2007. – Т. 43, №8. – С. 1120–1128.

GORPINCHENKO M.Y., UTEVSKAYA O.M., ATRAMENTOVA L.A.

V.N. Karazin National University of Kharkiv

Ukraine, 61022, Kharkov, Svoboda sq., 4, e-mail: gelios-01@mail.ru

THE POPULATION MIGRATION STRUCTURE OF THE VALKY DISTRICT (KHARKOV REGION) USING QUASIGENETIC MARKERS DATA

Aims. To study the migration structure by surnames used as quasigenetic markers. **Methods.** Totally 30,447 peoples and 2375 surnames were analyzed. The interpopulation quasigenetic distancies were calculated by surnames frequencies. The association between the geographic and quasigenetic distancies was estimated by

the Mantel test. The ethnicity was analyzed for the 100 of most common surnames. **Results.** The correlation coefficient between geographic and quasigenetic interpopulation distances was not statistically significant ($r = 0.017$, $p > 0.05$). About 63 % of the analyzed surnames have Ukrainian origin, 14 % – Slavonian, 5 % – Belarusian, 3 % – Russian and 2 % – Turkic. **Conclusions.** Surnames, as quasigenetic markers, reflect the migration processes in the study area, i.e. the early colonization of the region by migrants from the Western Ukraine and the intensive intraregional migration leading to the genetic homogeneity of the populations. *Key words:* surname, migration, quasigenetic markers, etnomarkery, Kharkiv region, Ukraine.

ДИБКОВ М.В.¹, ЗАВЕЛЕВИЧ М.П.², ГЛУЗМАН Д.Ф.², ПОЛЩУК Л.О.¹, МАЛЮТА С.С.¹, ТЕЛЕГЕСЬ Г.Д.¹

¹ Інститут молекулярної біології і генетики НАН України

Україна, 03680, м. Київ, вул. Акад. Заболотного, 150, e-mail: m.v.dybkov@imbg.org.ua

² Інститут експериментальної патології, онкології і радіобіології ім. Р.С. Кавецького НАН України
Україна, 03022, м. Київ, ул. Васильківська, 22

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНІ МЕТОДИ В ДІАГНОСТИЦІ ГОСТРИХ ЛЕЙКЕМІЙ

Гострі лейкемії – біологічно гетерогенна група захворювань кровотворної системи в основі розвитку яких лежить неконтрольована проліферація стовбурових кровотворних клітин чи клітин-попередників.

Згідно останніх статистичних даних ВООЗ та Національного канцер-реєстру України середньорічний показник захворюваності становить 3–5 на 100 000 населення [1, 2]. Питома вага гострих лейкемій є особливо високою у дітей та молоді 17–28 років. Тому є вкрай необхідною є своєчасна діагностика і визначення біологічного підтипу лейкемії, оскільки це забезпечить правильну тактику лікування і прогнозування перебігу захворювання. У випадку гострої лейкемії це вкрай непросто завдання оскільки згідно останньої ревізії четвертої ревізії класифікації та діагностичних критеріїв ВООЗ розрізняють більше 20 підтипів даної групи захворювань. На сьогодні для діагностики залучають комплекс сучасних підходів та методів, передусім цитоморфологічних, цитохімічних, методів імунофенотипування антигенів патологічних клітин, цитогенетичних методів. Окрім того значно розширено використання молекулярно-генетичних маркерів в якості одного з діагностичних критеріїв.

На сьогодні випадки гострої лейкемії поділяють на гострі лейкемії мієлоїдного походження, гострі лімфобластні лейкемії, гострі лейкемії недиференційовані. Кожна з цих груп поділяється на ряд підтипів.

Гостра мієлоїдна лейкемія (ГМЛ) – захворювання, що характеризується злоякісною трансформацією мієлоїдних клітин-попередників. Питома вага хворих на ГМЛ у дорослих складає

до 80% від усіх хворих на гостру лейкемію з піком захворюваності після 60 років. Серед дітей дай тип лейкемії спостерігається в 15-20% випадків від хворих на гостру лейкемію дітей. В диференціюванні даної групи лейкемії використовуються цитогенетичне та молекулярно-біологічне виявлення таких аномалій транслокації $t(8;21)(q22;q22)$ і, відповідно, на молекулярному рівні злитого гена $runx1-runx1t1$, $inv(16)(p13.1q22)$ або $t(16;16)(p13.1;q22)$ – $cbfb-myh11$, $t(15;17)(q22;q12)$ – $pml-rara$, AML with $t(9;11)(p22;q23)$ – $mllt3-mll$, $t(6;9)(p23;q34)$ – $deknup214$, $inv(3)(q21q26.2)$ або $t(3;3)(q21;q26.2)$ – $rpn1-evi1$, $t(1;22)(p13;q13)$ – $rbm15-mkl1$, мутації в генах $pml1$ та $cebpa$ [1].

Гостра лімфобластна лейкемія – захворювання, що характеризується неконтрольованою проліферацією незрілих трансформованих лімфоїдних клітин. Розрізняють В-клітинні форми ГЛЛ які складають 80-85 % і, відповідно, Т-клітинні – 15-20 % від всіх випадків ГЛЛ. Для гострої лімфобластної лейкемії у дітей при своєчасній постановці діагнозу характерна висока частота одужання. Так загальна виживаність сягає 80-86%, а безрецидивна п'ятирічна – 76-83%. При диференціюванні В-клітинних гострих лімфобластних лейкемій із характерними генетичними аномаліями класифікація ВООЗ виділяє такі перебудови: транслокацію $t(9;22)(q34;q11.2)$ і, відповідно, на молекулярному рівні злитий ген $bcr-abl1$, $t(v;11q23)$ (основні типи – $t(4;11)(q21;q23)$ та $t(9;11)(p22;q23)$), $t(12;21)(p13;q22)$ – $tel-aml1$, $t(5;14)(q31;q32)$ – $il3-igh$, $t(1;19)(q23;p13.3)$ – $tcf3-pbx1$ [1].

Раніше для аналізу генетичних змін які відбуваються у хворих зі злоякісними новоутвоо-