

charide Kureha (PSK). Hum Vaccin Immunother. 2012 Dec 1; 8(12): 1808–1816

10. Tanoue S, Chang LY, Li Y, Kaplan DE. Monocyte-derived dendritic cells from cirrhotic patients retain similar capacity for maturation/activation and antigen presentation as those from healthy

subjects. Cell Immunol. 2015 May;295(1):36–45. doi: 10.1016/j.cellimm.2015.02.008. Epub 2015 Feb 25. PMID: 25734547; PMCID: PMC4405471

11. Wculek S.K, Cueto F.J, Mujal A.M, Melero I, Krummel M.F, Sancho D. Dendritic cells in cancer immunology and immuno-

therapy. Nat Rev Immunol. 2020;20(1):7–24

12. Xu W, Liu H, Wang X, Yang Q. Surfactin Induces Maturation of Dendritic Cells in vitro. Biosci Rep. 2016 Oct 6;36(5):e00387. doi: 10.1042/BSR20160204. PMID: 27534429; PMCID: PMC5052710.

DOI 10.25789/YMJ.2023.83.05

УДК 613.31:616-018

С.А. Федорова, С.А. Попова, М.Л. Мордосова,
М.И. Старостина

ДЛИНА ПОКОЛЕНИЯ В ЯКУТСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ В XVIII-XIX ВВ.

Впервые определена длина поколения у саха (якутов) в XVIII-XIX вв. на основании анализа генеалогических данных 712 семей из Намского, Верхнеколымского, Среднеколымского, Нижнеколымского и Эльгетского улусов. Длина мужского поколения у якутов составила в среднем 35,7 года, женского - 30,5 года, что намного выше усредненных общепопуляционных значений, использованных ранее в генетических исследованиях при расчете времени генетической дивергенции по Y-хромосоме (31-32 года) и мтДНК (25-28 лет).

Ключевые слова: длина поколения, якуты, популяция.

The intergenerational time interval in the Sakha people (Yakuts) was determined for the first time by an analysis of genealogical data of 712 families from Namsky, Verkhnekolymsky, Srednekolymsky, Nizhnekolymsky and Elgetsy districts recorded in the 18th – 19th centuries. The male generation interval in the Yakuts averaged 35.7 years, the female generation interval was 30.5 years, which is much higher than the mean general intervals used earlier in population-genetic studies for calculating the time of genetic divergence by the Y chromosome (31-32 years) and mtDNA (25-28 years).

Keywords: generation length, Yakuts, population.

Введение. Длина поколения (generation interval) является важнейшим параметром при вычислении скорости мутирования микросателлитных повторов в Y-хромосоме и аутосомных локусах, в митохондриальной ДНК, а также при расчете времени генетической дивергенции. В ранних генетических исследованиях чаще всего использовались значения длины поколения 25 и 30 лет для Y-хромосомы, наследуемой по отцовской линии, 20 лет для мтДНК, передающейся по материнской линии, 20 и 25 лет для аутосом [15]. В частности, в основополагающей работе Л.А. Животовского при оценке скорости возникновения мутаций в STR-локусах Y-хромосомы в популяциях с документированной историей - у маори Новой Зеландии и цыган Болгарии, было принято значение длины мужского поколения, в среднем равное 25 годам [19]. Это значение было использовано многими авторами для расчета времени возникновения наименее древнего общего предка по

мужской линии (time of the most recent common ancestor) при реконструкции генетической истории различных этносов [1,10-12,14]. Позднее более обоснованной для мужских поколений стала считаться оценка около 30 лет, а для женских – 25–28 лет [1,15]. Лишь в одной работе по изучению генетической истории иберийской популяции, по данным Y-хромосомы, длина поколения была принята равной 35 годам [16].

Тем не менее следует учитывать разницу в брачных традициях и демографических параметрах у различных народов (возраст вступления в брак, уровень смертности у взрослых), которые могут сильно влиять на значения межпоколенного интервала. С целью уточнения значения данного показателя для якутской популяции мы провели определение длин мужских и женских поколений по генеалогическим данным якутов XVIII-XIX вв.

Материалы и методы исследования. Длины поколений были рассчитаны прямым методом по генеалогиям центральных и северных саха, восстановленных по ревизским сказкам от 1768, 1795, 1816, 1858 гг., церковным метрическим книгам за период с 1768 по 1918 гг. и материалам переписи 1917 г. [6-9]. В выборку были включены генеалогические данные 120 семей Модутского наслега [8, Табл. 1-14] и 64

семей Хатырыкского наслега [9, Табл. 1-2] Намского улуса, 58 семей I Байдунского наслега [6, Табл. 88-93] и 96 семей IV Мятюжского наслега [6, Табл. 94-101] Верхнеколымского улуса, 187 семей II Байдунского наслега [6, Табл. 1-12] и 90 семей I Кангаласского наслега [6, Табл. 14-22] Среднеколымского улуса, 55 семей I Мятюжского наслега Нижнеколымского улуса [6, Табл. 102-104], 42 семей индигирских якутов Эльгетского* улуса [7, табл. 2, 4]. (*Эльгетский улус был основан позднее 1770 г., занимал огромную территорию в бассейне верхней, средней и нижней Индигирки. С 1930-х гг. большая часть территории Эльгетского улуса относится к современным Абыйскому и Момскому улусам, а меньшая — Аллаиховскому улусу. Название Эльгетского улуса на сегодняшний день почти забыто).

Интервал мужского поколения I_m (отец-дети), представляющий интерес для изучения Y-хромосомы, рассчитывается как средний возраст отца при рождении всех детей. Длина женского поколения I_f (мать-дети), используемая при изучении мтДНК, определяется как средний возраст матери при рождении всех детей. Для популяции в целом длина поколения в заданный временной период равна средневзвешенным величинам общих поколенческих интервалов для входящих в нее

Ин-т естествен. наук Северо-Восточного федеральн. ун-та им. М.К. Аммосова: **ФЕДОРОВА Сардана Аркадьевна** – д.б.н., гл.н.с.; с.н.с. ЯНЦ КМП, sardana.fedorova@mail.ru, **ПОПОВА Сарыалла** – студентка, **МОРДОСОВА Мария** – студентка; **СТАРОСТИНА Мария Ивановна** – к.ист.н. Ин-т психологии СВФУ.

семей. Общая длина поколения I_0 необходимая для исследований с использованием аутосомных локусов, рассчитывается по формуле $I_0 = (I_m + I_f)/2$ [15]. Эти длины поколения - I_m , I_f и I_0 , зависят только от репродуктивных взрослых; люди, не имеющие детей, не могут повлиять на эти показатели. Таким образом, детская смертность и бесплодие не влияют на значения межгенерационного интервала.

Помимо межгенерационных интервалов отец-дети и мать-дети, применяемых в большинстве генеалогических исследований, нами также были рассчитаны средние интервалы отец-сын и мать-дочь как более адекватные показатели для расчета скорости мутирования STR-локусов в Y-хромосоме и в мтДНК.

Результаты и обсуждение. В табл. 1 показаны значения средних длин мужских и женских поколений у жителей 8 наслегов Намского, Верхнеколымского, Среднеколымского, Нижнеколымского и Эльгетского улусов Якутии. Средние длины мужских поколений находились в пределах от 33,0 до 38,9 года для различных наслегов, женских - от 28,9 до 32,8 года. Значимых отличий в длинах поколений между коренными жителями Намского улуса и северными колымскими якутами не выявлено. Максимальные значения длины мужского поколения (38,9 года) зафиксированы в семьях индигирских якутов Эльгетского улуса, что, по-видимому, объясняется тем, что в выборку были включены родословные двух наиболее знатных родов Ефимовых и Слепцовых, отличающихся многочисленным потомством и составляющих в настоящее время основную

часть якутского населения Абыйского улуса [7]. При сравнении значений между длинами поколений отец-дети и отец-сыновья, мать-дети и мать-дочери значимых отличий не было обнаружено. Для всей исследованной выборки якутов длина мужского поколения составила в среднем 35,7 года, женского - 30,5, общая длина поколения - 33,1 года.

Рассчитанные нами длины поколений для якутской популяции значительно превышают предложенные ранее Дж. Н. Феннером усредненные общемировые значения, рассчитанные на основе анализа глобальной сводки ООН о населении 191 страны за 2000 г. (84% от всех стран мира) и данных Совета Европы за 2002 г. [15]. Кроме того, источником сведений для этой работы послужили результаты национальных переписей, специальных исследований, проводившихся в 1970–1998 гг. и данные этнографов, собранные в XIX и XX столетиях при изучении 157 популяций охотников-собираателей из Африки, Евразии, Австралии, Северной и Южной Америки. В развитых странах длина мужского поколения была оценена автором в 30,8 года, женского – 27,3 года, в менее развитых странах – 31,8 и 28,3 года, в племенах охотников-собираателей – 31,5 и 25,6 года соответственно. Дж. Н. Феннер предложил использовать при изучении дивергенции популяций по Y-хромосомам значение длины поколения, равное 31–32 годам, по мтДНК – 25–28 годам, по аутосомам – 28–30 годам [15]. Различия с данными для якутской популяции, возможно, объясняются тем, что в работе Дж. Н. Феннера длины поколений были оце-

нены непрямыми методами на основе таких параметров, как средний возраст во время первых и последних родов, смертность и средняя разность между возрастными мужчинами и женщинами при заключении первого брака. При этом следует отметить, что прямые методы оценки длин поколений по генеалогическим данным в конкретной популяции являются более точными, чем не-прямые.

Полученные нами значения для якутской популяции сопоставимы с данными M. Tremblay для франко-канадской популяции Квебека, средние значения длин поколений в которой для Y-хромосомы были оценены в 35 лет, для митохондриальной ДНК – 29 лет, для аутосомных локусов – 32 года [20]. M. Tremblay и H. Vézina проанализировали демографические параметры населения Квебека с XVII по XX в. так же, как и мы, прямыми методами анализа генеалогических данных, и пришли к заключению, что католическое население Квебека проживало тогда в условиях, характерных для многих древних сообществ: демографический контекст включал в себя естественный уровень рождаемости без применения контрацептивов, высокую смертность и относительно молодой возраст вступления в брак. Обе популяции, как якутская, так и канадская, характеризуются развитием в относительно изолированных условиях, высоким уровнем рождаемости и накоплением редких наследственных болезней [2–4, 17].

Известно, что основным фактором, влияющим на межгенерационный интервал, является средний возраст вступления в брак: чем выше воз-

Таблица 1

Длины поколений якутов в 8 наслгах Якутии в XVIII–XIX вв.

Улус: Наслег	Кол-во семей	Отец-дети	Отец-сыновья	Мать-дети	Мать-дочери	Общая длина поколения
Намский: Модутский Хатырыкский	120 64	36,0 33,4	34,7 34,6	30,3 29,2	29,9 29,4	33,2 31,3
Верхнеколымский: I Байдунский IV Мятюжский	58 96	36,0 35,5	34,6 36,1	29,8 31,3	31,3 31,1	32,9 33,4
Среднеколымский: II Байдунский I Кангаласский	187 90	36,1 37,2	37,2 36,7	31,5 30,7	31,3 30,1	33,8 34,0
Нижнеколымский I Мятюжский	55	33,0	33,0	28,7	28,9	30,9
Эльгетский	42	38,9	37,6	30,9	32,8	34,9
Суммарно	712	35,7	35,6	30,5	30,4	33,1

раст, в котором люди женятся и выходят замуж, тем длиннее интервалы между поколениями [20]. В племенах, где традиции не ограничивают раннее вступление в половые отношения вне заключения брака, в качестве начальной точки репродуктивного периода принимается возраст наступления менархе. Однако было показано, что в первые годы после менархе наблюдается низкий уровень рождаемости и дети, рожденные женщинами до 20 лет, составляют небольшую долю всех детей [18]. В исследованной нами выборке якутов XVIII-XIX вв. доля детей, рожденных женщинами до 20 лет, составляет всего 12%. На длину поколения также влияет уровень смертности у взрослых в различных возрастных группах: люди, которые умирают раньше, оставляют меньшее количество детей и межпоколенческий интервал в их линиях короче. И наоборот, у долгоживущих людей большее число детей, больший генетический вклад в последующие поколения и длины поколений в среднем выше.

Средний возраст матери при рождении первого ребенка в XVIII-XIX вв. у якутов составил 26,2 года, а у отца - 29,9 года (табл. 2), тогда как у канадцев Квебека 22,8 и 26,2 года соответственно [20]. На основании этих данных можно было бы ожидать, что длина поколения у якутов должна быть в среднем на ~3,5 года больше, чем у канадцев, но так как этого не наблюдается, то уместно предположить, что смертность у якутов в молодом возрасте была выше, чем в канадской популяции, что привело к сглаживанию

различий и примерно равным значениям в длинах поколений для обеих популяций.

Следует отметить, что средний возраст матери при рождении первого ребенка у якутов (26,2 года) оказался намного выше, чем в 11 племенах охотников-собирателей Африки, Австралии, Азии и Америки (в среднем 19,4 года) и в 40 менее развитых странах (в среднем 20,5 года) [15]. Полученное нами значение, по-видимому, нельзя объяснить поздним вступлением женщин в брак, т.к. в XIX - начале XX в. средний брачный возраст для якутов был в пределах от 16 до 21 года, для мужчин-саха - от 17 до 25 лет [5]. Расхождение с данными по другим популяциям скорее указывает на высокий уровень смертности младенцев у молодых матерей-саха и на то, что в переписи и церковные метрические книги, возможно, эти рано умершие дети не вносились. Поэтому рассчитанный нами возраст 26,2 года следует отнести к среднему возрасту матери при рождении первого *выжившего* ребенка. В то же время средний возраст матери при рождении последнего ребенка у якутов (34,2 года) оказался сравним с тем же показателем в популяциях охотников-собирателей - в среднем 34,6 года, и в менее развитых странах - в среднем 36,1 года [15].

В работе Helgason et al. были численны поколенческие интервалы между 131060 современными исландцами и их предками, родившимися между 1698 и 1742 гг. и между 1848 и 1892 гг. [13]. Авторами была отмечена тенденция к уменьшению длин поколе-

Таблица 3

Длины поколений якутов по временным периодам в XVIII-XIX вв.

Период	Длина поколения	
	Отец-дети	Мать-дети
XVIII в.	36,79	32,33
1 половина XIX в.	37,01	30,54
2 половина XIX в.	33,51	28,50

ний в течение последних 300 лет. Для женских и мужских линий, простирающихся до 1848–1892 гг., длины поколений были равны соответственно 28,12 и 31,13 года. В женских и мужских линиях, соединяющих современных исландцев с их предками, родившимися в 1698–1742 гг., соответствующие интервалы составили 28,72 и 31,93 года. Чтобы определить, наблюдается ли такая же тенденция в якутской популяции, мы рассчитали длины поколений у людей, родившихся в XVIII в. и в 1-й и 2-й половинах XIX в. (табл. 3). Обнаружено, что длина женского поколения у якутов постепенно снижается от 32,33 года в XVIII в. до 28,50 во 2-й половине XIX в., а длина мужского поколения остается высокой в XVIII в. (36,79) и 1-й половине XIX в. (37,01), но значительно снижается во 2-й половине XIX в. (до 32,3 года). Мы предполагаем, что брачные традиции и, в частности, возраст вступления в брак вряд ли могли измениться за столь короткий период развития якутского этноса, поэтому на снижение длины поколения в большей степени могло повлиять постепенное уменьшение смертности людей в молодом возрасте. Из исторических данных известно, что период с середины XVIII в. до конца XIX в. в Якутии характеризуется искоренением рабства, усилением политики христианизации и улучшением условий жизни населения [3].

Закключение. Таким образом, полученные нами результаты указывают на более высокие значения межпоколенческих интервалов для якутов в сравнении с другими популяциями - в среднем 35,7 года для мужских поколений и 30,5 года для женских. Наблюдается тенденция к постепенному уменьшению длин поколений в якутской популяции в период XVIII-XIX вв.

Работа выполнена в рамках Государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ (проект FSRG-2023-0003).

Таблица 2

Средний возраст родителей в Якутии при рождении первого и последнего ребенка в XVIII-XIX вв.

Улус: наслед	Отцы		Матери	
	1	2	1	2
Намский: Модутский Хатырыкский	29,8 30,5	43,0 40,5	28,4 23,7	32,2 33,9
Верхнеколымский I Байдунский IV Мятюжский	30,0 31,2	40,7 40,0	24,5 26,0	35,1 34,4
Среднеколымский: II Байдунский I Кангаласский	30,5 30,2	42,5 42,1	27,6 25,3	35,1 34,9
Нижнеколымский I Мятюжский	27,4	39,2	23,1	33,7
Эльгетский	31,0	44,7	25,0	38,0
Суммарно	29,9	41,4	26,2	34,2

Примечание: 1 - средний возраст при рождении первого ребенка, 2 - средний возраст при рождении последнего ребенка

Литература

1. Балановский О.П., Запороженко В.В. Хромосома-летописец: датировки генетики, события истории, соблазн ДНК-генеалогии // Генетика. 2016. Т. 52. № 7. С. 810–830.
2. Balanovsky O.P., Zaporozhchenko V.V. Chromosome as a chronicle: Genetic dating, historical events, and DNA-genealogic temptation // Genetics. 2016. Vol. 52. No. 7. P. 810–830.
3. Полиморфизм CTG-повторов гена митохондриальной протеинкиназы в популяциях Республики Саха (Якутия) и Средней Азии / Федорова С.А. [и др.] // Молекулярная биология. 2005. Т.39. №3. С.385–393.
4. Polymorphism of CTG-repeats in the DMPK gene in populations of Yakutia and central Asia / Fedorova S.A. [et al.] // Molecular Biology. 2005. V.39. No.3. P. 385–393.
5. Популяционно-генетические исследования населения Республики Саха (Якутия) / под ред. Федоровой С.А., Барашкова Н.А. Новосибирск: Наука, 2022. 188 с.
6. Genetic studies of the population of the Republic of Sakha (Yakutia) / edited by Fedorova S.A., Barashkov N.A. Novosibirsk: Nauka, 2022. 188 p.
7. Пузырев В.П., Максимова Н.Р. Наследственные болезни у якутов // Генетика. 2008. Т. 44. №10. С. 1317–1324.
8. Puzyrev V.P., Maksimova N.R. Hereditary diseases among Yakuts // Genetics. 2008. Vol. 44. No. 10. P.1317–1324.
9. Слепцов П.А. Семья и семейная обрядность у якутов: (XIX-начало XX века): автореф. дисс. ... канд. ист. наук. Ленинград, 1984. 20 с.
10. Sleptsov P.A. Family and family rituals among the Yakuts: (XIX-beginning of the XX century). Abstract of the dissertation for the degree of candidate of historical sciences. Leningrad, 1984. 20 p.
11. Старостина М.И. Колымские якуты в середине XVII–начале XX вв. (по материалам генеалогии). Якутск: Издательство Бичик, 2009. 391 с.
12. Starostina M.I. Kolyma Yakuts in the middle of the 17th - early 20th centuries: (based on genealogy materials). Yakutsk: Bichik Publishing House, 2009. 391 p.
13. Старостина М.И. Личности Эльгетского улуса: генеалогическое исследование. Пермь, 1999. 268 с.
14. Starostina M.I. Personalities of the Elgetsky ulus: a genealogical study. Perm, 1999. 268 p.
15. Суздалов И.И., Старостина М.И. Родословные жителей I Модутского наслега Намского улуса. Якутск: Издательство СВФУ, 2017. 104 с.
16. Suzdalov I.I., Starostina M.I. Pedigrees of the inhabitants of the 1st Modut nasleg of the Namsky ulus. Yakutsk: NEFU Publishing House, 2017. 104 p.
17. Суздалов И.И., Старостина М.И. Родословные населения Хатырыкского наслега. Якутск: Издательство СВФУ, 2010. 110 с.
18. Suzdalov I.I., Starostina M.I. Pedigrees of the population of the Khatyryk nasleg. Yakutsk: NEFU Publishing House, 2010. 110 p.
19. Тетушкин Е.Я. Генетическая генеалогия: история и методология // Генетика. 2011. Т. 47. № 5. С. 581–586.
20. Tetushkin E.Ia. Genetic genealogy: history and methodology // Genetika. 2011. V.47. No. 5. P.581–596.
21. Тетушкин Е.Я. Генетические аспекты генеалогии // Генетика. 2011. Т. 47. № 11. С. 1451–1472.
22. Tetushkin E.Ia. Genetic aspects of genealogy // Genetika. 2011. V.47. No.11. P.1451–1472.
23. Федорова С.А. Генетические портреты народов Республики Саха (Якутия): анализ линий митохондриальной ДНК и Y-хромосомы. Якутск: Изд-во ЯНЦ СО РАН. 2008. 235 с.
24. Fedorova S.A. Genetic portraits of the peoples of the Republic of Sakha (Yakutia): analysis of mitochondrial DNA and Y-chromosome lineages. Yakutsk: Publishing House of the Yakut Scientific Center, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences. 2008. 235 p.
25. A population wide coalescent analysis of Icelandic matrilineal and patrilineal genealogies: evidence for a faster evolutionary rate of mtDNA lineages than Y chromosomes / Helgason A. et al. // Am. J. Hum. Genet. 2003. V. 72(6). P.1370–88. doi: 10.1086/375453.
26. Autosomal and uniparental portraits of the native populations of Sakha (Yakutia) : implications for the peopling of Northeast Eurasia / Fedorova S.A. et al. // BMC evolutionary biology. 2013. 13:127. doi: 10.1186/1471-2148-13-127
27. Fenner J.N. Cross-cultural estimation of the human generation interval for use in genetics-based population divergence studies // Am. J. Phys. Anthr. 2005. V. 128. P. 415–423.
28. Insights into Iberian population origins through the construction of highly informative Y-chromosome haplotypes using biallelic markers, STRs, and the MSY1 minisatellite / Brion M. et al. // Am. J. Phys. Anthropol. 2003. V. 122. P. 147–161.
29. Population history and its impact on medical genetics in Quebec / Laberge A.-M. Et al. // Clin Genet. 2005. V. 68(4). P. 287–301. doi: 10.1111/j.1399-0004.2005.00497.x.
30. Riley A., Khan N., Moulton L. Les facteurs prédictifs de l'intervalle protogénésique: une étude au Bangladesh // Population. 1996. V. 51. P. 883–895
31. The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time / L.A.Zhivotovsky et al. // Am. J. Hum. Genet. 2004. V. 74(1). P. 50–61. doi: 10.1086/380911.
32. Tremblay M. and Vézina H. New estimates of intergenerational time intervals for the calculation of age and origins of mutations // Am. J. Hum. Genet. 2000. V.66. P. 651–658.

С.Ю. Терещенко, М.В. Шубина, Н.Н. Горбачева

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ И КЛИНИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ ЛАКТАЗНОЙ НЕДОСТАТОЧНОСТИ У ПОДРОСТКОВ ЦЕНТРАЛЬНЫХ И ЮЖНЫХ РЕГИОНОВ ВОСТОЧНОЙ СИБИРИ

DOI 10.25789/YMJ.2023.83.06

УДК: 616.34-008.13-053.2

Цель исследования - установить частоту генотипов однонуклеотидных полиморфизмов rs4988235 и rs182549 гена *MCM6* в зависимости от этнической принадлежности подростков Восточной Сибири (русские, хакасы, тувинцы) и выявить взаимосвязь лактазной недостаточности (ЛН) с клиническими характеристиками рецидивирующей боли в животе.

ФИЦ Красноярский НЦ СО РАН, НИИ медицинских проблем Севера: **ТЕРЕЩЕНКО Сергей Юрьевич** – д.м.н., проф., руковод. Клинич. отд. legise@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1605-7859>, **ШУБИНА Маргарита Валерьевна** – м.н.с., <https://orcid.org/0000-0002-6724-1058>, **ГОРБАЧЕВА Нина Николаевна** – с.н.с., <https://orcid.org/0000-0003-3920-0694>

Установлена высокая диагностическая значимость rs4988235*CC генотипа для диагностики ЛН у подростков Сибири. Частота встречаемости CC генотипов обоих полиморфизмов, сопряженных с ЛН, у русских подростков не отличается от европейских данных, в то время как у монголоидов (хакасов, тувинцев) данные генотипы встречаются у подавляющего большинства обследованных. Связи генетических маркеров ЛН с рецидивирующей болью в животе, верифицированной по критериям J. Apley и N. Naish, не выявлено.

Ключевые слова: лактазная недостаточность, подростки, водородный дыхательный тест, генетические полиморфизмы, рецидивирующая боль в животе

The aim of the study was to establish the frequency of genotypes of single nucleotide polymorphisms rs4988235 and rs182549 of the *MCM6* gene depending on the ethnicity of adoles-