



Мовсесян А.А

*МГУ имени М.В.Ломоносова, биологический факультет, кафедра антропологии,
Ленинские горы, 1, стр. 12, Москва, 119234, Россия*

МЕТОДЫ АНАЛИЗА БИОЛОГИЧЕСКОГО РОДСТВА В ИСКОПАЕМЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ

Введение. Определение родственных связей по скелетным останкам – одна из многих задач биоархеологических исследований. Статья посвящена обзору методов анализа биологического родства в ископаемых популяциях на основе неметрических признаков.

Методы. Поскольку прямой молекулярно-генетический анализ родства зачастую затруднен из-за плохой сохранности древней ДНК, особое внимание в таких исследованиях уделяется неметрическим фенотипическим признакам.

Результаты. Анализы, проведенные с использованием документально подтвержденных остеологических образцов, демонстрируют связь морфологического сходства особей с их биологическим родством. В случаях, когда родословные остеологических материалов полностью или частично известны, фенотипические данные могут эффективно использоваться вместо генетических.

Обсуждение. Методология анализа родства зависит от пространственной структуры исследуемого кладбища. При анализе небольших могильников цель состоит в определении степени родства захороненных. Используются различные методы для определения вероятности родства, включая кластерный анализ и коэффициенты корреляции. Особенно перспективно выявление родственных связей в могильниках, где имеются археологические или исторические данные о биологических отношениях. Анализ родства в пространственно структурированных кладбищах направлен на выявление семей или социальных групп. Анализ однородно распределенных кладбищ направлен на идентификацию тесно связанных лиц в крупных захоронениях без ясно выраженных подгрупп. Применяются методы анализа пространственной корреляции для проверки значимой связи между матрицами пространственных и фенотипических расстояний; различные методы подсчета для проверки неслучайности кластеризации признаков; метод ближайшего соседа и непрямая процедура поиска блоков, которая одновременно идентифицирует предполагаемых родственников и признаки, указывающие на степень их родства.

Заключение. Многие проблемы в установлении родства можно преодолеть при наличии скелетного материала с подтвержденными генеалогическими данными. Однако скелетные останки с сохранившейся документацией встречаются довольно редко, поэтому возможности изучения наследуемости неметрических признаков и морфологического сходства биологически родственных особей остаются весьма ограниченными.

Ключевые слова: анализ родства; неметрические признаки; ископаемые популяции; биоархеология; палеофенетика

DOI: 10.55959/MSU2074-8132-24-1-11

Введение

Идентификация родственных связей по скелету (анализ родства) является одной из ключевых задач в биоархеологических исследованиях. При изучении древних могильников часто наблюдаются признаки сходства между погребенными особями, и учитывая структуру древних обществ и низкую плотность доисторических поселений, весьма вероятно, что эти могильники содержат в основном биологических родственников. Например, с демографической точки зрения, небольшие могильники могут быть связаны только с двумя-тремя семьями, следовательно, процент родственных особей, захороненных там, должен быть высоким [Veleminsky, Dobiskova, 1998].

Наиболее глубокий анализ позволяют провести останки, сохранившиеся в семейных усыпальницах, особенно в аристократических гробницах [Veleminsky, Dobiskova, 2005; Drozdova, 2006], церковных склепах [Berry, 1975; Molleson et al., 1993] или задокументированных кладбищах [Lane 1976; Kelley, 1989]. В Европе такими примерами служат скелетные коллекции в австрийском Гальштате [Sjovold, 1984, 1986], в церкви Сент-Брайдес в Лондоне [Schuer, Bowman, 1995], на кладбище Спиталфилдс [Molleson, 1995]. Документированная коллекция была также получена с кладбища церкви Святого Фомы в Онтарио [Saunders et al., 1995]. Были успешно проведены исследования скелетных останков представителей различных родословных линий, включая Люксембургов и Габсбургов [Visek, 1987, 1997, 2000a, b], а также останков венгерской королевской семьи [Rösing, 1986] и анонимных королевских могильников в Ассуане (Египет) [Rösing, 1986, 1990]. М. Петрушевский и М.Т. Дуглас [Pietrusewsky, Douglas, 1992] оценили морфологические вариации в примерно двадцати группах из современного гавайского кладбища, выявив родство между многими особями до уровня возможных групп прямых потомков, что было частично подтверждено историческими и генеалогическими записями.

Тем не менее, идентификация родства по скелетным останкам остается сложной и многогранной задачей, требующей комплексного подхода, учитывающего социокультурные факторы и практики захоронения, которые могут повлиять

на интерпретацию родственных связей в древних популяциях. Прямые доказательства родственных связей может предоставить молекулярно-генетический анализ, но он зачастую весьма затруднен из-за плохой сохранности древней ДНК. Поэтому особое внимание в таких исследованиях уделяется неметрическим фенотипическим признакам [Ritschmeier et al., 1984; Rösing, 1986, 1990; Ricaut et al., 2010].

Материалы и методы

Идея о возможном семейном характере проявления различных анатомических вариаций была высказана еще в конце 19-го века [Shepherd, 1893; Symmers, 1895]. Однако исследования, направленные непосредственно на выявление биологического родства в древних популяциях, начались лишь в конце 1960-х годов [Ullrich, 1969 a, b].

Методологические вопросы долгое время определяли направление исследований биологического родства. Был предложен "псевдокластический" подход, при котором конкретные семьи идентифицируются по накоплению редких фенотипических вариантов [Rösing, 1982, 1986, 1995; Corruccini et al., 2002; Adachi et al., 2003; Case, 2003]. Этот подход, основанный на дискретной морфологии, был разработан К. В. Альтом, В. Вахом и их коллегами в серии публикаций с конца 1980-х годов [Alt, 1989, 1991, 1997; Vach, Alt, 1990]. Опираясь на предыдущие исследования [Ullrich, 1969a, b; Sjovold, 1976/77; Rösing, 1982, 1986], К.В. Альт и В. Вах разработали основные критерии для биоархеологического анализа родства: признаки должны быть редкими, наследственными, генетически независимыми, легко наблюдаемыми и независимыми от возраста и пола.

Следует отметить, что использование неметрических признаков для выявления родственных связей основано на предположении о их генетической природе [Alt, Vach, 1998]. Согласно некоторым авторам, предпочтительнее использовать неметрические признаки зубной системы [Scott, Turner, 1997; Scott, Irish, 2017], поскольку они, как предполагается, меньше всего подвержены влиянию окружающей среды

[Berry, 1976; Biggerstaff, 1979; Townsend et al., 1992; Alt, Vach, 1995a]. Однако исследования показали, что одонтологические и остеологические признаки отражают биологическое родство в одинаковой степени [Johnson, Lovell, 1994; Prowse, Lovell, 1996]. К тому же оценка одонтологических признаков может быть ограничена из-за стираемости зубов и их прижизненной или посмертной потери [Alt, Vach, 1998].

Результаты

Исследования, проведенные с использованием остеологических образцов с документально подтвержденными данными, убедительно демонстрируют, что степень морфологического сходства особей коррелирует со степенью их биологического родства [Lane, 1976; Rösing, 1986, 1990; Pietrusewsky, Douglas, 1992; Spence, 1996]. В случаях, когда родословные скелетных останков полностью или частично известны, фенотипические данные могут эффективно использоваться вместо генетических [Rösing, 1986; Spence, 1996; Veleminsky, Dobiskova, 2005]. Например, краниальные и посткраниальные неметрические признаки применялись для определения генетических связей между членами многопоколенной семьи [Spence, 1996], и семейный статус был восстановлен с достаточной точностью. Была воссоздана также историческая генеалогия восьми человек из семейной гробницы Свитс-Спарк в Чехии [Veleminsky, Dobiskova, 2005]. В этом исследовании было обнаружено высокое соответствие признаков между отцами и сыновьями, а также между кузенами обоих полов. Наибольшие отличия были найдены среди биологически неродственных членов семьи, то есть у женщин, вступивших в брак [Veleminsky, Dobiskova, 2005]. С помощью редких одонтологических неметрических признаков были определены семейные группы на небольшом кладбище эпохи среднего голоцена на северо-востоке Бразилии [Solari et al., 2022].

Исследование биологической структуры захоронений в тысячелетней перуанской элитной гробнице Хуака Лоро с использованием фенетических данных и анализа древней ДНК позволило выявить социальную структуру и генетическую идентичность погребенных [Corgucini,

Shimada, 2002; Shimada et al., 2004]. Как фенотипические, так и генетические данные предоставили согласованные результаты, взаимно дополняя друг друга. Прямое сравнение генетических и неметрических данных для идентификации семейных групп было проведено также в исследовании некрополя Эгин Гол в Монголии [Ricaud et al., 2010]. Полученные результаты показали, что популяция Эгин Гол была относительно однородной как в фенотипическом, так и в генетическом плане, подтверждая предположения о том, что на протяжении пяти веков генетический состав популяции не менялся. Анализ родства выявил вероятные семейные захоронения на территории некрополя.

Обсуждение

Методология, разработанная для анализа родства, зависит от внутренней пространственной структуры исследуемого кладбища [Stojanowski, Schillaci, 2006]. В литературе выделяются три основных типа анализа родства: 1) анализ малых могильников, таких как изолированные двойные погребения или небольшие (менее десяти человек) захоронения, включая курганы, колодцы и холмы; 2) анализ больших структурированных кладбищ с отдельными зонами погребения; 3) анализ больших и однородных в пространственном распределении кладбищ без отдельных зон погребения [Alt, Vach, 1998]. Последний тип наиболее перспективен для получения важных биоархеологических данных, тогда как первые два типа важны для разработки методологии.

Анализ малых могильников. Цель анализа небольших могильников – определить, являются ли погребенные люди близкими родственниками. Т. Сьёвольд [Sjøvold, 1976/77] предложил «значение вероятности родства», основанное на предположении о постоянстве распределения признаков в замкнутой популяции. В его статистической модели для каждого индивидуума рассчитывается «значение вероятности родства» на основе наличия или отсутствия признака. Например, признак, встречающийся у 5% популяции, имеет значение вероятности +0.05 при наличии и –0.95 при отсутствии. Значения вероятности определяются для каждого признака и

индивидуума. Их коэффициент сходства (factor of similarity, FS) вычисляется путем возведения этих значений в степень с использованием логарифмов общего числа признаков и умножения на 100. Индивидуумы с похожими значениями FS считаются гипотетическими родственниками.

Аналогичная процедура, основанная на байесовском вычислении апостериорной вероятности, была разработана В. Вахом и использована К.В. Альтом в так называемом «непространственном анализе генетического родства» [Alt, Vach, 1992; Alt, 1997]. Этот метод применялся для изучения родства между индивидуумами периода Римской империи, найденными в Регенсбурге-Хартинге и захороненными в братских могилах [Alt et al., 1992], в группе бронзового века из Велке-Павловице [Alt et al., 1996], а также в тройном погребении верхнего палеолита в Дольнль-Вестонице [Alt et al., 1997]. Во всех случаях положительное определение родства основывалось на сравнении морфологических признаков зубов.

Для доказательства биологического родства анонимных скелетных останков в могильнике Францхаузен I раннего бронзового века на основе морфологических вариаций использовался кластерный анализ [Wiltshcke-Schrotta, 1988], так же, как и в исследовании могильника Йозефов Великоморавского периода [Unzeitigova, 2000].

Морфологическое сходство пар скелетов в могильнике Гемайнлебарн в Южной Австрии было установлено с помощью коэффициента корреляции R, который варьируется от -1 до +1 [Heinrich, Teschler-Nicola, 1991]. Если признак присутствует у одного индивидуума и отсутствует у другого, значение равно -1; если признак присутствует у обоих, значение равно +1; 0 означает отсутствие признака у обоих индивидуумов. Этот метод отличается от расчёта обычного коэффициента корреляции. Анализируются только пары с наибольшим количеством одинаковых характеристик, и при расчёте учитывается количество оцениваемых признаков. Например, коэффициент +1, рассчитанный на основе только 3 из 50 возможных признаков, имеет меньшую прогностическую ценность по сравнению с коэффициентом 0,8, рассчитанным на основе 49 из 50 признаков.

Авторы также рекомендуют рассчитывать процент совместной встречаемости признаков, когда они присутствуют у обоих сравниваемых лиц. Количество идентичных признаков соотносится с общим числом оцениваемых признаков. Для значимости результата общее количество сравниваемых характеристик должно быть не менее 30, а соответствие не менее 70%.

Похожий метод был применен при анализе скелетных останков восьми индивидуумов из семейного склепа аристократического рода Сверц-Шпорк в замке Кукс (Восточная Богемия, Чехия) [Veleminsky, Dobiskova, 2005]. Для каждой пары индивидуумов рассчитывались процентное совпадение и/или различие в частоте встречаемости анатомических вариантов. Степень совпадения определялась с использованием формулы Эссен-Мёллера, которая применяется для расчета вероятности отцовства в ДНК-тестах на отцовство:

$$P(C/E) = 1 / (1 + (P \times (E/C')) / (P \times (E/C)))$$

где $P(E/C')$ обозначает вероятность встречаемости варианта E в популяции (среднюю частоту его встречаемости), а $P(E/C)$ — вероятность того, что сын унаследовал этот вариант через своего отца (а не через мать). Расчет проводится на основе вариантов, которые встречаются одновременно у обоих сравниваемых индивидуумов, и учитывает среднюю частоту встречаемости каждого варианта в популяции, к которой принадлежат данные индивидуумы.

Безусловно, наиболее перспективным является выявление родственных связей в могильниках, где можно обнаружить определенные индикаторы биологических отношений, такие как археологические или исторические данные [Veleminsky, Dobiskova, 2005; Adachi et al., 2006; Cesnys, Tutkuvienė, 2007; Meyer et al., 2012; Case et al., 2016].

Анализ родства в пространственно-структурированных кладбищах. Второй тип анализа родства направлен на выявление семей или социальных групп, таких как кланы или племена, в кладбищах с физически разделенными зонами захоронения, различными типами погребений или археологическими индикаторами социальных различий. Эти данные могут использоваться для проверки гипотез о социальной структуре [Alt, Vach, 1995a]. Размер выборки в

большинстве случаев определяет, будут ли выводы сделаны на уровне семьи (при меньших размерах выборки) или на более высоком уровне социальной или политической организации [Birkby, 1982; Byrd, Jantz, 1994]. В таких анализах для определения предполагаемых социальных группировок в рамках крупного похоронного комплекса часто используются археологические данные, такие как пространственно разделенные зоны захоронений, курганные погребения в многокурганных комплексах или отличительные погребальные артефакты [Bartel, 1979, 1981; Strouhal, Jungwirth, 1979; Zhongpei, 1981, 1985; Birkby, 1982; Corruccini et al., 1982, 2002; Bentley, 1986; Byrd, Jantz, 1994; Alt et al., 1995c; Howell, Kintigh, 1996; Rubini, 1996; Corruccini, 1998; Corruccini, Shimada, 2002; McClelland, 2003; Shimada et al., 2004]. Пространственный анализ позволяет проверять гипотезы о семейных отношениях в древних могильниках. Если существуют пространственно обособленные группы захоронений, которые могут представлять семейные группировки, можно анализировать кластеризацию редких наследственных признаков в этих группах для подтверждения их семейной природы.

Для пространственного анализа используются различные методы. Различия в частотах неметрических признаков между группами захоронений проверяются, к примеру, с помощью стандартного критерия точности Фишера или критерия Хи-квадрат [Strouhal, Jungwirth, 1979; Corruccini et al., 1982; Alt et al., 1995c; Howell, Kintigh, 1996; Rubini, 1996]. Некоторые исследователи использовали биологические расстояния для анализа межиндивидуального сходства, в том числе среднюю меру дивергенции Смита (MMD) [Birkby, 1982] и евклидовы расстояния [например, Corruccini, Shimada 2002; Corruccini et al., 2002].

Относительно новый подход к определению морфологического сходства между индивидами был предложен в исследовании генеалогически задокументированных скелетных останков 44 взрослых членов одной семьи на протяжении четырех поколений в XIX–XX веках [Cvrček et al., 2018]. Метод основан на количественной оценке согласия или несогласия во встречаемости неметрических признаков между двумя индивидами в случаях, когда признак

присутствует (+) хотя бы у одного из них. Для двусторонних признаков, которые составляют большинство, признаки должны присутствовать хотя бы на одной стороне у одного из индивидов в сравниваемой паре. На основе суммы согласия и несогласия во встречаемости всех оцениваемых признаков между двумя индивидами рассчитывается их "коэффициент сходства" (similarity coefficient, SC) по следующей формуле:

$$SC = 100 \times \frac{A_1 + A_2 + \dots + A_n}{(A_1 + A_2 + \dots + A_n) + (B_1 + B_2 + \dots + B_n)},$$

где A_1, A_2, \dots, A_n представляют собой степень согласия между двумя индивидами для признака № 1 — n , а B_1, B_2, \dots, B_n — степень несогласия между ними для того же признака. Если у двух индивидов нет ни одного совпадающего признака из оцениваемых, то коэффициент сходства (SC) равен 0. SC рассчитывается для всех пар индивидов, основываясь на числовом выражении согласия (или несогласия) во встречаемости признаков, и служит основой для дальнейшего анализа, который включает: 1) сравнение степени сходства между инбредными и параллельно связанными членами семьи с использованием теста Уилкоксона с ранговыми знаками; 2) расчет коэффициента родства для каждой возможной пары в выборке с использованием табличного метода [Falconer, Mackay, 1996]; 3) построение логарифма коэффициента родства (логарифма биологического расстояния), исключая пары, не связанные родством, так как их коэффициент родства всегда равен нулю, и, следовательно, логарифм не определен.

Этот подход позволяет сосредоточиться на степени родства между биологически связанными индивидами. Затем проводится дисперсионный анализ для проверки связи между SC и логарифмом биологического расстояния для всех пар в выборке. Полученная степень сходства индивидов представляется в двумерном пространстве с использованием многомерного шкалирования, что позволяет реконструировать координаты в параметрическом пространстве. Для определения позиций известных кластеров на координатах применяется метод К-средних [Hartigan, Wong, 1979], и каждый индивид соотносится с ближайшим кластером.

Анализ однородно распределённых кладбищ. Этот тип анализа направлен на выявление тесно связанных индивидуумов в больших захоронениях, не имеющих ясно выраженных подгрупп. В отсутствие внутренних пространственных разделений анализ родства становится более сложным, так как предполагаемые семейные группы должны быть идентифицированы без учёта пространственных различий. Основные подходы, подробно описанные К.М. Стояновским и М.А. Шилачи [Stojanowski, Schillaci, 2006], включают следующие виды анализа:

1) Анализ пространственной корреляции, который проверяет значимую корреляцию между матрицей пространственных и фенотипических расстояний. Если кладбище структурировано по родственным связям, то близкие родственники захоронены ближе друг к другу, и существует положительная корреляция между матрицами расстояний. Модель для оценки количества различных линий в пределах кладбища, предполагая родственные захоронения в каждой линии, была разработана К.М. Стояновским [Stojanowski 2001, 2003a, b].

2) Второй подход использует различные методы подсчета для проверки неслучайной кластеризации признаков. В работе К.В. Альта и В. Ваха [Alt, Vach, 1991] представлен одномерный метод для проверки пространственной группировки определенного фенотипического признака и его связи с семейно-ориентированным захоронением в рамках большого однородно распределенного кладбища. Метод заключается в подсчете количества соседних индивидуумов с тем же признаком и сравнении этого числа со случайным распределением признака по кладбищу. Если признак чаще встречается среди соседей, чем можно было бы ожидать случайно, то это указывает на неслучайное, возможно родственное распределение признака. Этот метод может быть расширен до мультивариативного анализа, который включает одновременное рассмотрение нескольких признаков, что дает более полное представление о потенциальных структурах родства. Детали статистического анализа описаны авторами и являются довольно сложными [Alt, Vach, 1991]. Например, в исследовании кладбища Норрис Фармс в Иллинойсе Стоуном и

Стоункингом [Stone, Stoneking, 1993; Stone, 1996] был использован метод ближайшего соседа. Кроме того, существует множество других вариантов для тестирования пространственной автокорреляции, включая тесты случайной рандомизации единиц площади [Mead, 1974; Manly, 1998] и алгоритмы кластеризации на основе близости [Usher, 2005; Usher, Allen, 2005]. Выбор подходящего метода во многом зависит от условий захоронения и общей структуры исследуемого кладбища.

3) Третий подход включает компьютерную непространственную блочную процедуру поиска, которая одновременно идентифицирует предполагаемых родственников и признаки, указывающие на степень их родства [Alt, Vach, 1993, 1995a, б, 1998; Vach, Alt, 1993]. Этот метод предполагает систематический поиск в данных кладбища блоков индивидуумов, несущих определенные комбинации фенотипических признаков с более высокими частотами, чем можно было бы ожидать случайно. Затем эти блоки анализируются, чтобы определить, могут ли общие признаки указывать на родство. Основное преимущество этого метода заключается в его независимости от предварительно определенных пространственных структур внутри кладбища, что позволяет идентифицировать родственные группы исключительно на основе общих фенотипических признаков. Этот метод, сосредоточенный на распределении фенотипических признаков, потенциально может раскрыть семейные связи, которые иначе могли бы оставаться скрытыми из-за отсутствия пространственной структуры. Также предполагается, что наличие редких признаков может указывать на семейные связи, независимо от их пространственного распределения на большом кладбище. Цель метода — выявить эти признаки и определить индивидуумов, у которых они присутствуют. В отличие от метода ближайшего соседа, этот подход менее чувствителен к наличию неродственных индивидуумов в погребальной среде, таких как слуги или супруги. Вычислительные детали этой модели очень сложны [см. Alt, Vach, 1992], и интерпретация результатов требует тщательного анализа, поскольку наличие общих редких признаков не всегда подтверждает семейную связь, а лишь указывает на более высокую вероятность такой связи.

Каждый из этих методов имеет свои преимущества и недостатки [Stojanowski, Schillaci, 2006]. Анализ пространственной корреляции полезен для обнаружения общих моделей родства, но может упустить мелкие и более тонкие семейные структуры. Методы ближайшего соседа хороши для определения кластеров по определенному признаку, но могут не выявить более обширные паттерны родства. Процедура поиска блоков универсальна и способна обнаружить группы, основанные на родственных связях, которые другие методы могут пропустить, однако она требует обширной обработки данных и анализа.

Заключение

Многие проблемы, связанные с установлением родства, могут быть преодолены при наличии скелетного материала с подтвержденными генеалогическими данными. Только на таких материалах можно точно определить, как частота

отдельных фенетических признаков коррелирует с биологическим родством.

Однако, к сожалению, скелетные останки с сохраненной документацией редки в мировом масштабе [Carson, 2006; Ricaut et al., 2010; Gavrus-Ion et al., 2017]. В прошлом эксгумация кладбищ с церковными записями лишь изредка сопровождалась археолого-антропологическими исследованиями. Поэтому возможности изучения наследуемости неметрических признаков и морфологического сходства биологически родственных особей все еще весьма ограничены, и лишь генетический анализ скелетных останков может подтвердить оценки родства, полученные на основе морфологических данных.

Информация об авторе

Мовсесян Алла Арменовна, д.б.н.; ORCID ID: 0000-0003-1329-5904; amovsessyan@gmail.com.

Поступила в редакцию 09.01.2024,
принята к публикации 15.01.2024.

Movsesian A.A.

*Lomonosov Moscow State University, Faculty of Biology,
Department of Anthropology, Leninskie Gory, 1(12), Moscow, 119234, Russia*

METHODS OF KINSHIP ANALYSIS IN FOSSIL POPULATIONS

Introduction. *Identifying kinship relationships from skeletal remains is among the various objectives of bioarchaeological studies. This article focuses on reviewing the methods used to analyze biological kinship in human fossil populations through non-metric traits.*

Methods. *Since direct molecular-genetic analysis of kinship is often highly challenging due to the poor preservation of ancient DNA, special attention in such studies is given to nonmetric phenotypic traits.*

Results. *Research with osteological samples that have been documented provides compelling evidence that the level of morphological similarity between individuals is directly related to their degree of biological kinship. In cases where the pedigrees of osteological materials are fully or partially known, phenotypic data can be effectively used in lieu of genetic information.*

Discussion. *The methodology developed for kinship analysis depends on the internal spatial structure of the cemetery being studied. When analyzing small burial sites, the aim is to determine if the people buried there are close relatives. Various methods are used in these analyses, including different techniques for determining the likelihood of kinship, cluster analysis, and correlation coefficients. Identifying kinship is most promising in burial sites where archaeological or historical indicators of biological relationships are present. Kinship analysis in spatially structured cemeteries is aimed at identifying families or social groups. The analysis of uniformly distributed cemeteries focuses on identifying closely related individuals in large burials without clearly defined subgroups. This involves spatial correlation analysis, which tests for significant correlation between the matrix of spatial distances and the matrix of phenotypic distances; various counting methods to test for non-random clustering of traits; the nearest neighbor method; and a non-spatial block search procedure that simultaneously identifies presumed relatives and the traits that indicate the degree of their kinship.*

Conclusion. *Many problems in establishing kinship can be overcome with the availability of skeletal material accompanied by verified genealogical data. Unfortunately, skeletal remains with preserved documentation are quite rare, limiting the opportunities to study the inheritance of non-metric traits and the morphological similarity of biologically related individuals.*

Keywords: kinship analysis; non-metric traits; fossil populations; bioarcheology; paleogenetics

DOI: 10.55959/MSU2074-8132-24-1-11

References

- Adachi N., Dodo Y., Ohshima N., Doi N., Yoneda M., Matsumara H. Morphologic and genetic evidence for the kinship of juvenile skeletal specimens from a 2,000-year-old double burial of the Usu-Moshiri site, Hokkaido, Japan. *Anthropol. Sci.*, 2003, 111, pp. 347-363. DOI: 10.1537/ase.111.347.
- Alt K.W. Zur problematische odontologische Verwandtschaftsanalysen in der prahistorischen Anthropologie am Beispiel der Aplasia/Hypodontie. *Z. Morph. Anthropol.*, 1989, 78, pp. 43-71.
- Alt K.W. Verwandtschaftsanalyse an Skelettmaterial. Methodenentwicklung auf der Basis odontologischer Merkmale. Freiburg: Habil Schrift, 1991.
- Alt K.W. Odontologische Verwandtschaftsanalyse. Stuttgart: Gustav Fischer, 1997.
- Alt K.W., Vach W. The reconstruction of "genetic kinship" in prehistoric burial complexes-problems and statistics. In Bock H.-H., Ihm P., editors. *Classification, data analysis, and knowledge organization*. Berlin: Springer-Verlag, 1991, pp. 299-310.
- Alt K.W., Vach W. Non-spatial analysis of "genetic kinship" in skeletal remains. In Schader M., editor. *Analysis and modeling data and knowledge*. Berlin: Springer-Verlag, 1992, pp. 247-256.
- Alt K.W., Vach W., Pichler S. Familienanalyse an kaiserzeitlichen Skelettresten aus einer Villa rustica bei Regensburg-Harting. *Bayer. Vorgeschbl.*, 57, 1992, pp. 261-276.
- Alt K.W., Vach W. Odontologic kinship analysis in skeletal remains: Concepts, methods, and results. *Forensic Sci. Int.*, 1995a, 74, pp. 99-113. DOI: 10.1016/0379-0738(95)01740-a.
- Alt K.W., Vach W. Detection of kinship structures in skeletal remains. In Jacob B., Bonte W., editors. *Advances in forensic sciences, Vol. 7. Forensic odontology and anthropology*. Berlin: Koster, 1995b, pp. 27-34.
- Alt K.W., Vach W., Frifelt K., Kunter M. Familienanalyse in kupferzeitlichen Kollektivgrabern aus Umm an-Nar; Abu Dhabi. *Arab Arch. Epig.*, 1995c, 6, pp. 65-80. DOI: 10.1111/j.1600-0471.1995.tb00077.x.
- Alt K.W., Pichler S., Vach W., Huckenbeck W., Stloukal M. Early Bronze Age family burial from Velke Pavlovice. Verification of kinship hypothesis by odontologic and other nonmetric traits. *Homo*, 1996, 46, pp.256-266.
- Alt K.W., Pichler S., Vach W., Klima B., Vlcek E., Sedlmeier J. Twenty-five-thousand-year-old triple burial from Dolni Vcstonicv: an Ice-Age Family? *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1997, 102, pp.123-131. DOI: 10.1002/(SICI)1096-8644(199701)102:1<123::AID-AJPA10>3.0.CO;2-2.
- Alt K.W., Vach W. Kinship studies in skeletal remains — Concepts and examples. In Alt K.W., Rösing F.W., Teschler-Nicola M., editors. *Dental anthropology: Fundamentals, limits, and prospects*. Wien: Springer, 1998, pp. 537-554.
- Bartel B. A discriminant analysis of Harappan civilization human populations. *J. Archaeol. Sci.*, 1979, 6, pp. 49-61.
- Bartel B. Collective burial and social organization: A multivariate analysis of human population from early Bronze Age Western Turkey. *J. Med. Anthropol. Archaeol.*, 1981, 1, pp. 3-21.
- Bentley G.R. Dental morphology and social reconstruction at Early Bronze Age Bab edh-Dhra', Jordan. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1986, 69, pp. 175.
- Berry A.C. Factors affecting the incidence of non-metric skeletal variants. *Journal of Anatomy*, 1975, 120 (3), pp. 519-535.
- Berry A.C. Anthropological and family studies on minor variants of the dental crown. In Butler P.M., Joysey K.A. (Eds.), *Development, function, and evolution of teeth*. New York: Academic Press, 1976, pp. 81-98.
- Biggerstaff R.H. The biology of dental genetics. *Yearbook of Physical Anthropology*, 1979, 22, pp. 215-227.
- Birkby W.H. Biosocial interpretations from cranial nonmetric traits of Grasshopper Pueblo skeletal remains. *Anthropological Papers of the University of Arizona*, 1982, 40, pp. 36-41.
- Byrd J.E., Jantz R.L. Osteological evidence for distinct social groups at the Leavenworth site. In Owsley D.H., Jantz R.L., editors. *Skeletal biology in the Great Plains*. Washington, DC: Smithsonian Institution Press, 1994, pp. 203-208.
- Carson E.A. Maximum likelihood variance components analysis of heritabilities of cranial nonmetric traits. *Human Biology*, 2006, 78 (4), pp. 383-402. DOI: 10.1353/hub.2006.0054.
- Case D.T. Who's related to whom? Skeletal kinship analysis in Medieval Danish cemeteries. PhD dissertation, Department of Anthropology, Arizona State University, 2003.
- Case D.T., Jones L.B., Offenbecker A.M. Skeletal kinship analysis using developmental anomalies of the foot. *International Journal of Osteoarchaeology*, 2016, 27 (2), pp. 192-205. DOI: 10.1002/oa.2529.
- Cesnys G., Tutkuvienė J. Topographical approach to kinship assessment within population according to discrete cranial traits: The 5th – 6th cc. Plinkaigalis cemetery. *Acta Medica Lituanica*, 2007, 14 (1), pp. 7-16.
- Corruccini R.S. On Hawikku cemetery kin groups. *Am. Antiq.*, 1998, 63, pp. 161-163.
- Corruccini R.S., Handler J.S., Mutaw R.J., Lange F.W. Osteology of a slave burial population from Barbados, West Indies. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1982, 59, pp. 443-459.
- Corruccini R.S., Shimada I. Dental relatedness corresponding to mortuary patterning at Huaca Loro, Peru. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2002, 117, pp. 113-121. DOI: 10.1002/ajpa.10020.

- Corruccini R.S., Shimada I., Shinoda K. Dental and mtDNA relatedness among thousand-year-old remains from Huaca Loro, Peru. *Dent. Anthropol.*, 2002, 16, pp. 9-14.
- Cvrček J., Velemínský P., Dupej J., Vostry L., Bruzek J. Kinship and morphological similarity in the skeletal remains of individuals with known genealogical data (Bohemia, 19th to 20th centuries): A new methodological approach. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2018, 167 (3), pp. 541-556. DOI: 10.1002/ajpa.23683.
- Drozdova E. Dietrichsteinove z Mikulova. Vysledky antropologickeho vyzkumu vybranych pnslusrnku rodu. Brno: Masarykova Univerzita, 2006.
- Falconer D.S., Mackay T.F.C. Introduction into Quantitative genetics (4th ed.). Harlow: Longman House, 1996.
- Gavrus-Ion A., Sjøvold T., Hernandez M., Gonzalez-Jose R., Torne, M.E.E. et al. Measuring fitness heritability: Life history traits versus morphological traits in humans. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2017, 164 (2), pp. 321-330. DOI: 10.1002/ajpa.2327.
- Hartigan J. A., Wong M.A. A K-means clustering algorithm. *Applied Statistics*, 1979, 28, pp. 100-108.
- Heinrich W., Teschler-Nicola M. Zur anthropologie des Gräberfeldes von Gemeinlebarn, Niederösterreich. In Neugebauer, J.W. (Ed.), Die Nekropole F von Gemeinlebarn, Niederösterreich. Romisch-Germanische Forschungen, Band 49. Verlag Philipp von Zabern, Mainz am Rhein, 1991, pp. 222-262.
- Howell T.L., Kintigh K.W. Archaeological identification of kin groups using mortuary and biological data: An example from the American Southwest. *Am. Antiq.*, 1996, 61, pp. 537-554.
- Johnson A.L., Lovell N.C. Biological differentiation at Predynastic Naqada, Egypt: An analysis of dental morphological traits. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1994, 93 (4), pp. 427-433.
- Kelley J.O. Identification of family groups from genetic anomalies in the first Baptist church cemetery. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1989, 78 (2), pp. 251-252.
- Lane R.A. The genetic meaning of a distance measure based on non-metric skeletal variants. *American Am. J. Phys. Anthropol.*, 1976, 44 (1), pp. 190-191.
- Manly B.F.J. Randomization, bootstrap and Monte Carlo methods in biology, 2nd ed. London: Chapman and Hall, 1998.
- McClelland J.A. Refining the resolution of biological distance studies based on the analysis of dental morphology: Detecting subpopulations at Grasshopper Pueblo. PhD dissertation, Department of Anthropology, University of Arizona, 2003.
- Mead R. A test for spatial pattern at several scales using data from a grid of contiguous quadrats. *Biometrics*, 1974, 30, pp. 295-307.
- Meyer C., Ganslmeier R., Dresely V., Alt K.W. New approaches to the reconstruction of kinship and social structure based on bioarchaeological analysis of Neolithic multiple and collective graves. In Kolar J., Trampota F. (Eds.), Theoretical and methodological considerations in Central European Neolithic archaeology Oxford: BAR International Series 2325, 2012, pp. 11-23.
- Molleson T., Cox M., Waldron A. H. & Whittaker D. K. The Spital- fields project, 2. The anthropology, York: Council for British Archaeology, 1993.
- Molleson T. Rates of ageing in the eighteenth century. In Saunders, S.R., Herring, A. (Eds.), *Grave Reflections. Portraying the Past through Cemetery Studies*. Canadian Scholars Press, Toronto, 1995, pp. 199-222.
- Pietrusewsky M., Douglas M.T. The skeletal biology of an historic Hawaiian cemetery: Familial relationships. *Homo*, 1992, 43 (3), pp. 245-262.
- Prowse T. L., Lovell N. C. Concordance of cranial and dental morphological traits and evidence for endogamy in ancient Egypt. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1996, 101 (2), pp. 237-246. DOI: 10.1002/(SICI)1096-8644(199610)101:2<237::AID-AJPA8>3.0.CO;2-Z.
- Ricaud F.X., Auriol V., von Cramon-Taubadel N., Keyser C., Murail P. et al. Comparison between morphological and genetic data to estimate biological relationship: The case of the Egin Gol necropolis (Mongolia). *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2010, 143, pp. 355-364. DOI: 10.1002/ajpa.21322.
- Ritschmeier J.T., Cheverud J. M., Buikstra J. E. The relationship between cranial metric and nonmetric traits in the rhesus macaques from Cayo Santiago. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1984, 64 (3), pp. 213-222.
- Rösing F.W. Discreta des menschlichen Skeletts-ein kritischer UJberlick. *Homo*, 1982, 33, pp. 100-125.
- Rösing F.W. Kith or kin? On the feasibility of kinship reconstruction in skeletons. In David A.R., editor. *Science in Egyptology*. Manchester: Manchester University Press, 1986, pp. 223-237.
- Rösing F.W. Quebbet el Hawa und Elephantine Zur Bevölkerungsgeschichte von Ägypten. Familienstruktur. Stuttgart: Gustav Fischer Verlag, 1990.
- Rösing F.W. The forensic relevance of skeletal biology: Taxonomy of individuals and kinship reconstruction. *Advances in forensic sciences*, 1995, 7, pp. 1-21.
- Rubini M. Biological homogeneity and familial segregation in the Iron Age population of Alfedena (Abruzzo, Italy), based on cranial discrete traits analysis. *Int. J. Osteoarchaeol.*, 1996, 6, pp. 454-462.
- Saunders S.R., Herring D.A., Sawchuk L.A., Boyce G. The nineteenth-century cemetery at St. Thomas Anglican Church, Belleville: skeletal remains, Parish records and censuses. In Saunders, S.R., Herring, A. (Eds.), *Grave Reflections: Portraying the Past through Cemetery Studies*. Canadian Scholars Press, Toronto, 1995, pp. 93-111.
- Schuer J.L., Bowman, J.E. Corellation of documentary and skeletal evidence in the St. Bride0s crypt population. In Saunders, S.R., Herring, A. (Eds.), *Grave Reflections: Portraying the Past through Cemetery Studies*. Canadian Scholars Press, Toronto, 1995, pp. 49-70.
- Scott G.R., Turner C.G. The anthropology of modern human teeth. Cambridge: Cambridge University Press, 1997.
- Scott G.R., Irish J.D. Human tooth crown and root morphology: The Arizona State University Dental System. Cambridge: Cambridge University Press, 2017. DOI: 10.1017/9781316156629.
- Shepherd F. J. Symmetrical depressions on the exterior surface of the parietal bones (with notes of three cases). *Journal of Anatomy and Physiology*, 1893, 27 (4), pp. 501-504.
- Shimada I., Shinoda K., Farnum J., Corruccini R., Watanabe H. An integrated analysis of pre-Hispanic mortuary practices: A Middle Sican case study. *Curr. Anthropol.*, 2004, 45, pp. 369-402. DOI: 10.1086/382249.
- Sjøvold T. A method for familial studies based on minor skeletal variants. *Ossa*, 1976/77, 3/4, pp. 97-107.
- Sjøvold T. A report on the heritability of some cranial measurements and non-metric traits. In van Vark, G.N., Howells, W.W. (Eds.), *Multivariate Statistical Methods*

- in *Physical Anthropology*. Reidel, Dordrecht, 1984, pp. 223-246.
- Sjøvold T. Intrapopulation distances and genetics of non-metrical traits. In: Herrmann, B. (Ed.), *Innovative Trends in der Prahistorischen Anthropologie*. Mitt. Bln. Ges. Anthropol. Ethnol. Urgesch., 1986, 7, pp. 81-93.
- Solari A., Antunes-Ferreira N., Pessis A.M., Martin G., Scott G.R. Kinship analysis using rare nonmetric dental traits in a prehistoric cemetery from Northeastern Brazil. *Bull. Int. Assoc. Paleodont.*, 2022, 16 (2), pp. 276–283.
- Spence M.W. Nonmetric trait distribution and the expression of familial relationships in a nineteenth century cemetery. *Northeast Anthropology*, 1996, 52, pp. 53-67.
- Stojanowski C.M. Cemetery structure, population aggregation, and phenotypic variability in the mission centers of La Florida. PhD dissertation, Department of Anthropology, University of New Mexico, 2001.
- Stojanowski C.M. Differential phenotypic variability among the Apalachee populations of La Florida: A diachronic perspective. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2003a, 120, pp. 352-363. DOI: 10.1002/ajpa.10157.
- Stojanowski C.M. Matrix decomposition model for investigating prehistoric intracemetery biological variation. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2003b, 122, pp. 216-231. DOI: 10.1002/ajpa.10221.
- Stojanowski C. M., Schillaci M. A. Phenotypic approaches for understanding patterns of intracemetery biological variation. *Yearbook of Physical Anthropology*, 2006, 49, pp. 49-88. DOI: 10.1002/ajpa.20517.
- Stone A.C., Stoneking M. Ancient DNA from a pre-Columbian Amerindian population. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1993, 92, pp. 463-471. DOI: 10.1002/ajpa.1330920405.
- Stone A.C. Genetic and mortuary analysis of a prehistoric Native American community. PhD dissertation, Department of Anthropology, The Pennsylvania State University, 1996.
- Strouhal E., Jungwirth J. Paleogenetics of the Late Roman- Early Byzantine cemeteries at Sayala, Egyptian Nubia. *J. Hum. Evol.*, 1979, 8, pp. 699-703.
- Symmers W.S.C. A skull with enormous parietal foramina. *Journal of Anatomy and Physiology*, 1895, 29 (2), pp. 329-330.
- Townsend G.C., Richards L.C., Brown T., Burgess V.B., Travan G.R., Rogers J.R. Genetic studies of dental morphology in south Australian twins. In Smith P., Tchernov E. (Eds.), *Structure, function, and evolution of teeth*. London: Freund Publishing House Ltd, 1992, pp. 501-518.
- Ullrich H. Interpretation morphologisch-metrischer Ähnlichkeiten an ur- und frühgeschichtlichen Skeletten in verwandtschaftlicher Hinsicht. *Z. Archaeol.*, 1969a, 3, pp. 48-88.
- Ullrich H. Verwandtschaftsdiagnostische Untersuchungen an Skeletten. *Wiss Zeitschrift d. Humboldt-Universität zu Berlin*, 1969b.
- Unzeitigova K.W. Morfologické znaky na postkranialním skeletu z pohřebiště Josefov. *Diplomová Práce*, Universita Karlova, Praha, 2000.
- Usher B.M., Allen K.L. Identifying kinship clusters: SatS- can for genetic spatial analysis. *Am. J. Phys. Anthropol. Supp.*, 2005, 40, pp. 210-220.
- Usher B.M. Anabaptist cemetery spatial organization reflects patrilocal household structure and endogamous corporate groups: A model for prehistory. Paper presented at the Society for American Archaeology Annual Meeting. Salt Lake City, 2005.
- Vach W., Alt K.W. Statistische Analyse der horizontal-stratigraphischen Verteilung eines odontologischen (epigenetischen) Merkmals. *Fundberichte aus Baden-Württemberg*, 1990, 15, pp. 300-340.
- Vach W., Alt K.W. Detection of kinship structures in prehistoric burial sites based on odontological traits. In Andresen J., Madsen T., Scollar I., editors. *Computing the past*. Oxford: Alden Press, 1993, pp. 287-21.
- Velemínský P., Dobisková M. Demografie a základní antropologická charakteristika pravekých pohřebišť v Praze 5. *Jinonicich. Archaeol. Pragensia*, 1998, 14, pp. 229–271
- Velemínský P., Dobisková M. Morphological likeness of the skeletal remains in a central European family from 17th to 19th century. *Homo*, 2005, 56, pp. 173-196
- Vlček E. Biologie und Genetik der ältesten Premysliden. *Sbor. Narod. Muzea*, 1987, 43B (2-4), pp. 109-117.
- Vlček E. Nejstarsi Premyslovci. *Vesmir*, Praha, 1997.
- Vlček E. Cesti Kralove I. *Vesmir*, Praha, 2000a.
- Vlček E. Cesti Kralove II. *Vesmir*, Praha, 2000b.
- Wiltchke-Schrotta K. Das frühbronzezeitliche Graberfeld von Franzhausen I: analyse der morphologischen Merkmale mit besonderer Berücksichtigung der epigenetischen varianten. Ph.D. Dissertation, Universität Wien, Wien, 1988.
- Zhongpei Z. Studies on the Shijia village tombs. *Kao Gu Xue Bao*, 1981, 2, pp. 147-164.
- Zhongpei Z. The social structure reflected in the Yuanjun- miao cemetery. *J. Anthropol. Archaeol.*, 1985, 4, pp. 19–33.

Information about the author

Movsesian Alla A., PhD, DSc.; ORCID ID: 0000-0003-1329-5904; amovsessyan@gmail.com.

© 2024. This work is licensed under a CC BY 4.0 license