



Исследование было одобрено Комитетом по биоэтике коллегии Университета Николая Коперника в Польше. Письменное информированное согласие всех участников было получено до сбора проб и последующего анализа. Образцы крови были собраны у не связанных с материнством поляков, украинцев и чехов. Из польских образцов были собраны в северной части Польши, в регионе, называемом Касубы. Оставшиеся образцы были собраны в самой южной части Польши, расположенной в Карпатах. Чешские образцы были случайно собраны в разных частях Чешской Республики. Украинские образцы были получены из западной части Украины (Львовская область).

Генотипы митохондрий

ДНК выделяли со стандартной экстракцией фенола и хлороформа. Статус группы гаплотипов, определялся на основе анализа SNP кода кодирования с использованием специальной методологии. Целая последовательность митохондриального генома была выполнена для образцов, относящихся к гаплогруппам. Эти образцы были отобраны из примерно 2700 образцов восточных (русских и украинцев) и западных славян (чехов, поляков и словаков), которые ранее были отобраны для маркеров диагностического кодирующего региона и подвергнуты контрольной области секвенирования. Кроме того, для образцов, собранных у поляков и украинцев, было выполнено цельное

секвенирование генотипов митохондрий, классифицированных в гаплогруппы.

Анализ данных

Филогенетическая реконструкция гаплогрупп проводилась на основе представленных митохондриальных последовательностей генома, а также проекта «FamilyTree» и ранее опубликованных данных. Обновленная номенклатура гаплогруппы следует тому, что было предложено учеными ранее. Самые скудные деревья из полных последовательностей были реконструированы вручную и проверены программой «Network». Оценки расходимости гаплогруппы и их диапазоны ошибок были рассчитаны с использованием программного обеспечения в соответствии с методами калибровки. Возраст коалесценции, оцененный по статистике, был проверен с помощью оценок максимального значения вероятности (ML) длины ветвей, предполагая модель мутации. Полученные значения были преобразованы во времени с использованием молекулярных часов. Точечные индексы и трансверсии, расположенные между положениями нуклеотидов, не учитывались при филогенетическом анализе.

Результаты и обсуждение

Филогенетическая реконструкция европейских подложек наблюдается в славянских популяциях. Несмотря на то, что исследование изменения варибельной области митохондриальной ДНК в европейских популяциях не выявило существенных различий между славянами и другими европейцами, анализ всей варибельности генома образцов, принадлежащих к гаплогруппе H5, показал значительное разнообразие в структуре и времени происхождения ее младших дочерних элементов. Большинство полных последовательностей мтДНК, включенных в филогенетическое дерево H5, имеют европейское происхождение, некоторые из которых происходят от лиц, не имеющих определенной этнической принадлежности.