

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ

БИОЛОШКИ ФАКУЛТЕТ

Слободан Б. Давидовић

**АНАЛИЗА ВАРИЈАБИЛНОСТИ  
МИТОХОНДРИЈСКЕ ДНК  
СТАНОВНИКА РЕПУБЛИКЕ СРБИЈЕ  
СА ПОПУЛАЦИОНО ГЕНЕТИЧКОГ,  
ФИЛОГЕНЕТСКОГ И  
ФИЛОГЕОГРАФСКОГ АСПЕКТА**

Докторска дисертација

Београд, 2018

UNIVERSITY OF BELGRADE

FACULTY OF BIOLOGY

Slobodan B. Davidović

**ANALYSIS OF MITOCHONDRIAL DNA  
VARIABILITY OF RESIDENTS OF THE  
REPUBLIC OF SERBIA: POPULATION  
GENETICS, PHYLOGENETIC AND  
PHYLOGEOGRAPHIC PERSPECTIVES**

Doctoral dissertation

Belgrade, 2018

## МЕНТОРИ

**др Наташа Ковачевић-Грујичић**, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство

**академик др Милена Стевановић**, научни саветник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, редовни професор, Универзитет у Београду- Биолошки факултет

## КОМИСИЈА

**др Наташа Ковачевић-Грујичић**, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство

**академик др Милена Стевановић**, научни саветник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, редовни професор, Универзитет у Београду- Биолошки факултет

**др Биљана Стојковић**, ванредни професор, Универзитет у Београду - Биолошки факултет.

**др Јелена Алексић**, виши научни сарадник, Универзитет у Београду - Институт за молекуларну генетику и генетичко инжењерство

Датум одбране: \_\_\_\_\_

*Овај рад је урађен у Лабораторији за хуману молекуларну генетику, Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство, Универзитета у Београду под руководством академика Милене Стевановић.*

*Овом приликом се захваљујем академику Милени Стевановић на указаној прилици да своју докторску дисертацију урадим у Лабораторији под њеним руководством. Такође бих се захвалио и на указаном поверењу да заједно са својом менторком др Наташом Ковачевић-Грујичић започнемо истраживања везана за потпуно нову тематику како у лабораторији тако и на институту.*

*Посебно се захваљујем свом ментору, др Наташи Ковачевић-Грујичић званој Груја, на стрпљењу и истрајности у раду са мном. Заједно смо се упутили у неистражену територију где смо морали доста нових ствари да научимо и некако смо успели да се изборимо са већином препрека које су нам се успут појављивале. Без Грујиног детаљног и истрајног навођења ова теза као и цео пројекат тешко да би били реализовани тако успешно.*

*Колегиница која заслужује посебну захвалност је др Јелена Алексић без чије несебичне помоћи интерпретација резултата у неким случајевима скоро па не би била могућа. Др Јелена је својим знањем и искуством помогла да сав наш рад и труд добије форму и облик који је заслужио и тиме постао доступан широкој научној јавности.*

*Проф Биљани Стојковић се искрено захваљујем јер је и поред бројних обавеза прихватила да буде члан комисије и својим саветима и критичкој оцени тезе допринела да ова теза добије коначни облик.*

*Такође се захваљујем свим колегиницама на помоћи коју су пружиле током рада на овој тези, а посебно када је било потребно сакупити довољно испитаника како би наш рад био валидан.*

*Незанемарљив допринос дали су чланови моје породице као и пријатељи који су ми пружали константну подршку, али и помоћ приликом прикупљања испитаника из свих крајева Србије како би овде приказан рад био што репрезентативнији.*

**Анализа варијабилности митохондријске ДНК становника Републике  
Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског  
аспекта**

**РЕЗИМЕ**

Генетичка структура и клинална дистрибуција генетичке варијабилности у савременим људским популацијама Европе резултат су веома комплексних еволуционих, демографских и културолошких процеса који су се одвијали на простору Европе током више хиљада година. Међу најважнијим процесима издвајају се пост-гласијална реколонијација Европе, ширење пољопривреде током неолита (неолитска транзиција) и бројне миграције људских популација, попут миграција индоевропских народа током бронзаног доба и Велике сеобе народа у раном средњем веку. Балканско полуострво је имало важну улогу током целокупне историје људске врсте на евроазијском континенту због тога што је представљало важан миграцијски коридор преко којег су се одвијале миграције од праисторије па све до савременог доба. Такође, током последњег леденог максимума Балканско полуострво је представљало један од гласијалних рефугијума са којег је отпочела пост-гласијална реколонијација Европе. Имајући у виду да српска популација насељава централни део Балканског полуострва, у овој популацији се могу очекивати генетички трагови комплексних демографских процеса.

Предмет истраживања ове докторске дисертације било је испитивање варијабилности митохондријске ДНК (мтДНК) у савременој популацији Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта. У ту сврху анализирана је варијабилност првог и другог хиперваријабилног сегмента (*HVS-I* и *HVS-II*) и полиморфизми кодирајућег региона мтДНК код 172 испитаника чији су преци по женској линији из последње две генерације декларисаног српског етничитета. Поред тога, одабрано је и комплетно секвенцирано 58 митогенома који су анализирани у циљу бољег разумевања еволуције појединих мтДНК хаплогрупа, као и утврђивања доприноса различитих миграција у обликовању садашњег обрасца варијабилности митохондријског генског пула српске популације.

У српској популацији заступљене су већином мтДНК хаплогрупе/подхаплогрупе карактеристичне за европске популације, а њихове учесталости и параметри генетичке разноврсности налазе се у распону вредности детектованих у осталим европским популацијама. Српска популација није генетички диференцирана у односу на друге јужнословенске популације и у свим анализама заузима централну позицију између јужнословенских популација источног и западног дела Балканског полуострва. Највећи проценат *HVS-I* и *HVS-I/HVS-II* хаплотипова становништво Србије дели са географски блиским популацијама Балканског полуострва из јужнословенске групе, где су детектовани

и потенцијално приватни хаплотипови. Начелно, испитиване европске популације су у већини анализа груписане на начин који одговара њиховој географској дистрибуцији. Поред тога, словенске популације груписане су и у складу са њиховом припадношћу одговарајућим језичким породицама. На Балканском полуострву су детектоване високе вредности параметара генетичке разноврсности ретких мтДНК подхаплогрупа, што је у складу са његовим раније демонстрираним рефугијалним карактером.

На основу филогенетске и филогеографске анализе комплетних митогенома из српске популације уочене су мтДНК подхаплогрупе које су највероватније настале у јужној Европи, као и оне које су потенцијално специфичне за Балканско полуострво. Поред тога, српска популација дели одређени број мтДНК линија са источно- и западнословенским популацијама, са германским популацијама северне и средње Европе, а у мањем обиму и са популацијама са Блиског истока и источне Азије.

Ова студија је показала да су у обликовању савременог митохондријског генског пула српске популације важну улогу имале: а) словенске и германске популације из којих су се, током раног средњег века, одвијале миграције ка Балканском полуострву и б) аутохтоне популације Балканског полуострва из периода пре досељавања Словена, а чији је генски фонд садржавао генетичке трагове бројних различитих миграција из још древнијих времена (нпр. носиоци јамне културе). Стога се постојање изузетно велике разноврсности мтДНК савремене популације Србије може објаснити генетичким доприносом како словенских/германских, тако и пре-словенских популација.

**КЉУЧНЕ РЕЧИ:** Балканско полуострво, српска популација, мтДНК хаплогрупа, Словени, рефугијум, генетичка разноврсност, миграције

**НАУЧНА ОБЛАСТ:** Биологија

**УЖА НАУЧНА ОБЛАСТ:** Генетика и еволуција

**УДК БРОЈ:** [575.22:576.347]:611/612(497.11)(043.3)

# **Analysis of mitochondrial DNA variability of residents of the Republic of Serbia: population genetics, phylogenetic and phylogeographic perspectives**

## **ABSTRACT**

Genetic structure and clinal distribution of genetic variation in contemporary human populations in Europe are the results of interplay between exceptionally complex evolutionary, demographic and cultural processes which took place in Europe during several thousand years. Among the most important processes are post-glacial recolonization of Europe, spread of farming during the Neolithic period (Neolithic transition) and numerous migrations of human populations such as Bronze Age migrations of Indo-Europeans and migrations during the Migration Period that occurred in the Early Middle Ages. The Balkan Peninsula played an important role during the entire history of humankind in Europe and Asia because it served as an important migration corridor starting from prehistoric to present days. Furthermore, during the last glacial maximum, this region was one of the glacial refugia from which the post-glacial recolonization of Europe was initiated. Since Serbian population inhabits the central part of the Balkan Peninsula, this population may harbour genetic traces of past complex demographic processes that were occurring in the Balkans over time.

The subject of this doctoral thesis was the study of the mitochondrial DNA (mtDNA) variability in a contemporary population of Serbia from population genetics, phylogenetic and phylogeographic aspects. For that purpose, the variability of HVS-I and HVS-II regions and polymorphisms within the coding region of mtDNA have been assessed in 172 individuals whose Serbian maternal ancestry was confirmed for at least two generations. Furthermore, 58 selected mitogenomes were completely sequenced in order to provide new insights into the evolution of particular mtDNA haplogroups and to assess the contribution of various human migrations in modelling contemporary maternal gene pool of the Serbian population.

Serbian population comprises mainly mtDNA haplogroups/subhaplogroups typical for European populations and their frequencies and levels of genetic diversity are mostly in the range of those detected in other European populations. Serbian population is not genetically differentiated from other south-Slavic populations and in all analyses it occupies a central position among south-Slavic populations from the eastern and western part of the Balkan Peninsula. The highest percentage of HVS-I and HVS-I/HVS-II haplotypes Serbian population shares with south-Slavic populations from the Balkan Peninsula, where potential private haplotypes have been observed as well. In general, European populations were grouped in a manner reflecting their geographic distribution. Furthermore, Slavic populations were grouped according to their linguistic affiliation. Rather high values of all parameters of genetic diversity of rare mtDNA subhaplogroups in the Balkan Peninsula are concordant with the previously demonstrated refugial character of this region.

Phylogenetic and phylogeographic analyses of completely sequenced mitogenomes detected in Serbian population enabled delineation of mtDNA subhaplogroups that are probably of the southern European origin, as well as those potentially specific for the Balkan Peninsula. Furthermore, Serbian population shares a certain number of mtDNA lineages with east- and west-Slavic populations, with Germanic populations from northern and central Europe, and to a lesser extent with those from the Middle East and eastern Asia.

The present study demonstrates that important roles in modelling contemporary mitochondrial gene pool of the Serbian population may be ascribed to: a) Slavic and Germanic populations that inhabited the Balkan Peninsula during the early Middle Ages, and b) autochthonous populations from the Balkan Peninsula that were present in this region prior to the migrations of Slavs and which harboured genetic traces of numerous migrations happening in even more ancient times (e.g., bearers of Yamnaya culture). Therefore, exceptionally high mtDNA diversity observed in contemporary Serbian population may be associated with the genetic impact of both Slavic/Germanic and pre-Slavic populations.

**KEY WORDS:** Balkan Peninsula, Serbian population, mtDNA haplogroup, Slavs, refugium, genetic diversity, migrations

**SCIENTIFIC FIELD:** Biology

**SCIENTIFIC DISCIPLINE:** Genetics and evolution

**UDC NUMBER:** [575.22:576.347]:611/612(497.11)(043.3)



# Садржај

<b>1. УВОД</b> .....	<b>1</b>
1.1. Порекло и структура митохондријске ДНК.....	4
1.2. Митохондријска ДНК као молекуларно генетички маркер .....	6
1.3. Варијабилност мтДНК маркера у људским популацијама.....	9
1.4. Молекулски сат .....	10
1.5. Порекло врсте <i>Homo sapiens sapiens</i> .....	13
1.6. Ширење људске врсте ван Африке.....	14
1.7. Историја људских популација у Европи .....	17
1.8. Спектар и учесталост мтДНК хаплогрупа у европским популацијама.....	23
1.9. Словенске популације - историја и молекуларно генетички подаци .....	28
1.10. Историја људских популација на Балканском полуострву .....	32
1.11. Молекуларно генетички подаци за становништво Републике Србије .....	36
<b>2. ЦИЉЕВИ РАДА</b> .....	<b>40</b>
<b>3. МАТЕРИЈАЛ И МЕТОДЕ</b> .....	<b>42</b>
3.1. Узорак.....	42
3.2. Изолација ДНК .....	44
3.2.1. Изолација ДНК из ћелија букалне слузокоже .....	45
3.2.2. Изолација ДНК из саливе .....	45
3.3. Умножавање региона мтДНК од интереса .....	46
3.3.1. Директно умножавање <i>HVS-I</i> и <i>HVS-II</i> региона из ћелија букалне слузокоже .....	49
3.3.2. Провера квалитета ДНК изолата и <i>PCR</i> продуката.....	49
3.4. Анализа мтДНК региона од интереса.....	50
3.4.1. Секвенцирање <i>HVS-I</i> и <i>HVS-II</i> региона .....	50
3.4.2. <i>PCR-RFLP</i> .....	52
3.4.3. Секвенцирање целих молекула мтДНК.....	53
3.5. Биоинформатичка обрада података .....	53
3.5.1. Анализа секвенци и одређивање мтДНК хаплотипова.....	53
3.5.2. Генетичка разноврсност, генетичка диференцијација, филогеографија и филогенија.....	55
3.5.2.1. Параметри генетичке разноврсности.....	55
3.5.2.2. Генетичка структура популација .....	57
3.5.2.2.1. Анализа главних компоненти ( <i>PCA</i> ) .....	57

3.5.2.2.2.	Генетичке дистанце између парова популација .....	59
3.5.2.2.3.	Анализа молекуларне варијансе ( <i>AMOVA</i> ) .....	59
3.5.2.3.	Филогеографска анализа.....	61
3.5.2.4.	Филогенија .....	63
<b>4.</b>	<b>РЕЗУЛТАТИ .....</b>	<b>65</b>
4.1.	Генетичка разноврсност испитиваних популација .....	65
4.1.1.	Спектар и учесталост мтДНК (под)хаплогрупа у популацији Србије .....	65
4.1.2.	Параметри генетичке разноврсности испитиваних популација .....	68
4.2.	Генетичка диференцијација и структурирање испитиваних популација.....	72
4.2.1.	<i>PCA</i> – анализа главних компоненти .....	72
4.2.2.	Генетичка дистанца $F_{ST}$ .....	77
4.2.3.	<i>AMOVA</i> – анализа молекуларне варијансе .....	82
4.3.	Генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији и филогеографија ретких хаплотипова.....	83
4.3.1.	Генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији .....	83
4.3.1.1.	Суперхаплогрупа <i>R0</i> .....	85
4.3.1.2.	Суперхаплогрупа <i>U</i> .....	88
4.3.1.3.	Суперхаплогрупа <i>JT</i> .....	90
4.3.1.4.	(Под)хаплогрупе <i>N1</i> , <i>W</i> и <i>X2b</i> .....	91
4.3.1.5.	Неевропске подхаплогрупе <i>L2a1</i> и <i>D4</i> .....	93
4.3.2.	Порекло и генеолошки односи ретких хаплотипова детектованих у српској популацији .....	93
4.3.2.1.	Подхаплогрупа <i>R0a</i> .....	94
4.3.2.2.	Подхаплогрупе <i>N1a</i> и <i>N1b</i> .....	97
4.3.2.3.	Хаплогрупа <i>I</i> .....	102
4.3.2.4.	Хаплогрупа <i>W</i> .....	107
4.3.2.5.	Подаплогрупа <i>X2b</i> .....	110
4.3.2.6.	Подхаплогрупа <i>HV2</i> .....	113
4.3.2.7.	Подхаплогрупа <i>L2a1</i> .....	115
4.3.3.	Приватни хаплотипови и хаплотипови који су заједнички за српску и остале европске популације .....	117
4.4.	Филогенија одабраних комплетно секвенцираних митогенома .....	126
4.4.1.	Подхаплогрупе <i>H5</i> и <i>H6</i> .....	128
4.4.2.	Подхаплогрупе <i>HV2</i> , <i>HV10</i> и <i>HV16</i> .....	130
4.4.3.	Ретке подхаплогрупе <i>N1b</i> , <i>D4</i> и <i>L2a1</i> .....	132

4.4.4.	Суперхаплогрупа <i>U</i> .....	135
4.4.4.1.	Подхаплогрупа <i>U4</i> .....	136
4.4.4.2.	Подхаплогрупа <i>U5</i> .....	140
4.4.4.3.	Подхаплогрупа <i>U8</i> .....	143
4.4.4.4.	<i>U</i> подхаплогрупе мале учесталости: <i>U1</i> , <i>U2e</i> , <i>U3a</i> и <i>U7b</i> .....	147
<b>5.</b>	<b>ДИСКУСИЈА</b> .....	<b>152</b>
5.1.	Генетичка разноврсност испитиваних популација .....	152
5.1.1.	Спектар и учесталост мтДНК (под)хаплогрупа у популацији Србије .....	153
5.1.1.1.	Суперхаплогрупа <i>R0</i> .....	153
5.1.1.2.	Суперхаплогрупа <i>U</i> .....	157
5.1.1.3.	Суперхаплогрупа <i>JT</i> .....	160
5.1.1.4.	(Под)хаплогрупе <i>N1</i> , <i>W</i> и <i>X2b</i> .....	160
5.1.1.5.	Подхаплогрупе <i>L2a1</i> и <i>D4</i> .....	162
5.1.2.	Параметри генетичке разноврсности испитиваних популација .....	163
5.2.	Генетичка диференцијација и структурирање испитиваних популација.....	165
5.3.	Генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији и филогеографија ретких хаплотипова.....	171
5.3.1.	Генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији .....	171
5.3.2.	Порекло и генеолошки односи ретких хаплотипова детектованих у српској популацији .....	172
5.3.3.	Приватни хаплотипови и хаплотипови који су заједнички за српску и остале европске популације .....	180
5.4.	Филогенија одабраних комплетно секвенцираних митогенома .....	186
5.5.	Чиниоци који су утицали на обликовање савременог митохондријског генског пула српске популације .....	197
<b>6.</b>	<b>ЗАКЉУЧЦИ</b> .....	<b>198</b>
<b>7.</b>	<b>ЛИТЕРАТУРА</b> .....	<b>201</b>
<b>8.</b>	<b>ПРИЛОГ</b> .....	<b>217</b>

## **ТЕРМИНИ:**

**Бронзано доба** – историјски период који је трајао од пре око 4.2 до 2.7 хиљада година током којег је оружје и оруђе прављено од бронзе.

**Генетички дрифт** – промена учесталости генских алела у потомачкој генерацији у односу на родитељску популацију услед случајног узорковања гамета.

**Ефекат оснивача** – промена учесталости генских алела у ново-основаној популацији у односу на изворну популацију услед малог броја јединки које учествују у оснивању нове популације.

**Интергласијал** – временски период између два гласијала током којег је долазило до глобалног отопљавања климе и повећања нивоа мора. Интергласијали у трајању од око 20 хиљада година постојали су током плеистоцена, али и током ранијих геолошких периода. Последњи интергласијал у Европи отпочео је пре око 12 хиљада година хиљада година и траје и данас.

**Ледено доба (гласијал)** – временски период током којег је због промена у Земљиној орбити (кретању) око Сунца и других фактора долазило до глобалне промене климе (захлађења), формирања ледених капа на половима и опадања нивоа мора (и до 120 м). Ледена доба у трајању од око 100 хиљада година су постојала током плеистоцена, али и ранијих геолошких периода. Последње ледено доба у Европи, током којег је 80% гласијалног леда постојало на северној хемисфери, трајало је од пре око 110 до 12 хиљада година.

**Неолит или млађе камено доба** - праисторијски период који је отпочео пре око 10 хиљада година на Блиском истоку и нешто касније у различитим регионима Европе и завршио се пре око 4.2 хиљаде година.

**Неолитска транзиција** – временски период који је обележила технолошка револуција и ширење пољопривреде и током којег је долазило до замене ловачко-сакупљачких друштава са пољопривредним (седентарним) друштвима.

**Несинонимне замене** – нуклеотидне замене у молекулу ДНК услед којих долази до замене аминокиселина у протеину.

**Палеолит или старије камено доба** – праисторијски период који је трајао од пре 2.6 милиона до 10 хиљада година.

**Панмиктична популација** – популација у којој се укрштање одвија по принципу случајности, тј. свака јединка има једнаку вероватноћу да се укрсти са било којом јединком супротног пола; у популационо-генетичком смислу, вероватноћа да ће носиоци одређене генетичке варијанте оставити потомство једнака је учесталости те варијанте у популацији.

**Парагрупа неklasификованих хаплотипова** – група хаплотипова који припадају одређеној хаплогрупи/подхаплогрупи, али за које није могуће извршити даље груписање услед одсуства заједничких полиморфизама.

**Плеистоцен** – геолошка епоха која је трајала од пре 2.7 милиона до 11.4 хиљаде година

**Плодни полумесец** – регион у југозападној Азији који се протеже од источне обале Средоземног мора до Персијског залива; са јужне стране граничи се са Сиријском пустињом, а са северне са Анадолијом (средњи део Мале Азије). Обухвата Месопотамију и Левант у којима плодно земљиште погодно за пољопривреду постоји због присуства четири велике реке: Нил, Јордан, Еуфрат и Тигар.

**Последњи ледени максимум** – временски период последњег лацијала током којег је ледени покривач заузимао највећи део Земљине површине (30%). У Европи је последњи ледени максимум био пре око 24.5 хиљада година, а након тога, пре око 18-17 хиљада година, уследило је глобално отопљавање климе и повећање нивоа мора.

**Синонимне замене** – нуклеотидне замене у молекулу ДНК услед којих не долази до замене аминокиселина у протеину.

**Транзиција** – замена пуринске базе у молекулу ДНК другом пуринском базом или пиримидинске базе другом пиримидинском базом.

**Трансверзија** - замена пуринске базе у молекулу ДНК пиримидинском базом и обрнуто.

**Хаплогрупа** – група хаплотипова који имају заједничко порекло и одликују се полиморфизмима карактеристичним за дату хаплогрупу, а међусобно се могу разликовати на основу додатних полиморфизама.

**Хаплотип** – комбинација полиморфизама молекуларних маркера на појединачним хромозомима, који се наслеђују преко једног родитеља.

**Хаплотип мрежа** – приказ генеолошких односа хаплотипова.

**Холоцен** – геолошка епоха која је отпочела пре 11.4 хиљада година и траје и данас.

## СКРАЋЕНИЦЕ:

**AMOVA** – *eng. analysis of molecular variance*, анализа молекуларне варијансе

**FASTA** – текстуални формат којим се у биоинформатици представљају нуклеотидне и пептидне секвенце

**F<sub>ST</sub>** – индекс фиксације

**EDTA** – *eng. Ethylenediaminetetraacetic acid*, етилен-диамин-тетрасирћетна киселина

**HVS** – *eng. hypervariable segment*, хиперваријабилни сегмент

**IBD** – *eng. identical by decent*, идентични по пореклу

**MDS** – *eng. multi dimensional scaling*, вишедимензионо скалирање

**мтДНК** – митохондријска ДНК

**NR<sub>Y</sub>** – *eng. non-recombining region Y*, регион Y хромозома који не подлеже рекомбинацији са X хромозомом

**PCA** – *eng. principal component analysis*, анализа главних компоненти

**PC** - *eng. principal component*, главна компонента

**PCR** - *eng. polymerase chain reaction*, ланчана реакција полимеразе

**PCR-RFLP** – *eng. polymerase chain reaction – restriction fragment length polymorphism*, ланчана реакција полимеразе – полиморфизам величине рестрикционих фрагмената

**rCRS** – *eng. revised Cambridge reference sequence*, прва секвенцирана мтДНК човека која је ревидирана и данас се користи као референтна секвенца

**SNP** – *eng. single nucleotide polymorphism*, појединачни нуклеотидни полиморфизам

**STR** – *eng. short tandem repeat*, кратки тандемски поновак

**TAE** – *Tris-acetat-EDTA*

**TBE** – *Tris-borat-EDTA*

## 1. УВОД

Историја људских популација и њихови међусобни односи су дуго времена били предмет истраживања наука попут археологије, антропологије, етнологије, историје и лингвистике. Међутим, у другој половини XX века долази до развоја метода молекуларне биологије и успостављања нове дисциплине која се бави испитивањем историје људске врсте користећи податке добијене анализом молекуларне варијабилности између појединачних јединки и популација. Ова нова дисциплина развила се у оквирима антропологије и добила је име **молекуларна антропологија**. Термин молекуларна антропологија први пут је искористио *Emil Zuckerkandl* на симпозијуму „*Classification and Human Evolution*“ одржаном 1962. године у Аустрији. *Zuckerkandl* је овај термин употребио како би објединио студије које се баве филогенијом примата и изучавањем историје људске врсте путем анализирања варијабилности на нивоу протеина и полинуклеотида [1]. Историјски посматрано, прва истраживања варијабилности људских популација заснивала су се на испитивању варијабилности крвних група, у почетку *ABO* система крвних група [2], док су касније описани и коришћени полиморфизми различитих система крвних група (*MNS*, *Rh - rhesus factor*, *Lewis* и *Duffy*), као и протеина главног хистокомпатибилног комплекса (*HLA-human leukocyte antigen*) [3]. Након тога, тежиште истраживања у области молекуларне антропологије постепено се пребацује на испитивања варијабилности на нивоу молекула ДНК, што је било омогућено развојем технологије и увођењем нових метода. Ове методе, које данас представљају стандардне методе у молекуларној биологији, довеле су до великог помака у истраживањима, а обухватају ланчану реакцију полимеразе (*PCR – eng. Polymerase Chain Reaction*) и Сангерову методу секвенцирања путем терминације синтезе ланаца уградњом дидезоксирибонуклеозид трифосфата. Наведени напредак у технологији и увођење споменутих метода учинили су анализу варијабилности на нивоу молекула ДНК могућом, чиме индиректно проучавање генетичке варијабилности путем анализе протеина губи на значају. Могућност детекције супституција база (тачкастих мутација) и инсерција и делеција у молекулу ДНК умногоме повећава резолуцију приликом процене варијабилности унутар и између анализираних популација.

Молекуларно генетичке анализе, односно анализе варијабилности на нивоу молекула ДНК, омогућиле су стицање бољег увида у различите аспекте људске историје, попут историје различитих људских популација, начина насељавања различитих географских региона, интензитета и праваца миграција, док је испитивање ДНК хоминида и древних људских популација и њихово поређење са савременим популацијама омогућило сагледавање промена варијабилности у простору и времену, као и боље разумевање улоге адаптивних процеса у формирању генетичке разноврсности људске врсте [4]. Управо је применом молекуларно генетичког приступа у изучавању порекла људске врсте недвосмислено подржана теорија према којој је људска врста настала на афричком континенту, са којег је уследило даље ширење на остале континенте. Пионирска истраживања варијабилности митохондријске ДНК (мтДНК) у савременим људским популацијама допринела су новим сазнањима о еволуцији човека, која су указала да је људска врста настала на афричком континенту [5]. Тада је по први пут уведен сада већ популаран термин „митохондријска Ева“ који је *Lewin* [6] употребио са циљем да скрене пажњу на то да сви људи који данас живе имају последњег заједничког претка који је живео пре око 200 хиљада година, и то у Африци [5].

За проучавање генетичке варијабилности људских популација у молекуларној антропологији данас се користе различити генетички маркери. Сваки тип генетичких маркера има одређене предности и мане, а одабир одговарајућих генетичких маркера зависи од циља истраживања и метода које се користе у истраживању.

Према начину наслеђивања, разликују се два типа генетичких маркера: унипарентални и бипарентални. Генетички маркери мтДНК и регион *Y* хромозома који не подлеже рекомбинацијама (*NR<sub>Y</sub>* - *eng. non-recombining region Y*) наслеђују се унипарентално, тј. преносе се у наредну генерацију преко само једног родитеља. Једарни аутозомни локуси спадају у маркере са бипаренталним наслеђивањем, што значи да се у потомство преноси по један алел од сваког родитеља и настају одговарајуће комбинације парова алела на тим локусима. Анализом варијабилности хаплоидних генетичких маркера који се наслеђују матернално (мтДНК) и патернално (*NR<sub>Y</sub>*), добијају се информације о историји



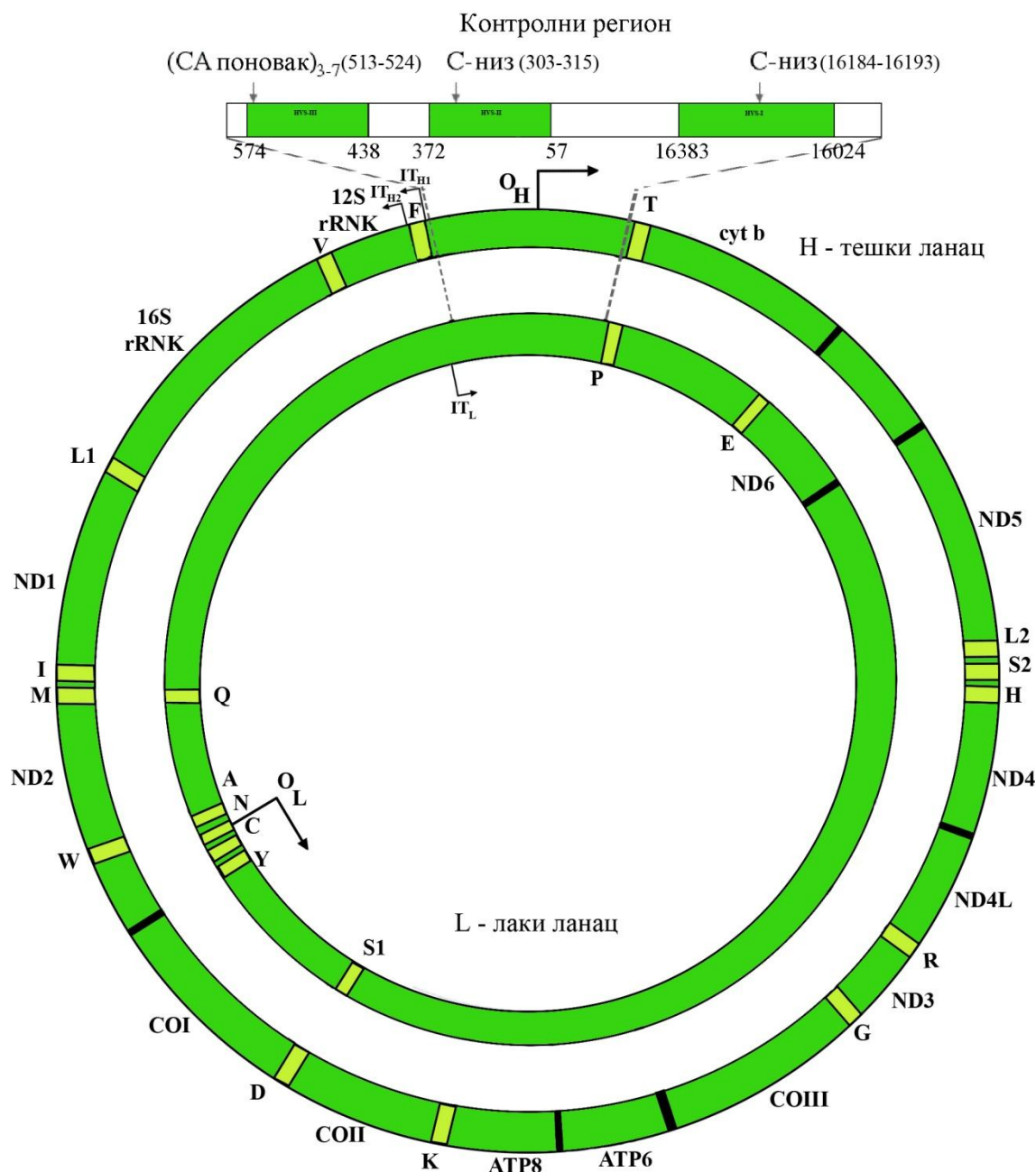
женских, односно мушких линија наслеђивања у оквиру једне популације, при чему ова варијабилност зависи од различитих демографских и културолошких околности. Поред тога, *NR1* и мтДНК се одликују још једном особином која их чини погодним за молекуларно антрополошке студије – одсуством рекомбинација. Због непостојања механизма размене делова са другим хромозомима (не постоје хомологни хромозоми), мтДНК и *NR1* се могу мењати само мутацијама (креирање нових варијанти), те се дугачки хаплотипови наслеђују непромењени кроз генерације, осим у случају мутационих догађаја. На популационом нивоу, промена учесталости појединачних хаплотипова зависи од деловања еволуционих механизма – генетичког дрефта, природне селекције и протока гена. За маркере на мтДНК и *NR1*, који се користе у истраживањима историје људских популација, важно заједничко својство јесте селективна неутралност. Другим речима, код таквих маркера природна селекција нема утицаја на промену учесталости генетичких варијанти у популацији, већ њихова учесталост зависи искључиво од генетичких (мутационих), еволуционих (генетички дрефт и проток гена) и демографских процеса (промене бројности и структуре популације, миграције, итд) [7]. Одсуство селекционих ефеката на генетичку структуру популације пружа могућност да се на основу степена диференцираности истражује филогенетска сродност између популација, као и време њиховог раздвајања од заједничке предачке популације, будући да је валидно претпоставити константно време генетичке дивергенције неутралних маркера. С друге стране, селективно препознатљиви маркери, који имају утицај на фенотип и адаптивну вредност организама, могу бити под различитим интензитетима и правцима селекционих притисака, због чега се не може претпоставити константност акумулације генетичких разлика између популација. Селекционисани генетички маркери могу пружити одговор о специфичностима адаптирања популација на конкретне услове животне средине у различитим деловима света. Данас се, за тестирање хипотеза и извођење закључака о историји људских популација, молекуларно генетички подаци анализирају заједно са резултатима других наука попут палеонтологије и археологије.

## 1.1.Порекло и структура митохондријске ДНК

Митохондријска ДНК је молекул дволанчане и углавном кружне структуре који постоји у свим ћелијама еукариота. У зависности од типа ћелија, мтДНК се може налазити у стотинама до преко хиљаду копија у ћелији сисара [8]. МтДНК је смештена у митохондријама, органелама које у процесу оксидативне фосфорилације производе енергију неопходну за функционисање ћелије. Према ендосимбиотској теорији, митохондрије имају бактеријско порекло чиме могу да се објасне карактеристике попут кружне структуре ДНК и система кодирања налик оном код бактерија [9]. Такође, једна од особина мтДНК која указује на њено бактеријско порекло јесте и начин транскрипције у виду полицистронског транскрипта без интрона, који се након синтезе обрађује ради добијања зрелих функционалних молекула информационе РНК (иРНК), транспортне РНК (тРНК) и рибозомске РНК (рРНК) [10, 11]. У раним фазама еволуције ћелије еукариота дошло је до трансфера већег броја гена из мтДНК у једарни геном како би митохондрије биле што ефикасније у погледу обезбеђивања енергије ћелији [12]. Као резултат овог процеса у једарном геному човека су, поред функционалних гена пореклом из мтДНК, присутни и инсерти митохондријске ДНК (*eng. numt - nuclear mtDNA*) укупне величине од око 400 хиљада базних парова који су изгубили своју функцију, односно представљају псеудогене [13].

Митохондријски геном (митогеном) човека, величине од 16569 базних парова [14], данас садржи 37 гена неопходних за функционисање ћелијског дисања и који кодирају: 13 протеина укључених у комплексе протеина у ланцу оксидативне фосфорилације, 2 рибозомалне РНК (рРНК) и 22 транспортне РНК (тРНК) [14]. Шематски приказ организације мтДНК човека налази се на Слици 1.1. На основу различитих флотационих густина, код мтДНК су детектовани лаки (*eng. Light, L* ланац) и тешки ланац (*eng. Heavy, H* ланац) који се одликују асиметричном дистрибуцијом гена. Наиме, на *H* ланцу су смештени гени за 12 протеина, обе рРНК, као и за 14 тРНК, док се на *L* ланцу налазе гени за преосталих осам тРНК и ген који кодира ND6 субјединицу NADH дехидрогеназе (Слика 1.1).

У оквиру мтДНК разликују се два региона: контролни регион, величине од око 1100 бп са регулаторном улогом и кодирајући регион. Контролни регион мтДНК обухвата репликативни почетак *H* ланца и промоторе са којих започиње



**Слика 1.1.** Шематски приказ организације митохондријског генома човека на којем су представљене позиције гена за две рРНК (12S и 16S), 22 тРНК (представљене стандардним ознакама), цитохром *b* (*cyt b*), субјединице цитохром оксидазе (*COI-COIII*), *NADH* дехидрогеназе (*ND1-ND6*) и *F1ATP*-азе (*ATP6* и *ATP8*), позиције репликативних почетака ( $O_H$  и  $O_L$ ), места почетака транскрипције на *H* ( $IT_{H1}$  и  $IT_{H2}$ ) и *L* ланцу ( $IT_L$ ), као и хиперваријабилни сегменти контролног региона (*HVS-I*, *HVS-II* и *HVS-III*). Према важећој номенклатури, нумерација нуклеотидних позиција у мтДНК почиње у контролном региону у смеру репликације *L* ланца [14].

транскрипција гена смештених на *L* и *H* ланцу (Слика 1.1). У контролном региону мтДНК, који обухвата нуклеотидне позиције од 16024-576, постоје три региона повећаног нивоа варијабилности и стога су названи хиперваријабилни регион I (*eng. Hypervariable Segment I, HVS-I*), II (*HVS-II*) и III (*HVS-III*). Први

хиперваријабилни регион обухвата нуклеотидне позиције од 16024 до 16383, други од 57 до 372, док трећи хиперваријабилни регион обухвата нуклеотидне позиције од 438 до 574 [15, 16] (Слика 1.1.).

Ланци мтДНК такође се одликују асиметричном дистрибуцијом нуклеотида тако да *H* ланац садржи више гуанина (G) и тимина (T), док је *L* ланац богат цитозиним (C) и аденином (A). Претпоставља се да наведене разлике између *L* и *H* ланца мтДНК настају као резултат самог механизма асиметричне репликације молекула мтДНК (*eng. Strand displacement model*) [17-19]. Наиме, током репликације мтДНК најпре се на основу паренталног *L* ланца започиње синтеза *H* ланца, почевши од репликативног почетка *H* ланца који је лоциран унутар контролног региона мтДНК. Током тог процеса, парентални *H* ланац се налази у једноланчаној форми дужи временски период јер тек након што се синтетишу две трећине новог *H* ланца (око 11 kbp) започиње синтеза *L* ланца чији се парентални ланац никад не налази у једноланчаној форми током репликације. Спонтане деаминације А и С честе су у хуманој мтДНК [20], при чему је томе подложнија једноланчана у односу на дволанчану форму ДНК. Деаминацијом А настаје хипоксантин који се спарује са С, што резултује мутацијом пара А/Т у G/C. Деаминацијом С настаје урацил који се спарује са А што за резултат има мутацију пара C/G у T/A. Стопа деаминације С је неколико пута већа у односу на стопу деаминације А [21]. Сматра се да се наведеним процесима може објаснити уочена девет пута већа стопа транзиција G у A и скоро 2 пута већа стопа транзиција T у C у *L* ланцу у односу на *H* ланац [20]. Такође, овим се може објаснити и већ поменута асиметрична дистрибуција нуклеотида у *L* и *H* ланцу мтДНК човека. Поред тога, мтДНК се одликује и већом стопом транзиција у односу на трансверзије тако да је просечан однос стопа транзиција и трансверзија већи од 60 [22].

## **1.2. Митохондријска ДНК као молекуларно генетички маркер**

Митохондријска ДНК поседује неколико карактеристика које је чине изузетно погодним маркером у популационо генетичким, филогеографским и истраживањима еволуционе историје људских популација. МтДНК одликује матернални тип наслеђивања. Због оваквог начина наслеђивања мтДНК, као

генетички маркер, даје информацију само о историји женских линија. Имајући у виду да један пар родитеља носи четири копије једарних гена и само једну копију мтДНК гена, ефективна величина популација за мтДНК је четири пута мања од ефективне величине популација једарних гена. Стога је диверзитет мтДНК много осетљивији на смањења величине популације током времена. Друга важна особина мтДНК јесте одсуство рекомбинација које представљају један од значајних извора варијабилности једарног генома. Стога су једине промене на мтДНК које настају кроз генерације последица мутација (замене база, инсерције и делеције) (видети раније).

Такође, мтДНК се одликује пет до 10 пута вишом стопом базних замена у односу на једарни геном [23]. У оквиру самог молекула мтДНК постоје разлике у стопи мутација контролног и кодирајућег региона. Контролни регион просечно има 10 пута вишу стопу мутација у односу на кодирајући регион [24, 25], што се може објаснити деловањем природне селекције која из популација уклања штетне мутације у кодирајућем региону. Битно је напоменути да се у оквиру и контролног и кодирајућег региона мтДНК поједине нуклеотидне позиције међусобно веома разликују по својим стопама мутација, тако да се могу разликовати позиције које представљају „врућа“ мутациона места (*eng. mutational hotspots*), и стабилне позиције које се одликују веома ниском стопом мутација [26-28]. „Врућа“ места мутација се у највећем броју налазе у оквиру контролног региона мтДНК [28].

Услед високе стопе мутација на појединим позицијама у молекулу ДНК (рекурентне мутације) може доћи до појаве истих генетичких варијанти код несродних линија и ова појава се назива хомоплазија [29].

Повишена стопа мутација у мтДНК доводи и до појаве хетероплазмије, односно присуства молекула мтДНК у истој јединки који се међусобно разликују по примарном редоследу нуклеотида. Нуклеотидне позиције на којима се често дешавају хетероплазмије у највећој мери су лоциране у контролном региону мтДНК [30]. *Li* и сар. су уочили да учесталост хетероплазмије зависи од ткива, као и од присуства одређеног нуклеотида на одређеној позицији [30]. Такође, показано је да се хетероплазмије акумулирају током старења, што указује на присуство позитивне селекције за одређене нуклеотидне варијанте у одређеним

ткивима [30]. Услед тога што се мтДНК у већини ткива налази у великом броју копија по ћелији, ниво хетероплазмије, тј. удео мтДНК са измењеним примарним редоследом нуклеотида, може имати и веома ниске (мање од 5%) и високе вредности (до 50%) [31]. Литературни подаци указују да је хетероплазмија на барем једној нуклеотидној позицији у молекулу мтДНК присутна код око 25% јединки у испитиваним популацијама [32, 33].

Поред хетероплазмије на појединим нуклеотидним позицијама, утврђено је да значајан део људских популација поседује молекуле мтДНК који се међусобно разликују по броју С нуклеотида у хомополимерним С низовима *HVS-I* и *HVS-II* региона (нуклеотидне позиције 16180-16193 и 303-315) [34, 35]. Наиме, транзиција Т у С на позицијама 16189 и 310 доводи до формирања хомополимерних низова од 10 до 13 С. Сматра се да, када ДНК полимераза приликом репликације наиђе на овакве непрекинуте низове нуклеотида С, долази до проклизавања што резултује појавом хетероплазмије у дужини ових хомополимерних низова.

И поред тога што хетероплазмија, хомоплазија и инсерти мтДНК у једарном геному могу представљати проблем приликом коришћења митохондријског генома у различитим истраживањима, његове особине, као што су висока стопа мутација, одсуство рекомбинација и унипарентално наслеђивање, чине мтДНК веома погодном за популационо генетичке и филогенетске студије.

Применом методе молекуларног сата могуће је проценити времена раздвајања поједних линија, након чега је могуће анализирати и географску распрострањеност различитих генеолошки повезаних линија, што је предмет филогеографских студија које су показале да хаплогрупе мтДНК показују тенденцију да буду географски структуриране [36]. Стога се мтДНК успешно користи у истраживањима историје људске врсте, миграцијама људи, у палеогенетици и форензици. МтДНК је због унипаренталног начина наслеђивања информативан генетички маркер за испитивање социо-културолошких процеса који су деловали током времена у људским популацијама попут: полигиније [37, 38], ефеката матрилокалности односно, патрилокалности [39, 40] или социолошке стратификације настале због постојања система касти [41, 42]. Услед своје осетљивости на промене величине популације, мтДНК је добар генетички маркер

за праћење различитих демографских промена током историје људских популација или врсте у целини. Такође, с обзиром да је мтДНК у древним узорцима боље очувана и присутна у већој количини у односу на једарну ДНК, она већ дуги низ година представља маркер избора за испитивање генетичке структуре древних популација [43-46], а користи се и у форензици [47].

### **1.3. Варијабилност мтДНК маркера у људским популацијама**

Прва истраживања у којима је коришћена варијабилност мтДНК у циљу утврђивања историје људских популација користила су методу разлике у величини рестрикционих фрагмената (*RFLP – eng. restriction fragment length polymorphism*) за детекцију тачкастих полиморфизама, односно варијација у појединачним нуклеотидима у секвенци мтДНК [5, 48, 49]. Ова метода се заснива на примени рестрикционих ендонуклеаза и њиховој способности да уведу прекиде у ланцу ДНК на специфичним местима која препознају. *RFLP* метода се углавном користи за детекцију тачкастих полиморфизама у кодирајућем региону мтДНК, док се за хиперваријабилне сегменте контролног региона утврђује примарни редослед нуклеотида. Међутим, у последњој деценији дошло је до наглог развоја технологија секвенцирања нове генерације, које су омогућиле да секвенцирање комплетних генома постане приступачније. Стога се све већи број студија бави анализом комплетно секвенцираних митогенома, док се секвенцирање хиперваријабилних сегмената и детекција тачкастих полиморфизама у кодирајућем региону мтДНК коришћењем *RFLP*-а све мање користи.

Прва комплетна секвенца мтДНК човека, која је објављена 1981. године [14], коришћена је као референтна секвенца *CRS (eng. Cambridge Reference Sequence)*. Скоро две деценије касније, поновним секвенцирањем истог узорка установљено је постојање 11 грешака у оригиналној секвенци [50]. Овако ревидирана секвенца - *rCRS (eng. revised Cambridge Reference Sequence)* се данас користи као референтна секвенца [50]. Поређењем митохондријских генома са *rCRS* секвенцом детектују се различите варијанте и дефинишу се тзв. мтДНК хаплотипови.

МтДНК хаплотип представља комбинацију генетичких варијанти на мтДНК, односно скуп разлика у нуклеотидној секвенци у односу на *rCRS*. Хаплотипови

који поседују исте варијанте на одређеним нуклеотидним позицијама, које се сматрају дијагностичким, сврставају се у одговарајуће хаплогрупе. Варијанте на основу којих се утврђује припадност одређеној мтДНК хаплогрупи углавном се налазе у кодирајућем региону, али могу бити присутне и у контролном региону мтДНК. Комбинација генетичких варијанти, које детерминишу припадност одређеној хаплогрупи, налази се у основи филогенетских грана. Стога сви хаплотипови који припадају одређеној хаплогрупи имају исту основу филогенетске гране, односно, заједничког претка.

#### **1.4. Молекулски сат**

*Zuckerlandl* и *Pauling* су 1962. године поставили хипотезу молекулског сата по којој се мутације у генима и њиховим протеинским производима јављају константном стопом [51]. Хипотеза молекулског сата је довела до великог напретка у филогенетским студијама зато што је на основу познавања стопе мутација приликом реконструкције филогеније, а уз помоћ методе молекулског сата, могуће одредити временски оквир током којег је дошло до раздвајања различитих линија. Према методи молекулског сата, број разлика између две линије је директни показатељ времена њиховог одвајања од последњег заједничког претка. С обзиром да није могуће дефинисати „универзални“ молекулски сат, за филогенетске реконструкције и процене времена одвајања линија од последњег заједничког претка користи се „локални“ молекулски сат који се „калибрише“ стопама мутација одређеног генетичког маркера код сродних врста.

Стопа мутација је, према очекивањима, једнака стопи супституција база само у случају неутралне еволуције [52]. Међутим, мутације које испољавају низак ниво штетног ефекта могу дуго времена опстајати у популацијама уколико постоји ниска стопа фиксације мутација, тј. уколико је коефицијент селекције мали. Дакле, у случају мутација са малим ефектима на адаптивну вредност, висока стопа мутација може се сматрати пролазном зато што ће варијабилност на овим маркерима бити умањена током времена услед постепеног деловања пурификујуће селекције. Овим би се могао објаснити уочени феномен да се старије мтДНК линије одликују већим уделом синонимних мутација у односу на



млађе, односно да се млађе линије одликују већом пропорцијом несинонимних мутација у генима који кодирају за протеине и супституцијама база у РНК генима мтДНК [53-55]. Због тога се приликом калибрације молекулског сата мора водити рачуна о потенцијалном ефекту селекције на стопу мутација [56-58].

Имајући у виду да је у филогенетским реконструкцијама заснованим на варијабилности хумане мтДНК најпре коришћена варијабилност *HVS-I* региона, временски оквири раздвајања мтДНК линија утврђивани су на основу молекулског сата дефинисаног за овај регион [59]. Сматра се да варијабилност у овом региону није значајније моделована природном селекцијом будући да је однос акумулације синонимних мутација и мутација у контролном региону линеаран [28]. Овај молекулски сат подразумева једну транзицију на сваких 20180 година, односно,  $1.80 \times 10^{-7}$  транзиција по нуклеотиду по години за регион између нуклеотидних позиција 16090 и 16365 [59, 60]. *Soares* и сар. су потврдили да је наведена стопа транзиција заиста валидна за нуклеотидне позиције *HVS-I* региона од 16090 и 16365, а израчунали су такође и стопу мутација за *HVS-I* регион од позиције 16051 до 16400 [28]. Изузимајући нуклеотидне позиције 16182С, 16183С, 16194С у полицитозинском тракту у случају варијанте 16189С, аутори су установили стопу мутација од  $1.62 \times 10^{-7}$  мутација по нуклеотиду по години или једну мутацију на сваких 17343 године. Процена стопе мутација у *HVS-II* региону (нуклеотидне позиције од 68 до 263) износи једну мутацију на сваких 22388 година, односно  $2.279 \times 10^{-7}$  мутација по нуклеотиду по години, док је стопа мутација комплетног контролног региона једна мутација на сваких 9058 година, односно  $9.883 \times 10^{-8}$  мутација по нуклеотиду по години [28].

*Mishmar* и сар. су анализирали комплетне митогеноме особа из различитих географских региона и на основу односа несинонимних и синонимних мутација у 13 протеин-кодирајућих гена мтДНК утврдили да је селекција највероватније имала утицаја у успостављању регион-специфичне варијабилности мтДНК линија [61]. Аутори су претпоставили да се селективни утицај може, између осталог, приписати и климатским условима. Међутим, *Mishmar* и сар. су заправо погрешно претпоставили да је вишак несинонимних мутација код млађих грана у филогенетском стаблу последица адаптација на хладније климатске услове [61] јер је показано да се вишак несинонимних мутација јавља код свих млађих линија

независно од њихове дистрибуције [54]. *Mishmar* и сар. су за своје филогенетске реконструкције користили молекулски сат који се заснивао на стопи мутација у кодирајућем региону,  $1.26 \times 10^{-8}$  супституција база по нуклеотиду по години (једна мутација на сваких 5140 година), и који је подразумевао линеарни однос акумулације супституција и времена независно од утицаја селекције [61]. С обзиром да је уочено да стопе мутација које су предложили *Mishmar* и сар. резултирају у прецењеним вредностима времена раздвајања линија мтДНК, углавном услед сатурације неких позиција са синонимним мутацијама [61], *Perego* и сар. су увели фактор корекције за овај молекулски сат тако да се за процену времена раздвајања користи стопа мутације од једне мутације у кодирајућем региону (позиције 577-16023) на сваких 4610 година [62]. *Soares* и сар. сматрају да је један од недостатака молекулског сата заснованог само на стопи мутација у кодирајућем региону тај што не узима у обзир значајну фракцију информативних мутација које постоје у некодирајућем делу мтДНК молекула (око 1/3) што може значајно утицати на прецизност процена времена раздвајања [28].

Као што је већ споменуто, уочен је већи удео несинонимних мутација у генима који кодирају протеине, као и супституција у генима за РНК у мтДНК, код млађих линија у односу на старије линије [53-55]. Већи број несинонимних у односу на синонимне мутације у млађим линијама (однос 0.62) у поређењу са старијим линијама (однос 0.37) доводи до тога да процене старости млађих линија могу бити веће од реалних вредности, односно прецењене [54]. Стога су *Kivisild* и сар. дефинисали молекулски сат који искључује ефекат селекције због тога што се заснива само на просечној стопи синонимних транзиција, а износи  $3.5 \times 10^{-8}$  транзиција по нуклеотиду по години (једна замена на сваких 6764 година) [54]. Овај сат су касније кориговали *Perego* и сар. који су утврдили да се једна синонимна транзиција дешава на сваких 7650 година [62]. Иако су *Soares* и сар. такође дефинисали молекулски сат заснован на стопи синонимних мутација (једна мутација на сваких 7884 година), ови аутори сматрају да овакав молекулски сат узима у обзир још мању фракцију мтДНК у односу на фракцију мтДНК молекула у молекулским сатовима одређеним стопама мутација у кодирајућем региону [28].

С обзиром да је данас могуће конструисати филогенетска стабла на основу комплетних митогенома, *Soares* и сар. су дефинисали молекулски сат који узима у

обзир мутације у комплетном митогеному ( $1.665 \times 10^{-8}$  супституција по нуклеотиду по години, односно једна мутација на сваких 3624 године). Аутори такође уводе временску зависност стопе мутација у мтДНК која није линеарна већ опада експоненцијално са старошћу линија [28]. *Ho* и сар. наводе да се оваква зависност стопе мутације и времена може објаснити и сатурацијом мутација на појединим нуклеотидним позицијама [63]. *Soares* и сар. су демонстрирали да се сатурацијом не може објаснити повећање удела синонимних мутација код старијих грана у мтДНК стаблима, већ да је овај тренд превасходно последица постепеног селективног уклањања линија које носе потенцијално штетне мутације [28] на шта су раније указали *Kivisild* и сар. [54].

### 1.5. Порекло врсте *Homo sapiens sapiens*

Сазнања о пореклу врсте *Homo sapiens sapiens* се у највећој мери заснивају на анализама фосилних налаза различитих врста хоминида. Међутим, ни до данас није са сигурношћу утврђено која од свих до сада описаних врста хоминида представља директног претка анатомски савременог човека (*Homo sapiens sapiens*). Неколико група фосилних налаза, старости и преко шест милиона година, сматрају се првим припадницима еволуционе линије која је водила анатомски савременим људима. Неспорни припадници нашег еволуционог порекла јесу аустралопитецине, род којем припада више врста са различитим распрострањењем по афричком континенту. Једна од врста, коју неки аутори сматрају директним претком савременог човека, јесте *Australopithecus afarensis* чији је фосил пронађен у Етиопији и његова старост се процењује на 3.2 милиона година [64]. У еволуционом стаблу људске врсте се након рода *Australopithecus* сукцесивно смењују врсте рода *Homo* међу којима се налазе *Homo habilis* (спретни човек), *Homo erectus* (усправни човек) као и *Homo heidelbergensis* (хајделбершки човек) – могући предак не само анатомски савременог човека (*Homo sapiens sapiens*), већ и неандерталца (*Homo sapiens neanderthalensis*). Најстарији фосил анатомски савременог човека пронађен је такође у Етиопији и његова старост је процењена на 195 хиљада година [65], док су најстарији фосилни остаци *Homo sapiens sapiens* ван Африке датирани на период од пре 90–100 хиљада година у случају фосилних налаза из Израела [66], 80-120 хиљада година у Кини [67], док

су фосилни налази из Европе процењене старости од око 34-36 хиљада година [68]. Стога се, према до сада доступним фосилним налазима, афрички континент сматра "колевком" људске врсте, а ова теза о пореклу људске врсте подржана је и молекуларно генетичким подацима.

### **1.6. Ширење људске врсте ван Африке**

Анализа варијабилности различитих генетичких маркера се, између осталог, показала изузетно погодном за проучавање миграција људи, укључујући и најраније миграције анатомски савременог човека из Африке на друге континенте. Према теорији „изласка из Африке“ (*eng. Out of Africa, OOA*), анатомски савремени људи су са афричког континента мигрирали и населили остале континенте, при чему је током њиховог ширења долазило до промене генетичких структура популација.

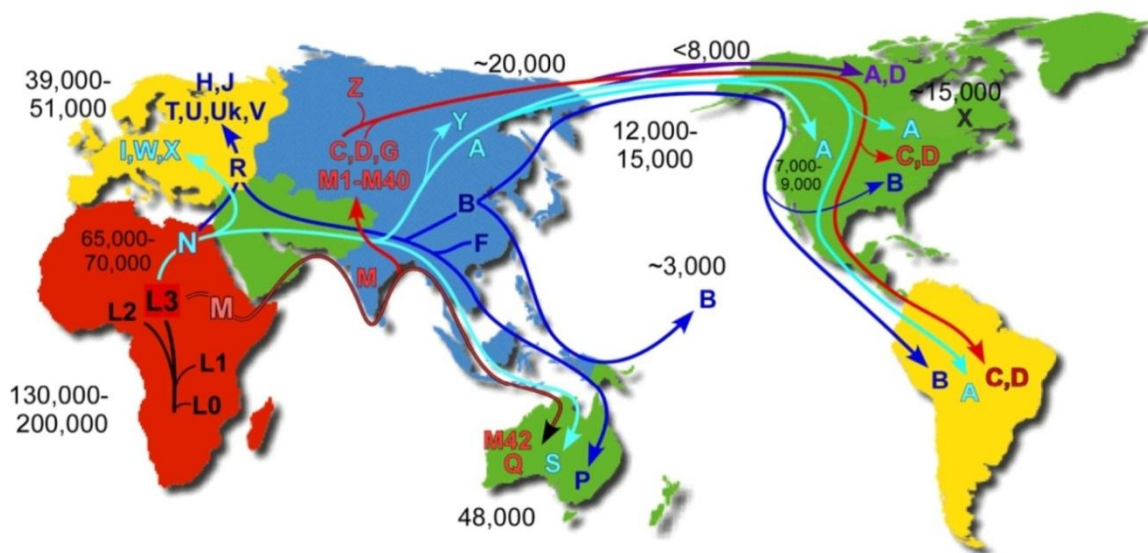
На основу молекуларно генетичких података, процењено је да је до изласка из Африке и отпочињања ширења анатомски савременог човека ван Африке, широм Евроазије, а касније и осталих континената, дошло у периоду од пре 45-60 хиљада година [69]. Због наглог повећања бројности популација и њиховог ширења на нове територије, овај догађај се назива и "велика експанзија" [69]. Међутим, ван територије Африке су пронађени фосилни остаци анатомски савременог човека који су старији од процењеног времена отпочињања „велике експанзије“ [67, 70], што указује и на раније таласе миграција људи из Африке. Иако ови налази могу довести у питање поузданост процена о временском оквиру током којег је дошло до велике експанзије, а који су изведени на основу молекуларно генетичких података, сматра се да је уочено неслагање последица тога што популације из ранијег таласа исељавања из Африке нису учествовале у формирању генског фонда савремених популација. Наиме, популације анатомски савремених људи које су насељавале Левант током топлог интергацијалног периода, пре 80-130 хиљада година [71], односно пре велике експанзије, нису опстале, и њих су касније, током глацијалног периода, замениле популације неандерталаца [72, 73]. Још увек није са сигурношћу утврђено због чега су само људске популације из другог таласа исељавања из Африке опстале, али су данас актуелне две претпоставке које објашњавају овај феномен. По првој

претпоставци, код популација из другог таласа експанзије акумулиран је низ културолошких напредака који су омогућили нагли демографски раст [74], док је по другој претпоставци могло доћи до неуроанатомских промена повезаних са повећањем когнитивних способности које нису могле бити регистроване у палеоантрополошким материјалима [75]. Ове промене, и по једној и по другој претпоставци, могле су довести до модификација у понашању анатомски савремених људи који су напустили Африку током велике експанзије и које су омогућиле њихов опстанак и ширење по другим континентима [69].

Колонизација континента била је праћена променама учесталости различитих генетичких варијанти. Наиме, након иницијалног насељавања нових територија долазило је до повећања бројности популација, након чега су следили нови таласи миграција и насељавање удаљенијих територија. Другим речима, освајања нових простора подразумевала су серију ефеката оснивача који, у генетичком смислу, резултују смањењем генетичке варијабилности и повећањем ефеката генетичког дрефта [76, 77]. Услед оваквог начина колонизације, са удаљавањем популација од афричког континента ниво генетичке варијабилности је све нижи, па је најнижа варијабилност присутна у популацијама које су најудаљеније од Африке [69, 77]. Начелно, у свим ван-афричким савременим популацијама ниво генетичке варијабилности је мањи од афричких како за аутозомне локусе тако и оба хаплоидна генетичка маркера – Y хромозом и мтДНК [78-80].

На основу анализе варијабилности мтДНК савремених људских популација *Wallace* и сар. су дали приказ путева миграција анатомски савремених људи, временске оквире насељавања различитих континента и настанка главних мтДНК хаплогрупа (Слика 1.2) [81, 82]. Аутори су за ове реконструкције користили податке депоноване у јавно доступној бази *MITOMAP* (<http://www.mitomap.org>) [83, 84]. Суперхаплогрупа *L* настала је у Африци пре око 130-200 хиљада година, а њена грана *L0* представљала је прву дивергирајућу линију након које су настале и линије *L1*, *L2* и *L3*. Од линије *L3* настале су мтДНК линије *M* и *N* и то највероватније током или након изласка из Африке [85]. Утврђено је да су се само ове линије успешно одржале у популацијама ван Африке (процењено време миграције је пре око 65 хиљада година) након чега су

носиоци ових линија колонизовали остале континенте. Важно је напоменути да је током овог процеса дошло до диверзификације *M* и *N* линија и настанка суперхаплогрупа *M* и *N*. Сматра се да су оснивачи суперхаплогрупе *M* напустили Африку преко Арабијског полуострва, а затим преко Индије и обала југоисточне Азије доспели до Малезијског полуострва и Аустралије где су настале хаплогрупе *Q* и *M42*, пре око 48 хиљада година. Након тога, суперхаплогрупа *M* се проширила по азијском континенту дајући низ мтДНК хаплогрупа специфичних за средњу и источну Азију, укључујући хаплогрупе *C*, *D* и *G*, као и бројне линије који припадају хаплогрупи *M*. У североисточној Азији, од хаплогрупе *C* је настала хаплогрупа *Z*.



Стопа мутација = 2.2 – 2.9% / милион година

**Слика 1.2.** Реконструкција праваца миграција људи на основу анализе варијабилности мтДНК. На слици је представљена дистрибуција главних линија мтДНК по континентима, као и временски оквири насељавања континента. Процене времена су изражене у хиљадама година пре садашњости (преузето из [83] и са <http://www.mitomap.org>)

Оснивачи суперхаплогрупе *N* су се из Африке проширили у два правца. Првом рутом су преко југоисточне Азије такође доспели до Аустралије где је настала хаплогрупа *S*, а током ширења по остатку азијског континента настале су средњеазијска хаплогрупа *A* и сибирска хаплогрупа *Y*. Оснивачи суперхаплогрупе *N* су се другом рутом проширили по западној Евроазији дајући хаплогрупе *I*, *W* и *X* које су се прошириле Европом, као и западноевроазијску суперхаплогрупу *R*. Суперхаплогрупа *R* се затим такође проширила по Европи дајући европске

хаплогрупе *H, J, Uk, T, U* и *V*, док су услед њеног ширења у другом правцу, односно по Азији, настале источноазијске хаплогрупе *F* и *B*, као и аустралијска хаплогрупа *P*. У североисточном Сибиру, пре око 20 хиљада година, значајно су биле заступљене хаплогрупе *C* и *D* које су настале од суперхаплогрупе *M*, као и хаплогрупа *A* настала од суперхаплогрупе *N*. Носиоци ових хаплогрупа су из Сибира мигрирали преко Беринговог моста у северну Америку где настају прве нативне палеоиндијанске популације. Хаплогрупе *A, C* и *D* су се, затим, прошириле по северној, централној и јужној Америци. Међутим, и неке хаплогрупе које нису биле заступљене у сибирским популацијама, попут хаплогрупа *X* и *B*, појавиле су се у северној Америци. Хаплогрупа *X*, која је најзаступљенија у Европи, али је такође присутна и у Монголији, доспела је у северну Америку пре око 15 хиљада година и није се даље ширила по централној и јужној Америци. Хаплогрупа *B*, заступљена у популацијама дуж обале Азије, стигла је у северну Америку пре око 12-15 хиљада година, одакле се проширила и по централној и јужној Америци. Пре око 3 хиљаде година, носиоци источноазијске хаплогрупе *B* су дуж обале Азије, преко Микронезије, колонизовали пацифичка острва.

### **1.7. Историја људских популација у Европи**

Климатске промене током квартара, односно, смењивање дугих ледених доба (у трајању од око 100 хиљада година) са топлим периодима (у трајању око 20 хиљада година), имале су велики утицај на еволуциону историју биљних и животињских врста [86-89]. *Stewart* и *Stringer* дали су преглед досадашњих сазнања о утицају климатских промена на еволуциону историју људских популација [90]. Аутори наводе да је врло вероватно да су се први анатомски модерни људи који су изашли из Африке, повлачили поново ка Африци или Арабијском полуострву са наступањем леденог или сушног периода, и да је њихова наредна експанзија из Африке уследила пре око 60 хиљада година [91]. У Европу су доспели пре око 40 хиљада година [68, 92, 93] највероватније ширењем са истока, али још увек постоје недоумице о тачном положају региона са којих је отпочела ова експанзија [91]. Пре око 26 хиљада година, анатомски савремени људи су у потпуности заменили раније становнике Европе, неандерталце, и

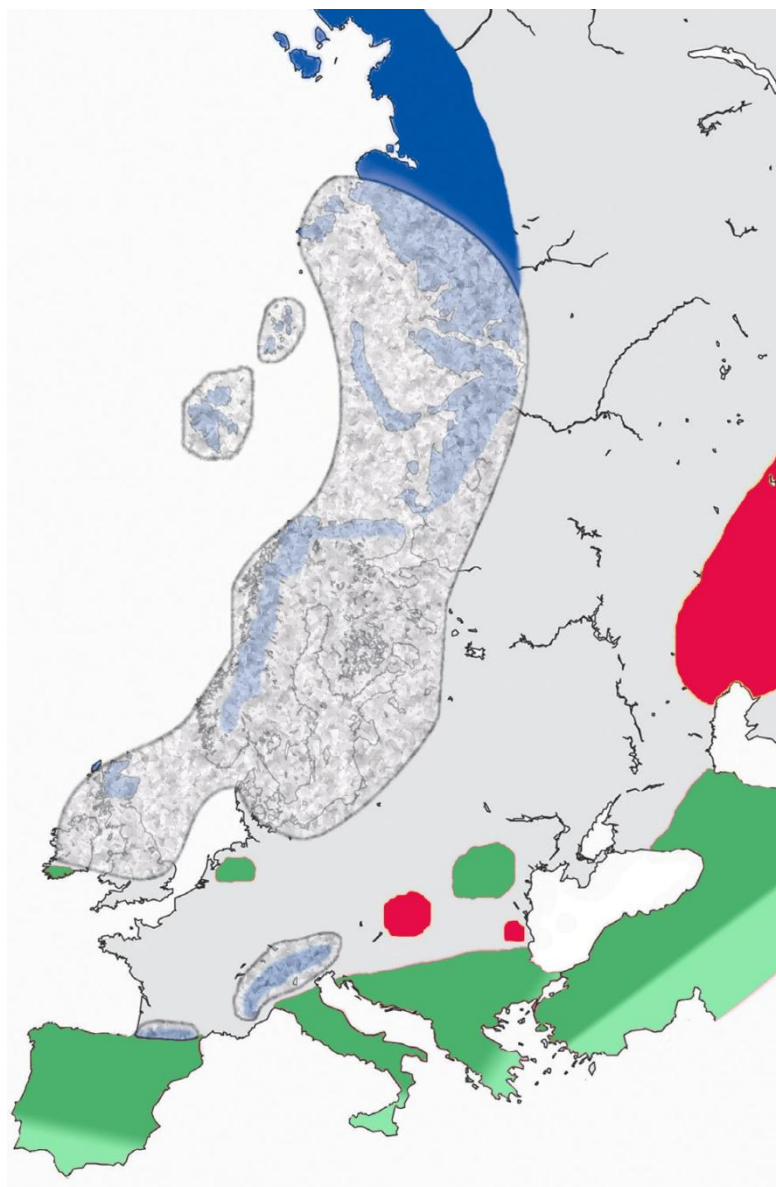
постали једини становници овог континента. У то време долази и до њиховог повлачења ка југу Европе услед ширења леденог покривача по северним и централним деловима Европе.

Људска врста је, заједно са термофилним биљним и животињским врстама, у Европи опстала у прибежиштима (рефугијумима) која су се налазила у јужној Европи (Пиринејско, Апенинско и Балканско полуострво) и у областима око Црног мора на територији данашње Украјине (Слика 1.3) [94-96].

Након завршетка последњег леденог максимума долази до повлачења леденог покривача са севера Европе, што је омогућило поновно насељавање Европе из рефугијалних популација. Оваква динамика људских популација, односно повлачење у рефугијуме током неповољних климатских услова и реколонизација након окончања неповољних климатских услова, биле су праћене променама бројности популација што је за последицу имало и промене у њиховој генетичкој структури, тј. учесталостима различитих генетичких варијанти. Стога се сматра да је последњи ледени максимум један од најважнијих чинилаца у обликовању генског фонда савремених европских популација. У прилог томе говоре и досадашња сазнања о еволуционој историји појединих мтДНК (под)хаплогрупа (халогрупа/подхаплогрупа) попут *V*, *H1* и *H3*. За ове (под)хаплогрупе је показано да су настале током касног глацијала у франко-кантабријском рефугијуму одакле су се по Европи рашириле током пост-глацијалне реколонизације [97, 98]. Сличну еволуциону историју има и мтДНК подхаплогрупа *U5b3* за коју се сматра да је настала на Апенинском полуострву (пре око 8-10 хиљада година) и да се по завршетку глацијала, односно током раног холоцена, раширила дуж медитеранске и јадранске обале [99]. Важно је напоменути да је поред јужне Европе и Блиски исток имао улогу рефугијума током последњег леденог доба. Литературни подаци указују да су у овом региону током последњег леденог максимума настале мтДНК хаплогрупе *W* и *I*, као и да су се заједно са појединим линијама хаплогрупа *J* и *T* прошириле Европом у неколико таласа након последњег леденог максимума [100, 101].

Други важан чинилац, који је имао утицаја на обликовање генског фонда савремених људских популација у Европи, јесте развој и ширење пољопривреде током неолита. Овај напредак у технологији обезбеђивања хране омогућио је нови





**Слика 1.3.** Шематски приказ рефугијума у Европи и западној Азији. Интергласијални рефугијуми врста које су адаптиране на арктичке услове обележени су плавом бојом. Гласијални рефугијуми врста адаптираних на умерене климатске услове обележени су зеленом бојом. Рефугијуми врста адаптираних на конитиненталну климу обележени су црвеном бојом. Рефугијуми који су били константно насељени током барем једног целог циклуса смењивања гласијала и интергласијала обележени су тамно зеленом и тамно плавом бојом. Светло плавом бојом обележени су региони који су служили као рефугијуми током фазе повлачења леденог покривача, а нису били насељени током фазе ширења ледника (врсте адаптиране за арктичке услове). Светло зеленом бојом обележени су региони који током интергласијала нису били насељени услед високих температура и/или суше (врсте адаптиране на умерене климатске услове). Уоквирени су региони који су били под ледом за време последњег леденог максимума. (преузето и модификовано из [89])

демографски раст људских популација. Технологија узгајања хране, односно пољопривреда, развијена је пре око 10–11 хиљада година на Блиском истоку у региону тзв. Плодног полумесеца који обухвата долине река Нил, Тигар и Еуфрат

[102]. Из региона Блиског истока култура узгајања житарица се ширила преко Мале Азије и Балкана у Европу. Прелаз са ловачко-сакупљачког начина живота на узгајање хране и седентарни живот у насеобинама у Европи назива се неолитска транзиција [103].

Најстарија пољопривредна друштва у Европи откривена су управо на Балканском полуострву што би се могло објаснити путањом ширења знања о пољопривреди [104, 105]. Наиме, Балканско полуострво је представљало коридор преко којег се технологија узгајања хране са Блиског истока преносила у Европу [105]. Са Балканског полуострва пољопривреда се ширила у два правца – долином Дунава ка средњој Европи и медитеранском рутом, пратећи линију обале, до Пиринејског полуострва [105, 106].

Постоје два модела којима се објашњава начин на који се пољопривреда ширила Европом и како је неолитска експанзија утицала на генетичку разноврсност европских популација. Први модел претпоставља да је до ширења пољопривреде долазило путем "демичке" дифузије током које су неолитски фармери са истока насељавали до тада слабо насељене територије у којима су живеле малобројније древне европске заједнице ловаца-сакупљача [107]. С обзиром да су фармери, са искуством пољопривредне производње, имали константан извор хране, њихове популације су брже повећавале бројност у односу на популације ловаца-сакупљача [108]. У прилог овом моделу о начину ширења пољопривреде у Европи говоре резултати прве свеобухватне студије која је анализирала учесталости алела више генских локуса у савременим европским популацијама (*HLA-A*, *HLA-B*, *ABO*, *MN*, *Rh*, *Le – Lewis*, *Fy – Duffy*, *Hp – haptoglobin*, *P – acid phosphatase*, *PGM - phosphoglucomutase*) [3]. Показано је да је дистрибуција алела на наведеним генским локусима клинална у смеру северозапад-југоисток, на основу чега су аутори претпоставили да је демичка дифузија била главни механизам ширења пољопривреде у Европи [3] и да је мешање између популација фармера и аутохтоних ловачко-сакупљачких друштава било минимално. Аутори су такође показали и поклапање клиналне дистрибуције испитиваних алела са археолошким подацима о правцима ширења и времену појављивања пољопривреде у различитим регионима Европе [3].

Други модел о начину ширења пољопривреде у Европи претпоставља да ширење пољопривреде није било праћено насељавањем фармера са Блиског истока, већ да се она ширила преношењем знања, односно, „културолошком“ дифузијом. Наиме, у контактним зонама, популације фармера су преносиле знање популацијама ловаца сакупљача који су затим стечено знање преносили даље [109, 110]. Према овом моделу, неолитски фармери нису имали утицаја на формирање генског фонда савремених популација Европе.

Данас се на основу постојећих података, базираних на анализи варијабилности више генетичких маркера како савремених тако и древних популација, који су у сагласности и са археолошким подацима, претпоставља да се пољопривреда у Европи ширила на један од два наведена начина у зависности од региона [111, 112], а у неким областима су била заступљена оба начина ширења пољопривреде [113].

Важно је напоменути да је управо неолитска транзиција оставила великог трага у митохондријском генском пулу савремених људских популација у Европи. Наиме, на основу досадашњих анализа варијабилности мтДНК јединки из древних ловачко-сакупљачких друштава са подручја Европе, установљено је да су најчешћи мтДНК хаплотипови припадали појединим подхаплогрупама суперхаплогрупе *U*, као што су *U4* и *U5* [113-116], док су данас у Европи најзаступљеније мтДНК линије које припадају хаплогрупи *H*. Сматра се да је управо неолитска транзиција допринела промени учесталости мтДНК линија у европским популацијама [117, 118]. Поред хаплогрупе *H*, у Европи је током неолитске транзиције дошло до повећања учесталости мтДНК (под)хаплогрупа такозваног „неолитског пакета“ – *N1a*, *T2*, *K*, *J*, *HV*, *V*, *W* и *X*, који је био карактеристичан за неолитске фармере [44, 119], а био је одсутан код популација ловаца-сакупљача [114, 116, 120].

Поред неолитске транзиције, важну улогу у обликовању садашњег спектра и дистрибуције мтДНК линија у Европи имале су бројне пост-неолитске миграције. Током касног неолита и раног бронзаног доба, популације сточара номада из понтских степа (степа источне Европе које окружују Црно море) мигрирале су у средњу и југоисточну Европу [121, 122]. Сматра се да су ове миграције имале важну улогу у формирању нових култура у Европи, попут културе линеарне

керамике (*eng. Corded ware*), као и да су допринеле ширењу језика који припадају индоевропској групи [121-123]. То су биле миграције носилаца такозване „јамне културе“ која је припадала комплексу курганске културе у коју су сврстане различите културе из степа Русије и Украјине са номадским начином живота, а њихова заједничка одлика, по којој је цела група добила име, био је начин прављења надгробних хумки по имену курган [122]. Долазак припадника јамне културе на просторе на којима су већ постојале развијене аутохтоне неолитске културе, проузроковао је њихов нестанак услед стапања са новопридошлом номадском културом [121, 122]. Носиоци јамне културе поседовали су другачији спектар мтДНК хаплогрупа у односу на неолитске фармере и у појединим деловима Европе (нпр. средњој Европи) у великој мери долази до промене учесталости и замене неолитских мтДНК линија, попут *N1a*, са *I*, *T1*, *U2*, *U4*, *U5a*, *W* и појединим *H* (под)хаплогрупама [44, 119, 123, 124]. Палеогенетичка истраживања су показала да су миграције носиоца јамне културе довеле и до промена у саставу и дистрибуцији генетичких варијанти *Y* хромозома и аутозомних локуса у популацијама касног неолита и бронзаног доба, као и у савременим европским популацијама [123, 125]. Ови резултати су додатно потврдили значај миграција из бронзаног доба и указали на мобилност целе популације носилаца јамне културе, а не само њеног женског или мушког дела.

Историјски период познат као Велика сеоба народа, који је трајао од IV-IX века наше ере (в.н.е.), био је обележен миграцијама више азијских, германских и словенских племена и народа широм Европе. На потенцијални утицај ових миграција током Велике сеобе народа у обликовању генског фонда савремених европских популација указали су *Ralph* и *Coop* [126]. Ови аутори су анализирали варијабилност аутозомних локуса, односно варијабилност дужих геномских региона који постоје код парова јединки са подручја Европе, а које они деле услед наслеђивања од заједничких предака у последњих три хиљаде година (сегменти идентични по пореклу, *IBD - eng. - identical by descent*). *Ralph* и *Coop* су показали да парови јединки из удаљених делова Европе међусобно деле стотине заједничких генетичких предака [126]. Иако са географском дистанцом број заједничких предака експоненцијално опада, аутори су установили неколико регионалних разлика од којих је најзначајнија та да особе из популација

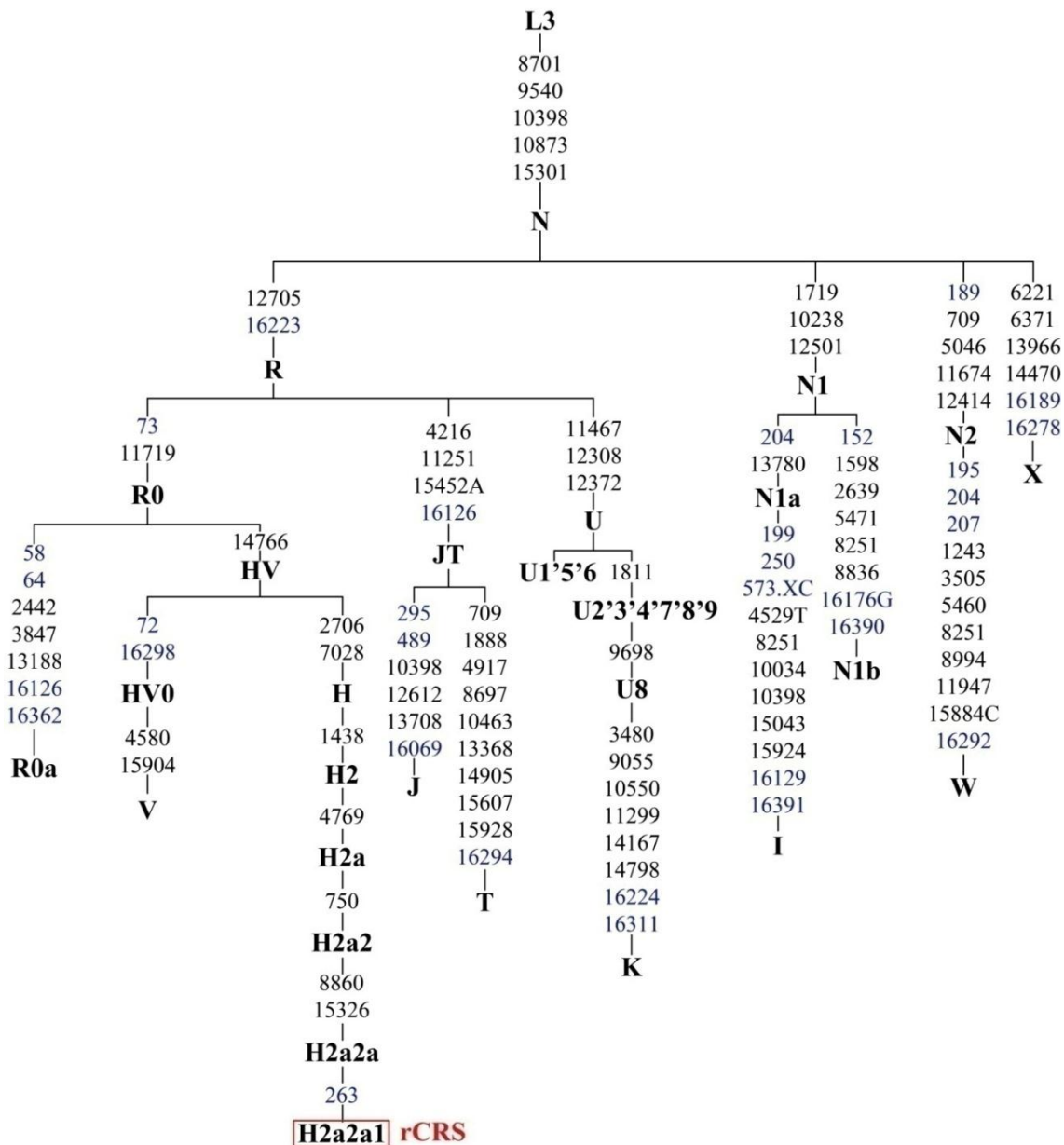
југоисточне, источне и средње Европе деле велики број заједничких предака који датирају управо из периода Велике сеобе народа. С обзиром да већина анализираних популација које деле велики број сегмената идентичних по пореклу припада словенској групи, аутори су претпоставили да се такав образац може објаснити ширењем словенских популација у Европи током раног средњег века [126]. Ова хипотеза је подржана и резултатима студије *Hellenthal* и сар. на геномским подацима великог броја евроазијских и афричких популација, а која је имала за циљ да се идентификују и окарактеришу они историјски догађаји (као нпр. различите миграције) који су потенцијално оставили трагове у генетичкој структури испитиваних популација [127]. Аутори су установили да је до мешања/адмисија популација у источној и југоисточној Европи, које обухватају словенске и не-словенске популације, дошло пре 1-1.6 хиљада година, односно у периоду који се поклапа са ширењем Словена по источној Европи и Балкану.

### **1.8. Спектар и учесталост мтДНК хаплогрупа у европским популацијама**

Спектар и учесталост мтДНК линија у европским популацијама анализирани су у бројним студијама на великим узорцима из различитих европских популација. МтДНК хаплогрупе карактеристичне за европске популације су *H*, *V*, *U*, *K*, *J*, *T*, *W*, *I* и *X* (Слика 1.5) и у њима су присутне са различитом учесталошћу. Поред ових митохондријских линија, у европским популацијама су са ниском учесталошћу присутне и (под)хаплогрупе попут *HV*, *N1a* и *N1b*, као и неевропске хаплогрупе попут појединих мтДНК линија хаплогрупа *L* и *D* [128-133]. Као што је већ поменуто, европске хаплогрупе воде заједничко порекло од суперхаплогрупе *N*. Хаплогрупе *N1*, *N2* и *X* воде директно порекло од суперхаплогрупе *N*, при чему хаплогрупа *W* спада у *N2* грану док (под)хаплогрупе *I*, *N1a* и *N1b* припадају *N1* грани (Слика 1.5). Хаплогрупе *H*, *V* и *HV* припадају *R0* грани која је директно настала од суперхаплогрупе *R*, као и суперхаплогрупе *JT* и *U* [16].

Хаплогрупа *H* је широко распрострањена и најчешћа хаплогрупа у Европи [134-137]. Ова хаплогрупа се одликује великим бројем подхаплогрупа – на основу анализе комплетних митогенома идентификоване су 102 подхаплогрупе [15].

Студије засноване на анализи варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона, као и дијагностичких тачкастих полиморфизама из кодирајућег региона, показале су да је хаплогрупа *H* настала на Блиском истоку пре око 25-30 хиљада година, као и да се проширила Европом пре око 20-25 хиљада година [136, 137]. Хаплогрупа *H*, односно њене поједине класе, највероватније су се прошириле



**Слика 1.5.** Филогенетско стабло мтДНК хаплогрупа карактеристичних за европске популације. Тачкасти полиморфизми у кодирајућем региону мтДНК, који су дијагностички за одговарајуће (под)хаплогрупе, обележени су црном бојом, док су тачкасти полиморфизми и инсерција у оквиру контролног региона обележени плавом бојом. У случају транзиција назначене су само нуклеотидне позиције, док су позиције са трансверзијама обележене суфиксом. Инсерција са варијабилним бројем цитозина после позиције 573 обележена је са XC. Црвеном бојом уоквирена је подхаплогрупа у коју се сврстава референтна секвенца *rCRS*.

Европом у неколико таласа и то током касног горњег палеолита (пре око 14.5 хиљада година) и неолита (пре око девет хиљада година) [136].

Подхаплогрупе *H1* и *H3*, које данас спадају у најчешће *H* подхаплогрупе у Европи, имале су другачију еволуциону историју. Процењена старост подхаплогрупа *H1* и *H3* износи око 12 и 10 хиљада година, респективно [97]. Ове подхаплогрупе су данас најзаступљеније на Пиринејском полуострву, при чему њихова учесталост у европским популацијама опада ка североистоку и југоистоку [97]. Оваква дистрибуција, као и одсуство подхаплогрупа *H1* и *H3* у популацијама Блиског истока, указује да су оне настале на Пиринејском полуострву, односно у франко-кантабријском рефугијуму крајем плеистоцена одакле су се прошириле континентом током пост-гласијалне реколонијације [97, 138]. За подхаплогрупу *H5*, трећу по заступљености у Европи, сматра се да је настала пре око 16 хиљада година у јужној Европи, што се поклапа са периодом миграција које су се након последњег леденог максимума одвијале из јужних ка северним деловима Европе [133].

Хаплогрупа *V*, која је блиско сродна хаплогрупи *H*, у већини европских популација је заступљена са ниском учесталошћу. Ова хаплогрупа је најчешћа на Пиринејском полуострву због чега се и сматра да је и настала у овом региону након последњег леденог максимума, пре око 11 хиљада година [98]. Вероватно је да се хаплогрупа *V* проширила европским континентом на исти начин као и подхаплогрупе *H1* и *H3* током пост-гласијалне реколонијације [97, 98].

Друга по учесталости у Европи је суперхаплогрупа *U* која обухвата девет различитих подхаплогрупа (*U1-U9*), док се у оквиру подхаплогрупе *U8* налази хаплогрупа *K* [15]. Суперхаплогрупа *U* обухвата и најстарије мтДНК подхаплогрупе за које се сматра да су настале у Европи, а то су подхаплогрупе *U5* и *U8* са процењеном старошћу око 37 и 50 хиљада година [139]. Нешто млађа подхаплогрупа *U4* (процењена старост око 20 хиљада година [139]) проширила се Европом током средњег горњег палеолита [136]. Хаплотипови који припадају подхаплогрупама *U4*, *U5* и *U8* били су најчешћи у древним ловачко-сакупљачким популацијама Европе пре неолитске експанзије и ширења пољопривреде [113-115]. Ове *U* подхаплогрупе су и данас најчешће у савременим европским популацијама. Према доступним подацима, у популацијама фармера раног

неолита из средње Европе, суперхаплогрупа *U* је била слабо заступљена [120], али је током средњег неолита дошло до повећања учесталости њених појединих подхаплогрупа [123].

Подхаплогрупе *U1*, *U2e*, *U3*, *U6*, *U7* и *U8* одликују се нижим учесталостима у европским популацијама. Подхаплогрупа *U1* је најзаступљенија у популацијама Блиског истока [135, 136] и претпоставља се да се проширила Европом у истом периоду када и подхаплогрупа *U4* [136]. Од свих подклада подхаплогрупе *U2* у европским популацијама је присутна подхаплогрупа *U2e*, док су подхаплогрупе *U2a*, *U2b* и *U2c* специфичне за јужну Азију [140]. Старост подхаплогрупе *U2e* је процењена на 21-22 хиљаде година [141]. За подхаплогрупу *U3*, која је карактеристична за популације Блиског истока, претпоставља се да се проширила Европом током неолита заједно са (под)хаплогрупама *J* и *T1* [136]. Подхаплогрупа *U6* је присутна на Пиринејском полуострву, али се највећом учесталošћу одликују популације северозападне Африке [142]. Процењено је да је подхаплогрупа *U6* настала пре око 35 хиљада година у западној Азији и да је у северну Африку доспела повратним миграцијама [142].

Према најновијим истраживањима подхаплогрупа *U7* је настала на Блиском истоку пре 15.6-18.6 хиљада година одакле се ширила у два правца [143]. Сматра се да је подхаплогрупа *U7* доспела у јужну и централну Азију непосредно након последњег леденог максимума, као и да се у медитерански део Европе проширила миграцијама које су се одвијале током раног холоцена [143]. Подхаплогрупа *U8* обухвата две гране: *U8a* и *U8b*. Подхаплогрупа *U8a* се у европским популацијама јавља са ниском учесталošћу. Процењено је да је ова подхаплогрупа настала пре око 37 хиљада година у југозападном делу Европе одакле се у два таласа ширила Европом [144]. Према филогеографским анализама, подхаплогрупа *U8a* се кроз Европу ширила у два таласа, најпре пре око 30 хиљада година преко Пиринејског полуострва и средње Европе све до Балтичког мора, а затим, пре око 10-15 хиљада година, када је дошло до много веће експанзије подкладе *U8a1* у Европи, ширење се одвијало све до територија данашње Русије и Шкотске које се данас одликују мањим диверзитетом подхаплогрупе *U8a* у односу на средњу Европу [144].



Хаплогрупа *K* је најзаступљенија сестринска клада подхаплогрупе *U8b* и њена старост је процењена на 36 хиљада година, при чему није утврђено да ли је место њеног настанка Блиски исток или Европа [145]. Хаплогрупа *K* обухвата подхаплогрупе *K1b*, *K1c* и *K2* за које се сматра да су настале у Европи у периоду између последњег леденог максимума и неолита, док тачно географско порекло подхаплогрупе *K1a* није утврђено, али се сматра да се проширила Европом и Блиским истоком пре око 20 хиљада година [145].

Суперхаплогрупа *JT*, која обухвата хаплогрупе *J* и *T*, трећа је по учесталости у европским популацијама. Старост хаплогрупе *J* је процењена на 30-43 хиљада година, а хаплогрупе *T* око 26-29 хиљада година [101]. Сматра се да су ове хаплогрупе настале на Блиском истоку, при чему се ширење њихових подхаплогрупа у Европи одвијало у неколико таласа. Према *Richards* и сар., (под)хаплогрупе *T\** и *T2* су у Европу доспеле током касног горњег палеолита, док су (под)хаплогрупе *J* и *T1* доспеле током неолита [136]. Међутим, новије анализе, засноване на комплетним митогеномима, указују да је ширење хаплогрупа *J* и *T* у Европу са Блиског истока, глацијалног рефугијума, отпочело непосредно након последњег леденог максимума, пре око 19 хиљада година [101]. Сматра се да се ширење хаплогрупа *J* и *T* одвијало у два велика таласа. Први талас ширења се одиграо током касног глацијала, пре 12-16 хиљада година, када су се Европом прошириле подхаплогрупе *J1c*, *J1b1a*, *J2a1*, *T1a1*, *T2a1b* и *T2f1* [101], док су се у другом великом таласу миграција, пре 10-11 хиљада година, прошириле подхаплогрупе *T2b* и *T2e* [101]. Подаци *Pala* и сар. показују да је експанзија хаплогрупа *J* и *T*, која је током неолита ишла преко југоисточне Европе ка Медитерану и средњој Европи, у великој мери била експанзија линија које су еволуирале током глацијала у региону југоисточне Европе [101].

Хаплогрупе *I*, *W* и *X* су у европским популацијама заступљене са ниским учесталостима и за њих се претпоставља да су настале на Блиском истоку [100, 130]. Процењена старост хаплогрупе *I* је око 25 хиљада година [130]. Утврђено је да су се поједине подкладе хаплогрупе *I* (нпр. *I1* и *I5*) Европом прошириле током касног глацијалног периода (пре око 12-18 хиљада година) [100], док су се неке од њених подклада у европским популацијама касног неолита и бронзаног доба

појавиле са миграцијама носиоца јамне културе, пре око 4.5-5 хиљада година [123, 125].

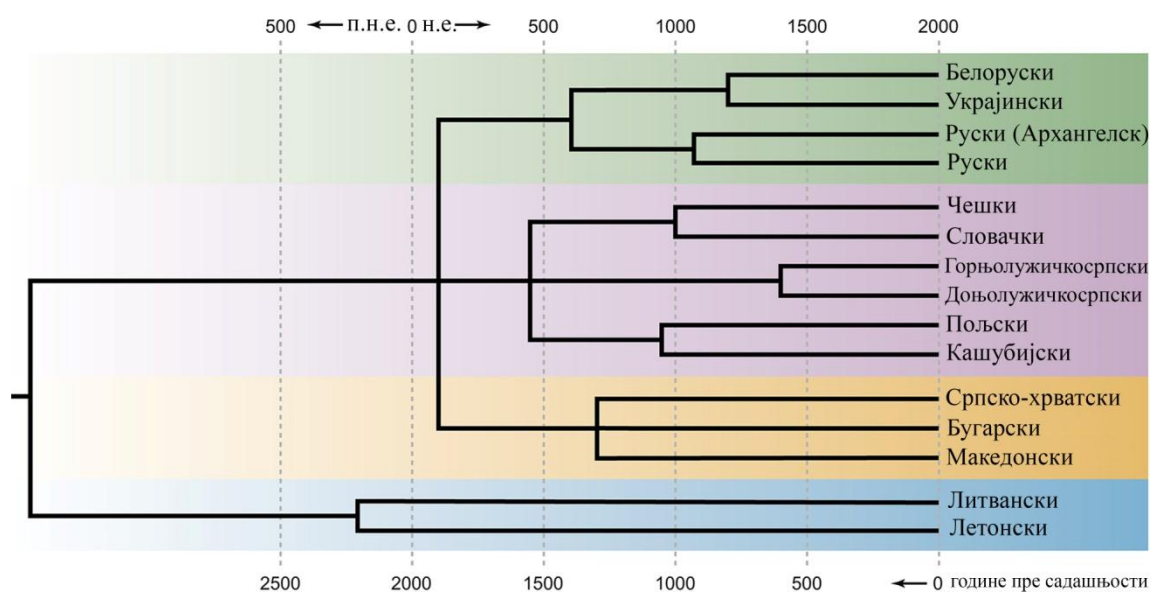
Старост хаплогрупа *W* и *X* се процењује на око 20, односно 30 хиљада година [130]. За хаплогрупу *W* се сматра да се проширила у два таласа са Блиског истока у Европу. У првом таласу миграција, пре око 12-18 хиљада година, дошло је до ширења подхаплогрупа *W3*, *W4* и *W5*, док се подхаплогрупа *W1* проширила пре око 10-11 хиљада година [100]. Истраживања на древним узорцима су показала да су хаплогрупе *W* и *X* биле део „неолитског митохондријског пакета“ који су мигранти са Блиског истока донели у Европу током неолита када и долази до повећања њихових учесталости у европским популацијама [44, 119]. У оквиру хаплогрупе *X*, подхаплогрупе *X2b'd* и *X2c* су највероватније настале у Европи пре око 20, односно 9 хиљада година [130]. Разноврсност и распрострањеност подхаплогрупе *X2b* указују на пост-гласијалну популациону експанзију у западној Евроазији и северној Африци [146].

### **1.9.Словенске популације - историја и молекуларно генетички подаци**

Према подацима Уједињених нација, данас у Европи живи око 738 милиона људи, а од тога око једна трећина говори неким од словенских језика [147]. Они настањују скоро половину европског континента и то његове средње и јужне делове, као и целу источну Европу.

Лингвистичка истраживања показују да словенска и балтичка група језика (летонски и литвански) имају заједничко порекло [148]. Сматра се да се прото-балто-словенски језик издвојио из групе индо-европских језика пре 4.5–7 хиљада година [122, 149, 150] и да је настао у средњој Европи [149]. До првог раздвајања у оквиру прото-балто-словенског језика и формирања две групе језика, балтичке и словенске, дошло је пре 2.5-3.5 хиљада година [148, 151, 152], док је унутар групе словенских језика до раздвајања на три групе (јужно-, западно- и источнословенска група) дошло нешто касније, пре 1.3-1.7 хиљада година [148, 151, 152] (Слика 1.6). Три групе словенских популација који говоре сродним јужно-, источно- и западнословенским језицима настањују одговарајуће делове Европе, односно Балканско полуострво, источну Европу и средњу Европу, респективно.

Иако словенске популације данас представљају једну од највећих етничких група у Европи, ни до данас није са сигурношћу утврђено где су оне настале, односно, где се налази њихова изворна домовина. Наиме, бројна историјска, археолошка, етнографска и лингвистичка истраживања спроведена током последњег века бавила су се, између осталог, и местом настанка Словена [153-156]. Ова истраживања указују на заједничко порекло Словена, али не постоји јединствен став о времену и месту њиховог настанка. Данас постоји неколико хипотеза које се баве овим питањем, а најчешће су разматране тзв. "аутохтона" и "алохтона" хипотеза [157].



**Слика 1.6.** Филогенија и временски оквири настанка балто-словенских језика. Зеленом бојом обележена је група источнословенских језика, љубичастом група западословенских, наранџастом група јужнословенских језика, а плавом балтичка група језика (преузето и модификовано из [152]).

Према „аутохтоној“ хипотези, у средњој Европи је постојао континуитет култура, почевши од бронзаног доба па све до раног средњег века када су се, према историјским записима, у том региону појавили Словени. По овој хипотези, лужичка култура бронзаног и гвозденог доба, настала на простору између река Висле и Одре, сматра се прото-словенском културом у коју се сврставају и нешто касније зарубињецка и пшеворска култура [158, 159]. Према „алохтоној“ хипотези, домовина Словена обухвата подручје између подножја Карпата, Припјата и леве обале средњег тока Дњепра на којем се данас налази Украјина. Према овој хипотези, словенска култура је настала током V века н.е. у

споменутом региону на којем је постојала черњаховска култура, а затим се из овог региона нагло проширила Европом током периода Велике сеобе народа [160]. Током експанзије по источној Европи, словенска племена су долазила у контакт са популацијама које су већ постојале у том региону, а које су говориле балтичким, угрофинским и турским језицима [154, 161, 162]. У средњој Европи, словенска племена су се мешала са популацијама које говоре германским језицима, а на подручју Балкана са популацијама различитих лингвистичких афилијација [154, 161, 162].

Популације које говоре словенским језицима биле су и предмет већег броја студија чији је циљ био да се на основу анализе варијабилности молекуларних маркера установе: 1) њихови филогенетски односи са осталим европским популацијама, 2) међусобни односи три географски локализоване групе Словена, 3) место и време настанка словенских популација и 4) историјски, демографски и други процеси који су допринели формирању њиховог садашњег генетичког профила [133, 152, 163-166].

Као и у случају лингвистичких истраживања, молекуларно генетички подаци указују на заједничко порекло словенских популација [133, 165]. *Juras* и сар. су анализирали варијабилност мтДНК маркера код савремених и древних узорака и утврдили да се код јединки/популација које су насељавале територију Пољске, почев од римског доба (а можда и раније) до данас, могу детектовати трагови генетичког континуитета [167]. Ови налази подржавају "аутохтону" хипотезу према којој се као изворна домовина Словена може сматрати средња Европа и то регион између река Одре и Висле [158, 159]. У прилог томе говоре и налази *Mielnik-Sikorske* и сар. који су на основу времена настанка и географске распрострањености појединих мтДНК линија у средњој и источној Европи претпоставили да су неки од матерналних предака данашњих источно- и западнословенских популација насељавали подручје средње и источне Европе много раније него што је то било процењено на основу историјских и археолошких података [133]. Наиме, ови аутори су показали генетички континуитет неколико мтДНК линија на територији средње Европе, почевши од бронзаног и гвозденог доба [133].

На основу анализе варијабилности аутозомних маркера и маркера Y хромозома, *Kushniarevich* и сар. су детектовали груписање словенских популација које је у складу са њиховом стратификацијом на три групе – западно-, источно- и јужнословенску [152]. Оваква лингвистичка стратификација словенских популација није била тако очигледна у неким претходним истраживањима варијабилности мтДНК у различитим европским популацијама, укључујући и словенске [168-172]. *Kushniarevich* и сар, који су такође анализирали варијабилност популација и на нивоу мтДНК, претпостављају да овакав образац у њиховом раду, односно мање изражена структурираност словенских, али и осталих европских популација на нивоу мтДНК у односу на структурираност на основу аутозомних и маркера Y-хромозома, може бити последица коришћења мтДНК маркера са ниском резолуцијом дивергенције [152].

Са друге стране, *Malyarchuk* је анализирао варијабилност мтДНК маркера ниже резолуције (*HVS-I* регион) код три групе словенских популација и утврдио да западнословенске популације заузимају централну позицију међу словенским популацијама [165]. Поред тога, резултати аутора указују да су у обликовању митохондријског генског фонда савремених словенских популација важну улогу имала и мешања и асимилације са суседним не-словенским популацијама. Тако је показано да западнословенске популације испољавају повећан генетички афинитет према германским популацијама средње Европе, док јужнословенске популације показују генетичку сличност са не-словенским популацијама Балканског полуострва [165]. На основу анализе варијабилности мтДНК и Y хромозома уочено је да је популација северног дела Русије генетички блиска са угро-финским популацијама североисточне Европе [165, 173, 174]. Поред тога, *Gryzbowski* и сар. су на основу анализе варијабилности мтДНК утврдили генетички афинитет популација северозападне Русије и североисточне Пољске према балтичким и угро-финским популацијама североисточне Европе [175].

*Rebala* и сар. су на основу варијабилности микросателита на Y хромозому детектовали одређене односе између источно-, западно- и јужнословенских популација и утврдили да се оне могу поделити у две групе, и то у групу коју чине све западно- и источнословенске популације, укључујући и поједине јужнословенске (Словенци и западни Хрвати), и другу групу коју чине све остале

јужнословенске популације [166]. На основу анализе варијабилности аутозомних маркера и Y хромозома код три групе словенских популација, *Kushniarevich* и сар. су детектовали две различите генетичке компоненте [152]. „Југоисточно европска“ генетичка компонента је присутна код јужнословенских популација које показују високу генетичку хетерогеност и интерну диференцијацију иако настањују релативно мало подручје (Балканско полуострво). С друге стране, „средњеисточно европска“ компонента је уочена код источно- и западнословенских популација које се одликују већом генетичком хомогеношћу у поређењу са јужнословенским популацијама иако насељавају велики део источне и западне Европе. Присуство ових специфичних генетичких компоненти код источно- и западнословенских популација, с једне, и јужнословенских, с друге стране, указује на то да су у обликовању савременог генског фонда словенских популација учествовале и популације које су већ насељавале територије на које су се Словени доселили, а које су се међусобно разликовале по својим генетичким профилима [152]. Стога ови аутори сматрају да је до ширења словенских језика на Балканско полуострво највероватније дошло путем културолошке асимилације аутохтоних пресловенских популација [152]. Међутим, *Kushniarevich* и сар. су поред тога установили и да све три групе словенских популација деле велики број сегмената идентичних по пореклу (IBD) због чега нису искључили могућност њиховог заједничког порекла или умереног протока гена између ових група током ширења словенских популација по Европи [152].

#### **1.10. Историја људских популација на Балканском полуострву**

Балканско полуострво је због свог специфичног географског положаја имало важну улогу током целокупне историје људских популација у Европи. Оно представља изузетно важан коридор ка Европи преко којег су се одвијале све претходно наведене, али и друге бројне миграције људи, почевши од праисторије па све до савременог доба [120, 176, 177].

Балканско полуострво је било континуирано насељено хомининима почевши од раног палеолита, пре 1.4-1.6 милиона година, о чему сведоче археолошки налази алата и фосилних остатака животиња у пећини Козарника у Бугарској [178]. Да је Балканско полуострво било насељено и током средњег

палеолита показују фосилни остаци неандерталаца, старости око 38 хиљада година, из пећине Виндија у Хрватској [179, 180]. Један од најочуванијих фосила неандерталца из пећине Виндија подвргнут је и молекуларно генетичким анализама [180-182]. Поред фосилних налаза неандерталца ова пећина је позната и по томе што су у њој нађени и остаци анатомски савременог човека [183]. Дуго су се најстаријим доказима присуства анатомски савременог човека на Балканском полуострву сматрали фосилни остаци пореклом из пећине Бачо Киро у Бугарској чија је старост била процењена на 37-43 хиљада година [184]. Међутим, на основу анализе фосилних остатака, поједини аутори сматрају да се не може извршити поуздана таксономска класификација која би недвосмислено потврдила да ли су нађени остаци пореклом од неандерталца или анатомски савремених људи [185]. Због тога одређени број истраживача сматра да најстарији фосилни остаци са Балкана, који се несумњиво могу приписати анатомски савременом човеку, потичу из „пећине са костима“ (*Peștera cu Oase*) [70]. Ова пећина се налази у Румунији близу Дунава и границе са Србијом, а старост фосила нађених у њој се процењује на 34-36 хиљада година [68].

Густина насељености Балканског полуострва је током праисторије варијала, али није дошло до потпуног нестанка популација попут северних делова Европе за време последњег леденог максимума [186]. Као што је раније напоменуто, током последњег леденог максимума на Балканском полуострву клима је била релативно стабилна због чега је овај део Европе представљао један од глацијалних рефугијума [133, 187, 188]. Молекуларно генетички подаци указују да су по завршетку последњег леденог максимума људске популације са Балканског полуострва учествовале у поновном насељавању осталих делова Европе [133, 187, 188]. Током мезолита, у Ђердапској клисури дуж обале Дунава развила се ловачко-сакупљачка култура Лепенског Вира (пре око 7-10 хиљада година), која се сматра једном од значајних култура овог периода на Балканском полуострву. Након неолитске транзиције, на територији Балкана долази до постепеног повећања густине насељености и развоја пољопривредних неолитских култура, попут Старчевачке (пре 7-8 хиљада година), Винчанске (пре 5.5-7 хиљада година) и Варна културе (пре 5.5-6.5 хиљада година) [189] које се често обележавају заједничким термином као „културе дунавске долине“.

Током неолитске транзиције, осим промена у начину живота код популација Балканског полуострва дошло је и до значајних промена у њиховој генетичкој структури. Молекуларно генетичке анализе популација које су пре 2.5-14 хиљада година насељавале Балканско полуострво, Карпатски басен, понтске степе и њихове граничне регионе, показале су да је југоисточна Европа представљала коридор којим је долазило до генетичке размене између истока и запада хиљадама година [106]. Ова студија је показала да је на Балканском полуострву дошло до мешања аутохтоних ловачко-сакупљачких популација и популација фармера. На основу анализе аутозомних маркера утврђено је да је преовлађујућа генетичка компонента неолитских популација Балканског полуострва пореклом из неолитских популација северозападне Анадолије [106]. На значај Балканског полуострва у ширењу пољопривреде Европом указује и налаз да су неолитске популације Медитерана и средње Европе генетички сличне неолитским популацијама Балканског полуострва. Ови подаци говоре у прилог тези да је ширење пољопривреде и неолитских популација северозападне Анадолије на Балканско полуострво потекло из једног извора, односно да се одвијало у једном таласу, након чега је дошло до даљег ширења пољопривреде у два правца, дуж медитеранске обале ка Пиринејском полуострву и дуж Дунава ка средњој Европи [106].

Касни неолит и почетак бронзаног доба су на Балканском полуострву обележиле драстичне промене у саставу друштава/култура. Наиме, у периоду од пре 4.9-6.5 хиљада година, широм југоисточне Европе долази до ширења курганске културе, међу којима је била и јамна култура, и то у неколико таласа [121, 122]. Овај процес је праћен нестанком аутохтоних неолитских култура, односно њиховом симбиозом са елементима курганске културе, чиме се створила основа за каснији развој старобалканских етничких групација као што су Илири, Трачани и Дачани [190]. Ове нове групе су пре три хиљаде година насељавале западни део Балканског полуострва (Илири) и југоисточни део који је обухватао територију између Дунава и Егејског мора (Трачани) [122].

Балканско полуострво је, почевши од бронзаног доба па све до раног средњег века и почетка Велике сеобе народа, било под великим утицајем неколико различитих култура попут грчке, келтске и римске. Надаље, током касне



антике и раног средњег века, Балканско полуострво је било мета различитих освајача који су се кратко задржавали у овом региону или су по њему водили краткотрајне пљачкашке походе (Готи, Гепиди, Хуни и Авари) [191, 192]. Након тога, у VI и VII в.н.е., на Балканско полуострво се досељавају словенска племена која насељавају територије све до Пелопонеза укључујући и Пелопонез [191, 193]. Досељавање словенских племена на Балканско полуострво представља један од важних историјских догађаја који је довео до великих културолошких и демографских промена укључених у успостављање савремене генетичке структуре овог дела Европе.

За историју српског народа посебно је значајан други талас досељавања словенских племена током VII в.н.е. [193]. Крајем прве половине VII в.н.е., на Балканско полуострво пристижу два велика племена, Хрвата и Срба, праћена са неколико мањих словенских племена која су касније асимилована у ова два већа племена [193]. Првобитна територија коју су населили Срби обухватала је делове римске провинције Далмације која је у то време заузимала територију данашњих држава Босне и Херцеговине, Црне Горе, као и делове Србије и Хрватске (Слика 1.7) [194].

Након досељавања Словена на Балканско полуострво, у овај регион доспевају и бројне друге популације. На Балканско полуострво се током друге половине VII в.н.е. досељава турско племе Бугара које долази у контакт са популацијама Словена у региону источног Балкана [191, 193]. Овај период интензивних миграција на Балканско полуострво и околна подручја завршава се досељавањем Угара у Панонску низију у IX в.н.е [191, 193, 195]. Током XIV в.н.е. почиње ширење Османлијске државе широм југоисточне Европе, а првенствено по Балканском полуострву које је и било под управом Османлијске државе неколико векова. Овај период подразумевао је значајне културолошке, етничке и религијске промене у популацијама Балканског полуострва [191, 195]. Историју српског народа у овом периоду обележиле су честе миграције узроковане ратовима са Османлијским царством. Највећи забележени таласи миграција одиграли су се у XV в.н.е., у Угарску краљевину, а миграције у XVII и XVIII в.н.е. у области Хабзбуршке монархије су у историји познате као велике сеобе Срба [195]. Честе миграције и мешања популација на Балканском полуострву, које су се

у већој или мањој мери наставиле све до данашњих дана, утицале су и на обликовање генетичке структуре српске популације.



Слика 1.7. Приказ територије коју су Срби населили у VII в.н.е., а која обухвата део територије некадашње римске провинције Далмације (преузето и модификовано из [194, 196]).

### 1.11. Молекуларно генетички подаци за становништво Републике Србије

Бројне студије варијабилности унипаренталних (*NRV* и мтДНК) и аутозомних маркера у различитим европским популацијама укључивале су и становништво Републике Србије (у даљем тексту популација Србије или српска популација) [109, 152, 163, 172, 197, 198]. Као што је већ речено, циљеви ових истраживања су били да се кроз компаративну анализу генетичких профила различитих популација утврде њихови међусобни односи и демографска историја, као и да се пруже одговори на питање о демичкој или културолошкој дифузији пољопривреде током неолита [109]. Имајући у виду да су прва пољопривредна друштва настала на Блиском истоку и да је Балканско полуострво имало значајну улогу у ширењу пољопривреде по Европи, анализе становништва Балканског

полуострва могу бити веома значајна за боље разумевање процеса неолитске транзиције.

Испитивања варијабилности биалелних маркера (*SNP*) и кратких тандемских поновака (*STR* - *eng. short tandem repeat*) *Y* хромозома у популацијама Балканског полуострва показала су да се оне одликују великом учесталошћу палеолитских патерналних линија *R1a* и *I* [188, 199], док је удео неолитских и пост-неолитских линија *E1b1b*, *J*, *G* и *R1b* мањи [109, 200]. Присуство и палеолитских и неолитских линија *Y* хромозома указује да неолитска транзиција у југоисточној Европи није била праћена једноставном заменом аутохтоних, ловачко-сакупљачких друштава популацијама фармера. Претпоставља се да су прве групе фармера носиоца неолитских линија пренеле знање о пољопривреди мезолитским популацијама јужног Балкана, које су затим прошле кроз демографску експанзију и наставиле да колонизују подручја дуж Јадранске обале ширећи знање о пољопривреди другим локалним ловачко-сакупљачким друштвима [109].

Висок удео палеолитских у односу на неолитске патерналне линије детектован је и у популацији Србије [201]. *Regueiro* и сар. сматрају да је уочени шаблон, односно висок удео палеолитских линија у популацијама Србије, као и Хрватске, Босне и Херцеговине, информативан за стицање бољег увида у процес неолитске транзиције на Балканском полуострву који се може објаснити ефектом „дна вреће“ (*franc. cul-de-sac*) [201, 202]. Наиме према наведеном ефекту „дна вреће“, фармери су током неолитске транзиције потискивали популације ловаца-сакупљача са њихових станишта све до обале Јадранског мора које је представљало географску препреку за њихово даље ширење [201]. У прилог томе говори и клинална дистрибуција палеолитских патерналних линија у смеру исток-запад са вредностима које се повећавају од Анадолије ка обали Јадранског мора. Поред тога, *Regueiro* и сар. су установили и занемарљив уплив патерналних линија из турске у српску популацију [201].

У студији *Kovacevic* и сар. анализирана је варијабилност аутозомног, митохондријског и *NR1Y* генског пула популација западног Балкана укључујући и српску популацију у ширем евроазијском контексту [163]. Аутори су на основу анализе аутозомних маркера установили да је генетички профил испитиваних популација у сагласности са њиховим географским положајем између Блиског

истока и остатка Европе, као и да највећи генетички афинитет показују према популацијама источног Балкана (румунска и бугарска популација) и јужне Европе. Ова студија је показала и да се учесталост блискоисточно/кавказке генетичке компоненте благо повећава према јужним и источним деловима Балкана [163] чиме је подржана претпоставка да је Балканско полуострво служило као један од главних путева миграција људи са Блиског истока ка Европи. Анализирајући добијене аутозомне податке, *Kovacevic* и сар. су утврдили да већину испитиваних популација одликује сложена демографска историја праћена мешањима са популацијама из јужне Европе и источног Балкана и са словенским популацијама источне Европе и Балканског полуострва. Аутори су између осталог уочили да је српска популација позиционирана између јужнословенских популација источног (Бугарска и Македонија) и западног дела (Словенија, Хрватска, Босна и Херцеговина) Балканског полуострва [163]. Сличан шаблон, односно интермедијарни положај српске популације у групи јужнословенских популација, уочен је и у истраживању *Kushniarevich* и сар. на основу анализе варијабилности аутозомних маркера и *STR* код балтичких и словенских популација [152].

Коришћењем маркера високе резолуције, *Kovacevic* и сар. су показали да већина мтДНК линија идентификованих у популацијама западног Балкана припада евроазијском митохондријском генском пулу [163]. Међутим, ови аутори нису уочили значајне разлике између већине испитиваних популација западног Балкана највероватније због тога што је, као што су и сами аутори навели, коришћени узорак популација западног Балкана, укључујући и српску популацију (21 јединка), био веома ограничен. Имајући у виду висок ниво генетичке разноврсности у овом региону, анализе спроведене на већем узорку биле би неопходне за извођење поузданих закључака о односима испитиваних популација. И поред тога, аутори су били у могућности да у оквиру митохондријског генског пула популација западног Балкана детектују мтДНК линије које су потенцијално специфичне за овај регион, као што је показано за подкладу *K1a13a1* [163], што представља веома важан резултат њихових истраживања.

Поред студије *Kovacevic* и сар., варијабилност мтДНК маркера у популацији Србије је испитивана у још две студије. *Svjetan* и сар. су, на основу варијанти у

*HVS-I* и кодирајућем региону мтДНК, које су дијагностичке за главне евроазијске и афричке мтДНК (под)хаплогрупе, сврстали анализирани хаплотипове у одговарајуће (под)хаплогрупе и утврдили њихову учесталост и дистрибуцију у различитим популацијама југоисточне Европе укључујући и популацију Србије [197]. Српска популација је у овој студији представљена са 117 особа, али без информација о њиховом географском пореклу и појединачним мтДНК хаплотиповима. Аутори су утврдили да је у испитиваним популацијама најучесталија хаплогрупа *H*, као и да су у анализираним узорку српске популације, након хаплогрупе *H*, најучесталије (под)хаплогрупе *U5*, *J* и *U4* [197]. Такође, аутори су применили методу мултидимензионог скалирања заснованог на учесталости мтДНК (под)хаплогрупа у циљу утврђивања генетичке структуре испитиваних популација. Међутим, услед ниске резолуције коришћеног метода за детерминацију мтДНК хаплотипова, међусобни односи већине испитиваних популација су остали неразјашњени [197].

*Zgonjanin* и сар. су анализирали варијабилност секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 104 испитаника са територије Војводине, од којих је 77 особа декларисаног српског етничитета, док су остали испитаници били припадници националних мањина присутних на територији Војводине [203]. Међутим, с обзиром да је основни циљ њихове студије био успостављање форензичке базе података за регион Војводине, најважнији резултати њихове студије представљају детерминација и утврђивање учесталости појединачних *HVS-I* и *HVS-II* хаплотипова у испитиваном узорку. Аутори су у испитиваном узорку популације Војводине детектовали све мтДНК хаплогрупе које су карактеристичне за европске популације и установили да је најучесталија хаплогрупа *H* након које следе хаплогрупе *U*, *T* и *J* са интермедијарном учесталошћу [203]. Такође, уочена је и нешто већа учесталост хаплогрупе *W* у односу на распон учесталости који је добијен у другим европским популацијама.

## 2. ЦИЉЕВИ РАДА

Имајући у виду да српска популација насељава централни део Балканског полуострва за које је познато да је имало веома важну улогу током целокупне историје људских популација у Европи, у српској популацији се могу очекивати генетички трагови комплексних демографских процеса који су се одвијали на подручју Балкана током времена. Иако је варијабилност мтДНК као унипаренталног молекуларног маркера у популацији Србије до сада испитивана у неколико студија, још увек не постоји задовољавајући опис генског фонда популације Србије на нивоу мтДНК маркера, односно није у потпуности познат спектар и учесталост мтДНК хаплотипова у овој јужнословенској популацији. Такође, нису детаљно обрађени односи ове популације са осталим јужнословенским, словенским и другим европским популацијама. Стога се намеће потреба за детаљнијим истраживањем варијабилности мтДНК српске популације.

Предмет овог рада је испитивање варијабилности мтДНК у савременој популацији Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта и посебним освртом на генетичке, демографске и друге процесе који су довели до генезе савременог митохондријског генског пула.

У истраживањима која су представљена у овој тези постављени су следећи циљеви:

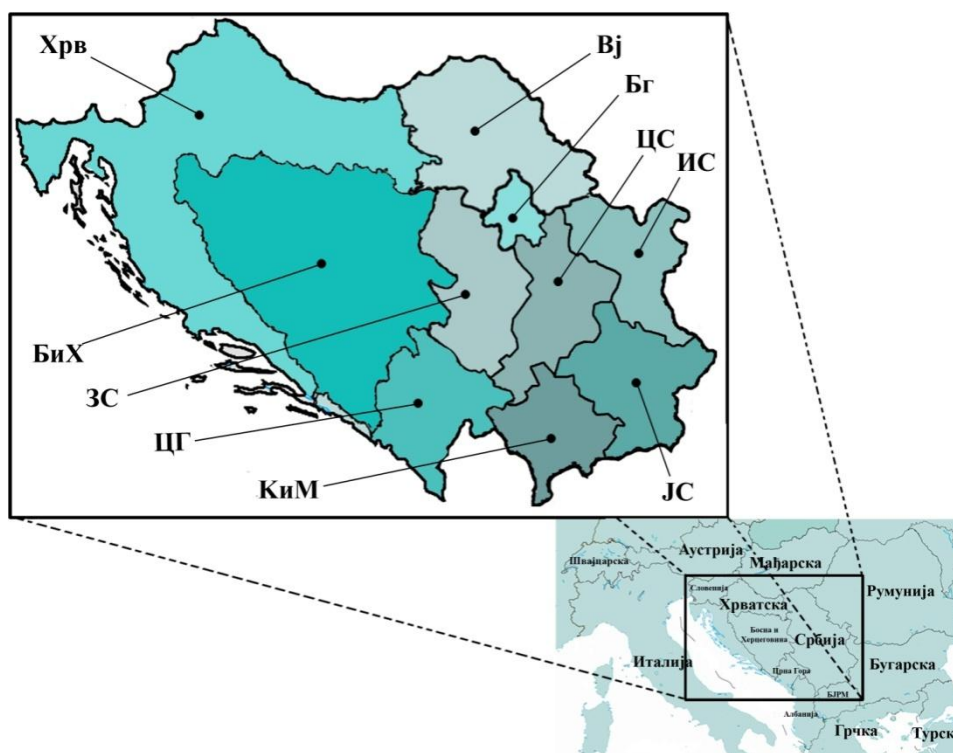
1. Утврђивање спектра и учесталости мтДНК (под)хаплогрупа у популацији Србије.
2. Анализа степена генетичке разноврсности мтДНК српске популације на основу варијабилности *HVS-I* и *HVS-II* региона мтДНК путем процене вредности следећих параметара: разноврсност хаплотипова, нуклеотидна разноврсност, број полиморфних места и средњи број разлика између парова хаплотипова.
3. Процена генетичке диференцијације (сличности и разлика) између српске и осталих европских популација на основу учесталости мтДНК (под)хаплогрупа (анализа главних компоненти) и варијабилности *HVS-I* и *HVS-II* региона (међупопулационе генетичке дистанце и анализа молекуларне варијансе) у испитиваним популацијама.

4. Утврђивање генеолошких односа хаплотипова детектованих у популацији Србије путем конструисања хаплотип мрежа применом методе „повезивање медијана“ (*engl. median-joining method*) и филогеографска анализа ретких хаплотипова уочених у популацији Србије.
5. Детектовање приватних хаплотипова у популацији Србије као и процентуалне заступљености мтДНК хаплотипова заједничких за српску и остале јужнословенске, словенске и друге европске популације.
6. Анализа еволуционих односа, старости и порекла потенцијално информативних и комплетно секвенцираних мтДНК линија у популацији Србије путем њихове филогенетске и филогеографске анализе заједно са комплетним митогеномима јединки из савремених, али и древних евроазијских популација доступних у базама података.
7. Утврђивање доприноса различитих миграција преко територије Балкана у успостављању садашњег обрасца варијабилности митохондријског генског пула популације Србије путем филогенетске и филогеографске анализе комплетно секвенцираних одабраних мтДНК детектованих у овој популацији.

### 3. МАТЕРИЈАЛ И МЕТОДЕ

#### 3.1. Узорак

У овом раду коришћен је репрезентативни узорак испитаника са територије Републике Србије чији су преци по женској линији из последње две генерације декларисаног српског етничитета и географског порекла са територије Републике Србије или осталих република бивше СФРЈ. Испитаници нису били у сродству, а узорковање (сакупљање ћелија букалне слузокоже и саливе) обављено је у периоду од 2012. до 2014. године. Укупан број испитаника је 172, од чега је 69 испитаника мушког пола и 103 женског пола. Географски региони Републике Србије и суседних држава из којих воде порекло женски преци друге генерације по мајчинској линији свих испитаника представљени су на Слици 3.1. Величине узорака за сваки од региона су представљене у Табели 3.1.



**Слика 3.1.** Мапа Републике Србије (подељена на седам географских региона) и суседних држава на којој је приказано географско порекло женских предака друге генерације по мајчинској линији узоркованих испитаника. Региони Србије: **Вј** – Војводина, **Бг** – Београд, **ЦС** – централна Србија, **ИС** – источна Србија, **ЈС** – јужна Србија, **КиМ** – Косово и Метохија, **ЗС** – западна Србија. Суседне државе: **Хрв** – Хрватска, **БиХ** – Босна и Херцеговина, **ЦГ** – Црна Гора.



**Табела 3.1.** Величина узорака по географским регионима Републике Србије и осталим републикама бивше СФРЈ из којих воде порекло женски преци друге генерације по мајчинској линији узоркованих испитаника

Географски регион	Број испитаника
Војводина	14
Београд	9
Западна Србија	41
Централна Србија	28
Источна Србија	16
Косово и Метохија	10
Јужна Србија	27
Црна Гора	9
Хрватска	11
Босна и Херцеговина	7
$\Sigma$	172

Сваки испитаник је био обавештен о циљевима студије и попунио је упитник о географском и етничком пореклу женског претка по мајчинској линији из последње две генерације. Коришћење узорака саливе и ћелија букалне слузокоже испитаника у овом истраживању одобрено је од стране Етичког одбора Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство Универзитета у Београду (одлука О-ЕО-003/2015/1) и у складу је са етичким начелима Хелсиншке декларације и Конвенције Савета Европе о људским правима и биомедицини.

За мета анализу су, поред података добијених анализом варијабилности мтДНК у испитиваном узорку српске популације, коришћени доступни подаци из литературе за 41 европску и једну блискоисточну популацију (Турска). Мета анализа је обухватила израчунавање параметара генетичке разноврсности, процењивање степена генетичке диференцијације између парова популација, анализу молекуларне варијансе, утврђивање приватних хаплотипова и хаплотипова који су дељени са осталим европским популацијама. За филогенетске реконструкције на основу комплетних митогенома коришћене су доступне комплетне секвенце пореклом из различитих европских, азијских и афричких популација, а које се сврставају у (под)хаплогрупе које су детектоване у српској популацији. Ови подаци су искоришћени за формирање неколико база података које су послужиле за популационо генетичке, филогеографске и филогенетске анализе:

1. База података мтДНК хаплотипова испитиваног узорка српске популације (172 испитаника) добијена анализом варијабилности *HVS-I* и *HVS- II* региона мтДНК (Табела 8.1, Прилог).

2. База података секвенци *HVS-I* региона (31978 јединки) и *HVS-I/HVS-II* региона (16413 јединки) у *FASTA* формату, која је коришћена за израчунавање параметара генетичке разноврсности, процењивање степена генетичке диференцијације између парова популација и анализу молекуларне варијансе (*AMOVA* - *eng. Analysis of Molecular Variance*). У Табели 8.2 (Прилог) приказане су величине узорака за сваку популацију.

3. База података која је коришћена за утврђивање учесталости мтДНК (под)хаплогрупа у различитим европским популацијама (укупно 33262 јединке из 42 популације; Табеле 8.3-8.5, Прилог).

4. База података *HVS-I* и *HVS-I/HVS- II* хаплотипова која је коришћена за утврђивање приватних хаплотипова и хаплотипова које српска популација дели са другим европским популацијама (34685 јединки). Списак хаплотипова и процентуалне заступљености хаплотипова заједничких са српском и осталим европским популацијама је приказан у Табелама 8.6 и 8.7, Прилога.

5. База комплетних секвенци мтДНК које припадају (под)хаплогрупама: *HV2*, *HV10*, *HV16*, *L2a1*, *D4*, *H5*, *H6*, *N1a*, *N1b*, *U1*, *U2*, *U3*, *U4*, *U5*, *U7*, *U8a* и *K* (1931 митогеном) која је коришћена за реконструкцију филогенија мтДНК хаплогрупа. Списак комплетних секвенци мтДНК коришћених у филогенетским анализама, њихови приступни бројеви (*eng. Acc. No. - Accession number*), порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).

### **3.2. Изолација ДНК**

За изолацију ДНК коришћене су ћелије букалне слузокоже, као и салива испитаника. Како би узорци садржали што мање нечистоћа, испитаници су замољени да не једу и не пуше 30 минута пре давања узорка. Такође, непосредно пре узорковања, испитаници су испирали усну дупљу водом.

### 3.2.1. Изолација ДНК из ћелија букалне слузокоже

ДНК из ћелија букалне слузокоже је изолована према протоколу *Sao* и сар. [204] који је модификован према методи *Kovacevic Grujicic* и сар. [205]. Узорци су узимани стерилним штапићем за брис гребањем букалне слузокоже око 30 секунди без додиривања зуба. Памучни делови штапића са ћелијама букалне слузокоже су преношени у микротубе од 1.5 ml у које је додавано 300  $\mu$ l пуфера за дигестију (100 mM Tris-HCl pH 8.0, 5 mM EDTA pH 8.0, 1% SDS) и протеиназа К у финалној концентрацији од 500  $\mu$ g/ml. Реакциона смеша је инкубирана преко ноћи на 37°C, уз непрекидно мешање. Следећег дана, реакционе смеше су додатно инкубирани 30 минута на 53°C, а затим је додавана једнака запремина смеше фенола, хлороформа и изоамил алкохола (25:24:1). Након вортексовања у трајању од 15 секунди, смеше су центрифугиране 5 минута на 13000 обр/мин. Водене фазе су затим пребачене у нове микротубе и поступак пречишћавања са смешом фенол:хлороформ:изоамил алкохол је поновљен. Водене фазе су затим пречишћене додавањем једнаке запремине смеше хлороформ:изоамил алкохола (24:1). Након овог корака, водене фазе су пребачене у нове микротубе и ДНК је преципитирана додавањем једне десетине запремине 3 M натријум ацетата (pH 5.2) и две запремине хладног етанола. Након инкубације од 30 минута на сувом леду (-80°C), ДНК је таложена центрифугирањем на 14000 обр/мин у трајању од 20 минута на +4°C. Талог ДНК је испиран најпре 70% етанолом, а потом и 96% етанолом. ДНК је растворена у 100  $\mu$ l ТЕ пуфера (10 mM Tris-Cl pH 8.0, 1 mM EDTA pH 8.0).

### 3.2.2. Изолација ДНК из саливе

ДНК из саливе је изолована према протоколу *Quinque* и сар. [206]. Салива је помешана са једнаком запремином пуфера за лизу (50 mM Tris-Cl pH 8.0, 50 mM EDTA, 50 mM сахароза, 100 mM NaCl, 1% SDS). У 2 ml екстракционе смеше коју чине салива и пуфер за лизу додата је протеиназа К у финалној концентрацији од 600  $\mu$ g/ml и 75  $\mu$ l 20% SDS. Реакциона смеша је инкубирана преко ноћи на 37°C, уз непрекидно мешање. Следећег дана, реакциона смеша је додатно инкубирана 30 минута на 53°C, а затим је додавано 400  $\mu$ l 5 M натријум хлорида. Након вортексовања, реакциона смеша је инкубирана 10 минута на леду. После

инкубације смеша је подељена на једнаке запремине у две микротубе и преципитирана 10 минутном инкубацијом са 800  $\mu$ l изопропанола. Након инкубације смеша је центрифугирана 15 минута на 13000 обр/мин. Талог ДНК је испиран 70% етанолом, а ДНК је растварана у 30  $\mu$ l ТЕ пуфера.

За мерење концентрације ДНК коришћен је спектрофотометар *NanoVue* (*GE Healthcare, Life Sciences*) према упутству произвођача.

### 3.3. Умножавање региона мтДНК од интереса

Метода ланчане реакције полимеразе коришћена је за умножавање региона мтДНК од интереса, односно, хиперваријабилних региона, *HVS-I* и *HVS-II*, као и одговарајућих фрагмената кодирајућег региона који садрже информативне тачкасте полиморфизме. За умножавање одговарајућих региона мтДНК *PCR* методом коришћен је апарат *2720 Thermal Cycler* (*Applied Biosystems*). Реакциона смеша за *PCR* је била састављена од 4-8 ng геномске ДНК као матрице, по 10 pmol директног и реверзног олигонуклеотида (обележени као *L* и *H* у Табели 3.3), 0.5  $\mu$ l 40 mM dNTP микса, 2.5  $\mu$ l 25 mM MgCl<sub>2</sub>, 2.5  $\mu$ l реакционог пуфера 10  $\times$  *Buffer B* (0.8 M Tris-HCl, 0.2 M (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 0.2% w/v Tween-20; *Solis BioDyne*), 0.2  $\mu$ l (1 U) *FIREpol*® ДНК полимеразе (*Solis BioDyne*) као и ddH<sub>2</sub>O до 25  $\mu$ l. Програм за *PCR* реакције је приказан у Табели 3.2. док су секвенце олигонуклеотида као и температуре ренатурације за парове олигонуклеотида приказани у Табели 3.3.

**Табела 3.2.** *PCR* програм коришћен за умножавање одговарајућих фрагмената контролног (*HVS-I* и *HVS-II*) и кодирајућег региона мтДНК

Корак	Почетна денатурација	Денатурација	Ренатурација	Елонгација	Завршна елонгација
Температура	94°C	94°C	X*	72°C	72°C
Трајање	5 мин	35 сек	35 сек	35 сек <sup>#</sup>	10 мин
Број циклуса	1	35			1

\*Температуре ренатурације за парове олигонуклеотида приказане су у Табели 3.3.

# За умножавање фрагмента који садржи *HVS-I* и *HVS-II* регион корак елонгације траје 1 минут

**Табела 3.3.** Списак олигонуклеотида коришћених за умножавање одговарајућих фрагмената контролног (*HVS-I* и *HVS-II*) и кодирајућег региона мтДНК, коришћене температуре за циклус ренатурације, величина *PCR* производа и места која препознају рестрикциони ензими коришћени за детектовање хаплогрупа које су тестиране у овој студији

Умножавани фрагмент	Секвенца олигонуклеотида	Температура ренатурације (°C)	Величина фрагмента (бп)	Референце
<i>HVS-I</i>	L16110 – 5' ATTCGTACATTACTGCCAG 3' H16401 – 5' TGATTTACGGAGGATGGTG 3'	56	330	[205] [207]
<i>HVS-I</i>	L15926 - 5' TCAAAGCTTACACCAGTCTTGTAACC 3' H16498 - 5' CCTGAAGTAGGAACCAGATG 3'	55	610	[208] [209]
<i>HVS-II</i>	L29 - 5' GGTCTATCACCCATTAAACCAC 3' H408 - 5' CTGTAAAAAGTGCATACCGCCA 3'	56	422	[210] [210]
<i>HVS-I/ HVS-II</i>	L15926 - 5' TCAAAGCTTACACCAGTCTTGTAACC 3' H408 - 5' CTGTAAAAAGTGCATACCGCCA 3'	55	1090	[208] [210]
Хаплогрупа/Рестрикциони полиморфизам	Секвенца олигонуклеотида	Температура ренатурације (°C)	Величина фрагмента (бп)	Референце
<i>R0</i> +11718 <i>HaeIII</i>	L11669 - 5' CTCGTAGTAACAGCCATTCTCATCC 3' H11720 - 5' TTGCTAGGCAGAATAGTAATGAGGATGTAGG 3' <sup>a</sup>	58	106	[211] [212]
<i>HV</i> -14766 <i>MseI</i>	L14757 - 5' AGAACACCAATGACCCCAAT 3' H14870 - 5' CCTGTGGTGATTTGGAGGAT 3'	51	152	[211] [211]
<i>H</i> -7025 <i>AluI</i>	L6968 - 5' CCGTAGGTGGCCTGACTGGC 3' H7052 - 5' TGATGGCAAATACAGTCCT 3'	55	123	[213] [213]
<i>V</i> -4577 <i>NlaIII</i>	L4550 - 5' CGCTAAGCTCGCACTGATTT 3' H4621 - 5' GATGGCAGCTTCTGTGGAAC 3'	52	110	[211] [211]
<i>X</i> +14465 <i>XmiI</i> ( <i>AccI</i> )	L14417 - 5' ACACTCACCAAGACCTCAA 3' H14514 - 5' GGGAGGTTATATGGGTTTAA 3'	52	135	[214] [214]
<i>J</i> -13704 <i>MvaI</i> ( <i>BstNI</i> )	L13640 - 5' TCACCCTAACAGGTCAACC 3' H13720 - 5' ATGAGAAATCCTGCGAATAG 3'	48	118	[214] [214]
<i>U</i> +12308 <i>HinfI</i>	L12337 - 5' CACAAGAAGCTGCTAACTCATGC 3' H12309 - 5' ATTACTTTTATTGGAGTTGCACCAAGATT 3' <sup>a</sup>	52	123	[215] [216]
<i>K</i> -9052 <i>HaeII</i>	L9020 - 5' ACGCCTAACCGCTAACATTAC 3' H9082 - 5' AGATGATAAGTGTAGAGGGAAG 3'	51	104	[214] [214]
<i>T</i> +15606 <i>AluI</i>	L15561 - 5' CCCACATCAAGCCCGAATG 3' H15625 - 5' GATGAGGATGGATAGTAATAGG 3'	51	104	[214] [214]
<i>W</i> -8994 <i>HaeIII</i>	L8927 - 5' TTCTTACCACAAGGCACACC 3' H9014 - 5' AGGTGGCCTGCAGTAATGT 3'	52	125	[215] [215]

**Табела 3.3.** Наставак

<b>I</b> -4529 <i>HaeII</i>	L4496 - 5' CTGGCCCAACCCGTCATC 3' H4556 - 5' GTTTATTTCTAGGCCTACTCAG 3'	52	99	дизајниран за ову студију дизајниран за ову студију
<b>N</b> +10871 <i>MnII</i>	L10850 - 5' AATCAACACAACCACCCACA 3' H10912 - 5' AGGAAAAGGTGGGGAACAG 3'	52	101	[211] [211]
<b>M</b> +10397 <i>AluI</i>	L10380 - 5' GTCTGGCCTATGAGTGACTAC 3' H10500 - 5' CCTAGAAGTGAGATGGTAAATGC 3'	52	163	[211] [211]
<b>L</b> +3592 <i>HpaI (KspAI)</i>	L3568 - 5' CGCTCTTCTACTATGAACCC 3' H3640 - 5' CAGAGGATTGAGTAAACGGC 3'	53	111	[211] [211]
<b>D</b> -5176 <i>AluI</i>	L5118 - 5' TTATCCTAACTACTACCGCATTC 3' H5202 - 5' GGGAGAGGAGGGTGGATGG 3'	54	126	[217] [211]

Олигонуклеотиди су обележени према номенклатури успостављеној у студији *Andrews* и сар. [50]. Директни олигонуклеотиди су обележени са *L*, реверзни са *H*, док бројеви означавају позиције 5' краја *L* олигонуклеотида односно 3' краја *H* олигонуклеотида у молекулу мтДНК.

-/+ означава одсуство или присуство одговарајућег рестрикционог места које је информативно/специфично за одговарајућу хаплогрупу мтДНК.

<sup>a</sup>Подвучени нуклеотиди унутар реверзних олигонуклеотида означавају нуклеотиде који су измењени у односу на референтну секвенцу *rCRS*. На тај начин омогућено је стварање *HaeIII* рестрикционог места уколико је присутна промена А у G на позицији 11719 у *ND4* гену, односно *HinfI* места уколико је присутна промена А у G на позицији 12308 у *tRNK<sup>Leu</sup>* гену.

### 3.3.1. Директно умножавање *HVS-I* и *HVS-II* региона из ћелија букалне слузокоже

За потребе анализе великог броја узорака у кратком временском периоду оптимизовани су услови за директно умножавање *HVS-I* и *HVS-II* региона из ћелија букалне слузокоже [205]. Овом приликом није изолована ДНК из ћелија већ су ћелије које су претходно сакупљене уз помоћ стерилних штапића ресуспендоване инкубацијом памучног дела штапића у 400  $\mu$ l 1  $\times$  PBS пуфера (*Phosphate buffered saline*; 137 mM NaCl, 2.7 mM KCl<sub>2</sub>, 10 mM Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, 2 mM KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>) у трајању од 20 минута. Ћелије су таложене центрифугирањем од 2 мин на 13000 обр/мин након чега је 380  $\mu$ l PBS уклоњено. Сакупљени ћелијски талог у 20  $\mu$ l PBS је чуван на +4°C и -20°C. За директно умножавање фрагмената *HVS-I* и *HVS-II* региона коришћени су олигонуклеотиди L16110/H16401 и L29/H408 (секвенце су приказане у Табели 3.3). Смеша за *PCR* је садржавала 1  $\mu$ l талоба ћелија букалне слузокоже, по 10 pmol директног и реверзног олигонуклеотида (*L* и *H*), 0.5  $\mu$ l 40 mM *dNTP* микса, 2.5  $\mu$ l 25 mM MgCl<sub>2</sub>, 2.5  $\mu$ l 10  $\times$  *Buffer B* (*Solis BioDyne*), 0.2  $\mu$ l (1 U) *FIREpol*® ДНК полимеразе (*Solis BioDyne*) и ddH<sub>2</sub>O до 25  $\mu$ l. Ослобађање ДНК из ћелија је постигнуто термалном лизом која се одвијала у три циклуса (97°C/2 мин, 55°C/3 мин) у реакционој смеси која је садржавала све компоненте осим ензима. Након корака термалне лизе, у *PCR* реакцију је додавана *FIREpol*® ДНК полимеразе и фрагменти су умножавани програмом приказаним у Табели 3.2.

### 3.3.2. Провера квалитета ДНК изолата и *PCR* продуката

Квалитет изоловане ДНК као и *PCR* продуката провераван је хоризонталном електрофорезом на геловима од агарозе, а у зависности од величине молекула ДНК које је требало раздвојити, концентрација агарозе је варирала од 0.8% до 4%. У гелове је пре полимеризације додаван етидијум бромид (EtBr) у финалној концентрацији од 0.5  $\mu$ g/ml. Етидијум бромид је флуоресцентна боја која интеркалира у молекуле ДНК и омогућава визуализацију ДНК под UV светлом. Као пуфер за електрофорезу и припремање гелова концентрације од 0.8-2% коришћен је 1  $\times$  TAE (*Tris-acetat-EDTA*) (40 mM Tris, 20 mM сирћетна киселина, 2 mM EDTA pH 8.0), док је за електрофорезу и припремање гелова концентрације

од 3-4% коришћен 1 × TBE (Tris-borat-EDTA) (89 mM Tris, 89 mM борна киселина, 2mM EDTA). Раздвајање молекула ДНК хоризонталном електрофорезом се одвијало при јачини струје од 100 mA и напону од 100 V. ДНК је визуализована осветљавањем гелова UV светлом таласне дужине од 312 nm. Гелови су фотографисани CCD камером са “BioDoc Analyse” (Biometra) система. За одређивање величине молекула ДНК коришћени су комерцијално доступни ДНК маркери величине *O’RangeRuler™ 50 bp DNA Ladder* и *GeneRuler™ 1 kb DNA Ladder (Fermentas)*.

### 3.4. Анализа мтДНК региона од интереса

Након умножавања одговарајућих фрагмената *HVS-I* и *HVS-II* региона, одређиван је примарни редослед нуклеотида Сангеровом методом секвенцирања путем терминације синтезе ланца уградњом дидезоксирибонуклеозид трифосфата. Умножени фрагменти кодирајућег региона мтДНК су коришћени за детекцију информативних тачкастих полиморфизама применом *PCR-RFLP* методе (eng. *Polymerase Chain Reaction – Restriction Fragment Length Polymorphism*, ланчана реакција полимеразе – полиморфизам величине рестрикционих фрагмената).

#### 3.4.1. Секвенцирање *HVS-I* и *HVS-II* региона

*HVS-I* и *HVS-II* региони умножени у ланчаној реакцији полимеразе секвенцирани су Сангеровом методом како би се утврдио примарни редослед нуклеотида. Током реакције секвенцирања, ДНК полимеразе на основу једноланчане матрице ДНК синтетише једноланчани комплементарни ланац коришћењем смеше дезоксирибонуклеотида и дидезоксирибонуклеотида [218]. Уградњом дидезоксирибонуклеотида који не поседује 3’-ОН групу на молекулу дезоксирибозе, а који је неопходан за елонгацију ланца ДНК, долази до заустављања синтезе комплементарног ланца. На овај начин се постиже синтеза серије једноланчаних фрагмената чија се дужина разликује за по један базни пар. Како је сваки од дидезоксирибонуклеотида обележен различитом флуоресцентном бојом, реакција секвенцирања и обележавања продуката се врше у једној реакцији. Детекцијом сигнала флуоресцентно обележених нуклеотида на



3' крајевима фрагмената ДНК растућих дужина утврђује се примарни редослед нуклеотида секвенце.

За секвенцирање фрагмената *HVS-I* и *HVS-II* региона коришћени су исти олигонуклеотиди као и за *PCR* (Табела 3.3.). Умножени фрагменти ДНК нису пречишћавани пре реакције секвенцирања. За секвенцирање фрагмената ДНК коришћен је кит *ABI PRISM® Big Dye® Terminator v3.1 Ready Reaction Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems)*. Реакција секвенцирања је садржала следеће компоненте: 8-12 ng ДНК матрице (умножени фрагменти *HVS-I* и *HVS-II* региона), 3.2 pmol олигонуклеотида, 2 µl *Ready Reaction Mix* као и ddH<sub>2</sub>O до 8 µl. Програм коришћен за реакцију секвенцирања приказан је у Табели 3.4.

**Табела 3.4.** *PCR* програм коришћен за секвенцирање *HVS-I* и *HVS-II* региона

Корак	Почетна денатурација	Денатурација	Ренатурација	Елонгација
Температура	96°C	96°C	50°C*	60°C
Трајање	1 мин	10 сек	5 сек	4 мин
Број циклуса	1	25		

\*За секвенцирање олигонуклеотидом Н408 коришћена је температура од 56°C

Након реакције секвенцирања, продукти реакције су пречишћавани преципитацијом у присуству натријум ацетата. У 8 µl смеше додавано је 40 µl раствора А (0.1M натријум ацетат рН 5.2, 78% етанол). Смеша је центрифугирана 10 минута на 13000 обр/мин. Након одливања супернатанта, талог је испиран два пута са по 200 µl хладног 70% етанола. Талог је након пречишћавања осушен и растваран вортексовањем у 25 µl *HiDi™ Formamide (Applied Biosystems)*. Продукти реакције су раздвајани капиларном електрофорезом у апарату за аутоматско секвенцирање 3130 *Genetic Analyzer (Applied Biosystems)*. За капиларну електрофорезу је коришћен полимер 3130 *POP-7™ Performance Optimized Polymer (Applied Biosystems)* и пуфер *Genetic Analyzer 10X Running Buffer with EDTA (Applied Biosystems)*. Након електрофорезе, примарни редослед нуклеотида је очитаван коришћењем програма *DNA Sequencing Analysis Software v5.2 Patch 2 (Applied Biosystems)* као и програма *Chromas LITE v2.1.1 (Technelysium Pty Ltd)*.

### 3.4.2. PCR-RFLP

Припадност сваког хаплотипа одређеној мтДНК хаплогрупи је, поред утврђивања секвенце *HVS-I* и *HVS-II* региона, одређивана и на основу присуства дијагностичких тачкастих полиморфизама у оквиру кодирајућег региона, који су детектовани *PCR-RFLP* методом. Ова метода се заснива на томе да постојање промене у секвенци кодирајућег региона прави ново или укида већ постојеће место препознавања за одговарајући рестрикциони ензим (рестрикционо место). Након *PCR* умножавања одговарајућег региона, добијени фрагменти су подвргнути деловању одговарајућих рестрикционих ензима, а затим је на основу величине фрагмената након рестрикционе дигестије утврђено присуство или одсуство рестрикционог места које је индикативно за анализирану мтДНК хаплогрупу.

У Табели 3.5. приказане су очекиване величине фрагмената анализираних делова контролног региона које се добијају у зависности од присуства/одсуства тачкастог полиморфизма специфичног за одређену мтДНК хаплогрупу. *PCR* фрагменти су сечени са укупно 3 јединице одговарајућег ензима. Сви рестрикциони ензими су коришћени према упутству произвођача (*Thermo Scientific*). Продукти дигестије *PCR* продуката рестрикционим ензимима су раздвајани хоризонталном електрофорезом на 2-4% геловима од агарозе у 1 × ТАЕ или 1 × ТВЕ пуферу.

**Табела 3.5.** Рестрикциони полиморфизми специфични за одговарајуће мтДНК хаплогрупе и очекиване величине продуката након рестрикционе дигестије умножених фрагмената кодирајућег региона мтДНК

Хаплогрупа	Рестрикциони полиморфизам	Величина <i>PCR</i> фрагмента (бп)	Величина фрагмената у присуству полиморфизма након дигестије (бп)	Величина фрагмената у одсуству полиморфизма након дигестије (бп)
<i>R0</i>	+11718 <i>HaeIII</i>	106	75 + 31	106
<i>HV</i>	-14766 <i>MseI</i>	152	102 + 46 + 4	102 + 29 + 17 + 4
<i>H</i>	-7025 <i>AluI</i>	123	108 + 15	78 + 30 + 15
<i>V</i>	-4577 <i>NlaIII</i>	110	110	60 + 50
<i>X</i>	+14465 <i>AccI</i>	135	68 + 67	135
<i>J</i>	-13704 <i>BstNI</i>	118	118	84 + 34
<i>U</i>	+12308 <i>HinfI</i>	123	93 + 30	123
<i>K</i>	-9052 <i>HaeII</i>	104	104	57 + 47
<i>T</i>	+15606 <i>AluI</i>	104	65 + 39	104
<i>W</i>	-8994 <i>HaeIII</i>	125	119 + 6	88 + 31 + 6
<i>I</i>	-4529 <i>HaeII</i>	99	99	55 + 44
<i>N</i>	+10871 <i>MnII</i>	101	51 + 50	101
<i>M</i>	+10397 <i>AluI</i>	163	124 + 39	163
<i>L</i>	+3592 <i>HpaI</i>	111	56 + 45	111
<i>D</i>	-5176 <i>AluI</i>	126	126	83 + 43

### 3.4.3. Секвенцирање целих молекула мтДНК

Утврђивање примарног редоследа нуклеотида комплетних молекула мтДНК урађено је према методи *Torroni* и сар. [58]. Укратко, комплетан молекул мтДНК је умножен у 11 преклапајућих фрагмената који су секвенцирани коришћењем 32 пара олигонуклеотида комплементарних одговарајућим фрагментима. Секвенце мтДНК које су поседовале транзицију Т у С на позицији 310, додатно су умножаване и секвенциране коришћењем пара олигонуклеотида L15878/H649 према методи *Brandstatter* и сар. [219]. Секвенцирање целих молекула мтДНК је урађено у Лабораторији за генетику која је под руководством др Бориса Малярчук-а из Института за биолошке проблеме севера Руске академије наука, Магадан, Русија. Комплетне секвенце мтДНК су објављене и депоноване у јавној бази података *GenBank* под следећим приступним бројевима KM096761-KM096763, KM096765-KM096781 и KT697997-KT698032.

### 3.5. Биоинформатичка обрада података

За анализу и обраду података коришћен је већи број програма различитих намена, као и различите базе података у којима су депоноване секвенце мтДНК молекула: *PhyloTree<sub>mt</sub>: mtDNA Tree Build 17* (<http://www.phylotree.org>), *mtDNACommunity* (<http://www.mtDNAcommunity.org>) и *EMPOP (EDNAP Mitochondrial DNA Population Database)*, <https://empop.online>.

#### 3.5.1. Анализа секвенци и одређивање мтДНК хаплотипова

У циљу детекције полиморфизама, добијене секвенце *HVS-I* и *HVS-II* региона поређене су са референтном секвенцом *rCRS* (NC\_012920) [50] коришћењем програма *BLAST* који је доступан у јавној бази података *NCBI* ([http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE\\_TYPE=BlastSearch&LINK\\_LOC=blasthome](http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome)). Детектоване варијанте су именоване према важећој номенклатури доступној у базама *PhyloTree<sub>mt</sub> (mtDNA tree Build 17,* <http://www.phylotree.org>) [16] и *mtDNA Community* (<http://www.mtDNAcommunity.org>) [220]. На основу разлика детектованих у *HVS-I*, *HVS-II* и кодирајућем региону у односу на *rCRS*, а према *PhyloTree<sub>mt</sub>* и *mtDNA Community*, хаплотипови су сврстани у одговарајуће хаплогрупе. Сврставање

хаплотипова у одговарајуће хаплогрупе додатно је потврђено коришћењем програма за предвиђање хаплогрупа, *mtDNAmanager* (<http://mtmanager.yonsei.ac.kr>) [221] и *HaploGrep2* (<http://haplogrep.uibk.ac.at>) [222].

Подаци о варијабилности мтДНК за људске популације су, у зависности од публикације, доступни у различитим облицима. Тако се у литератури могу наћи подаци у виду: учесталости хаплогрупа, пријављених полиморфизама за сваку појединачну јединку (хаплотипови) или *FASTA* секвенци. Како би се овако различити подаци могли користити заједно, било је неопходно претворити их у исти формат. За формирање база података истог формата коришћени су следећи програми:

- *mtDNAmanager* и *HaploGrep2* програми су коришћени за предвиђање хаплогрупе на основу хаплотипа као улазног податка,
- *HaPLoSearch* (<http://www.haPLoSite.com/haPLoSearch>) програм [223] је коришћен за добијање хаплотипа на основу *FASTA* секвенце као улазног податка,
- *FASTmtDNA* програм је коришћен за реконструкцију *FASTA* секвенце на основу хаплотипа као улазног податка.

Коришћењем наведених програма и доступних литературних података направљене су базе података за нашу и остале европске популације које су коришћене за даљу статистичку обраду. За анализе узорка становништва Републике, поред података генерисаних у овом раду, коришћени су и доступни подаци из литературе [163, 197, 203]:

- За утврђивање учесталости мтДНК хаплогрупа, величина узорка за српску популацију је била 442 особе (Табела 8.5, Прилог)
- За базу података која је садржавала хаплотипове и *FASTA* секвенце, величина узорка за српску популацију је била 317 особа, како за базу података која је садржавала *HVS-I* секвенце, тако и за базу података која је садржавала *HVS-I* и *HVS-II* секвенце. Хаплотипови су приказани у Табелама 8.6 и 8.7 (Прилог).

### 3.5.2. Генетичка разноврсност, генетичка диференцијација, филогеографија и филогенија

#### 3.5.2.1. Параметри генетичке разноврсности

Секвенце *HVS-I* и *HVS-II* региона у *FASTA* формату коришћене су за процену параметара генетичке разноврсности у програму *Arlequin ver3.5.2.2*. [224]. Све секвенце у *FASTA* формату су сведене на исту дужину (у односу на најкраћу доступну секвенцу) како би могле међусобно да се пореде. Стога су у анализама коришћене секвенце *HVS-I* региона од нуклеотидне позиције 16024 до 16365, као и *HVS-II* регион од нуклеотидне позиције 72 до 340. На основу ових секвенци процењени су следећи параметри генетичке разноврсности:

*а) Број хаплотипова ( $H_p$ )*

Број хаплотипова је утврђен пребројавањем детектованих хаплотипова у узорку.

*б) Разноврсност хаплотипова ( $H$ )*

Разноврсност хаплотипова је еквивалент параметру очекиване хетерозиготности за диплоидне локусе [225]. Вредност овог параметра представља вероватноћу да се два случајно одабрана хаплотипа међусобно разликују. Разноврсност хаплотипова се процењује према формули:

$$H = \frac{n}{n-1} \left( 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2 \right)$$

$n$  – величина узорка

$k$  – број хаплотипова

$p_i$  – учесталост  $i$ -тог хаплотипа

Варијанса се рачуна према формули:

$$V(H) = \frac{2}{n(n-1)} \left\{ 2(n-2) \left[ \sum_{i=1}^k p_i^3 - \left( \sum_{i=1}^k p_i^2 \right)^2 \right] + \sum_{i=1}^k p_i^2 - \left( \sum_{i=1}^k p_i^2 \right)^2 \right\}$$

Стандардна девијација се рачуна према формули:

$$s. d. (H) = \sqrt{V(H)}$$

в) Број полиморфних места

Овај параметар представља број нуклеотидних позиција у односу на укупан број коришћених позиција који имају више од једног алела по позицији. Овај параметар се израчунава једноставним пребројавањем полиморфних места и њиховим представљањем у односу на укупан број позиција.

г) Нуклеотидна разноврсност ( $\hat{\pi}_n$ )

Овај параметар представља вероватноћу да су два случајно одабрана хомологна места (нуклеотидна позиција или *RFLP* место) различита [225, 226], и еквивалентан је параметру којим се описује ниво генетичког диверзитета за диплоидне локусе.

$$\hat{\pi}_n = \frac{\sum_{i=1}^k \sum_{j<i} p_i p_j \hat{d}_{ij}}{L}$$

$L$  – за хапloidне маркере има вредност 1

$n$  – величина узорка

$k$  – број хаплотипова

$p_i, p_j$  – учесталост  $i$ -тог и  $j$ -тог хаплотипа

$\hat{d}_{ij}$  – је процена броја мутација које су се догодиле након раздвајања хаплотипова  $i$  и  $j$ .

Варијанса се рачуна према формули:

$$V(\hat{\pi}_n) = \frac{n+1}{3(n-1)L} \hat{\pi}_n + \frac{2(n^2+n+3)}{9n(n-1)} \hat{\pi}_n^2$$

Стандардна девијација се рачуна према формули:

$$s. d. (\hat{\pi}_n) = \sqrt{V(\hat{\pi}_n)}$$

д) Средњи број разлика између парова хаплотипова ( $\pi$ )

Овај параметар представља средњу вредност разлика између свих парова хаплотипова у узорку [226, 227]. Рачуна се према формули:

$$\hat{\pi} = \frac{n}{n-1} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^k p_i p_j \hat{d}_{ij}$$

$n$  – величина узорка

$k$  – број хаплотипова

$p_i, p_j$  – учесталост  $i$ -тог и  $j$ -тог хаплотипа

$\hat{d}_{ij}$  – је процена броја мутација које су се догодиле након раздвајања хаплотипова  $i$  и  $j$ .

Укупна варијанса (под условом да нема рекомбинација и подразумевајући селективну неутралност) се рачуна према формули:

$$V(\hat{\pi}) = \frac{3n(n+1)\hat{\pi} + 2(n^2 + n + 3)\hat{\pi}^2}{11(n^2 - 7n + 6)}$$

Стандардна девијација се рачуна према формули:

$$s. d. (\hat{\pi}) = \sqrt{V(\hat{\pi})}$$

### 3.5.2.2. Генетичка структура популација

У циљу утврђивања генетичке структуре (односа) популација коришћено је неколико метода. Европске популације су поређене на основу разлика у учесталостима мтДНК хаплогрупа методом анализе главних компоненти. За утврђивање генетичких дистанци између анализираних европских популација коришћене су *FASTA* секвенце.

#### 3.5.2.2.1. Анализа главних компоненти (PCA)

Метода анализе главних компоненти (*PCA* – *eng. Principal Component Analysis*) коришћена је за утврђивање генетичке сличности или различитости између анализираних популација. Ова метода се заснива на редуковању димензионалности скупа података који садрже велики број међусобно повезаних променљивих на начин да се обухвати што већа укупна варијабилност података. Главне компоненте (*PC* – *eng. Principal Components*) представљају израчунат нови скуп некорелираних променљивих тако да првих неколико главних компоненти обухвата највећи део варијансе садржане у оригиналним променљивим.

За *PC* анализу, која је обављена у програму *PAST3 (Paleontological Statistics ver. 3.0)* [228], коришћене су стандардизоване учесталости мтДНК хаплогрупа у анализираним популацијама. Стандардизација учесталости (под)хаплогрупа је урађена према методи *Richards* и сар. [229] како би се превазишли различити ефекти генетичког дрефта на (под)хаплогрупе које се одликују различитим учесталостима. Стандардизација је урађена према следећој формули:

$$\frac{p_{ij} - P_i}{\sqrt{P_i(1 - P_i)}}$$

$p_{ij}$  – учесталост  $i$ -те (под)хаплогрупе у  $j$ -тој популацији,

$P_i$  – средња вредност учесталости (под)хаплогрупе у укупном узорку популација.

Урађене су три *PC* анализе са различитим сетовима података. С обзиром да се у различитим студијама не користе исти испитаници из једне популације, потребно је упоредити све узорке (субпопулације) једне исте популације које су коришћене у различитим студијама. Стога је у првој *PC* анализи поређено 12 субпопулација пореклом из 5 популација које припадају јужнословенској групи (популације Србије, Хрватске, Словеније, Македоније и Босне и Херцеговине) са циљем утврђивања генетичке сличности/различитости различитих субпопулација (узорака) исте популације (Табела 8.2, Прилог). Сви доступни подаци из различитих студија о субпопулацијама једне популације су обједињени и коришћени као репрезентативан узорак дате популације у наредним *PC* анализама. На тај начин поређено је 20 популација (српска и 19 одабраних популација) са циљем утврђивања међусобних односа анализираних популација (Табела 8.3, Прилог). Трећа *PC* анализа је обухватила 42 европске популације (укључујући и српску популацију) како би се утврдили међусобни односи свих европских популација (Табела 8.3, Прилог). У свим *PC* анализама, популације су позициониране у дводимензионалним графицима дефинисаним са 2 од прве 3 осе, које објашњавају највећи проценат варијабилности. На основу позиционирања популација у дводимензионалним графицима, утврђена је генетичка сличност односно различитост испитиваних популација. Положај популација на добијеном графику (слици) је корелисан са њиховим стварним географским положајем



коришћењем доступне функције у *EXCEL*-у која рачуна коефицијент корелације –  $r$ . Географски положај популација представља географски центар држава који је дефинисан географском ширином и дужином. Статистичка значајност везе између две непрекидне променљиве је тестирана Студентовим  $t$  тестом у *EXCEL* програму.

#### **3.5.2.2.2. Генетичке дистанце између парова популација**

Генетичке разлике између парова популација се изражавају параметром  $F_{ST}$  који представља индекс фиксације и има вредности између 0-1 [230, 231]. Овај параметар се може сматрати и мером генетичке дистанце између популација. Вредност  $F_{ST}$  од 0 означава да не постоје генетичке разлике између поређених популација, док вредност  $F_{ST}$  од 1 означава да су две популације генетички потпуно диференциране (дивергентне) и не поседују заједничке алеле. За ову анализу су коришћене секвенце контролног региона (*HVS-I* и *HVS-I/HVS-II*) у *FASTA* формату које су сведене на исту дужину (у односу на најкраћу доступну секвенцу). За процену генетичке дистанце између парова популација коришћен је програм *Arlequin ver 3.5.2.2.* [224]. Добијена је матрица генетичких дистанци између парова популација која је визуализована методом неметричког вишедимензионог скалирања (*MDS, eng. – non-metric Multi Dimensional Scaling*). За конструкцију *MDS* графика је коришћен програм *PAST3* у који је имплементиран алгоритам који су развили *Taguchi* и *Oono* [232].

#### **3.5.2.2.3. Анализа молекуларне варијансе (AMOVA)**

Генетичка структура популација је процењена и применом анализе молекуларне варијансе (*AMOVA*) која је обављена коришћењем програма *Arlequin ver3.5.2.2.* [224]. За ову анализу су коришћени исти подаци као и за процену генетичке дистанце (секвенце *HVS-I* региона у *FASTA* формату). *AMOVA* представља један од начина анализе варијансе фреквенције алела код којег се као генетичка дистанца користи број разлика између анализираних хаплотипова, који се најпре мора проценити. Укупна молекуларна варијанса ( $\sigma^2$ ) се дели на три компоненте: коваријансу која потиче од разлика између хаплотипова унутар популације ( $\sigma_c^2$ ), коваријансу која потиче од разлика између хаплотипова у

различитим популацијама ( $\sigma_b^2$ ), и коваријансу која потиче од разлика између задатих група ( $G$ ) популација ( $\sigma_a^2$ ). Три групе популација, оформљених на основу припадности породицама сродних језика (јужно-, источно- и западнословенска група популација), коришћене су за прву хијерархијску *AMOVA* анализу. У другу анализу су, поред ове три групе популација, укључене још три групе које припадају породицама несловенских језика (германска, романска и група названа „остали“ у коју су сврстане албанска, турска, грчка и мађарска популација). У овим хијерархијским *AMOVA* анализама, у којима је предефинисано више група популација, укупна молекуларна варијанса је подељена на три компоненте: између група ( $F_{CT}$ ), између популација у оквиру сваке групе ( $F_{SC}$ ) и унутар популација ( $F_{ST}$ ).

#### Хијерархијска *AMOVA*

Извор варијабилности	Степени слободе	Сума квадрата (SSD)	Очекивана вредност коваријанси
Између група	$G - 1$	$SSD$ (ИГ)	$n''\sigma_a^2 + n'\sigma_b^2 + \sigma_c^2$
Између популација/Унутар група	$P - G$	$SSD$ (ИП/УГ)	$n\sigma_b^2 + \sigma_c^2$
Унутар популација	$N - P$	$SSD$ (УП)	$\sigma_c^2$
Укупна	$N - 1$	$SSD$ (Т)	$\sigma_T^2$

$$S_G = \sum_{g \in G} \sum_{p \in G} \frac{N_p^2}{N_g}$$

$$n = \frac{N - S_G}{P - G}$$

$$n' = \frac{S_G - \sum_{p \in P} \frac{N_p^2}{N}}{G - 1}, \quad n'' = \frac{N - \sum_{g \in G} \frac{N_g^2}{N}}{G - 1}$$

$$F_{CT} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_T^2}, \quad F_{SC} = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_b^2 + \sigma_c^2}, \quad F_{ST} = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_b^2}{\sigma_T^2}$$

$SSD(ИГ)$  – сума квадратних одступања између група,

$SSD$  (ИП/УГ) – сума квадратних одступања између популација, а унутар група,

$SSD$  (УП) – сума квадратних одступања унутар популација,

$SSD$  (Т) – укупна сума квадратних одступања,

$G$  – број дефинисаних група,

$P$  – укупан број анализираних популација,

$N$  – величина узорка,

$N_p$  – величина узорка у популацији  $p$ ,

$N_g$  – величина узорка у групи.

Статистичка значајност  $\sigma_c^2$  и  $F_{ST}$  је утврђена пермутацијама хаплотипова између популација и између група. Статистичка значајност  $\sigma_b^2$  и  $F_{SC}$  је утврђена пермутацијама хаплотипова између популација, а унутар група. Статистичка значајност  $\sigma_a^2$  и  $F_{CT}$  је утврђена пермутацијама хаплотипова између група.

### 3.5.2.3. Филогеографска анализа

Филогеографија се бави истраживањем еволуционе историје гена (хомологних локуса ДНК) путем утврђивања географске дистрибуције генеолошки структуриране генетичке варијабилности у испитиваном узорку. Генеологија гена се најчешће приказује у виду мреже, која се другачије зове и хаплотип стабло. Хаплотип стабло представља еволуциону реконструкцију генеолошке структуре генетичке варијације која се детектује у узорку хомологих гена или ДНК секвенци које не подлежу рекомбинацијама или су се рекомбиновале у веома малом степену. До формирања филогеографске структуре долази услед географске изолованости субпопулација и акумулирања мутација у одређеним ДНК регионима током времена. Уколико нема протока гена између субпопулација, временом долази до локализовања сродних хаплотипова у одређеном географском региону. Поклапање генеолошке структуре и географске дистрибуције линија (групе сродних хаплотипова) ће се јавити када су блиско сродни хаплотипови груписани заједно у простору, један близу другог, и просторно изоловани од других хаплотипова који су им мање сродни. Непоклапање генеолошке структуре и географске дистрибуције линија (групе сродних хаплотипова) јесте последица груписања несродних хаплотипова у

простору. На основу поклапања или непоклапања генеолошке структуре и географске дистрибуције линија, изводе се закључци о историјским, генетичким и другим процесима који су деловали на популације током времена и довели до њихове садашње генетичке структуре.

Генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији, као и генеолошки односи хаплотипова у оквиру појединачних хаплогрупа, утврђени су коришћењем програма *Network ver. 5 (Fluxus Technology)* применом методе повезивања медијана (*median-joining, MJ* алгоритам). На добијеним мрежама се разликују изворни/предачки (у центру стабла) и изведени хаплотипови (вршни) представљени круговима, а величина кругова које заузимају одређени хаплотипови је пропорционална броју хаплотипова. На мрежи се могу представити и хипотетички хаплотипови као мали кругови. То су хаплотипови који нису детектовани у анализираном узорку, али се њихово постојање мора претпоставити како би се објаснио настанак појединих хаплотипова. При конструисању филогеографских мрежа, транзицијама је додељена различита вредност у зависности од нуклеотидне позиције, односно стопе којом та позиција мутира [28, 233]. „Врућим“ мутационим местима су додељене мање тежине у односу на позиције које спорије мутирају (Табела 3.6.). Трансверзијама и транзицијама у оквиру кодирајућег региона додељена је вредност 8, док је делецијама додељена вредност 10. Инсерције и делеције на позицијама од 16180–16193 и 303–315 су искључене из ове анализе.

**Табела 3.6.** Вредности тежина транзиција за различите нуклеотидне позиције у оквиру мтДНК

Додељена тежина	Нуклеотидна позиција (нп)
1	73, 146, 152, 195, 204, 16093, 16129, 16189, 16311, 16362
2	143, 153, 185, 188, 189, 199, 228, 295, 16051, 16126, 16145, 16168, 16172, 16184, 16192, 16209, 16218, 16223, 16256, 16261, 16278, 16291, 16293, 16294, 16304, 16320, 16325
4	све друге транзиције на позицијама 72-340, 16024-16383 и 16482
8	7028, 11719, 12308

С обзиром да се у филогеографској анализи хаплотипови посматрају независно од јединки, постоји могућност да један хаплотип може настати преко два алтернативна пута, што се представља ретикулацијом. Стога је након

конструисања мреже, применом *MJ* алгоритма, могуће извести додатну обраду мреже коришћењем методе максималне парсимоније (МП) чиме се елиминишу ретикулације и друге недоследности. За разлику од филогеографске мреже која може имати ретикулације, оне нису могуће у филогенетским стаблима, код којих један хаплотип представља једну јединку.

Након утврђивања генеолошке структуре хаплотипова, посматрана је њихова просторна дистрибуција, односно утврђивано је да ли су генеолошки повезани хаплотипови груписани заједно у простору или не. У случају да су блиско сродни хаплотипови груписани заједно у простору и просторно изоловани од осталих мање сродних хаплотипова, овакав образац указује на ограничен проток гена и релативно стабилну структуру током времена. Када популација није панмиктична, нова мутација ће остати локализована у простору. Генеолошка неповезаност хаплотипова у простору може да укаже на савремени проток гена између популација или опстанак предачких полиморфизама који су диференцијално сортирани током дивергенције популација. О којем од ова два процеса се ради, може се закључити на основу положаја хаплотипова који одступају од очекиване географске расподеле хаплотипова у хаплотип мрежи. Ако се хаплотип који одступа налази ближе предачком хаплотипу, односно ако је настао пре дивергенције популација, то је сигнал да се вероватно ради о опстанку предачких полиморфизама, а не о савременом протоку гена. У супротном, ако се хаплотип који одступа налази на периферији мреже, онда се његово присуство у некој популацији може објаснити савременим протоком гена. Филогеографска анализа је урађена за (под)хаплогрупе *R0a*, *N1a*, *N1b*, *I1*, *I5*, *W*, *X2b*, *HV2*, и *L2a1*.

#### **3.5.2.4. Филогенија**

Комплетне митогеномске секвенце коришћене су за филогенетске реконструкције коришћењем програма *mtPhyl ver. 4.015* (<http://eltsov.org>). Делације, инсерције и трансверзије на позицијама између 16180–16193 и 303–315 су искључене из филогенетске анализе и нису коришћене за процену старости (под)хаплогрупа.

Старост одабраних мтДНК (под)хаплогрупа је процењивана преко  $\rho$  (*rho*) параметра који представља просечан број нуклеотидних разлика између сета

секвенци и одређене предачке секвенце која представља њиховог последњег заједничког претка. Стога је за утврђивање  $\rho$  параметра важна топологија укорененог стабла, а  $\rho$  параметар се рачуна према следећој формули [59]:

$$\rho = \sum_{i=1}^m \left(\frac{n_i}{n}\right) \rho_i$$

$\rho_i$  – просечан број нуклеотидних разлика до последњег заједничког претка групе секвенци (субпопулација),

$n_i$  – број секвенци у субпопулацији  $i$ ,

$n$  – укупан број секвенци у узорку,

$m$  – број субпопулација.

Процењено време настанка (под)хаплогрупа се добија множењем  $\rho$  вредности са одабраном стопом мутација која је различита за различите регионе мтДНК. Старост одабраних мтДНК (под)хаплогрупа је процењивана на три различита начина, односно узимајући у обзир:

- Само кодирајући регион и стопу замене једне базе у кодирајућем региону (између нуклеотидних позиција 577–16023) на сваких 4610 година [62],
- Синонимне мутације и стопу синонимних замена једне базе на сваких 7884 година [28],
- Комплетан митогеном и стопу замене једне базе у комплетном митогену на сваких 3624 година [28].

Хаплогрупе и подхаплогрупе (постојеће и ново-дефинисане) у реконструисаним филогенетским стаблима су именоване према важећој номенклатури (*PhyloTree<sub>mt</sub> Build17*, [15, 133, 145, 234]).

## 4. РЕЗУЛТАТИ

### 4.1. Генетичка разноврсност испитиваних популација

#### 4.1.1. Спектар и учесталост мтДНК (под)хаплогрупа у популацији Србије

Први корак у анализи савременог митохондријског генског фонда становништва Републике Србије био је утврђивање учесталости мтДНК (под)хаплогрупа у узорку од 172 испитаника који је детаљно описан у поглављу 3.5.1. На основу полиморфизама у оквиру кодирајућег, *HVS-I* и *HVS-II* региона мтДНК, сваки хаплотип је сврстан у одговарајућу мтДНК (под)хаплогрупу, при чему су инсерције и делеције на нуклеотидним позицијама 16180–16193 и 303–315 искључене из ове анализе. Списак детектованих хаплотипова је приказан у Табели 8.1 (Прилог). У испитиваном узорку детектован је 121 различит хаплотип који су сврстани у 55 различитих мтДНК (под)хаплогрупа.

У узорку српске популације, који је анализиран у овом раду, детектоване су све мтДНК хаплогрупе карактеристичне за европски континент (Табела 4.1). Учесталости мтДНК (под)хаплогрупа у српској популацији налазе се у распону учесталости одговарајућих (под)хаплогрупа у осталим европским популацијама (Табела 8.5, Прилог). Најучесталија европска хаплогрупа, хаплогрупа *H*, заступљена је у анализираном узорку са учесталошћу од 50%. У оквиру хаплогрупе *H*, у анализираном узорку српске популације је 18.61% хаплотипова могло бити сврстано у одговарајуће подхаплогрупе на основу полиморфизама *HVS-I* и *HVS-II* региона. Највећи проценат детектованих хаплотипова припада подхаплогрупи *H5* (учесталост од 5.23%), затим подхаплогрупи *H1* (*H1b* и *H1o* – учесталост од 3.49%), док су хаплотипови подхаплогрупа *H2* (*H2a* и *H2b*), *H6* и *H11* приближно подједнако заступљени (учесталости од 2.91%, 2.33% и 2.13%, респективно) (Табела 8.1, Прилог). Такође, поједини хаплотипови хаплогрупе *H* сврстани су у подхаплогрупе *H8*, *H9a* и *H12* (учесталости од 0.58%, 1.74% и 0.58% респективно) (Табела 8.1, Прилог). Међутим, 31.39% хаплотипова у анализираном узорку српске популације, који припадају хаплогрупи *H*, нису могли бити сврстани ни у једну од подхаплогрупа због тога што би то захтевало анализу великог броја полиморфизама у оквиру кодирајућег региона мтДНК.

У анализираном узорку су детектоване и (под)хаплогрупе *HV*, *HV0*, *V* и *R0a* које су блиско сродне хаплогрупи *H* и заједно са њом припадају суперхаплогрупи *R0* у оквиру које је хаплогрупа *H* најзаступљенија. Ове хаплогрупе су у европским популацијама, као и у анализираном узорку српске популације, заступљене са ниским учесталостима. У анализираном узорку српске популације, хаплогрупе *HV0* и *R0a* су подједнако заступљене (учесталости од 0.58%), док су хаплогрупе *HV* и *V* заступљене са учесталостима од 2.91% и 1.74%, респективно.

**Табела 4.1.** Учесталост мтДНК (под)хаплогрупа детектованих у српској популацији

(Под)хаплогрупа	Узорак из ове студије		Обједињени узорак <sup>а</sup>	
	<i>N</i>	Учесталост (%)	<i>N</i>	Учесталост (%)
<i>H</i>	86	50.00	196	44.34
<i>HV</i>	5	2.91	7	1.58
<i>HV0</i>	1	0.58	5	1.13
<i>V</i>	3	1.74	13	2.94
<i>R0a</i>	1	0.58	2	0.45
<i>J</i>	14	8.14	42	9.50
<i>T</i>	8	4.65	25	5.66
<i>U*</i>	/	/	2	0.45
<i>U1</i>	2	1.16	2	0.45
<i>U2</i>	2	1.16	7	1.58
<i>U3</i>	2	1.16	4	0.90
<i>U4</i>	12	6.98	27	6.11
<i>U5</i>	9	5.23	30	6.79
<i>U7</i>	1	0.58	3	0.68
<i>U8a</i>	1	0.58	2	0.45
<i>K</i>	11	6.40	24	5.43
<i>N*</i>	/	/	2	0.45
<i>N1a</i>	2	1.16	5	1.13
<i>N1b</i>	2	1.16	6	1.36
<i>I</i>	1	0.58	7	1.58
<i>W</i>	4	2.33	15	3.39
<i>X2</i>	3	1.74	4	0.90
<i>L</i>	1	0.58	2	0.45
<i>D4</i>	1	0.58	5	1.13
<i>A</i>	/	/	1	0.23
<i>B</i>	/	/	1	0.23
<i>R</i>	/	/	3	0.68
Укупно	172	100.00	442	100.00

<sup>а</sup>Обједињени узорак чини узорак испитиван у овом раду заједно са свим доступним подацима из литературе који се односе на учесталост мтДНК (под)хаплогрупа у популацији Србије (Табела 8.5, Прилог)

Друга по заступљености хаплогрупа, како у Европи тако и у анализираном узорку српске популације, јесте суперхаплогрупа *U* у оквиру које су најзаступљеније подхаплогрупе *U4* и *U5* (Табела 4.1). У оквиру ове две подхаплогрупе детектовани су хаплотипови који припадају подкладама *U4a* (2.33%), *U4c* (1.74%), *U5a* (2.91%) и *U5b* (2.33%) (Табела 8.1, Прилог) које су заступљене и у осталим европским популацијама.



У оквиру подхаплогрупе *U8*, у анализираном узорку српске популације детектован је хаплотип који припада подклади *U8a* која је и у осталим европским популацијама заступљена са ниском учесталашћу, као и хаплотипови који припадају хаплогрупи *K* која представља најзаступљенију сестринску кладу подхаплогрупе *U8b*. У анализираном узорку српске популације, подхаплогрупа *U8a* је заступљена са учесталашћу од 0.56%, док је хаплогрупа *K* заступљена са учесталашћу од 6.40% обухватајући хаплотипове који су на основу полиморфизама *HVS-I* и *HVS-II* региона сврстани у подхаплогрупе *K1a\** (1.16%), *K1b* (2.91%) и *K2* (0.58%) (Табела 8.1, Прилог). Остале детектоване подхаплогрупе у оквиру суперхаплогрупе *U* - *U1*, *U2*, *U3* и *U7* заступљене су са ниским учесталостима, што је у сагласности са подацима који постоје за остале европске популације (Табела 8.5, Прилог). Подхаплогрупе *U1a*, *U2e* и *U3a* су у анализираном узорку српске популације присутне са учесталашћу од 1.16%, док је подхаплогрупа *U7* заступљена са учесталашћу од 0.58% (Табела 8.1, Прилог).

Трећа по учесталости у анализираном узорку српске популације је хаплогрупа *J* која је представљена хаплотиповима сврстаним у подхаплогрупе *J1c* (4.07%), *J1b* (2.91%) и *J2* (1.16%) (Табела 8.1, Прилог).

Хаплогрупа *T* обухвата 4.65% анализираног узорка српске популације и у оквиру ње су детектовани хаплотипови подхаплогрупа *T1* (2.33%) и *T2* (1.74%) (Табела 8.1, Прилог). Као и у случају хаплогрупе *H*, у оквиру хаплогрупа *K* и *T* детектовани су хаплотипови који нису могли бити сврстани у одговарајуће подхаплогрупе на основу анализираних полиморфизама *HVS-I* и *HVS-II* региона (Табела 8.1, Прилог).

У анализираном узорку српске популације су са ниском учесталашћу детектоване и (под)хаплогрупе које су присутне са ниском учесталашћу у Европи и воде директно порекло од суперхаплогрупе *N* (*N1a*, *N1b*, *I*, *W* и *X2*). Детектована су и два хаплотипа која припадају неевропским подхаплогрупама *L2a1* и *D4* (Табела 8.1, Прилог). *L* и *D* мтДНК линије су присутне у већини европских популација са ниском учесталашћу.

Учесталости мтДНК (под)хаплогрупа у обједињеном узорку српске популације (442 особе), који је добијен сумирањем података из овог рада са осталим доступним подацима из литературе и који је коришћен у даљим

анализама, такође је представљен у Табели 4.1. Учесталости мтДНК (под)хаплогрупа добијене на основу овог увећаног узорка српске популације незнатно се разликују од оних добијених на основу узорка од 172 испитаника.

#### **4.1.2. Параметри генетичке разноврсности испитиваних популација**

У циљу утврђивања степена генетичке разноврсности на нивоу мтДНК за српску популацију, процењене су вредности различитих параметара описаних у поглављу 3.5.2.1. Такође, исти параметри су израчунати и за остале европске популације у циљу поређења са популацијом Србије. Имајући у виду да су подаци за *HVS-I* регион (нуклеотидне позиције 16024–16365) доступни за велики број испитаника из свих популација које су ушле у анализу, најпре су утврђене вредности параметара генетичке разноврсности на основу варијабилности овог региона. Затим су вредности параметара генетичке разноврсности за српску и остале популације утврђене и на основу варијабилности оба хиперваријабилна региона (*HVS-I* и *HVS-II*). То је урађено због тога што су за мањи број особа и популација доступне секвенце *HVS-II* региона (нуклеотидне позиције 72-340) у односу на секвенце *HVS-I* региона. С друге стране, укључивањем *HVS-II* региона у анализе постигнута је већа прецизност приликом утврђивања вредности параметара генетичке разноврсности, јер је у анализи укључен већи број нуклеотидних позиција.

Параметри генетичке разноврсности за испитивани узорак српске популације (164 испитаника у овој студији) приказани су у Табели 4.2. Укључивањем *HVS-II* региона у анализу, вредности свих анализираних параметара генетичке разноврсности су повећане, са изузетком нуклеотидне разноврсности која није промењена.

Следећи корак у анализи био је процењивање параметара генетичке разноврсности за обједињени узорак српске популације (317 испитаника) као и за остале европске популације које су на основу поделе на сродне језичке породице сврстане у следеће групе: јужнословенску, западнословенску, источнословенску, романску, германску, угро-финску, келтску, балтичку и групу названу „остали“ у коју су сврстане албанска, грчка, турска и баскијска популација. Вредности параметара генетичке разноврсности за обједињени узорак српске популације и

европске популације, базиране на варијабилности секвенци *HVS-I* односно *HVS-I* и *HVS-II* региона, приказани су у Табелама 4.3 и 4.4, респективно. Повећање величине узорка српске популације са 164 (Табела 4.2) на 317 (Табеле 4.3 и 4.4) јединки довело је до скоро двоструког повећања броја детектованих хаплотипова, као и повећања вредности осталих параметара генетичке разноврсности, без обзира на то да ли су за анализе коришћене секвенце само *HVS-I* или *HVS-I* и *HVS-II* региона. Вредности параметара генетичке разноврсности за српску популацију одговарају распону вредности параметара генетичке разноврсности осталих европских популација (Табеле 4.3 и 4.4).

**Табела 4.2.** Параметри генетичке разноврсности анализираниг узорка српске популације базирани на анализи: а) секвенце *HVS-I* региона (16024-16365); б) секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона (16024-16365; 72-340).

Анализирани региони мтДНК	$N$	$H_p$	$H$	$\hat{\pi}_n$	$\frac{BP}{M}$	$\pi$
а	164	93	$0.9797 \pm 0.005$	$0.012 \pm 0.007$	77	$4.099 \pm 2.053$
б	164	121	$0.9914 \pm 0.003$	$0.012 \pm 0.006$	126	$7.157 \pm 3.373$

$N$  – величина узорка,  $H_p$  – број хаплотипова,  $H$  – разноврсност хаплотипова,  $\hat{\pi}_n$  – нуклеотидна разноврсност,  $\frac{BP}{M}$  – број полиморфних места,  $\pi$  – средњи број разлика између парова хаплотипова

Табела 4.3. Параметри генетичке разноврсности добијени на основу анализе варијабилности секвенце *HVS-I* региона (16024-16365).

Популација	<i>N</i>	<i>H<sub>p</sub></i>	<i>H</i>	$\hat{\pi}_n$	<i>BPM</i>	$\pi$
<b>Јужнословенска група</b>						
Босанско-херцеговачка	752	276	0.9777 ± 0.0025	0.012 ± 0.006	124	4.04 ± 2.02
Бугарска	996	430	0.9813 ± 0.0022	0.013 ± 0.007	149	4.60 ± 2.26
Хрватска	568	224	0.9816 ± 0.0023	0.012 ± 0.007	128	4.24 ± 2.11
Македонска	259	142	0.9810 ± 0.0042	0.013 ± 0.007	91	4.49 ± 2.22
<b>Српска</b>	317	163	0.9836 ± 0.0029	0.013 ± 0.007	105	4.43 ± 2.19
Словеначка	728	281	0.9726 ± 0.0034	0.014 ± 0.007	126	4.75 ± 2.33
<b>Западнословенска група</b>						
Чешка	440	221	0.9820 ± 0.0033	0.014 ± 0.007	119	4.81 ± 2.35
Пољска	1290	481	0.9708 ± 0.0030	0.013 ± 0.007	145	4.50 ± 2.22
Словачка	581	262	0.9747 ± 0.0038	0.013 ± 0.007	118	4.32 ± 2.14
<b>Источнословенска група</b>						
Белоруска	359	184	0.9714 ± 0.0056	0.013 ± 0.007	107	4.56 ± 2.25
Руска	1575	585	0.9769 ± 0.0022	0.013 ± 0.007	158	4.53 ± 2.23
Украјинска	784	333	0.9821 ± 0.0024	0.013 ± 0.007	125	4.62 ± 2.27
<b>Романска група</b>						
Италијанска – север	939	406	0.9714 ± 0.0036	0.013 ± 0.007	153	4.54 ± 2.24
Италијанска – центар	1223	517	0.9675 ± 0.0036	0.013 ± 0.007	162	4.50 ± 2.22
Италијанска – југ	413	246	0.9790 ± 0.0043	0.014 ± 0.008	133	4.92 ± 2.40
Румунска	325	160	0.9859 ± 0.0024	0.013 ± 0.007	102	4.46 ± 2.20
Француска	1395	543	0.9686 ± 0.0030	0.012 ± 0.007	169	4.11 ± 2.05
Португалска – север	492	235	0.9561 ± 0.0071	0.013 ± 0.007	111	4.44 ± 2.19
Португалска – центар	213	121	0.9551 ± 0.0107	0.012 ± 0.007	95	4.23 ± 2.11
Португалска – југ	481	221	0.9523 ± 0.0077	0.014 ± 0.008	110	4.85 ± 2.37
Корзиканска	122	72	0.9472 ± 0.0158	0.011 ± 0.006	65	3.61 ± 1.85
Сардинијска	430	219	0.9705 ± 0.0055	0.013 ± 0.007	116	4.55 ± 2.24
Сицилијанска	374	190	0.9658 ± 0.0066	0.013 ± 0.007	115	4.40 ± 2.18
Шпанска	3187	873	0.9596 ± 0.0026	0.012 ± 0.007	192	4.16 ± 2.07
Влашка	175	72	0.9759 ± 0.0041	0.013 ± 0.007	72	4.60 ± 2.27
<b>Германска група</b>						
Аустријска	373	180	0.9678 ± 0.0060	0.013 ± 0.007	103	4.51 ± 2.23
Немачка	1401	582	0.9768 ± 0.0023	0.012 ± 0.007	165	4.25 ± 2.11
Данска	2195	644	0.9751 ± 0.0019	0.013 ± 0.007	156	4.40 ± 2.17
Холандска	680	290	0.9780 ± 0.0030	0.013 ± 0.007	120	4.44 ± 2.19
Енглеска	342	188	0.9678 ± 0.0062	0.012 ± 0.007	114	4.22 ± 2.10
Исландска	447	124	0.9751 ± 0.0026	0.013 ± 0.007	78	4.62 ± 2.27
Норвешка	629	262	0.9535 ± 0.0063	0.013 ± 0.007	128	4.03 ± 2.01
Швајцарска	228	126	0.9736 ± 0.0061	0.012 ± 0.007	91	4.26 ± 2.12
Шведска	962	328	0.9768 ± 0.0023	0.012 ± 0.007	138	4.19 ± 2.08
<b>Угро-финска група</b>						
Естонска	380	163	0.9811 ± 0.0030	0.014 ± 0.007	94	4.70 ± 2.31
Финска	788	194	0.9700 ± 0.0027	0.012 ± 0.007	114	4.26 ± 2.11
Мађарска	333	195	0.9810 ± 0.0040	0.013 ± 0.007	100	4.39 ± 2.17
<b>Келтска група</b>						
Ирска	300	152	0.9584 ± 0.0078	0.011 ± 0.006	93	3.91 ± 1.97
Велшка	92	45	0.9259 ± 0.0208	0.010 ± 0.006	49	3.45 ± 1.78
Шкотска - копно	876	287	0.9678 ± 0.0037	0.012 ± 0.007	127	4.29 ± 2.12
Шкотска (Оркни)	308	142	0.9801 ± 0.0035	0.013 ± 0.007	82	4.53 ± 2.23
<b>Балтичка група</b>						
Летонска	412	118	0.9715 ± 0.0037	0.013 ± 0.007	72	4.24 ± 2.19
Литванска	343	165	0.9758 ± 0.0045	0.014 ± 0.007	98	4.65 ± 2.28
<b>Остали</b>						
Албанска	208	106	0.9799 ± 0.0043	0.014 ± 0.008	83	4.79 ± 2.35
Грчка	523	266	0.9852 ± 0.0023	0.014 ± 0.007	130	4.64 ± 2.28
Баскијска	1178	235	0.9421 ± 0.0042	0.010 ± 0.006	108	3.45 ± 1.76
Турска	554	294	0.9607 ± 0.0062	0.014 ± 0.008	146	4.28 ± 2.12

*N* – величина узорка, *H<sub>p</sub>* – број хаплотипова, *H* – разноврсност хаплотипова,  $\hat{\pi}_n$  – нуклеотидна разноврсност, *BPM* – број полиморфних места,  $\pi$  – средњи број разлика између парова хаплотипова

**Табела 4.4.** Параметри генетичке разноврсности добијени на основу анализе варијабилности секвенци *HVS-I* (16024-16365) и *HVS-II* (72-340) региона.

Популација	$N$	$H_r$	$H$	$\hat{\pi}_n$	$BPM$	$\pi$
<b>Јужнословенска група</b>						
Босанско-херцеговачка	383	244	0.9935 ± 0.0014	0.012 ± 0.006	163	7.31 ± 3.43
Бугарска	885	537	0.9943 ± 0.0009	0.013 ± 0.006	218	7.70 ± 3.59
Хрватска	66	60	0.9967 ± 0.0035	0.015 ± 0.008	155	9.40 ± 4.37
Македонска	222	168	0.9942 ± 0.0019	0.013 ± 0.007	131	7.82 ± 3.65
<b>Српска</b>	317	223	0.9945 ± 0.0014	0.013 ± 0.007	186	7.77 ± 3.63
Словеначка	631	364	0.9939 ± 0.0010	0.013 ± 0.007	197	7.83 ± 3.65
<b>Западнословенска група</b>						
Чешка	357	254	0.9924 ± 0.0020	0.013 ± 0.007	174	7.86 ± 3.66
Пољска	1253	672	0.9908 ± 0.0013	0.012 ± 0.006	227	7.53 ± 3.52
Словачка	581	369	0.9910 ± 0.0018	0.012 ± 0.006	182	7.34 ± 3.44
<b>Источнословенска група</b>						
Руска	480	305	0.9925 ± 0.0015	0.012 ± 0.006	172	7.41 ± 3.47
Украјинска	159	125	0.9950 ± 0.0017	0.012 ± 0.006	125	7.57 ± 3.55
<b>Романска група</b>						
Италијанска – север	429	287	0.9839 ± 0.0037	0.011 ± 0.006	175	6.95 ± 3.27
Италијанска – центар	792	511	0.9865 ± 0.0024	0.012 ± 0.006	258	7.40 ± 3.46
Италијанска – југ	226	176	0.9940 ± 0.0021	0.014 ± 0.007	158	8.37 ± 3.89
Француска	236	158	0.9904 ± 0.0025	0.011 ± 0.006	130	7.06 ± 3.32
Португалска – север	408	254	0.9873 ± 0.0027	0.012 ± 0.006	174	7.27 ± 3.41
Португалска – центар	135	108	0.9885 ± 0.0048	0.012 ± 0.006	121	7.28 ± 3.43
Португалска – југ	344	210	0.9832 ± 0.0039	0.013 ± 0.007	153	8.14 ± 3.79
Сардинијска	63	36	0.9739 ± 0.0086	0.011 ± 0.006	60	7.02 ± 3.34
Сицилијанска	80	56	0.9842 ± 0.0059	0.013 ± 0.007	91	7.94 ± 3.73
Шпанска	784	475	0.9886 ± 0.0020	0.011 ± 0.006	197	6.62 ± 3.13
<b>Германска група</b>						
Аустријска	373	240	0.9916 ± 0.0020	0.012 ± 0.006	162	7.37 ± 3.46
Немачка	1229	779	0.9934 ± 0.0010	0.012 ± 0.006	249	7.19 ± 3.37
Данска	2157	1151	0.9954 ± 0.0005	0.013 ± 0.007	251	7.81 ± 3.64
Холандска	680	396	0.9930 ± 0.0011	0.012 ± 0.006	180	7.41 ± 3.47
Енглеска	100	87	0.9952 ± 0.0030	0.012 ± 0.006	110	7.51 ± 3.54
Швајцарска	154	127	0.9954 ± 0.0020	0.012 ± 0.006	128	7.60 ± 3.56
Шведска	595	341	0.9921 ± 0.0014	0.012 ± 0.006	193	7.33 ± 3.43
<b>Угро-финска група</b>						
Естонска	114	84	0.9922 ± 0.0027	0.012 ± 0.006	99	7.30 ± 3.44
Финска	200	120	0.9888 ± 0.0022	0.012 ± 0.006	112	7.30 ± 3.43
Мађарска	210	174	0.9933 ± 0.0027	0.012 ± 0.006	135	7.48 ± 3.51
<b>Остали</b>						
Албанска	166	111	0.9782 ± 0.0037	0.013 ± 0.007	107	8.00 ± 3.73
Грчка	373	290	0.9972 ± 0.0007	0.013 ± 0.007	186	7.78 ± 3.63
Баскијска	1011	316	0.9737 ± 0.0023	0.010 ± 0.005	154	6.19 ± 2.95
Турска	208	148	0.9914 ± 0.0025	0.013 ± 0.007	159	7.91 ± 3.69

$N$  – величина узорка,  $H_r$  – број хаплотипова,  $H$  – разноврсност хаплотипова,  $\hat{\pi}_n$  – нуклеотидна разноврсност,  $BPM$  – број полиморфних места,  $\pi$  – средњи број разлика између парова хаплотипова

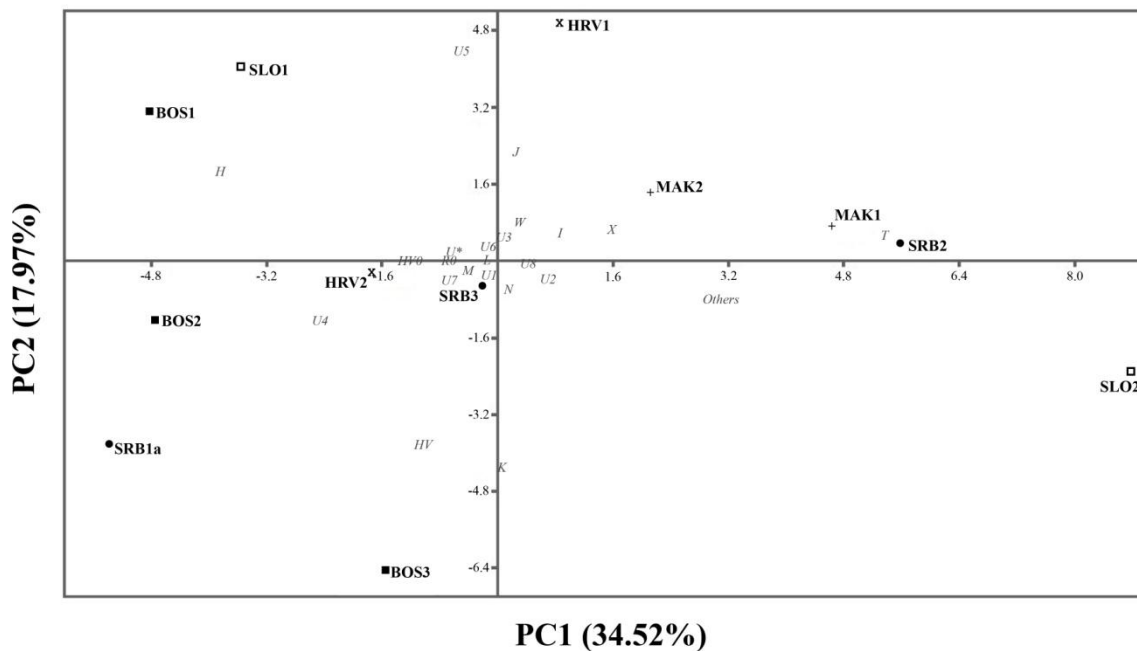
## 4.2. Генетичка диференцијација и структурирање испитиваних популација

### 4.2.1. PCA – анализа главних компоненти

У циљу утврђивања генетичких сличности и разлика између српске и осталих европских популација урађена је анализа главних компоненти у којој су коришћене учесталости мтДНК (под)хаплогрупа, као што је описано у поглављу 3.5.2.2.1.

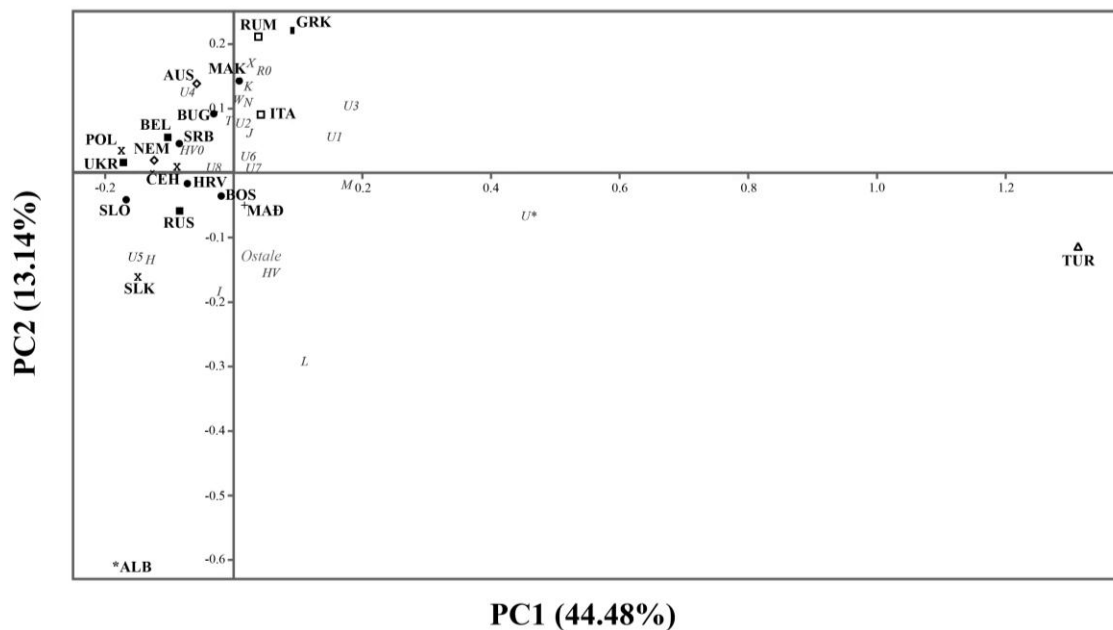
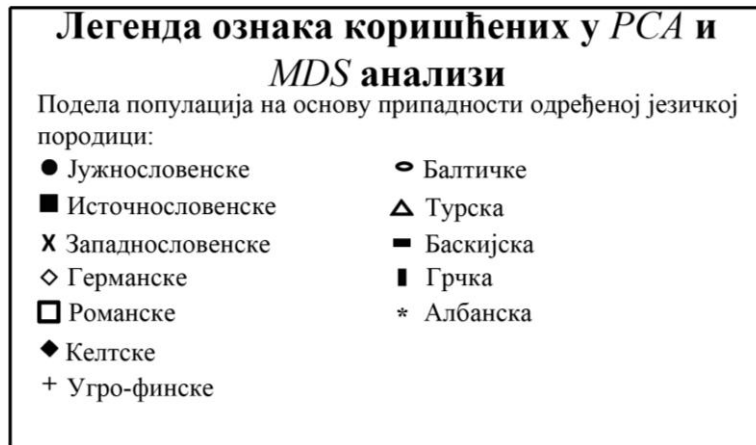
Први корак у овој анализи био је упоређивање различитих узорака, односно субпопулација једне исте популације који су коришћени у различитим студијама, а који су пореклом из пет популација које припадају јужнословенској групи (популације Србије, Хрватске, Словеније, Македоније и Босне и Херцеговине) са циљем утврђивања генетичке сличности/различитости различитих субпопулација (узорака) исте популације. На Слици 4.1. приказана је *PC* анализа заснована на узорку од 1812 испитаника где прва компонента (*PC1*) објашњава 34.52%, а друга (*PC2*) 17.97% варијабилности, тако да заједно објашњавају 52.49% укупне варијабилности узорка [211]. Укључивањем у анализе додатних субпопулација јужнословенских популација, за које су учесталости мтДНК (под)хаплогрупа публиковане, повећан је број субпопулација за већину од пет јужнословенских популација (укупно 3098 особа). У овој додатној *PCA* анализи (Слика 8.1, Прилог), укупна варијабилност представљена првом (*PC1*) и другом осом (*PC2*) износи 19.96% и 17.08%, респективно (укупно објашњено 37.04% варијабилности узорка). Обе анализе показују да су све субпопулације које представљају исту популацију, мање или више хетерогене, што је последица различите учесталости (под)хаплогрупа у узорцима, која може бити резултат неадекватне величине узорка и недовољне репрезентативности високог нивоа генетичке разноврсности ових популација. У другој анализи се уочава боље груписање субпопулација исте популације, са изузетком *HRV3* која представља узорак хрватске мањине која данас насељава регион Молизе у јужној Италији и која има генетички афинитет како према хрватској тако и према италијанској популацији [235]. Такође, може се приметити разлика између субпопулација које представљају српску популацију (три субпопулације, Слика 4.1; четири

субпопулације, Слика 8.1 Прилога), које уједно демонстрирају и највећу хетерогеност.



**Слика 4.1.** Анализа главних компоненти базирана на учесталости мтДНК (под)хаплогрупа код субпопулација пет јужнословенских популација. Допринос сваке од (под)хаплогрупа на расподелу дуж прве и друге главне компоненте (*PC1* и *PC2*) је приказан сивим *italic* словима. Подаци о учесталостима (под)хаплогрупа коришћени у овој анализи се налазе у Табели 8.3 (Прилог). Ознаке субпопулација из различитих студија: *BOS1*, босанска [236]; *BOS2*, босанска [197]; *BOS3*, херцеговачка [197]; *SLO1*, словеначка [236]; *SLO2*, словеначка [237]; *HRV1*, хрватска– копно [197]; *HRV2*, хрватска– обала [197]; *MAK1*, македонска [197]; *MAK2*, македонска [238]; *SRB1a*, српска [211]; *SRB2*, српска [203]; *SRB3*, српска [197].

Сви доступни подаци из различитих студија за субпопулације једне популације обједињени су и такви узорци су коришћени као репрезентативни узорци датих популација у наредним *PC* анализама. Циљ следеће *PC* анализе био је да се утврде односи, односно положај српске популације у ширем европском контексту, тако да су за ову анализу коришћени подаци о 7128 испитаника из 20 одабраних популација. Резултати су приказани на Слици 4.2. У овој анализи, *PC1* и *PC2* објашњавају 44.48% и 13.14% варијабилности, респективно (укупно 57.62%). Дистрибуција скорова популација у простору дефинисаном првом и другом компонентом (*PC1* и *PC2*) је насумична, односно не уочава се груписање популација које су географски блиске. Такође, не може се приметити ни груписање популација које говоре језицима у оквиру сродних језичких породица. Додатно, на Слици 4.2. се уочава да су популације Турске и

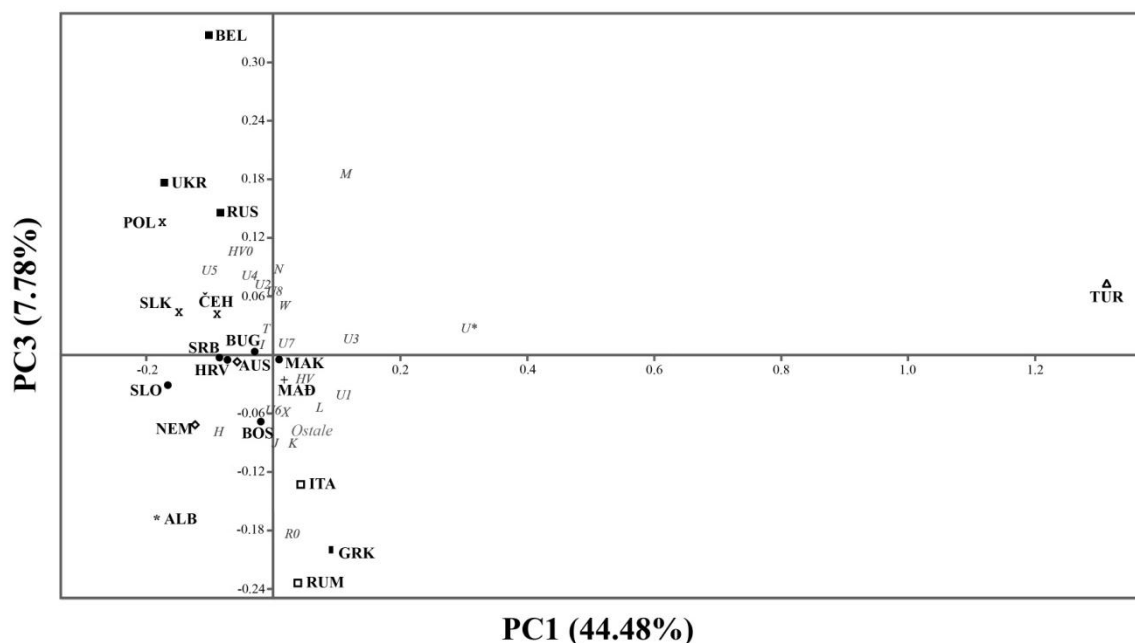


**Слика 4.2.** Анализа главних компоненти базирана на учесталости мтДНК (под)хаплогрупа код 20 одабраних европских популација. Допринос сваке од (под)хаплогрупа на расподелу дуж прве и друге главне компоненте (*PC1* и *PC2*) је приказан сивим *italic* словима. Подаци о учесталостима (под)хаплогрупа коришћени у овој анализи се налазе у Табели 8.4 (Прилог). Ознаке популација: *SRB*, српска; *SLO*, словеначка; *HRV*, хрватска; *BOS*, босанско-херцеговачка; *MAK*, македонска; *BUG*, бугарска; *ЉEH*, чешка; *SLK*, словачка; *POL*, пољска; *RUS*, руска; *UKR*, украјинска; *BEL*, белоруска; *NEM*, немачка; *AUS*, аустријска; *MAD*, мађарска; *ALB*, албанска; *ITA*, италијанска; *RUM*, румунска; *GRK*, грчка; *TUR*, турска.

Албаније удаљене од осталих анализираних популација па се могу сматрати „аутлајерима“. Положај турске популације је очекиван с обзиром да она спада у групу блискоисточних популација које се по разноврсности и учесталости мтДНК хаплогрупа разликују од европских популација, док је одступање албанске популације највероватније последица мале величине узорка коришћеног у анализи.



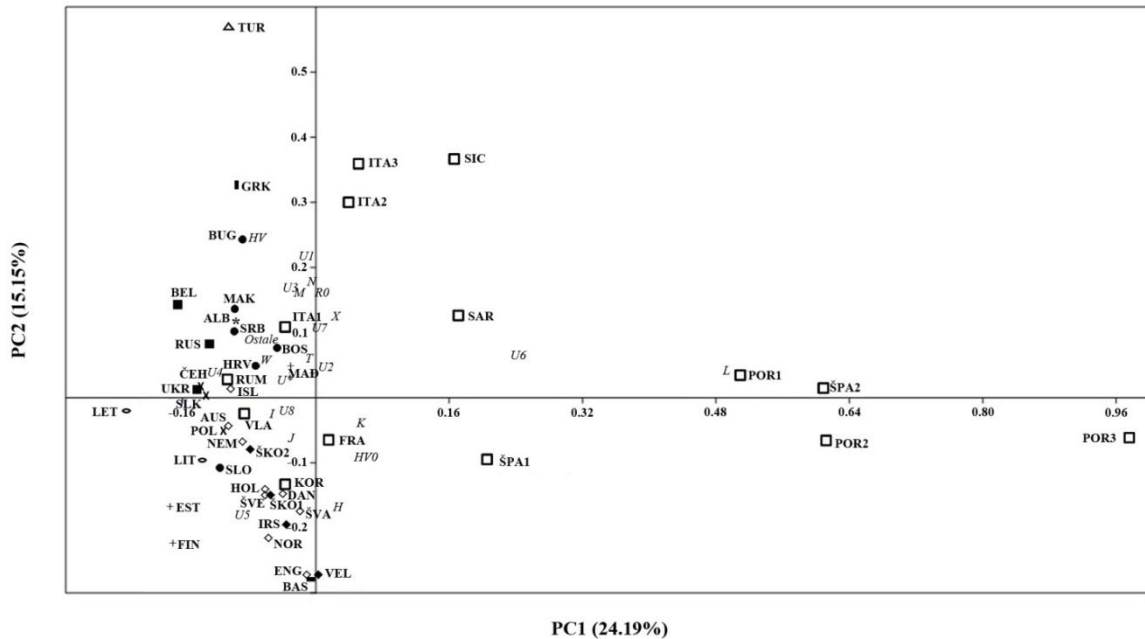
Када се посматра дистрибуција скорова популација у простору дефинисаном са  $PC1$  (44.48%) и  $PC3$  (7.78%), које објашњавају укупну варијабилност од 52.26%, уочава се географска стратификација популација, односно, груписање популација које су географски блиске, а додатно се и јасније уочава груписање популација које припадају сродним језичким породицама (Слика 4.3). На Сликама 4.2 и 4.3 популација Србије заузима централну позицију унутар групе јужнословенских популација, а могуће је приметити груписање словенских популација које је у складу са њиховом припадношћу одговарајућој језичкој породици (јужно-, источно- и западнословенска група). Како би се проверило да ли запажена географска стратификација популација уочена на Слици 4.3 заиста одговара географским положајима анализираних популација, израчунати су коефицијенти корелације координата популација на РС осама са географским координатама. За трећу компоненту ( $PC3$ ) утврђена је позитивна корелација са географском ширином ( $r=0.62$ ,  $p=0.002$ ) и географском дужином ( $r=0.46$ ,  $p=0.02$ ) што може објаснити запажену географску стратификацију популација (Табела 8.11, Прилог). Представљене анализе показују да српско



**Слика 4.3.** Анализа главних компоненти базирана на учесталости мтДНК (под)хаплогрупа код 20 одабраних популација. Допринос сваке од (под)хаплогрупа на расподелу дуж прве и треће главне компоненте ( $PC1$  и  $PC3$ ) је приказан сивим *italic* словима. Подаци о учесталостима (под)хаплогрупа коришћени у овој анализи се налазе у Табели 8.4 (Прилог). Ознаке популација су као на Слици 4.2.

становништво заузима централни положај унутар групе јужнословенских популација, која уједно показује и највећу хетерогеност (Слика 4.2). Такође, може се запазити и груписање популација у складу са припадношћу одговарајућој језичкој породици (источно-, западно-, јужнословенска група, германска група), као и географска стратификација популација на основу *PC3*.

У следећој анализи главних компоненти, српска популација је поређена са 41 европском популацијом како би се прецизније утврдиле генетичке разлике и сличности са популацијама из различитих делова Европе. На Слици 4.4 приказани су резултати ове анализе у којој *PC1* (24.19%) и *PC2* (15.15%) заједно објашњавају 39.34% укупне варијабилности узорка која је опала у односу на анализу само двадесет популација, што је и очекивано имајући у виду да већи број популација у анализи подразумева и већу варијабилност коју је теже представити на дводимензионом графику. Српска популација поново заузима централни положај унутар групе јужнословенских популација и налази се између популација које насељавају источни (Македонија и Бугарска) и западни део Балканског полуострва (Босна и Херцеговина, Хрватска и Словенија). На Слици 4.4 може се приметити да се већина словенских популација групише заједно у левом горњем квадранту (позитивне вредности *PC2* и негативне вредности *PC1*), док се германске популације групишу у левом доњем квадранту (негативне вредности *PC1* и *PC2*). Од словенских популација изузетак су пољска и словеначка популација које се налазе у доњем левом квадранту, док је код германских то случај са популацијом Исланда која се позиционира у горњем левом квадранту. Такође се може запазити блиско груписање популација које имају различите језичке припадности, али су географски блиске српској популацији (румунска, мађарска и албанска), као и Балканском полуострву (северна Италија). На Слици 4.4 могуће је запазити и географску стратификацију популација на основу друге компоненте (*PC2*) за коју је утврђена позитивна корелација са географском дужином ( $r=0.48$ ,  $p=0.0003$ ), али и негативна корелација са географском ширином ( $r=-0.54$ ,  $p=0.00004$ ) (Табела 8.11, Прилог). Од анализираних популација, јужнословенска група популација и у овој анализи показује високу хетерогеност и највеће раздвајање дуж *PC2*.



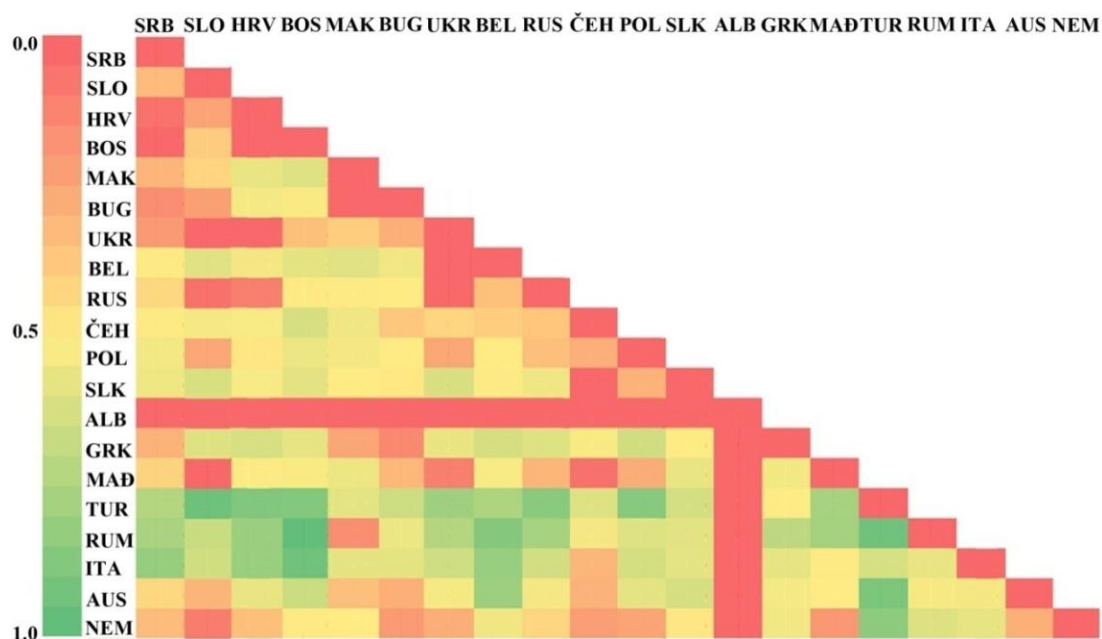
**Слика 4.4.** Анализа главних компоненти базирана на учесталости мтДНК (под)хаплогрупа код 42 европске популације. Допринос сваке од (под)хаплогрупа на расподелу дуж прве и друге главне компоненте (*PC1* и *PC2*) је приказан сивим *italic* словима. Подаци о учесталостима (под)хаплогрупа коришћени у овој анализи се налазе у Табели 8.5 (Прилог). Ознаке популација и субпопулација: *SRB*, српска; *SLO*, словеначка; *HRV*, хрватска; *BOS*, босанско-херцеговачка; *MAK*, македонска; *BUG*, бугарска; *VLA*, влашка; *ČEH*, чешка; *SLK*, словачка; *POL*, пољска; *RUS*, руска; *UKR*, украјинска; *BEL*, белоруска; *NEM*, немачка; *AUS*, аустријска; *DAN*, данска; *NOR*, норвешка; *ŠVE*, шведска; *ŠVA*, швајцарска; *HOL*, холандска; *ENG*, енглеска; *ISL*, исландска; *FIN*, финска; *EST*, естонска; *MAD*, мађарска; *LIT*, литванска; *LET*, летонска; *ALB*, албанска; *FRA*, француска; *ŠPA1*, шпанска – север; *ŠPA2*, шпанска – југ; *POR1*, португалска – север; *POR2*, португалска – центар; *POR3*, португалска – југ; *ITA1*, италијанска – север; *ITA2*, италијанска – центар; *ITA3*, италијанска – југ; *SIC*, сицилијанска; *SAR*, сардинијска; *KOR*, корзиканска; *RUM*, румунска; *VEL*, велшка; *ŠKO1*, шкотска – копно; *ŠKO2*, шкотска – острва; *IRS*, ирска; *BAS*, баскијска; *GRK*, грчка; *TUR*, турска

#### 4.2.2. Генетичка дистанца $F_{ST}$

За утврђивање степена генетичке диференцијације између српске и осталих европских популација, процењена је генетичка дистанца између парова испитиваних популација на начин описан у поглављу 3.5.2.2.2.

За ову анализу је коришћено истих 20 европских популација као и у анализи главних компоненти. Генетичке дистанце између парова 20 одабраних популација приказане су у виду матрице  $F_{ST}$  вредности (Табела 8.9, Прилог) која је визуелизована на Сликама 4.5 и 4.6. У Табели 8.9 (Прилог) се може уочити да су добијене вредности ниске, као и да не постоје статистички значајне разлике између српске и осталих јужнословенских популација. У јужнословенској групи популације које су суседи, односно које се граниче, нису показале статистички

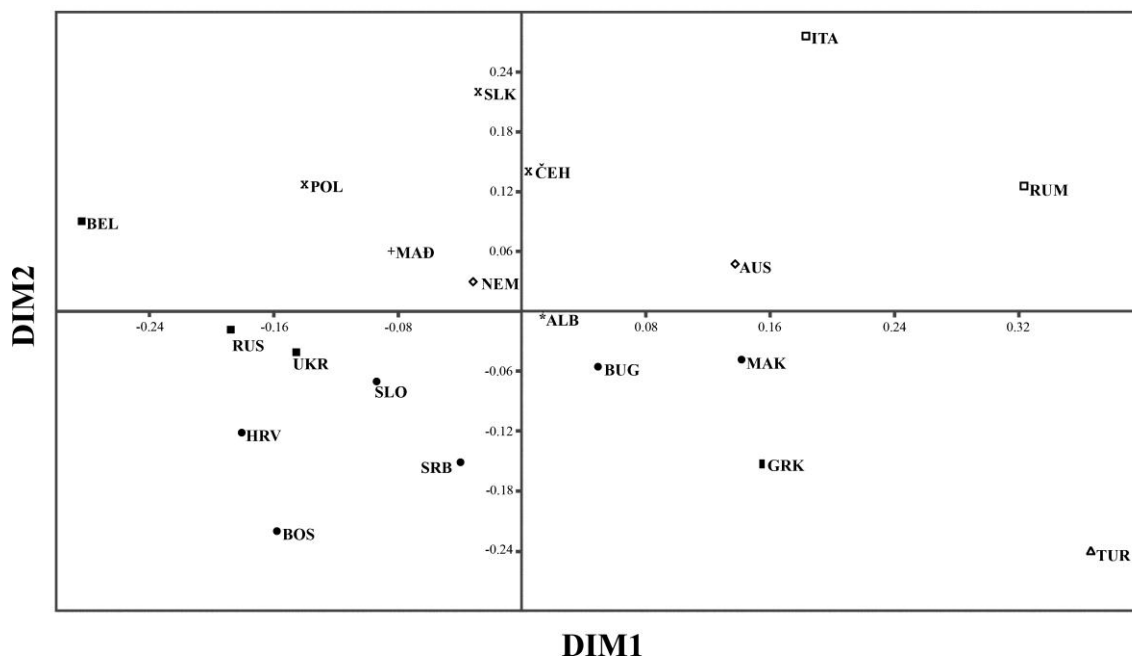
значајне генетичке разлике, док се ниске, али статистички значајне генетичке разлике примећују између популација које се не граниче, са изузетком парова популација Словеније/Македоније и Словеније/Бугарске.  $F_{ST}$  вредности између српске и источнословенских и западнословенских популација су више, при чему статистички значајне разлике не постоје само између српске и украјинске популације (Табела 8.9, Прилог). Када се српска популација пореди са осталим европским популацијама примећује се да нема статистички значајних  $F_{ST}$  вредности између српске популације и популација Грчке, Немачке и Албаније. Резултат добијен за српску и албанску популацију највероватније је последица мале величине узорка албанске популације. Највише  $F_{ST}$  вредности, које су уједно и статистички значајне, уочене су између српске популације и европских популација које се према подели на сродне језичке породице сврставају у романску групу (Италијани и Румуни), као и између српске и турске популације (Слика 4.5 и Табела 8.9, Прилог).



Слика 4.5. Визуелизована матрица  $F_{ST}$  вредности парова 20 одабраних европских популација добијених анализом варијабилности секвенце *HVS-I* региона (16090 – 16365). Ознаке популација су исте као на Слици 4.2.

Матрица  $F_{ST}$  вредности парова 20 европских популација, која је добијена на основу секвенце *HVS-I* региона (16090–16365), такође је визуелизована и методом вишедимензионог скалирања (*MDS*) и представљена на Слици 4.6. На овој слици се уочава груписање популација у складу са поделом популација на

сродне језичке породице, као и са њиховом географском распрострањеношћу. Израчунати су коефицијенти корелације координата популација по првој и другој димензији *MDS* графика са географским координатама анализираних популација и утврђена је позитивна корелација друге димензије (*DIM2*) са географском ширином ( $r=0.45$ ,  $p=0.02$ ) (Табела 8.11, Прилог). На слици се додатно уочава да је од анализираних словенских популација најхетерогенија јужнословенска група, као и да унутар ове групе српска популација заузима централну позицију, што је у складу са резултатима *PC* анализе (Слика 4.2).

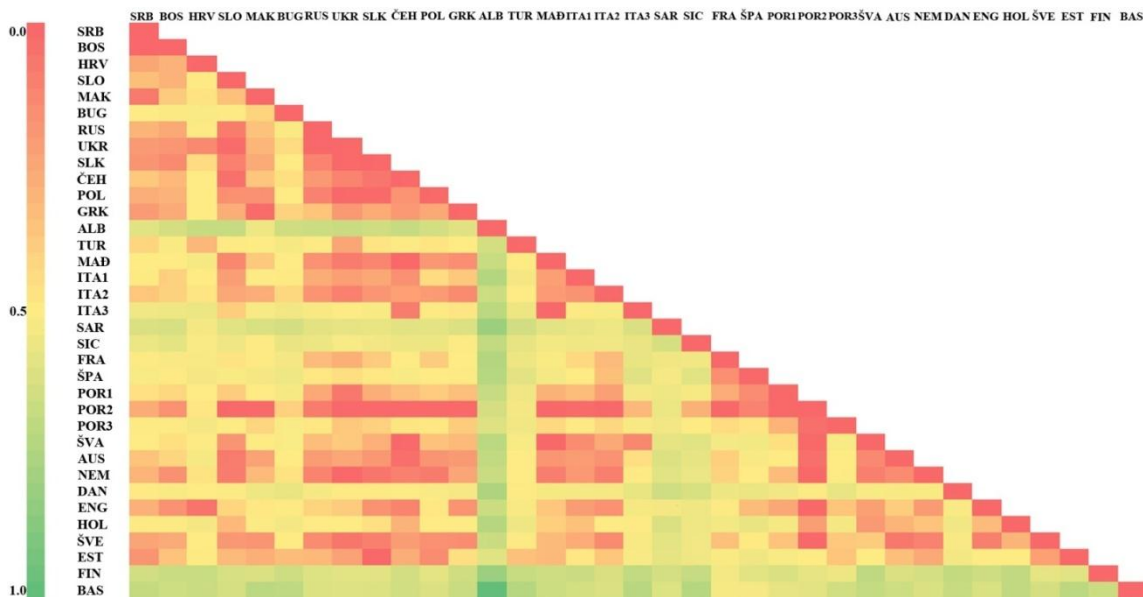


**Слика 4.6.** Визуелизација матрице  $F_{ST}$  вредности парова 20 европских популација методом вишедимензионог скалирања. Коришћена је матрица  $F_{ST}$  вредности добијена на основу анализе секвенце *HVS-I* региона (16090–16365) (Табела 8.9, Прилог). Ознаке популација су идентичне онима на Слици 4.2. Стрес вредност која представља меру уклапања података у добијену расподелу на слици је 0.2959.

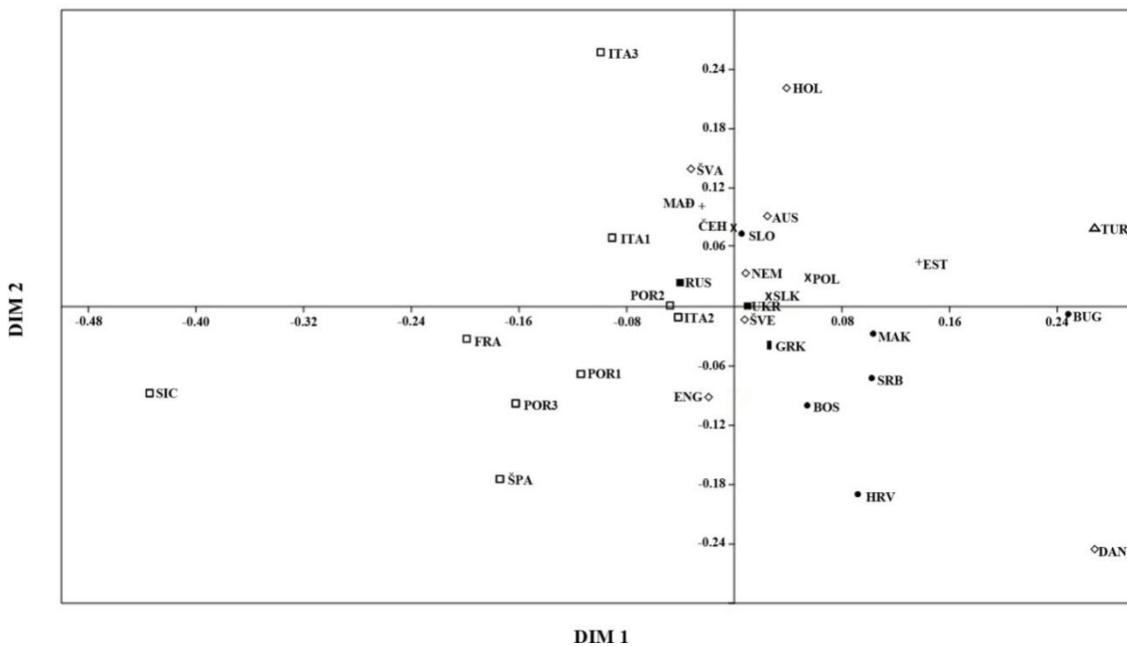
Генетичке дистанце између парова испитиваних популација су израчунате и на основу анализе нешто дужег *HVS-I* региона (16024–16365) и *HVS-II* региона (72–340), а добијена матрица је визуелизована на Слици 4.7. У овој анализи је коришћен већи број популација у односу на анализу приказану на Слици 4.6. С обзиром да за белоруску и румунску популацију нису доступни подаци о варијабилности секвенце *HVS-II* региона, ове популације нису биле укључене у анализу тако да је укупан број популација у анализи био 35 (Табела 8.10, Прилог). Потврђено је да нема статистички значајних генетичких разлика између српске

популације и популација Босне и Херцеговине, Хрватске и Македоније (Табела 8.10, Прилог). Међутим, статистички значајне  $F_{ST}$  вредности су добијене за парове популација Србије/Словеније и Србије/Бугарске.  $F_{ST}$  вредности између српске и осталих европских популација су у већини случајева порасле у поређењу са  $F_{ST}$  вредностима које су добијене на основу анализе секвенци само *HVS-I* региона. Изузетак су нешто ниже  $F_{ST}$  вредности између следећих парова популација: Србије/Македоније, Србије/Словачке, Србије/Пољске и Србије/Турске. Овај пад  $F_{ST}$  вредности може бити последица мање величине узорка, јер је број доступних секвенци *HVS-II* региона за испитиване популације био мањи у односу на број доступних секвенци *HVS-I* региона за анализу.  $F_{ST}$  вредности су статистички значајне за већину парова популација, а изузетак су парови српске популације и географски удаљених популација Украјине, централног дела Португалије, Енглеске и Естоније што може бити последица неодговарајуће величине узорака или генетичког дрифта.

У испитиваном узорку популација, уочавају се четири високо диференциране популације - популације Албаније, Баскије, Финске и Сардиније, које се одликују веома високим  $F_{ST}$  вредностима у свим поређењима популација (Табела 8.10), што се може приметити и на Слици 4.7. Због тога су приликом визуелизације матрице методом вишедимензионог скалирања наведене популације изостављене јер су третиране као „аутлајери“. Резултат ове визуелизације је приказан на Слици 4.8 и на њој се може запазити сличан тренд груписања популација као на Слици 4.6, а који је у складу са географском распрострањеношћу популација, као и са њиховом поделом на сродне језичке породице. Такође, и овде се може запазити висока хетерогеност групе јужнословенских популација међу којима се уочава нешто измењено позиционирање популације Словеније која се сада налази ближе западнословенским популацијама, док српска популација и даље заузима централну позицију унутар групе јужнословенских популација. Може се приметити и да се бугарска популација налази нешто ближе турској популацији, што је у складу са њиховом географском блискошћу. Додатно се може приметити јасно раздвајање веома хетерогене групе популација које говоре романским језицима дуж прве димензије (негативни део *DIMI*). Германске популације се



Слика 4.7. Визуелизована матрица  $F_{ST}$  вредности парова 35 европских популација добијених анализом варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона (16024–16365; 72–340). Ознаке популација су исте као на Слици 4.4.



Слика 4.8. Визуелизација матрице  $F_{ST}$  вредности парова анализираних европских популација методом вишедимензионог скалирања (без популација које одступају: албанске, баскијске, финске и сардинијске). Коришћена је матрица  $F_{ST}$  вредности добијена на основу анализе секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона (16024–16365, 72–340) (Табела 8.10, Прилог). Стрес вредност која представља меру уклапања података у добијену расподелу на слици је 0.2017. Ознаке популација су исте као на Слици 4.4.

групишу у близини словенских популација, а изузетак представља данска популација, која се издваја, што је у складу са резултатом добијеним у *PC* анализи

представљеној на Слици 4.4. Такође приметан је и тренд груписања популација дуж прве димензије (*DIMI*) што је у складу са њиховом географском распрострањеношћу, а утврђени су позитивни коефицијенти корелација ове димензије са географском ширином ( $r=0.33$ ,  $p=0.03$ ) и дужином ( $r=0.44$ ,  $p=0.006$ ).

#### **4.2.3. AMOVA – анализа молекуларне варијансе**

Анализом молекуларне варијансе (*AMOVA*), базираној на варијабилности секвенци *HVS-I* региона (16090-16345), укупна молекуларна варијабилност узорка је подељена на три компоненте: варијабилност између предефинисаних група популација, између популација унутар група и унутар популација. У првој анализи, у којој су коришћене три групе популација (јужно-, источно- и западнословенска група), уочено је да ниска и скоро идентична вредност молекуларне варијансе у највећој мери представља варијансу између група и варијансу између популација унутар група (*AMOVA I*, Табела 4.5). Добијени резултати упућују на високу хетерогеност популација које чине сваку од три групе словенских популација. У другој *AMOVA* анализи је, поред три групе словенских популација, било укључено још три групе популација које припадају породицама несловенских језика (германска, романска и група названа „остали“ у коју су сврстане албанска, турска, грчка и мађарска популација). Ова анализа је показала да је низак, али статистички значајан проценат молекуларне варијансе приписан варијацији између популација унутар група, док је двоструко већи и статистички значајан проценат варијансе приписан односима између група што указује на оправданост груписања популација према припадности одређеној језичкој породици (*AMOVA II*, Табела 4.5). Ови резултати показују да је варијанса у оквиру сваке од три групе словенских популација упоредива са варијансом која постоји у оквиру других испитиваних група, што додатно подржава резултате прве анализе који су указали на високу хетерогеност словенских популација.



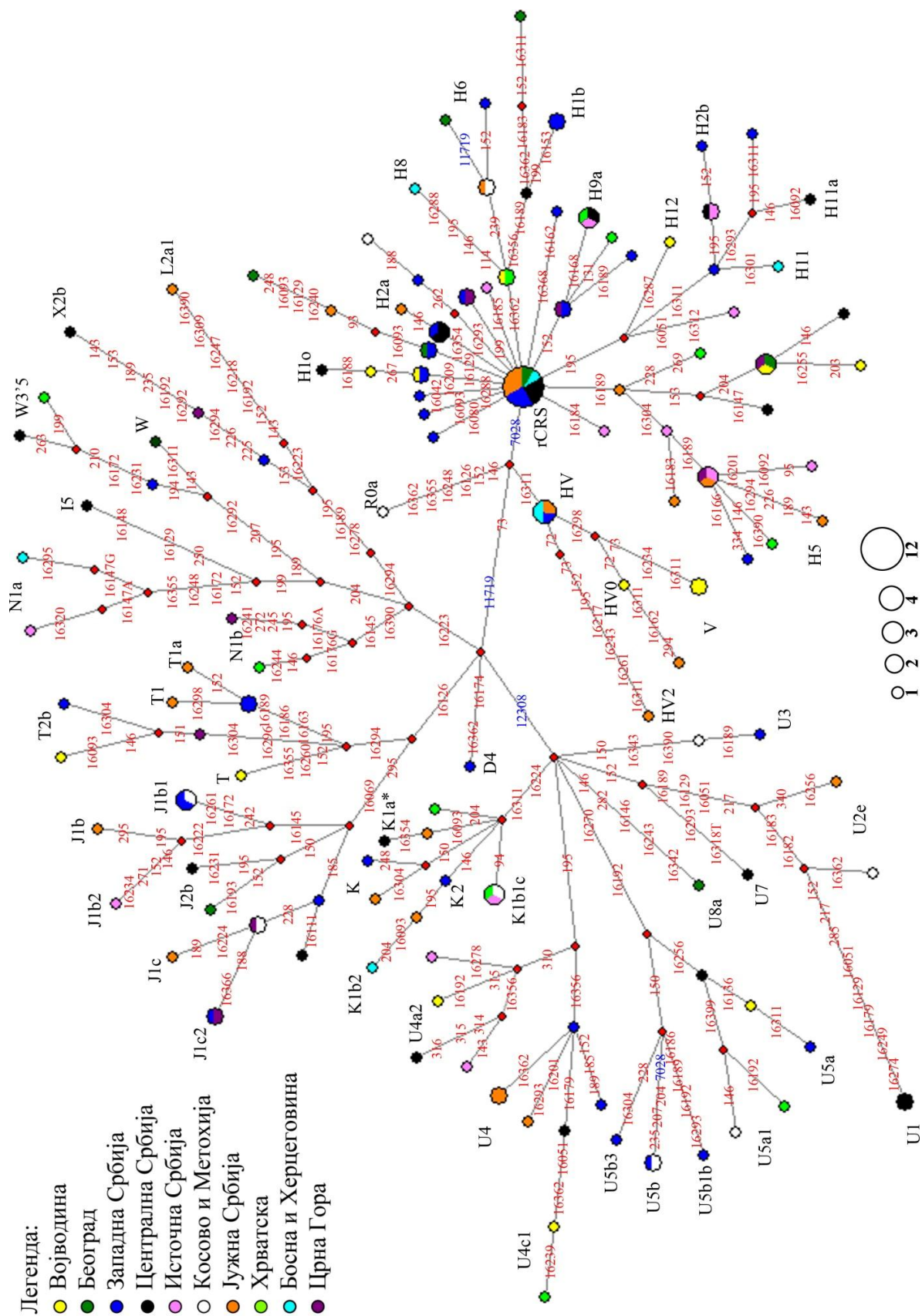
**Табела 4.5.** Анализа молекуларне варијансе на основу варијабилности *HVS-I* региона (16090-16365) у којој су коришћене: три групе популација (јужно-, источно- и западнословенска група, *AMOVA I*) и шест група популација (јужно-, источно- и западнословенска група, германска, романска и група названа „остали“, *AMOVA II*).

Извор варијације	с.с.	Сума квадрата	Компоненте варијансе	% варијације	Индекси фиксације	<i>P</i>
<b><i>AMOVA I</i></b>						
Између група	2	12.026	0.00252	0.12	$F_{CT} = 0.00121$	0.00293
Између популација/Унутар група	9	26.260	0.00235	0.11	$F_{SC} = 0.00113$	0.00098
Унутар популација	4485	9282.109	2.06959	99.77		
Укупна	4496	9320.396	2.07446		$F_{ST} = 0.00187$	0.00000
<b><i>AMOVA II</i></b>						
Између група	5	31.643	0.00333	0.16	$F_{CT} = 0.00159$	0.00000
Између популација/Унутар група	14	36.174	0.00151	0.07	$F_{SC} = 0.00072$	0.00000
Унутар популација	7147	14869.555	2.08053	99.77		
Укупна	7166	14937.365	2.08536		$F_{ST} = 0.00203$	0.00000

### 4.3. Генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији и филогеографија ретких хаплотипова

#### 4.3.1. Генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији

У циљу утврђивања генеолошких односа хаплотипова детектованих у анализираном узорку српске популације и даље филогеографске анализе, реконструисана је мрежа хаплотипова на начин описан у поглављу 3.5.2.3. На Слици 4.9 су приказани генеолошки односи хаплотипова утврђени на основу полиморфизама *HVS-I* и *HVS-II* региона, као и кодирајућег региона мтДНК на позицијама 7028, 11719 и 12308. Наведени полиморфизми кодирајућег региона се користе за дефинисање припадности суперхаплогрупама *U* и *R0*, као и најчешћој европској хаплогрупи *H* која припада суперхаплогрупи *R0*. Ради лакше интерпретације резултата, генеолошки односи једне или неколико сродних хаплогрупа су приказани на засебним сликама.



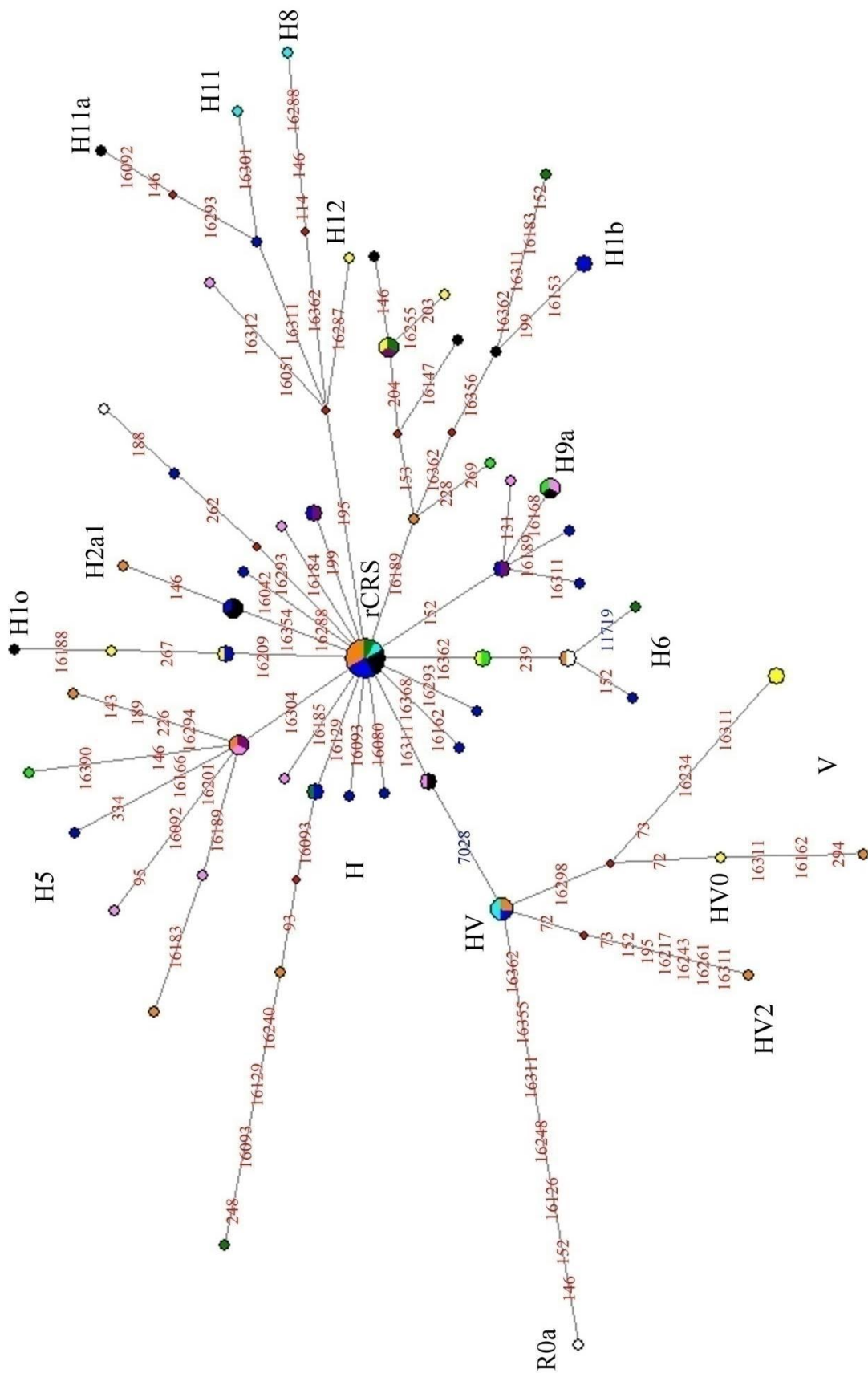
**Слика 4.9.** Хаплотип мрежа хаплотипова детектованих у испитиваном узорку српске популације конструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона (полиморфизми обележени црвеном бојом) и кодирајућег региона мтДНК (полиморфизми обележени плавом бојом). Различитим бојама приказано је географско порекло женских предака друге генерације по мајчинској линији анализираних испитаника. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

#### 4.3.1.1. Суперхаплогрупа *R0*

На Слици 4.10 је представљена хаплотип мрежа 57 хаплотипова који припадају суперхаплогрупи *R0*. За ову суперхаплогрупу су карактеристичне транзиције на позицијама 11719 и 73 (Слика 4.9) и стога све њој припадајуће (под)хаплогрупе (*R0a*, *HV*, *HV0*, *V* и *H*) поседују ове полиморфизме. У оквиру суперхаплогрупе *R0*, највећи број хаплотипова припада хаплогрупи *H*, што је у складу са чињеницом да је ова високо варијабилна хаплогрупа и најзаступљенија у свим европским популацијама.

Група хаплотипова који припадају хаплогрупи *H* се од осталих хаплогрупа у оквиру *R0* разликује на основу полиморфизма на позицији 7028 (Слика 4.10). Оснивачки (предачки) хаплотип, који заузима централни положај у мрежи, детектован је код 12 испитаника. Овај хаплотип је означен као *rCRS* јер је идентичан првој комплетно секвенцираној мтДНК која се користи као референтна секвенца за људску мтДНК (*eng. revised Cambridge Reference Sequence*) [50]. Сви остали хаплотипови који припадају хаплогрупи *H* и који су настали од овог хаплотипа (*rCRS*), детектовани су код мањег броја испитаника. Овакви генеолошки односи хаплотипова, односно звездолика организација хаплотипова у хаплотип мрежи у којој од једног фреквентног предачког хаплотипа настаје велики број изведених хаплотипова, указује на наглу диверзификацију до које обично долази услед нагле експанзије популације.

У оквиру хаплогрупе *H* се уочава низ јасно издвојених подхаплогрупа. Три хаплотипа који припадају подхаплогрупи *H1b* детектовани су код четири испитаника. Ови хаплотипови су сврстани у подхаплогрупу *H1b* на основу карактеристичних транзиција на позицијама 16189 и 16356 на основу којих се и разликују од предачког хаплотипа. Такође, два од три *H1b* хаплотипа уочена у анализираном узорку српске популације одликују се и транзицијом на позицији 16362. Два хаплотипа који припадају подхаплогрупи *H1o*, за коју је карактеристична транзиција на позицији 267, детектовани су код два испитаника. Ова два хаплотипа поседују и транзицију на позицији 16209 на основу које се разликују од предачког хаплотипа. Два хаплотипа су сврстана у подхаплогрупу *H2a1* на основу транзиције на позицији 16354 и детектовани су код четири испитаника.



Слика 4.10. Хаплотип мрежа хаплотипова детектованих у узорку српске популације који припадају суперхаплогрупи *R0* укључујући *R0a*, *HV*, *HV0*, *V* и *H*. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

Подхаплогрупа *H5*, која је у анализираном узорку српске популације представљена са седам хаплотипова код девет испитаника, од оснивачког хаплотипа се разликује на основу транзиције на позицији 16304. Грана која од предачког хаплотипа води ка подхаплогрупи *H6* одликује се транзицијама на позицијама 16362 и 239. Овој подхаплогрупи припадају три хаплотипа која су уочена код четири испитаника. Један од ових хаплотипова садржи повратну транзицију на позицији 11719 у оквиру кодирајућег региона. С обзиром да је транзиција на овој позицији дијагностичка за све хаплотипове који припадају суперхаплогрупи *R0*, припадност овог хаплотипа подхаплогрупи *H6* је било могуће утврдити на основу полиморфизама на позицијама 7028, 16362 и 239.

Диверзификацијом гране која се од предачког хаплотипа разликује транзицијом на позицији 195, настаје низ подхаплогрупа: подхаплогрупа *H8* представљена хаплотипом код једног испитаника и за коју су карактеристичне транзиције на позицијама 16362, 16288 и 146, подхаплогрупа *H11* представљена са три хаплотипа код три испитаника и за коју је карактеристична транзиција на позицији 16311, и подхаплогрупа *H12*, представљена једним хаплотипом, која се одликује транзицијом на позицији 16287.

Хаплотип у оквиру подхаплогрупе *R0a1* детектован је код једног испитаника и одликује се транзицијама на позицијама 16126, 16248, 16311, 16355, 16362, 146 и 152 (Слика 4.10). Четири хаплотипа су сврстана у хаплогрупу *HV* која се од сестринске хаплогрупе *H* разликује на основу полиморфизма на позицији 7028. Хаплогрупи *HV* припада и хаплотип који је сврстан у подхаплогрупу *HV2* за коју су карактеристичне транзиције на позицијама 16217, 73 и 152. Грана која од предачког хаплотипа *HV* води ка сестринској хаплогрупи *HV0*, одликује се транзицијама на позицијама 16298 и 72. Ова хаплогрупа је представљена хаплотипом једног испитаника. Сестринска хаплогрупа *V* је представљена са два хаплотипа уочена код три јединке. Док се један *V* хаплотип одликује карактеристичним транзицијама на позицијама 16298 и 72, други хаплотип, који је присутан код два испитаника и који заузима засебну грану, одликује се повратним мутацијама на позицијама 72 и 73. Припадност овог хаплотипа хаплогрупи *V* је потврђена присуством одговарајућих полиморфизама

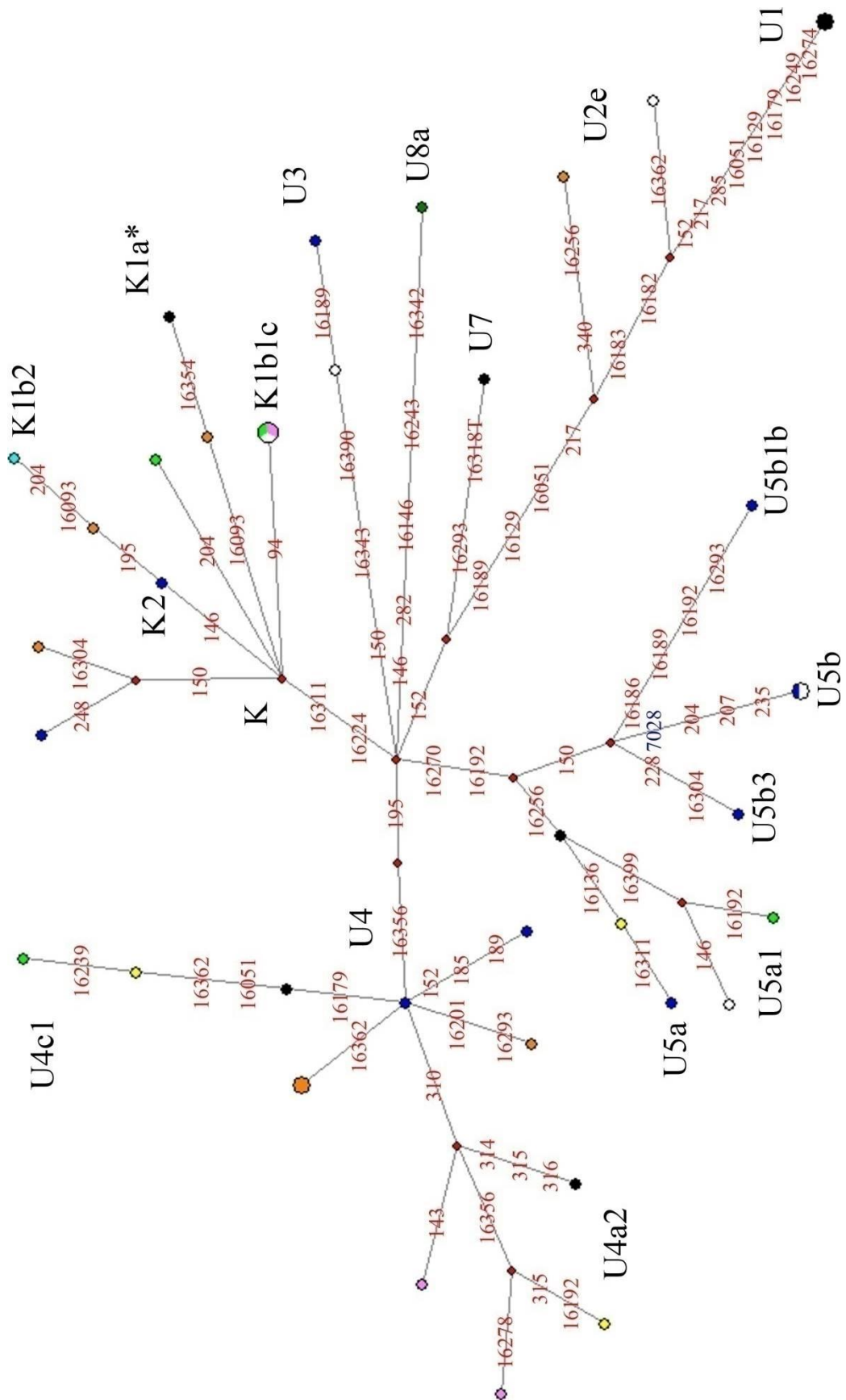
на позицији 16298 у оквиру *HVS-I* региона, као и на позицијама 11719 и 4580 у оквиру кодирајућег региона мтДНК.

#### 4.3.1.2. Суперхаплогрупа *U*

На Слици 4.11 је представљена хаплотип мрежа 35 хаплотипова у оквиру суперхаплогрупе *U* која обухвата хаплогрупе *U* и *K*. Ову суперхаплогрупу, која се одликује дијагностичком транзицијом на позицији 12308 (Слика 4.9), карактерише висока варијабилност. Сви хаплотипови у суперхаплогрупи *U* организовани су у низ јасно издвојених линија и настали су од хипотетичког хаплотипа који није детектован у узорку српске популације. За разлику од генеолошких односа хаплотипова хаплогрупе *H* са звездоликом организацијом у хаплотип мрежи, која указује на скорашњу експанзију популације, генеолошки односи хаплотипова суперхаплогрупе *U* упућују на древну експанзију популација, након чега су изворни хаплотипови изумрли или су у популацијама заступљени са јаким малом учесталашћу, а данас постоји велики број изведених хаплотипова.

На приказаној мрежи се разликује неколико јасно издвојених подхаплогрупа. Хаплогрупи *K*, коју карактеришу транзиције на позицијама 16224 и 16311, припада девет хаплотипова пронађених код једанаест испитаника од којих се већина сврстава у четири подхаплогрупе *K1a\**, *K1b1c*, *K1b2* и *K2*. Два хаплотипа припадају подхаплогрупи *K1a\** и одликују се карактеристичном транзицијом на позицији 16093. Подхаплогрупа *K1b1c*, која се одликује карактеристичном транзицијом на позицији 94, у анализираном узорку српске популације је заступљена са једним хаплотипом код три испитаника. Два хаплотипа код два испитаника припадају подхаплогрупи *K1b2* која се одликује транзицијама на позицијама 146 и 195. Подхаплогрупа *K2*, која се одликује карактеристичном транзицијом на позицији 146, у анализираном узорку српске популације је заступљена са једним хаплотипом код једне особе.

Подхаплогрупа *U4*, која је у српској популацији представљена са 11 хаплотипова детектованих код 12 испитаника, разликује се од хипотетичког предачког хаплотипа ове хаплогрупе на основу транзиција на позицијама 16356 и 195. Три хаплотипа детектована код три испитаника, сврстана су у подхаплогрупу *U4c1* на основу транзиције на позицији 16179. Четири хаплотипа су на основу



Слика 4.11. Хаплотип мрежа хаплотипова детектованих у узорку српске популације који припадају суперхаплогрупи *U* која обухвата хаплогрупе *U* и *K*. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

транзиције на позицији 310 сврстана у подхаплогрупу *U4a2*.

Подхаплогрупа *U5*, која је у анализираном узорку српске популације представљена са осам хаплотипова код девет испитаника, разликује се од хипотетичког предачког хаплотипа суперхаплогрупе *U* на основу транзиција на позицијама 16192 и 16270, од којих полиморфизам на позицији 16270 детерминише припадност овој подхаплогрупи. Подхаплогрупа *U5* садржи две гране, *U5a* и *U5b*. Полиморфизми на основу којих је утврђена припадност овим подхаплогрупама су на позицијама 16256 (*U5a*) и 150 (*U5b*). Остале подхаплогрупе, *U1*, *U2e*, *U3*, *U7* и *U8a*, које су ретке како у српској тако и у другим европским популацијама, у анализираном узорку српске популације су представљене са по једним до два хаплотипа детектованим код једног до два испитаника.

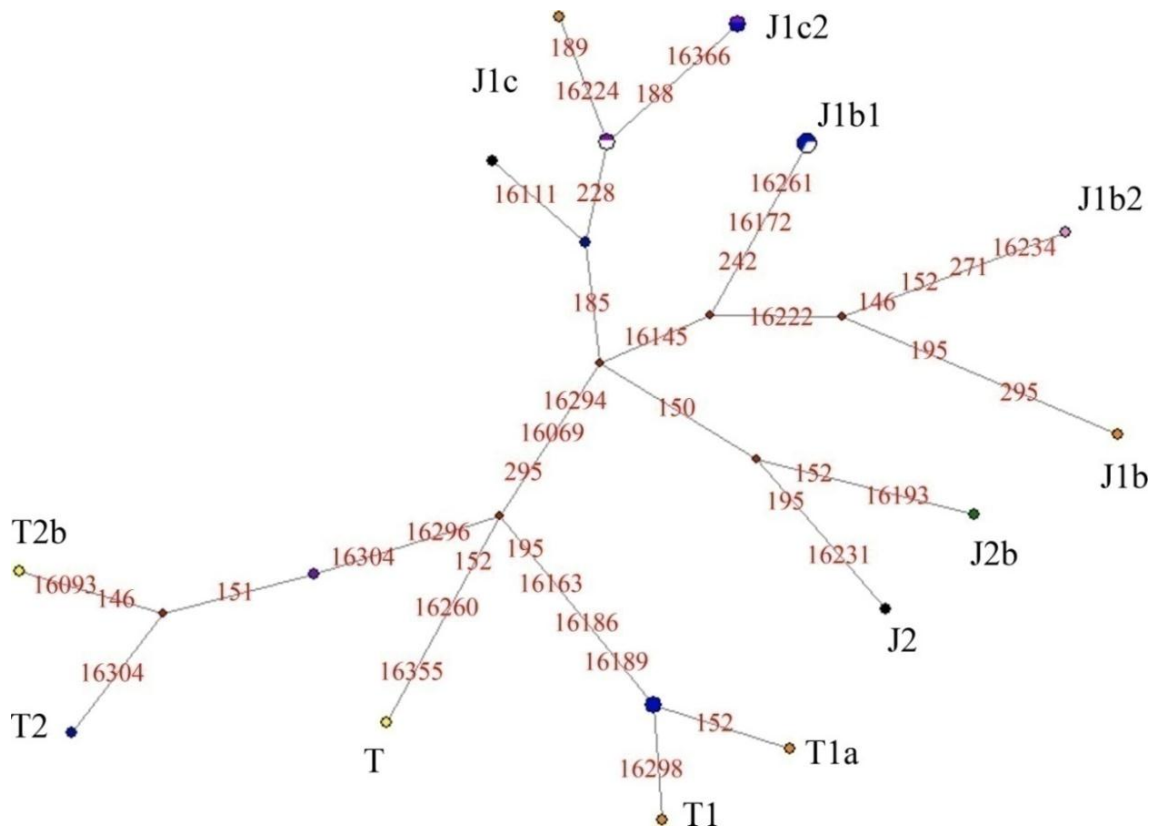
#### 4.3.1.3. Суперхаплогрупа *JT*

На Слици 4.12 је представљена хаплотип мрежа 17 хаплотипова у оквиру суперхаплогрупе *JT*, односно хаплогрупа *J* и *T*. Ови хаплотипови детектовани су код 22 испитаника. Припадност суперхаплогрупи *JT* детерминисана је полиморфизмом на позицији 16126, док је припадност хаплогрупама *J* и *T* одређена полиморфизмима на позицијама 16069 и 295 (хаплогрупа *J*) и 16294 (хаплогрупа *T*) (Слика 4.9). Хаплогрупа *J* је у анализираном узорку српске популације представљена са 10 хаплотипова код 14 испитаника. Унутар ове хаплогрупе јасно се могу разликовати три гране које воде порекло од хипотетичког предачког хаплотипа, *J1b*, *J1c* и *J2* (Слика 4.12). Подхаплогрупа *J1b* представљена са три хаплотипа и уочена код пет испитаника одликује се карактеристичном транзицијом на позицији 16145. Грана која од предачког хаплотипа води ка подхаплогрупи *J1c* одликује се транзицијом на позицији 185. Овој подхаплогрупи припада пет хаплотипова који су уочени код седам испитаника. Подхаплогрупа *J2*, представљена са два хаплотипа код два испитаника, одликује се транзицијом на позицији 150.

Хаплогрупа *T* је у анализираном узорку српске популације представљена са седам хаплотипова детектованих код осам испитаника. У оквиру ове хаплогрупе постоји подела на две подхаплогрупе: *T1* и *T2*. Припадност подхаплогрупи *T1* је



детерминисана транзицијама на позицијама 16163, 16186 и 16189 и у њу су сврстана три хаплотипа уочена код четири испитаника. Припадност подхаплогрупи *T2* је детерминисана транзицијом на позицији 16296 и она је детектована код три испитаника код којих су уочена три хаплотипа.

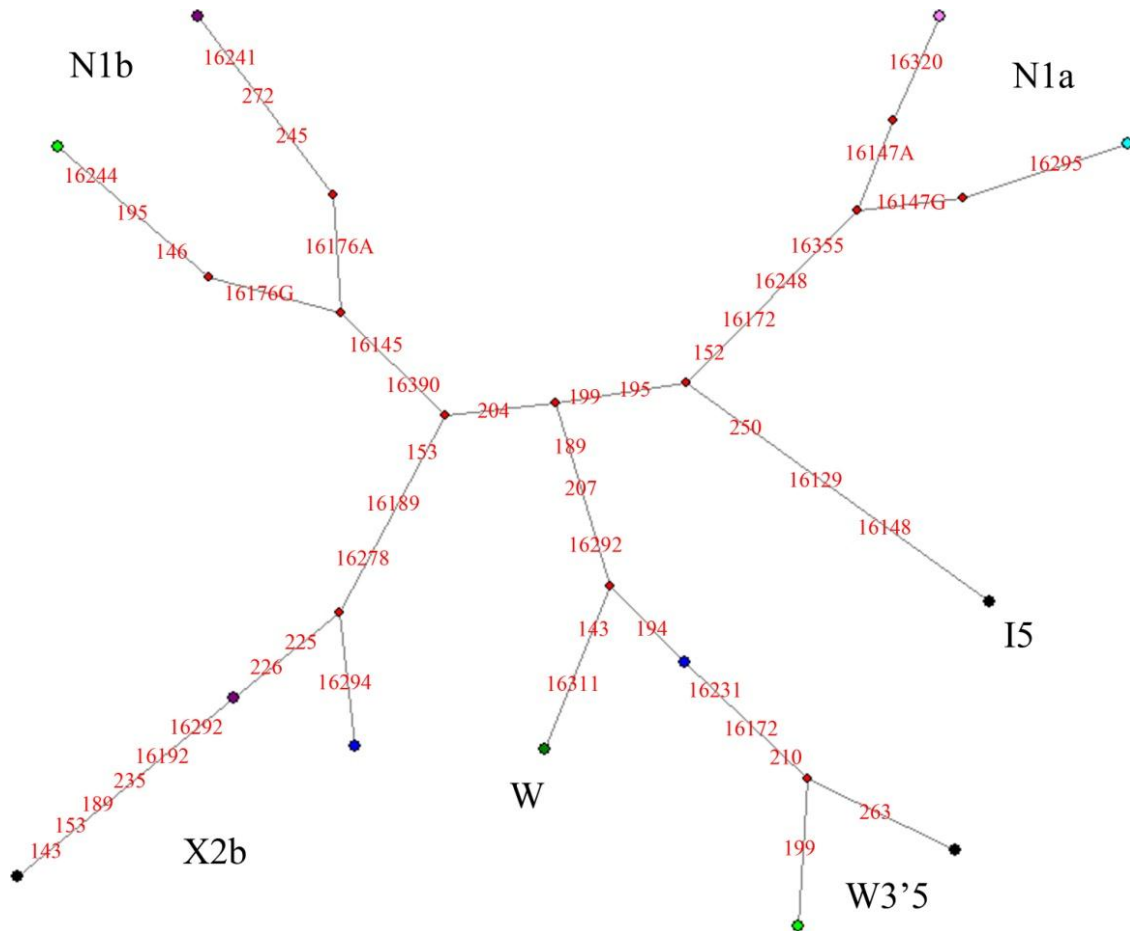


Слика 4.12. Хаплотип мрежа хаплотипова детектованих у узорку српске популације који припадају суперхаплогрупи *JT* која обухвата хаплогрупе *J* и *T*. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

#### 4.3.1.4. (Под)хаплогрупе *N1*, *W* и *X2b*

На Слици 4.13 представљена је хаплотип мрежа 12 хаплотипова који припадају (под)хаплогрупама које директно потичу од суперхаплогрупе *N*: *N1* (*N1a*, *N1b* и *D*), *W* и *X2b*. Наведене (под)хаплогрупе имају заједничку карактеристичну транзицију на позицији 16223 (Слика 4.9). На приказаној хаплотип мрежи јасно се раздваја пет различитих грана. Подхаплогрупа *N1a*, коју одликују транзиције на позицијама 16172, 16223, 16248, 16355, 152 и 199, као и трансверзија на позицији 16147, представљена је са два хаплотипа који се међусобно разликују по типу трансверзије на позицији 16147. Припадност подхаплогрупи *N1b* је детерминисана транзицијама на позицијама 16145, 16223 и

16390, као и трансверзијом на позицији 16176. Ова подхаплогрупа је представљена са два хаплотипа који се међусобно разликују по типу трансверзије на позицији 16176.



**Слика 4.13.** Хаплотип мрежа хаплотипова детектованих у српској популацији који припадају хаплогрупама *NI* (*NIa*, *NIb* и *I*), *W* и *X2b*. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

Подхаплогрупа *I5*, коју одликују транзиције на позицијама 16129, 16148, 16223, 199 и 250, представљена је једним хаплотипом. Хаплогрупа *W* је присутна у анализираном узорку српске популације са четири хаплотипа и њу одликују транзиције на позицијама 16223, 16292, 189, 195, 204 и 207 (Слика 4.9). Три од ова четири хаплотипа су сврстана у подхаплогрупу *W3'5* коју одликује и транзиција на позицији 194. Припадност хаплогрупи *X2b* је детерминисана транзицијама на позицијама 16189, 16223, 16278 и 153 и у анализираном узорку српске популације је представљена са три хаплотипа код три испитаника (Слика 4.9).

#### 4.3.1.5. Неевропске подхаплогрупе *L2a1* и *D4*

На хаплотип мрежи на Слици 4.9 могу се уочити два хаплотипа присутна код по једног испитаника, који припадају неевропским подхаплогрупама *L2a1* и *D4*. Хаплотип који припада источноазијској подхаплогрупи *D4* [132] одваја се у засебну грану и одликује се транзицијом на позицији 16362, као и повратном мутацијом на позицији 16223.

Хаплотип подхаплогрупе *L2a1* у мрежи је смештен у грану у којој дели заједнички предачки хаплотип са подхаплогрупом *X2b*. Међутим, ова мрежа, конструисана на основу полиморфизама *HVS-I* и *HVS-II* региона, као и кодирајућег региона мтДНК на позицијама 7028, 11719 и 12308, не одговара опште прихваћеној филогенији наведених подхаплогрупа. За позиционирање *L2a1* у хаплотип мрежи, у складу са прихваћеном филогенијом хаплогрупе *L*, неопходно је анализирати већи број полиморфизама кодирајућег региона који служе за дефинисање припадности овој хаплогрупи. Припадност ових хаплотипова је стога потврђена додатним анализама полиморфизама кодирајућег региона дијагностичких за испитиване хаплогрупе применом *PCR-RFLP* методе.

#### 4.3.2. Порекло и генеолошки односи ретких хаплотипова детектованих у српској популацији

Поред (под)хаплогрупа уобичајених за европске популације, у малом проценту у анализираном и обједињеном узорку српске популације детектовани су и тзв. ретки хаплотипови који припадају ретким (под)хаплогрупама: *R0a*, *N1a*, *N1b*, *I1*, *I5*, *W*, *X2b*, *HV2* и *L2a1*. Повећан степен генетичког диверзитета ових (под)хаплогрупа у одређеном региону може указивати на то да су оне настале у тим регионима. Утврђивање центара порекла, односно изворних популација (под)хаплогрупа, од великог је значаја за праћење токова миграција и протока гена између различитих популација и у том смислу су ретке (под)хаплогрупе информативније од широко распрострањених хаплотипова/хаплогрупа. Стога је, у циљу утврђивања потенцијалних центара порекла ретких (под)хаплогрупа у српској популацији, утврђен степен њиховог генетичког диверзитета у различитим регионима Евроазије, као и у Африци. Степен генетичког диверзитета је утврђен на основу варијабилности доступних секвенци *HVS-I* и

*HVS-I/HVS-II* региона хаплотипова који припадају наведеним (под)хаплогрупама. Вредности параметара генетичке разноврсности ретких (под)хаплогрупа (*R0a*, *N1a*, *N1b*, *I1*, *I5*, *W*, *X2b*, *HV2* и *L2a1*) у различитим географским регионима су приказани у Табели 8.12 (Прилог).

Затим су, на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона хаплотипова који припадају ретким (под)хаплогрупама, утврђени њихови генеолошки односи. За конструкцију хаплотип мрежа су коришћени сви хаплотипови доступни у европским популацијама. Коришћени су ретки хаплотипови из српске популације који су детектовани у испитиваном узорку српске популације, као и ретки хаплотипови из српске популације који су објављени у другим студијама [163, 203, 239]. Хаплотип мреже на којима су представљени генеолошки односи ретких (под)хаплогрупа представљени су за сваку (под)хаплогрупу засебно.

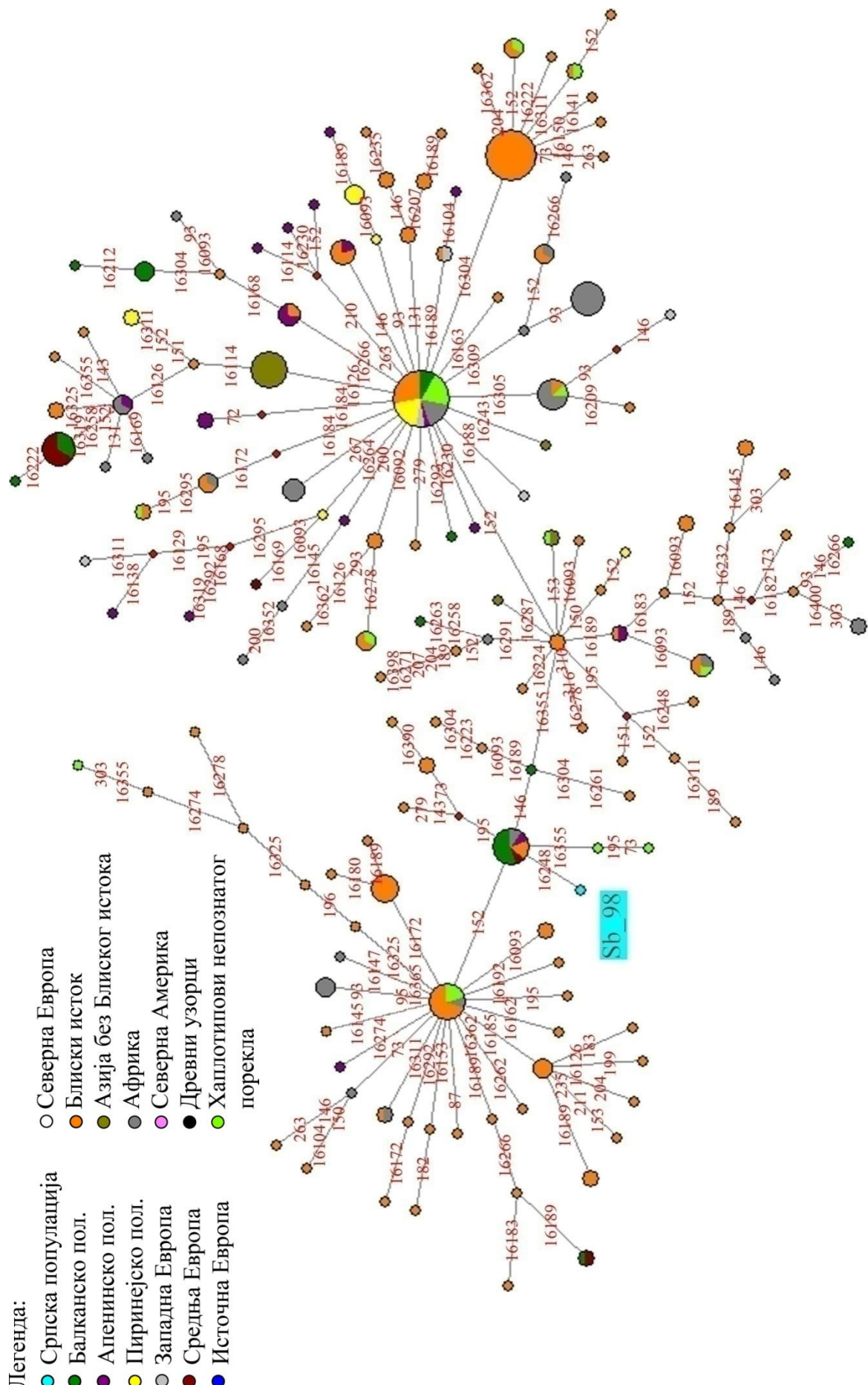
#### **4.3.2.1. Подхаплогрупа *R0a***

Према подацима из литературе, хаплотипови који припадају подхаплогрупи *R0a* су чести на Арабијском полуострву где се јављају са учесталашћу до 17% [240, 241]. У складу са тим, највећи број хаплотипова ове подхаплогрупе је пореклом са Блиског истока (Табела 8.12, Прилог). Ова подхаплогрупа је присутна са релативно високом учесталашћу и у Африци, тачније на Афричком рогу [131].

Када се посматрају вредности параметара генетичке разноврсности подхаплогрупе *R0a* у различитим географским регионима, добијене на основу анализе *HVS-I* односно *HVS-I* и *HVS-II* региона, највише вредности параметра разноврсност хаплотипова уочене су у популацијама на Блиском истоку, као и на Апенинском полуострву (Табела 8.12, Прилог). Такође, изузетно високе вредности овог параметра постоје и у Африци и на Балканском полуострву. У Европи, највећа учесталост ове подхаплогрупе је уочена на Апенинском и Балканском полуострву (Табела 8.12, Прилог). У регионима источне и западне Европе, *R0a* хаплотипови су детектовани код малог броја јединки, те се високе вредности параметара генетичке разноврсности у овим регионима морају узети са

резервом. Резултати ове анализе могу указивати на правце миграција са Блиског истока у Европу преко Балканског и Апенинског полуострва.

На Слици 4.14 приказани су генеолошки односи хаплотипова који припадају подхаплогрупи *R0a*. За конструкцију хаплотип мреже је коришћена варијабилност секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона, а број јединки код којих је детектовано 147 хаплотипова ове подхаплогрупе био је 299. Према нашој студији и другим литературним подацима, у српској популацији је до сада пронађен само један хаплотип који припада подхаплогрупи *R0a* (*Sb\_98*). Детектовани хаплотип испитаника *Sb\_98* се од предачког хаплотипа разликује на основу транзиције на позицији 16248 (Слика 4.14). Предачки хаплотип је установљен код 11 испитаника који су већином пореклом са Балканског полуострва, али је овај хаплотип заступљен и у средњој Европи, на Апенинском и Арабијском полуострву и северној Африци. Сличан резултат се добија и када се хаплотип мрежа конструише на основу варијабилности секвенце само *HVS-I* региона у коју је било укључено 334 особе код којих је детектовано 108 хаплотипова (Слика 8.2, Прилог). У овој хаплотип мрежи, предачки хаплотип је детектован код 38 испитаника од којих највећи број води порекло са Арабијског и Балканског полуострва. Предачки хаплотип је установљен и код особе која је живела на територији данашње Данске током касног римског гвозденог доба (200-270 године н.е.) за коју није поуздано утврђено да ли је у Данску доспела из југоисточне Европе, Блиског истока или Африке, односно није са сигурношћу утврђена изворна популација овог хаплотипа [242].



**Слика 4.14.** Хаплотип мрежа хаплотипова који припадају подхаплогрупи *R0a*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 299 јединки на основу чега је детектовано 147 хаплотипова. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди. Светлоплавом бојом обележен је хаплотип детектован у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

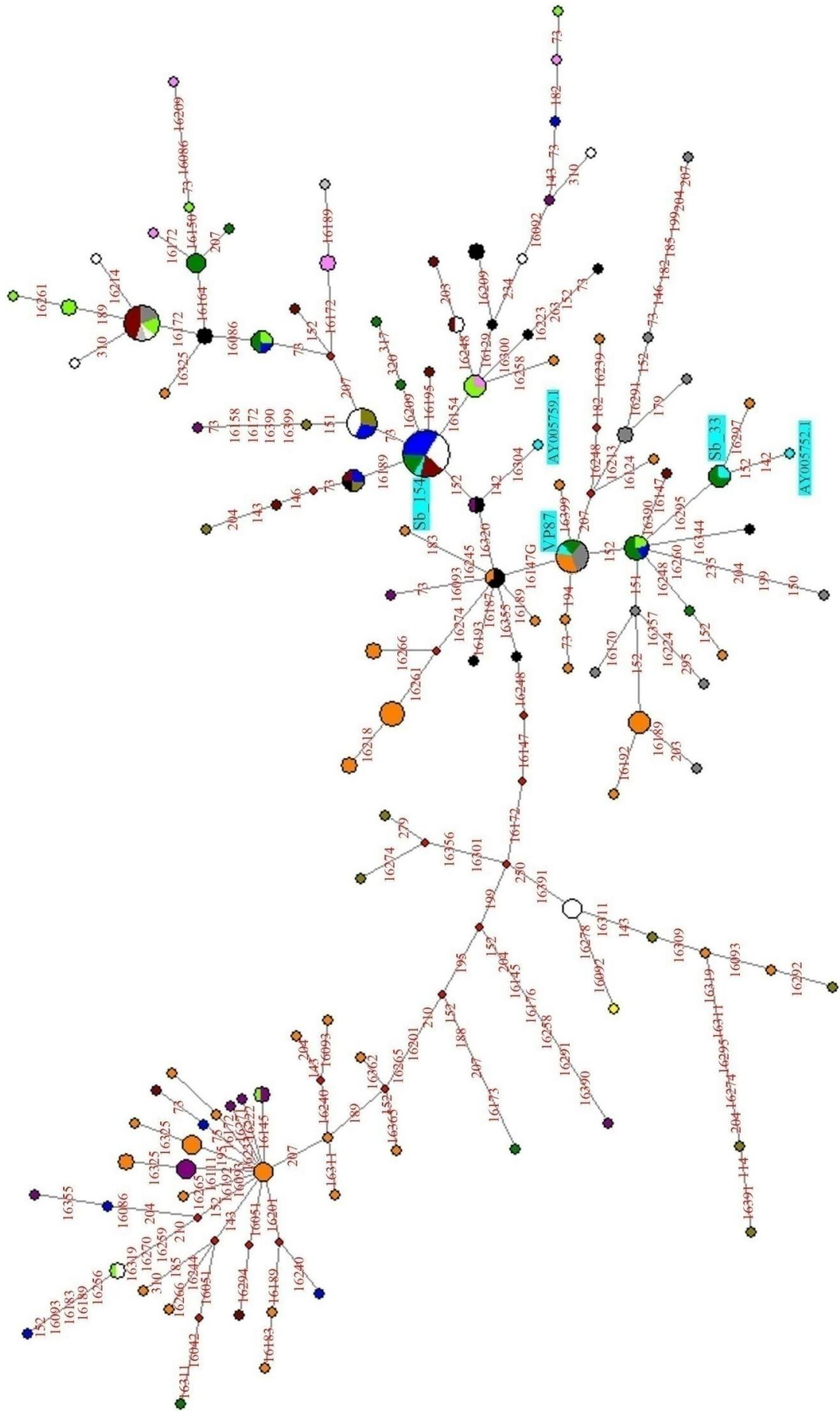
#### 4.3.2.2. Подхаплогрупе *N1a* и *N1b*

Подхаплогрупа *N1a* је у савременим популацијама присутна са веома ниском учесталашћу која се креће од око 1% у различитим европским популацијама [130] до 2.3% на Арабијском полуострву [240].

Када се посматрају вредности параметара генетичке разноврсности подхаплогрупе *N1a* у различитим географским регионима, добијени на основу анализе *HVS-I* односно *HVS-I* и *HVS-II* региона, највеће вредности параметра разноврсност хаплотипова показују региони Блиског истока и Апенинског полуострва (Табела 8.12, Прилог). Такође, високе вредности параметара нуклеотидна разноврсност и средњи број разлика између парова хаплотипова могу се уочити на Апенинском полуострву, Блиском истоку, као и у северној Европи и Азији, што указује на то да су у овим регионима присутни хаплотипови који се међу собом више разликују него хаплотипови присутни у другим регионима, а који се одликују сличним вредностима за параметар разноврсност хаплотипова. Балканско полуострво одликују нешто ниже вредности нуклеотидне разноврсности и средњег броја разлика између парова хаплотипова у односу на наведене регионе (Табела 8.12, Прилог).

Према литературним подацима, данас ретка подхаплогрупа *N1a* била је заступљена са високом учесталашћу у популацијама фармера које су насељавале средњу Европу током раног неолита [243]. Стога се присуство ове подхаплогрупе у Европи везује за неолитске миграције фармера са Блиског истока у Европу [119, 123]. Раније филогеографске анализе савремених и древних *N1a* хаплотипова су указале на постојање три *N1a* гране: европске, средњеазијске и афричко/јужноазијске [244]. Већина хаплотипова ове подхаплогрупе, детектованих до сада у неолитским популацијама фармера, припадају европској или средњеазијској грани [244] (Слике 4.15 и 8.3, Прилог).

У српској популацији, подхаплогрупа *N1a* је заступљена са пет различитих хаплотипова (Слика 4.15). Два хаплотипа (испитаник *Sb\_154* и *AY005759.1* [239]) одликују се трансверзијом С у А на позицији 16147 и припадају европској грани подхаплогрупе *N1a*. Хаплотип испитаника *Sb\_154* је идентичан хаплотиповима пореклом из источне, северне, средње Европе, као и са Балканског полуострва. Остала три хаплотипа у српској популацији (испитаник *Sb\_33*, *VP87*



Слика 4.15. Хаплотип мрежа подхаплогрупе *N1a*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 206 јединки на основу којих је детектовано 118 хаплотипова. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Сlici 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.



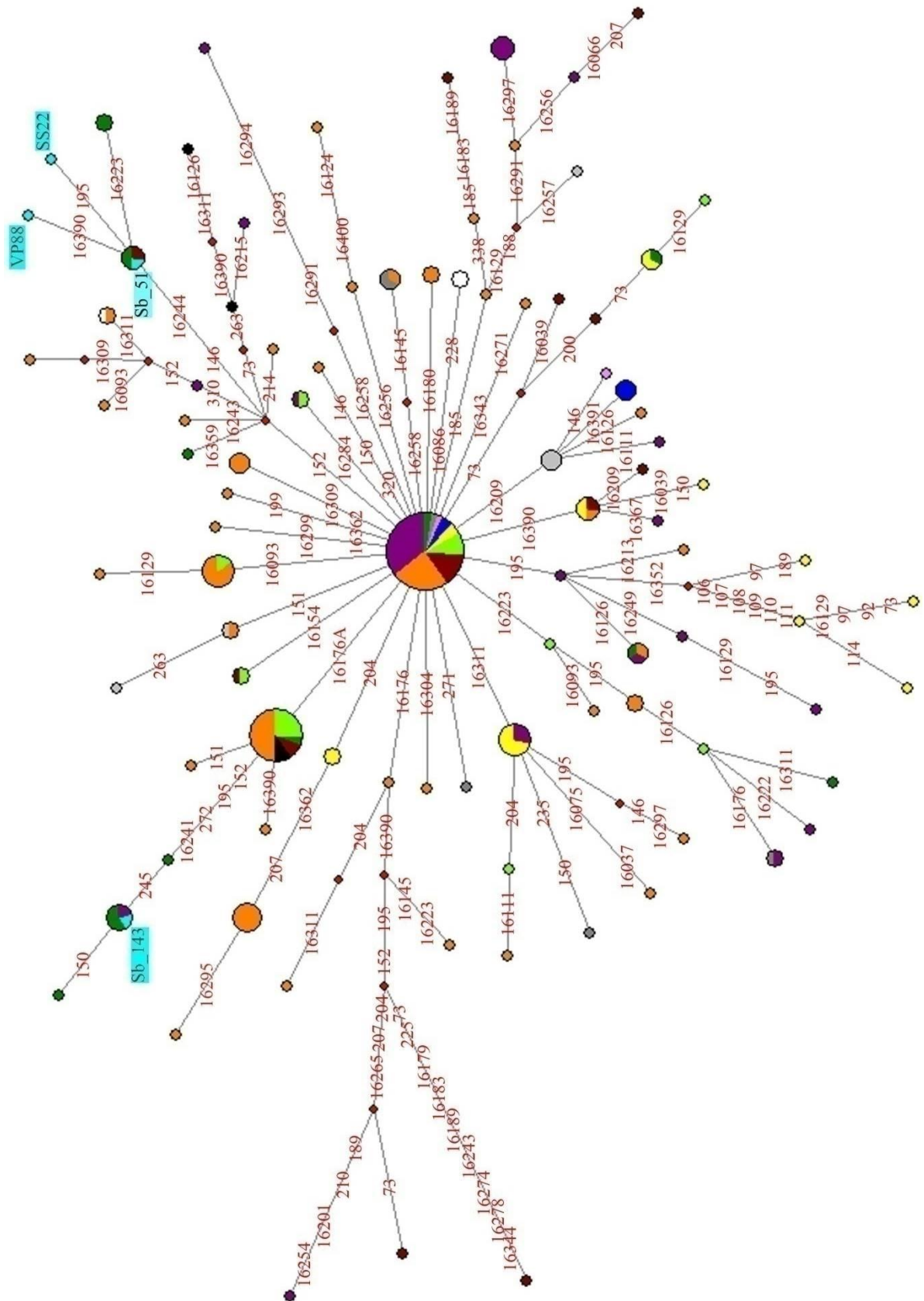
[203] и AY005752.1 [239]) припадају афричко/јужноазијској грани подхаплогрупе *N1a* која се одликује трансверзијом C у G на позицији 16147 (Слика 4.15). 16147G грана подхаплогрупе *N1a*, поред хаплотипова пореклом из Блиског истока и Африке, обухвата и хаплотипове детектоване код 15 особа пореклом из Европе, и то већином са Балканског полуострва. Један од ових хаплотипова установљен је код особе која је живела пре око четири хиљаде година, у периоду раног бронзаног доба, на територији данашње Русије (*R1E555*) [125]. Хаплотип који се од афричко/јужноазијске гране *N1a* разликује на основу трансверзије C у G на позицији 16147, детектован је код две древне јединке старости од око пет хиљада година које припадају популацијама фармера из неолита и пронађене су у различитим регионима - једна је припадала култури линеарно тракасте керамике са територије данашње Немачке (*Hal34*), а друга *Els Trocs* култури са територије данашње Шпаније (*Troc5*) [123]. Трећи носилац овог хаплотипа пореклом је са Арабијског полуострва.

Хаплотип мрежа подхаплогрупе *N1a*, конструисана на основу варијабилности *HVS-I* региона (Слика 8.3, Прилог), очекивано је укључила већи број јединки (395 особа код којих је детектовано 129 хаплотипова) чиме је повећана величина узорка за савремене популације, као и број јединки пореклом из различитих древних популација. То је омогућило стицање бољег увида у заступљеност појединих линија ове подхаплогрупе у различитим регионима Европе, како данас, тако и током различитих ранијих временских периода. У овој мрежи, број хаплотипова у српској популацији је четири пошто се хаплотип *Sb\_33* не може раздвојити од хаплотипа AY005752.1 само на основу полиморфизама *HVS-I* региона. Хаплотип испитаника *Sb\_154* је осим на Балканском полуострву, северној и источној Европи присутан и у популацијама са Апенинског и Пиринејског полуострва, као и у популацијама Азије и Блиског истока (Слика 8.3, Прилог). Поред тога детектован је и код шест јединки које су живеле у раном неолиту на територији данашње Немачке и Шведске [46, 119, 123, 243]. У ових шест налаза убраја се и хаплотип особе пореклом са територије данашње Немачке, која је живела пре око пет хиљада година, а чији се хаплотип разликовао од хаплотипа испитаника *Sb\_154* на основу транзиције на позицији 152 (Слика 4.15). Генеолошки односи осталих хаплотипова у српској популацији не разликују

се од односа утврђених на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона (Слика 4.15).

Као и у случају подхаплогрупе *N1a*, подхаплогрупа *N1b* је ретка у Европи, при чему је са највећом учесталошћу присутна на Балканском полуострву где достиже заступљеност до скоро 3% [130]. Двоструко већа учесталост подхаплогрупе *N1b* је уочена на Блиском истоку (до скоро 6%, [130]), који се и одликује највећом учесталошћу ове подхаплогрупе. У складу са тим, највећи број јединки код којих су детектовани хаплотипови ове подхаплогрупе, као и највећи број различитих *N1b* хаплотипова, уочен је управо на Блиском истоку. Вредност параметра разноврсност хаплотипова подхаплогрупе *N1b*, добијена на основу анализе *HVS-I* односно *HVS-I* и *HVS-II* региона, такође је највиша на Блиском истоку, али је висока вредност овог параметра уочена и на Балканском полуострву (Табела 8.12, Прилог). Највишим вредностима параметара нуклеотидна разноврсност и средњи број разлика између парова хаплотипова, добијених на основу анализе само *HVS-I* региона, одликује се регион средње Европе, а када се у анализу укључе оба хиперваријабилна региона, високе вредности ових параметара су добијене и за регионе Балканског и Пиринејског полуострва (Табела 8.12, Прилог). Високе вредности параметара генетичке разноврсности, добијене за регионе северне Европе и Африке, могу се занемарити због тога што су у наведеним регионима *N1b* хаплотипови детектовани код малог броја испитаника.

На Слици 4.16 представљена је хаплотип мрежа подхаплогрупе *N1b* која је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона. Од 92 хаплотипа коришћених за конструкцију хаплотип мреже подхаплогрупе *N1b* (присутних код 204 особе), четири хаплотипа потичу из српске популације. Хаплотип испитаника *Sb\_143* је идентичан са четири хаплотипа који воде порекло из јужне Европе и то са Балканског и Апенинског полуострва. Овај хаплотип припада грани која се одликује трансверзијом С у А на позицији 16176 и у оквиру које су детектовани хаплотипови који већином воде порекло са Блиског истока и припадају групи Ашкенази Јевреја, док су остали пореклом из средње Европе, Балканског и Апенинског полуострва. У оквиру 16176А гране налази се и хаплотип две особе германског племена Ломбарда које је насељавало



**Слика 4.16.** Хаплотип мрежа подхаплогрупе *N1b*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 204 јединке на основу чега су детектована 92 хаплотипа. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

територију Панонске низије у VIII в.н.е. [245]. Преостала три хаплотипа ове подхаплогрупе у српској популацији, *Sb\_51*, *VP88* [203] и *SS22* [163], позиционирани су у оквиру гране коју карактерише транзиција на позицији 152 и они се, као и већина хаплотипова приказаних на овој мрежи, одликују трансверзијом C у G на позицији 16176.

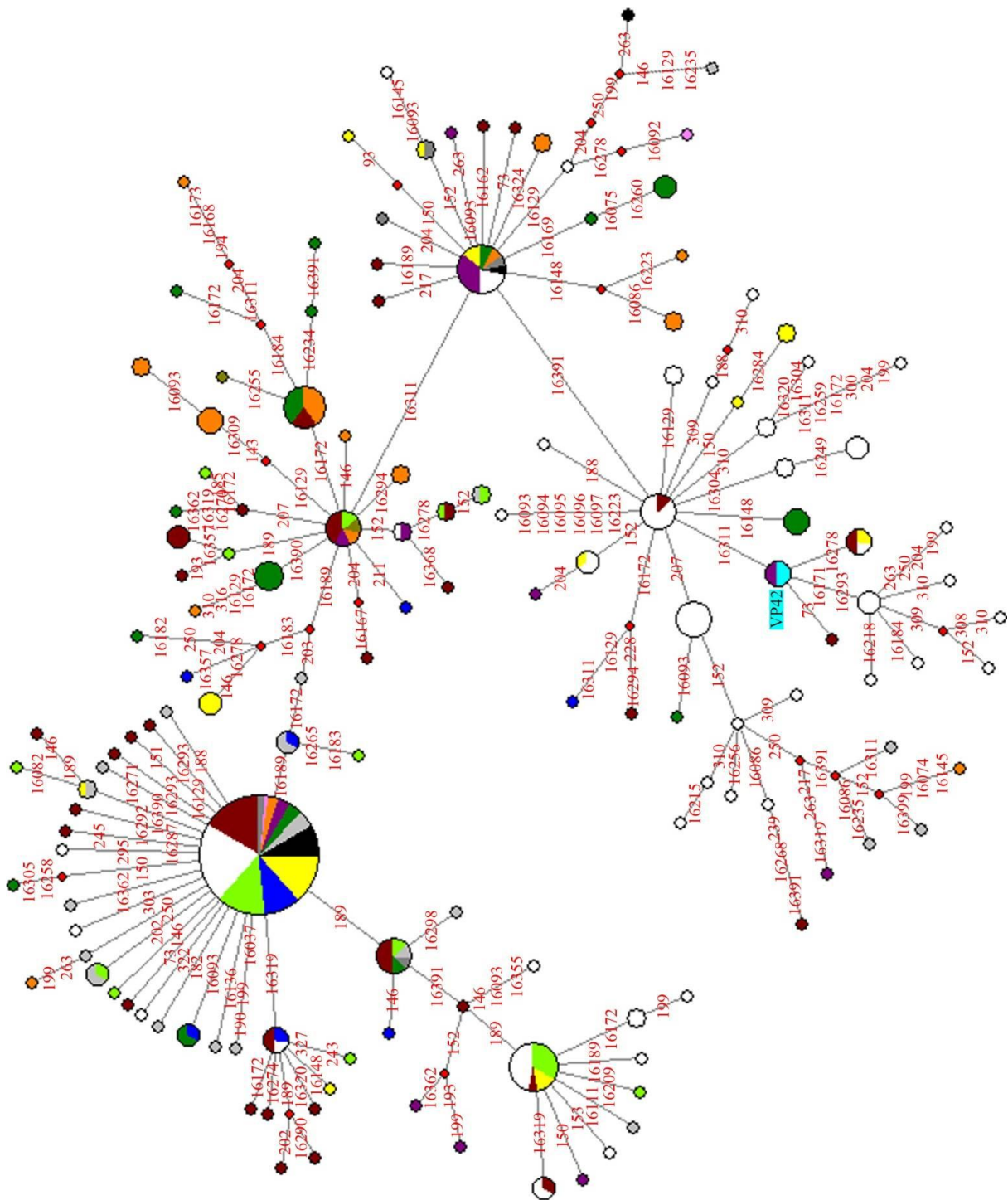
Поред тога, ова три хаплотипа су груписана заједно у оквиру линије коју карактеришу транзиције на позицијама 16244 и 146 и која је распрострањена претежно на Балканском полуострву, а присутна је и код једне особе пореклом из средње Европе. За конструкцију хаплотип мреже подхаплогрупе *N1b* (Слика. 8.4, Прилог), на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона, коришћено је 93 хаплотипа детектованих код 278 јединки. Од тога, три хаплотипа су пореклом из српске популације и њихови генеолошки односи се не разликују од односа утврђених на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона (Слика 4.16).

#### **4.3.2.3. Хаплогрупа I**

Повишена учесталост хаплогрупе *I* уочена је у северној (од 2.46%-4.81%) и средњој (0.80%-3.61%) Европи [100]. Највећи број особа код којих је детектована подхаплогрупа *II* насељено је у северној (*HVS-I/HVS-II*), односно у северној и западној Европи (*HVS-I*), док је највећи број хаплотипова присутан у северној (*HVS-I/HVS-II*), односно у западној Европи (*HVS-I*) (Табела 8.12, Прилог). Међутим, и поред тога, наведени региони се не одликују највишим вредностима параметара генетичке разноврсности. Највише вредности ових параметара добијене на основу варијабилности и *HVS-I* и *HVS-I/HVS-II* региона, детектују се на Блиском истоку, а изузетак је разноврсност хаплотипова добијена на основу *HVS-I/HVS-II* региона која, иако има високе вредност и у овом региону, највишу вредност показује у западној Европи (Табела 8.12, Прилог). Чињеница да се високе вредности параметара генетичке разноврсности за подхаплогрупу *II* детектују на Блиском истоку (Табела 8.12, Прилог) одговара претпоставци да је хаплогрупа *I* настала током последњег леденог максимума управо у овом региону [100]. У анализама које су укључиле само *HVS-I* регион, Балканско полуострво показује веће вредности параметара генетичке разноврсности у односу на

северну Европу у којој је детектован највећи број јединки које припадају *II* подхаплогрупи, а додатно се уочавају и високе вредности осталих параметара генетичке разноврсности у овом региону (Табела 8.12, Прилог). У анализама које су укључиле оба хиперваријабилна региона, вредности параметара генетичке разноврсности за Балканско полуострво и северну Европу су упоредиве. Ови подаци су у сагласности са литературним налазима према којима је подхаплогрупа *II* заједно са *I2'3*, *I5*, *W3*, *W4* и *W5*, настала на Блиском истоку, пре око 12-18 хиљада година, одакле се миграцијама током касног лацијала ширила у Европу ка њеним северним деловима, највероватније преко Балканског полуострва [100]. Високе вредности параметара генетичке разноврсности у Азији морају се занемарити због мале величине узорка.

На Слици 4.17 представљена је генеологија 141 хаплотипа детектованих код 339 јединки у оквиру подхаплогрупе *II*, а чији су односи реконструисани на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона. У српској популацији је код две особе присутан идентичан хаплотип ове подхаплогрупе (VP42 [203]). Један од хаплотипова већином је присутан у јужној и северној Европи, али се јавља и у Африци, на Блиском истоку, као и код једне јединке која је живела пре око две хиљаде година на територији данашње Немачке и припадала је Уњетичкој култури бронзаног доба [119]. Од овог хаплотипа се одваја грана коју карактерише транзиција на позицији 16391, а хаплотипови који припадају овој грани претежно су присутни у северној Европи. Овој грани припада и једини хаплотип подхаплогрупе *II* детектован у српској популацији који карактерише транзиција на позицији 16311. Идентичан хаплотип је детектован код особа пореклом из Италије и са Сицилије. На слици 8.5 (Прилог) приказана је хаплотип мрежа подхаплогрупе *II* конструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона. Иако су секвенце *HVS-I* региона доступне за скоро двоструко већи број јединки у односу на број доступних секвенци оба хиперваријабилна региона (639 јединки), број хаплотипова је остао исти (141), и њихови генеолошки односи су нешто измењени у односу на оне који су добијени коришћењем варијабилности оба хиперваријабилна региона (Слика 4.17), услед умањене резолуције. То се види и на примеру јединог хаплотипа који припада овој подхаплогрупи у српској популацији. Наиме, он се у овој мрежи групише са хаплотиповима детектованим

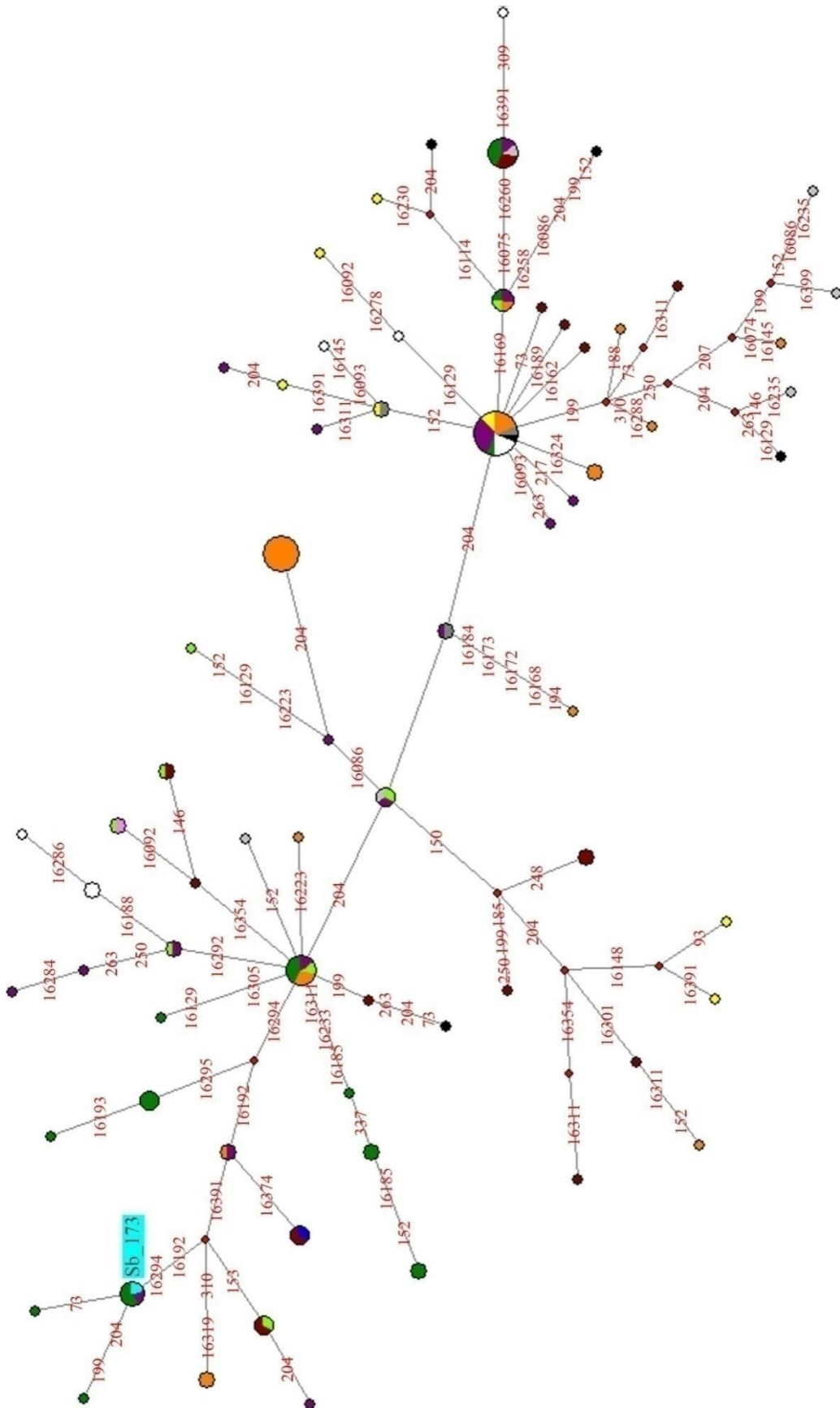


Слика 4.17. Хаплотип мрежа подхаплогрупе II. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 339 јединки на основу чега је детектован 141 хаплотип. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

код још осам особа пореклом из северне, средње и источне Европе, Апенинског полуострва и Сицилије. Стога ове резултате треба узети са резервом.

*Olivieri* и сар. су, испитујући порекло и старост ретких хаплогрупа *I* и *W*, утврдили да је подхаплогрупа *I5* друга по учесталости у хаплогрупи *I* у оквиру које су дефинисали подкладе карактеристичне за Блиски исток (*I5a2a* и *I5b*) и Европу (*I5a1*) [100]. Једини *I5* хаплотип у српској популацији (*Sb\_173*, Табела 8.1, Прилог) одликује се транзицијом на позицији 16148 која је карактеристична за подхаплогрупу *I5a*, док се припадност хаплотипова европској подклади *I5a1* може утврдити само анализом одговарајућих полиморфизама кодирајућег региона мтДНК. Највећи број особа носилаца хаплотипова из подхаплогрупе *I5* детектован је у западној Европи (*HVS-I*), односно на Блиском истоку (*HVS-I/HVS-II*), али и на Балканском и Апенинском полуострву (*HVS-I* и *HVS-I/HVS-II*). На Балканском и Апенинском (*HVS-I*), односно на Апенинском полуострву (*HVS-I/HVS-II*), установљен је и највећи број хаплотипова који припадају овој подхаплогрупи, те се ова полуострва одликују високим вредностима свих параметара генетичке разноврсности (*HVS-I* и *HVS-I/HVS-II*) (Табела 8.12, Прилог). Међутим, велики број хаплотипова је уочен и у средњој и западној Европи (*HVS-I*), односно у средњој Европи, на Балканском полуострву и на Блиском истоку (*HVS-I/HVS-II*), при чему су највише вредности свих параметара генетичке разноврсности одређене у средњој Европи (Табела 8.12, Прилог). Високе вредности генетичке разноврсности у Африци морају се занемарити због малог броја носилаца ове подхаплогрупе. С обзиром да је у западној Европи присутан велики број особа са хаплотиповима подхаплогрупе *I5*, а да се у том региону уочавају релативно ниске вредности параметара генетичке разноврсности у односу на јужну и средњу Европу (Табела 8.12, Прилог), може се претпоставити да је релативно висока учесталост ове подхаплогрупе у западној Европи последица ефекта оснивача или генетичког дрифта.

За конструкцију хаплотип мреже подхаплогрупе *I5* (Слика 4.18), на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона, коришћено је 68 хаплотипова детектованих код 131 јединке. Хаплотип испитаника *Sb\_173* је груписан са хаплотиповима из јужне Европе и то већином са Балканског полуострва (Босна и Херцеговина и Бугарска), али и Апенинског полуострва (Италија). На Слици 8.6



**Слика 4.18.** Хаплотип мрежа подхаплогрупе 15. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 131 јединке на основу чега је детектовано 68 хаплотипова. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.



(Прилог) представљена је хаплотип мрежа подхаплогрупе *I5* која је реконструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона. На мрежи су представљена 73 хаплотипа детектована код 287 јединки. Хаплотип испитаника *Sb\_173* је идентичан хаплотиповима уоченим код још 11 особа пореклом из јужне Европе, и то већином са Балканског полуострва. Идентичан хаплотип пронађен је и код јединке из X в.н.е. са територије данашње Мађарске и припадала је словенској популацији која је насељавала Панонску низију пре доласка Угара [172].

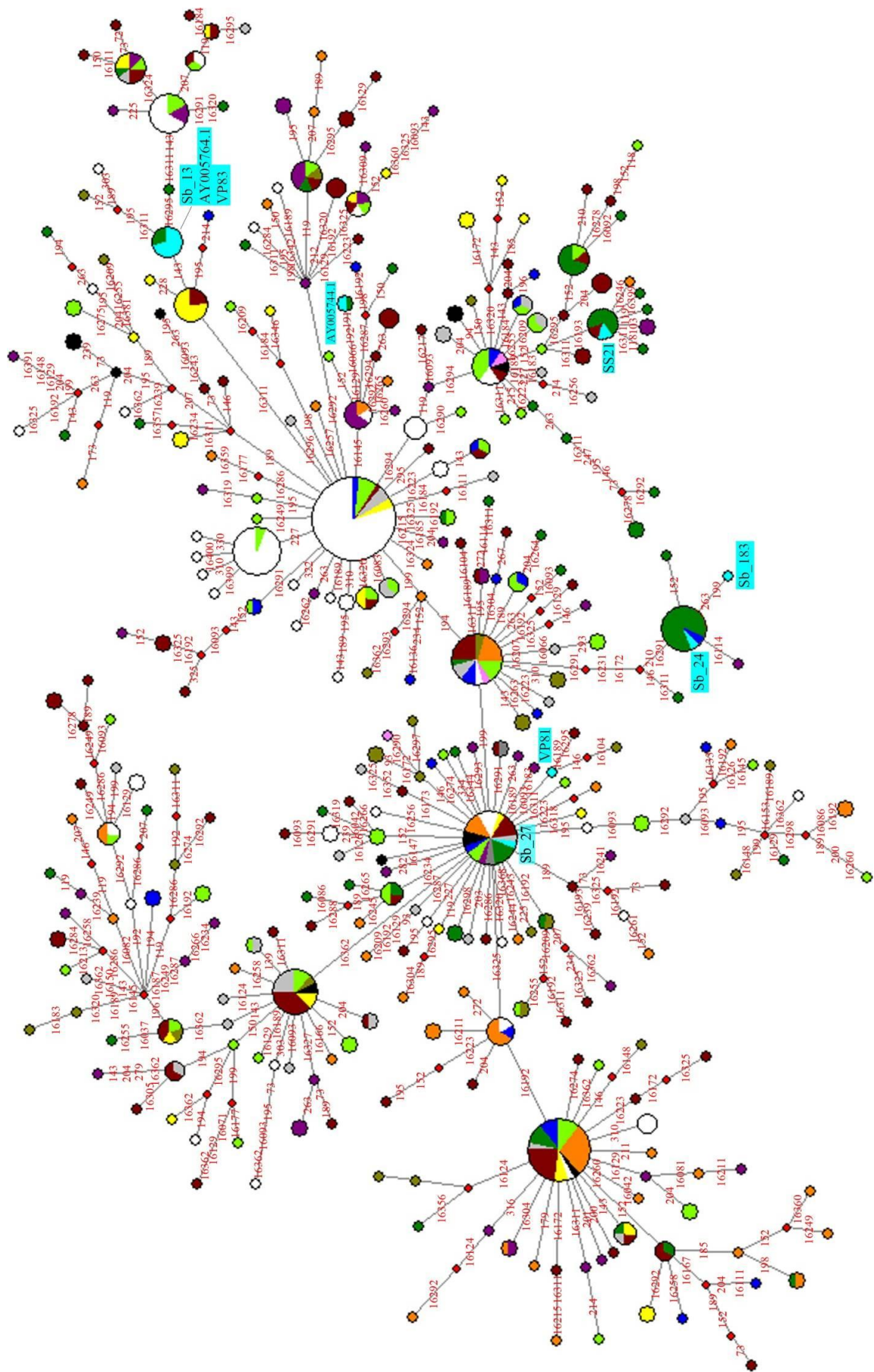
#### 4.3.2.4. Хаплогрупа *W*

Хаплогрупа *W* је најзаступљенија у северној, јужној и средњој Европи где се јавља са учесталошћу од 4-7% (Табела 8.5, Прилог). Региони у којима је детектован највећи број носилаца хаплотипова који припадају подхаплогрупи *W* су северна и средња Европа, као и Балканско полуострво (*HVS-I* и *HVS-I/HVS-II*), а највећи број хаплотипова ове хаплогрупе детектован је у средњој Европи, а затим на Балканском полуострву (*HVS-I* и *HVS-I/HVS-II*) (Табела 8.12, Прилог). Параметар разноврсност хаплотипова, добијен на основу анализе секвенце *HVS-I* региона, има високе и релативно блиске вредности на Апенинском полуострву, у средњој Европи, на Блиском истоку и Балканском полуострву. Када се у анализу укључи и варијабилност *HVS-II* региона, вредности у наведеним регионима расту (Табела 8.12, Прилог). Међутим, највиша разноврсност хаплотипова присутна је у Азији, а најнижа у северној Европи коју карактерише највећи број особа са хаплотиповима из хаплогрупе *W*. Високе и сличне вредности осталих параметара генетичке разноврсности добијене на основу анализе секвенце *HVS-I* региона (нуклеотидна разноврсност и средњи број разлика између парова хаплотипова) се могу детектовати на Блиском истоку, Апенинском полуострву, средњој Европи, Азији и Балканском полуострву. Укључивањем варијабилности *HVS-II* региона, високе и сличне вредности параметара нуклеотидна разноврсност и средњи број разлика између парова хаплотипова задржавају се на Балканском и Апенинском полуострву, као у и средњој Европи, Азији и на Блиском истоку (Табела 8.12, Прилог). Иако ови подаци не подржавају недвосмислено налаз *Olivieri* и сар. о настанку хаплогрупе *W* на Блиском истоку [100], може се претпоставити да су

Балканско и Апенинско полуострво, заједно са средњом Европом, данашњи центри разноврсности хаплогрупе *W*. Високе вредности мера генетичке разноврсности детектоване у Африци морају се занемарити због мале учесталости ове хаплогрупе.

На Слици 4.19 представљени су генеолошки односи 321 хаплотипа, који припадају хаплогрупи *W*, а детектовани су код 651 особе на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона. У српској популацији, хаплогрупа *W* је представљена са седам хаплотипова код 11 испитаника. Један од хаплотипова у српској популацији (*Sb\_27*) уочен је код 22 особе пореклом из различитих региона Европе, северне Африке и Арабијског полуострва, као и код две јединке чији су остаци пронађени на територији Немачке. Ове две јединке живеле су пре око 3.6 хиљада година и припадале су Уњетичкој култури бронзаног доба [*QLB39* и *QLB41*, [119]]. Од овог релативно високо заступљеног хаплотипа низом мутација настаје велики број мање заступљених хаплотипова међу којима је и хаплотип *VP81* детектован у српској популацији [203], а одликује се транзицијом на позицији 16093. Хаплотип испитаника *Sb\_24* је такође установљен код 15 особа пореклом претежно са Балканског полуострва. Хаплотип испитаника *Sb\_183* се од овог хаплотипа разликује по транзицијама на позицијама 263 и 199 и ова два хаплотипа припадају подхаплогрупи *W3b*. Хаплотип испитаника *SS21* [163] је такође присутан код шест особа пореклом претежно са Балканског полуострва али и средње Европе (Словачка). Овај хаплотип припада подхаплогрупи *W1c* која је распрострањена широм Европе, а од предачког *W1* хаплотипа разликује се на основу дијагностичке транзиције на позицији 119. У оквиру подхаплогрупе *W1c* налазе се и хаплотипови три јединке које су живеле пре око пет хиљада година, односно током раног неолита, на територији данашње Немачке и припадале су *Schöningen* култури [119]. Хаплотип АУ005744.1 [239], детектован и код једне особе из Словеније [246], класификован је у подхаплогрупу *W1h*. Хаплотип испитаника *Sb\_13* и још четири особе пореклом из српске популације (АУ005764.1 [239], *VP83* [203]) такође је установљен код по једне особе из Македоније и Босне и Херцеговине.

На Слици 8.7 (Прилог) приказана је хаплотип мрежа хаплогрупе *W* конструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона. Од укупно 227



Слика 4.19. Хаплотип мрежа подхаплогрупе W. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 651 јединке на основу чега је детектован 321 хаплотип. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Сlici 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

приказаних хаплотипова, детектованих код 969 испитаника, шест хаплотипова је присутно код 11 особа пореклом из српске популације. Хаплотип испитаника *Sb\_27* је такође присутан у подручју целе Европе, али и Блиског истока и Азије. Овај хаплотип је уочен и код јединки које су живеле у различитим регионима Европе током различитих временских периода: у средњој Европи и Пиринејском полуострву током раног неолита [112, 119, 124], у средњој и источној Европи током касног неолита [119, 247], средњој и северној Европи током бронзаног доба [119, 125], средњој Европи и Пиринејском полуострву током гвозденог доба [167, 248], као и западној Европи у раном средњем веку [249]. Када се анализира само варијабилности секвенце *HVS-I* региона, хаплотипови испитаника *Sb\_24* и *Sb\_183* не могу се разликовати и њихови генеолошки односи су непромењени у односу на претходно описане односе приказане на Слици 4.19. Исто важи и за остале хаплотипове детектоване у српској популацији, при чему је хаплотип особе *VP81* [203] детектован код још осам јединки од којих су три живеле током раног неолита у средњој Европи [44, 119, 124], док су остали присутни у савременим популацијама јужне, северне и источне Европе и Турске.

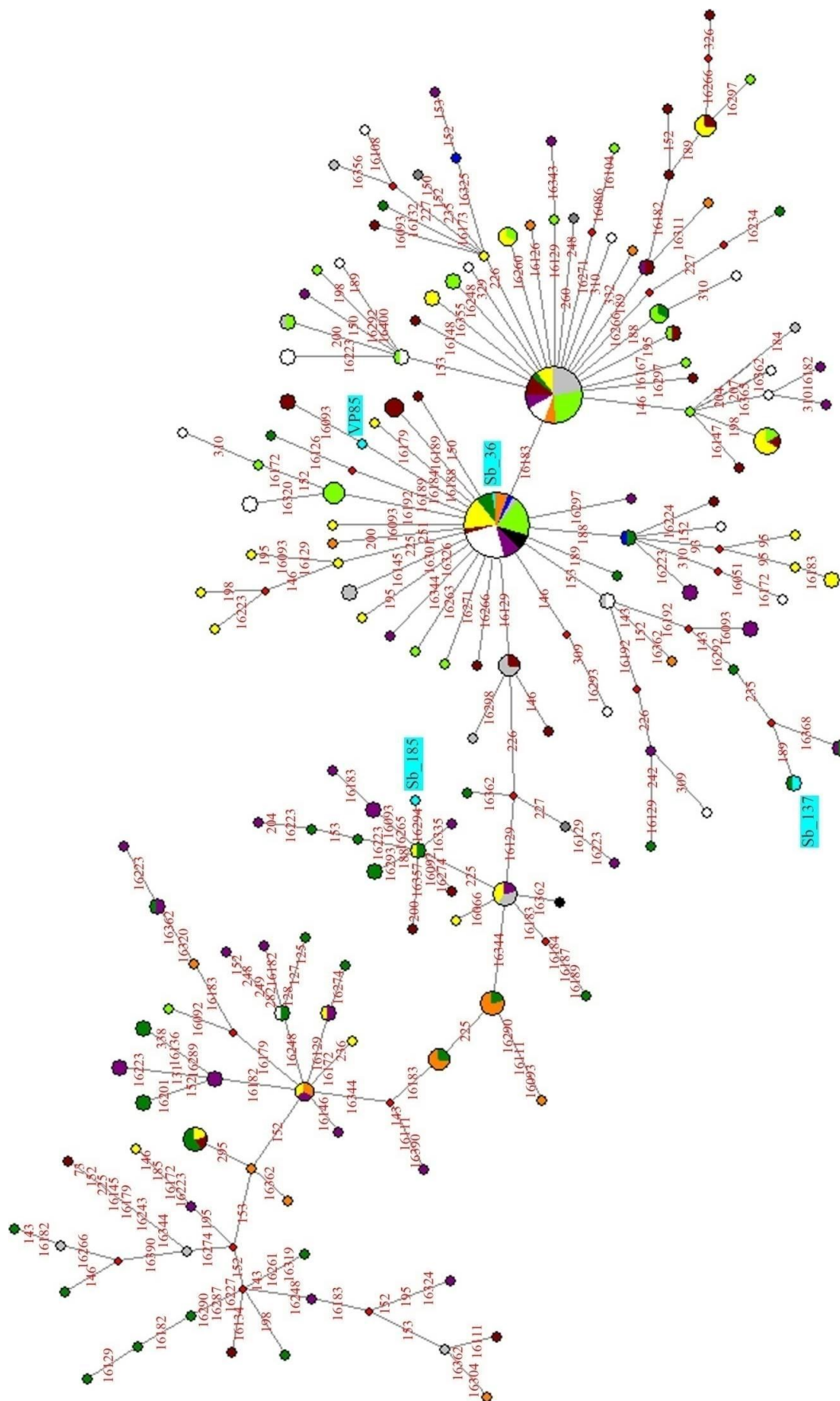
#### 4.3.2.5. Подаплогрупа *X2b*

Литературни подаци указују да је хаплогрупа *X* настала на Блиском истоку који се уједно одликује и највећом разноврсношћу хаплотипова ове хаплогрупе [130]. У савременим популацијама Блиског истока, учесталост хаплогрупе *X* достиже скоро 5%, а код Друза чак и преко 12% [130]. Ова хаплогрупа се дели на две велике подхаплогрупе, *X1* и *X2*. У Европи, подхаплогрупа *X2* је најзаступљенија у јужним деловима (Табела 8.5, Прилог), при чему две сестринске подхаплогрупе, *X2b* и *X2c*, обухватају једну трећину хаплотипова који припадају овој подхаплогрупи [250]. Хаплотипови у српској популацији, пронађени у овој студији, припадају подхаплогрупи *X2b*.

Иако је највећи број хаплотипова и људи чији хаплотипови припадају подхаплогрупи *X2b* детектован на Балканском полуострву, велики број хаплотипова носилаца хаплотипова ове подхаплогрупе уочен је и на Апенинском и Пиринејском полуострву (*HVS-I* и *HVS-I/HVS-II*, Табела 8.12, Прилог). Када се посматрају вредности параметара генетичке разноврсности подхаплогрупе *X2b*,

добијени на основу анализе секвенце *HVS-I* региона, највиша вредност се детектује на Балканском полуострву. Високе вредности показују и источна и средња Европа. Према параметрима нуклеотидна разноврсност и средњи број разлика између парова хаплотипова, највећу варијабилност показују источна Европа, а затим Балканско полуострво. Након укључивања секвенце *HVS-II* региона мтДНК, највећа разноврсност хаплотипова уочава се на Апенинском и Балканском полуострву, као и у средњој Европи, док се највише вредности нуклеотидне разноврсности и средњег броја разлика између парова хаплотипова детектују на Балканском полуострву (Табела 8.12, Прилог). Иако се за хаплогрупу *X* сматра да је настала на Блиском истоку, за подхаплогрупе *X2b*, *X2c* и *X2d* се претпоставља да су настале у Европи [130]. На основу резултата по којима је јужна Европа регион у ком постоји највећа учесталост подхаплогрупе *X2b* и уједно висока генетичка разноврсност, може да се претпостави да је јужна Европа место њеног порекла (Табеле 8.5 и 8.12, Прилог). Високе вредности генетичке разноврсности у Африци морају се занемарити због мале учесталости ове подхаплогрупе.

Слика 4.20 приказује хаплотип мрежу подхаплогрупе *X2b* конструисану на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона. Од укупно 154 хаплотипа код 280 јединки, четири хаплотипа су присутна у српској популацији код исто толико особа. Хаплотип испитаника *Sb\_36* је установљен код особа претежно из јужне, али и северне Европе, као и код јединки непознатог порекла. Он је такође детектован и код три јединке које су живеле на територији данашње Немачке током различитих временских периода – током раног неолита (*Schöningen* култура), средњег неолита (*Salzmünde* култура) и касног неолита (култура линеарне керамике) [119, 123]. Хаплотип испитаника *VP85* [203] се од хаплотипа испитаника *Sb\_36* разликује на основу трансверзије *C* у *A* на позицији 16184, док хаплотип испитаника *Sb\_137* припада грани која се од наведеног хаплотипа разликује на основу транзиције на позицији 153. У оквиру ове гране су груписани хаплотипови који су већином пореклом из јужне Европе, мада су присутни и хаплотипови пореклом из северне и западне Европе, као и са Блиског истока. Хаплотип испитаника *Sb\_185* је позициониран са хаплотиповима који претежно воде порекло из јужне Европе.



Слика 4.20. Хаплотип мрежа подхаплогрупе X2b. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 280 јединки на основу чега је детектовано 154 хаплотипа. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

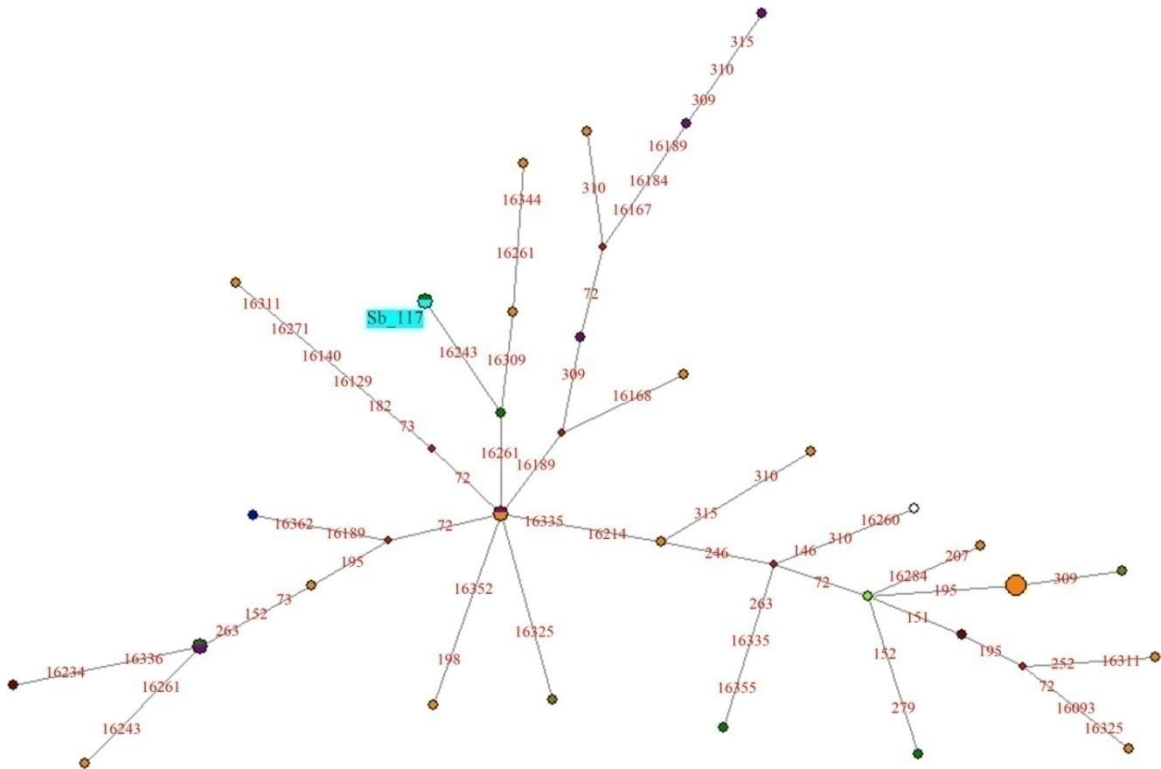
На Слици 8.8 (Прилог) приказана је хаплотип мрежа од 140 хаплотипова код 448 испитаника који припадају подхаплогрупи *X2b*, а мрежа је заснована на варијабилности секвенце *HVS-I* региона. Генеолошки односи четири хаплотипа детектованих у српској популацији слични су односима приказаним на Слици 4.20 утврђеним на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона. Најзаступљенији хаплотип, код испитаника *Sb\_36*, уочен је код великог броја особа пореклом из претежно јужне, али и западне и северне Европе. Поред тога, овај хаплотип је детектован и код већег броја јединки пореклом из древних популација из различитих временских периода – од раног неолита па до средњег века, које су живеле на територији средње, јужне и источне Европе. Хаплотип испитаника *Sb\_137* се сада налази у грани која је дефинисана транзицијом на позицији 16192, а идентични хаплотип је детектован у популацијама јужне и источне Европе. Хаплотип *Sb\_185* је позициониран у грани дефинисаној транзицијом на позицији 16294 у оквиру које се налазе јединке искључиво пореклом из јужне Европе, а идентични хаплотипови су пронађени у популацијама Шпаније, Хрватске и Босне и Херцеговине.

#### 4.3.2.6. Подхаплогрупа *HV2*

Подхаплогрупа *HV2* је ретка у европским популацијама, а нешто је чешћа у популацијама Блиског истока где достиже учесталост од око 2% [251]. Највише вредности параметара генетичке разноврсности, добијених на основу анализе *HVS-I* као и *HVS-I* и *HVS-II* региона, детектоване су управо на Блиском истоку, а на европском континенту вредности су највеће на Балканском полуострву (Табела 8.12, Прилог). У осталим регионима Европе, ова подхаплогрупа је присутна са ниском учесталошћу, те се високе вредности генетичке разноврсности добијене за источну, средњу, западну Европу, као и Азију, морају занемарити. Овакав образац, по коме је после Блиског истока највећа разноврсност и учесталост подхаплогрупе *HV2* на Балканском полуострву, може да укаже на правце миграција којима је ова подхаплогрупа са Блиског истока стигла у Европу.

На Слици 4.21 представљена је хаплотип мрежа подхаплогрупе *HV2* конструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона. На

мрежи је приказано 30 хаплотипова детектованих код 36 јединки. У српској популацији је до сада детектован само један хаплотип који припада подхаплогрупи *HV2* (*Sb\_117*) а позициониран је у грани која се одликује транзицијом на позицији 16261. У овој грани се, поред хаплотипа из српске популације, налазе и хаплотипови присутни на Блиском истоку (Иран и Турска) и Балканском полуострву (Босна и Херцеговина). На Слици 8.9 (Прилог) приказана је хаплотип мрежа са 23 хаплотипа подхаплогрупе *HV2* детектованих код 46 особа, која је конструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона. Генеолошки односи јединог хаплотипа подхаплогрупе *HV2* из српске популације не разликују се од односа утврђених на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона.



**Слика 4.21.** Хаплотип мрежа подхаплогрупе *HV2*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 36 јединки на основу чега је детектовано 30 хаплотипова. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

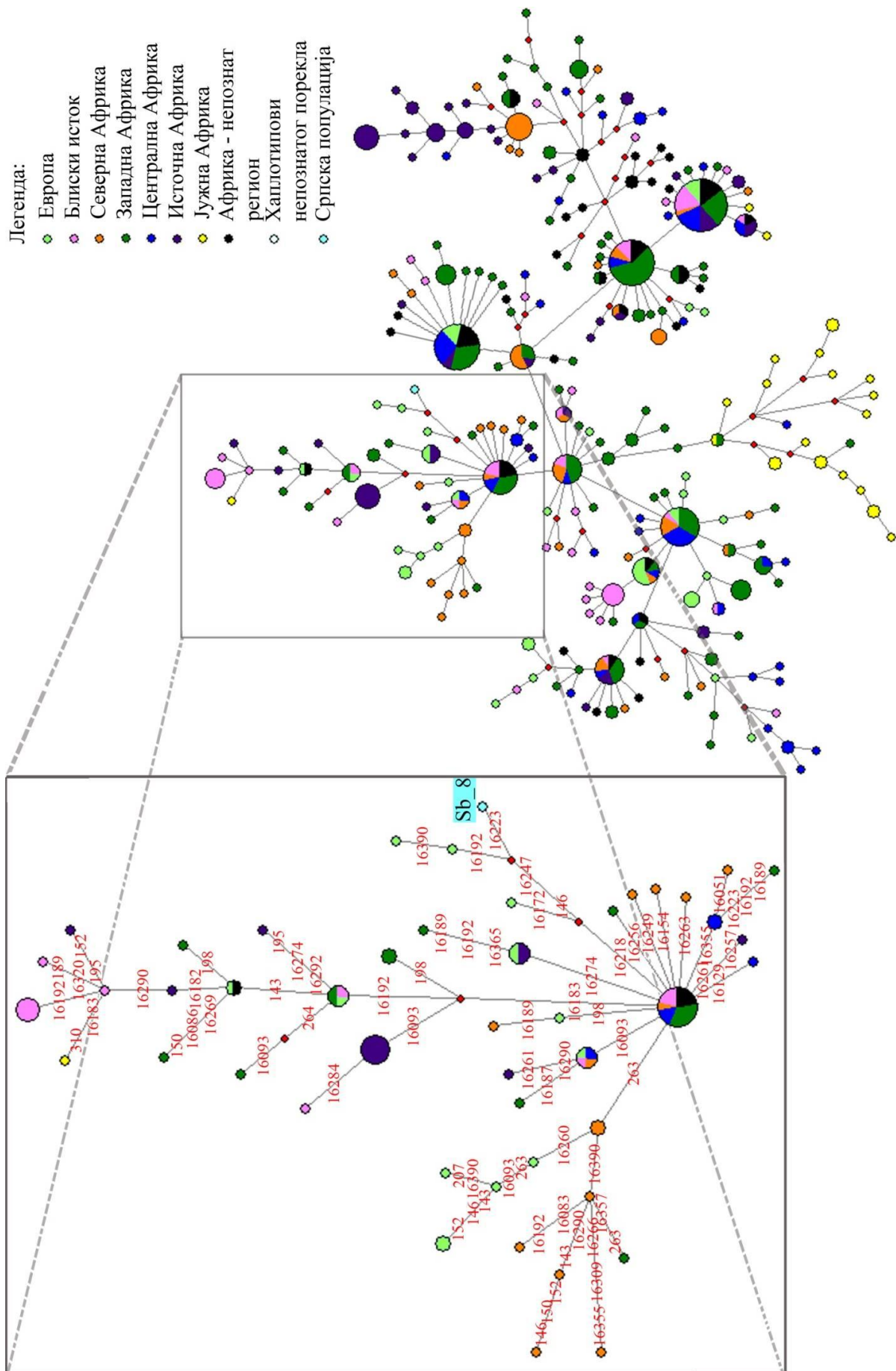


#### 4.3.2.7. Подхаплогрупа *L2a1*

МтДНК хаплогрупа *L*, која је карактеристична за афрички континент, данас је са ниском учесталошћу присутна и у европским популацијама. Подхаплогрупе *L0*, *L1*, *L2*, *L3* и *L4* се у европским популацијама јављају са ниским учесталостима које се крећу од 0.5% у северној Европи, 0.7% у средњој, па до 3% у јужној Европи [128]. У јужној Европи, највећом учесталошћу различитих подхаплогрупа у оквиру хаплогрупе *L* одликује се Пиринејско полуострво (4-6%) [128].

У српској популацији, подхаплогрупа *L2a1* је представљена једним хаплотипом испитаника *Sb\_8*. На Слици 4.22 је приказана хаплотип мрежа подхаплогрупе *L2a1* конструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона, на којој су представљена 253 хаплотипа детектована код 505 особа. Једини *L2a1* хаплотип у српској популацији груписан је са три европска хаплотипа која су уочена код особа из Чешке и Словачке. Они заједно чине грану која се од предачког хаплотипа разликује на основу транзиције на позицији 16218, а која је уједно и дијагностичка за подхаплогрупу *L2a1k* (Слика 4.22). Споменути предачки хаплотип је уочен превасходно код особа пореклом из Африке, али и код становника са Блиског истока. На Слици 8.10 (Прилог) представљена је хаплотип мрежа подхаплогрупе *L2a1* конструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона, на којој су представљена 53 од укупно 450 хаплотипова детектованих код 1238 особа. У овој мрежи, хаплотип *Sb\_8* се налази у истој грани са још пет европских хаплотипова установљених код особа пореклом из западно- и јужнословенских популација (чешка, словачка, бугарска и хрватска), док је један хаплотип позициониран у овој грани уочен и код испитаника из Доминиканске Републике. Ова грана се од предачког хаплотипа разликује на основу транзиције на позицији 16223, а европски хаплотипови се од афричког хаплотипа, који је такође присутан у овој грани, разликују на основу дијагностичке транзиције на позицији 16218. Предачки хаплотип, који је уједно и најзаступљенији, детектован је претежно код особа пореклом из Африке, али и из Европе (популације Пољске и Португалије) и са Блиског истока.

Хаплотипови у српској популацији, који се сврставају у ретке (под)хаплогрупе, већином се групишу са хаплотиповима пореклом са Балканског



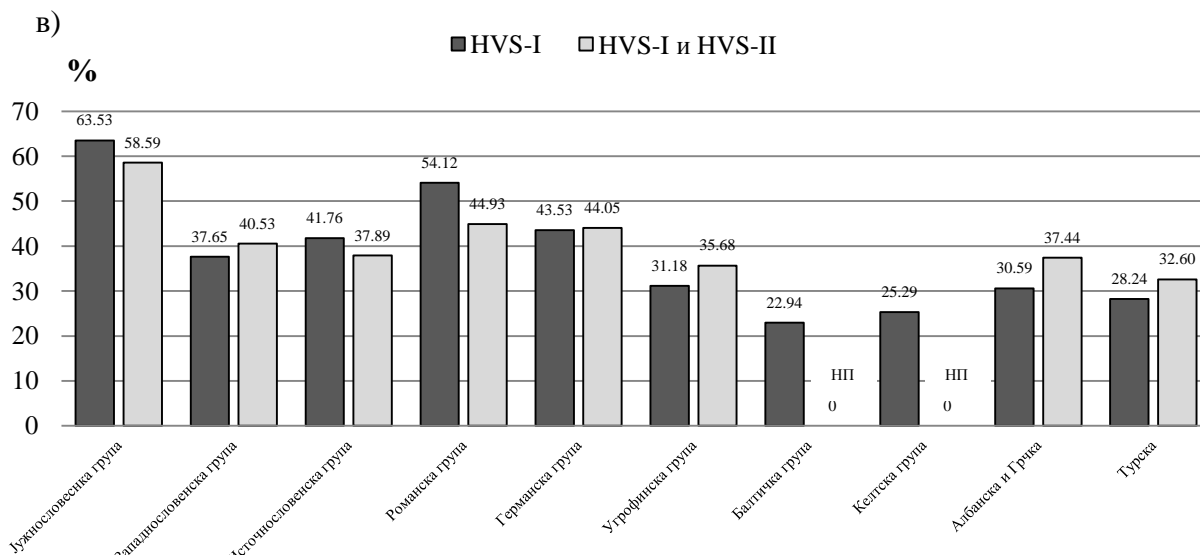
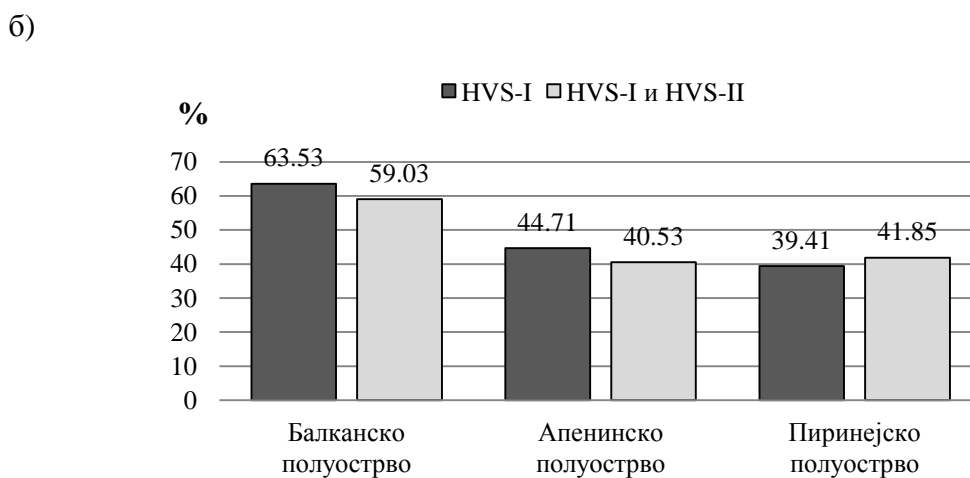
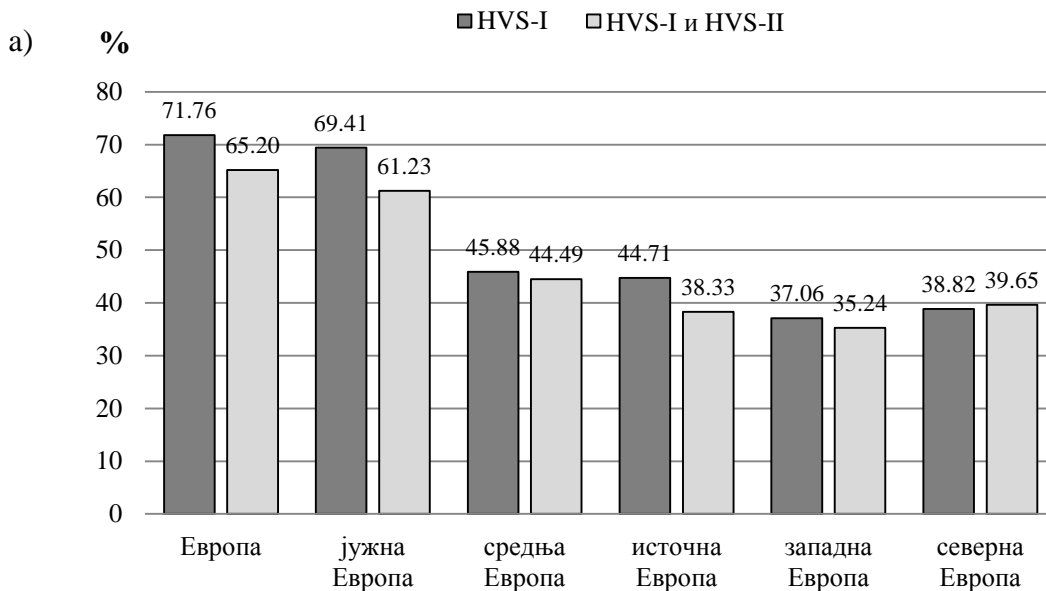
Слика 4.22. Хаплогип мрежа подхаплогрупе *L2a1*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона код 505 јединки на основу чега су детектована 253 хаплогипова. Хипотетички предачки хаплогипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима. Светло плавом бојом обележен је хаплогип детектован у српској популацији.

полуострва. Овај податак, заједно са чињеницом да се високе вредности параметара генетичког диверзитета за већину анализираних (под)хаплогрупа детектују управо на Балканском полуострву, може да укаже на постојање мтДНК линија специфичних за Балканско полуострво. Резултати добијени како анализом само *HVS-I* региона, тако и *HVS-I* и *HVS-II* региона, у сагласности су и упућују на закључак да Балканско полуострво може бити један од центара разноврсности/пореkla испитиваних (под)хаплогрупа. Међутим, за извођење поузданих закључака неопходно је анализирати и комплетне митогеноме испитиваних (под)хаплогрупа.

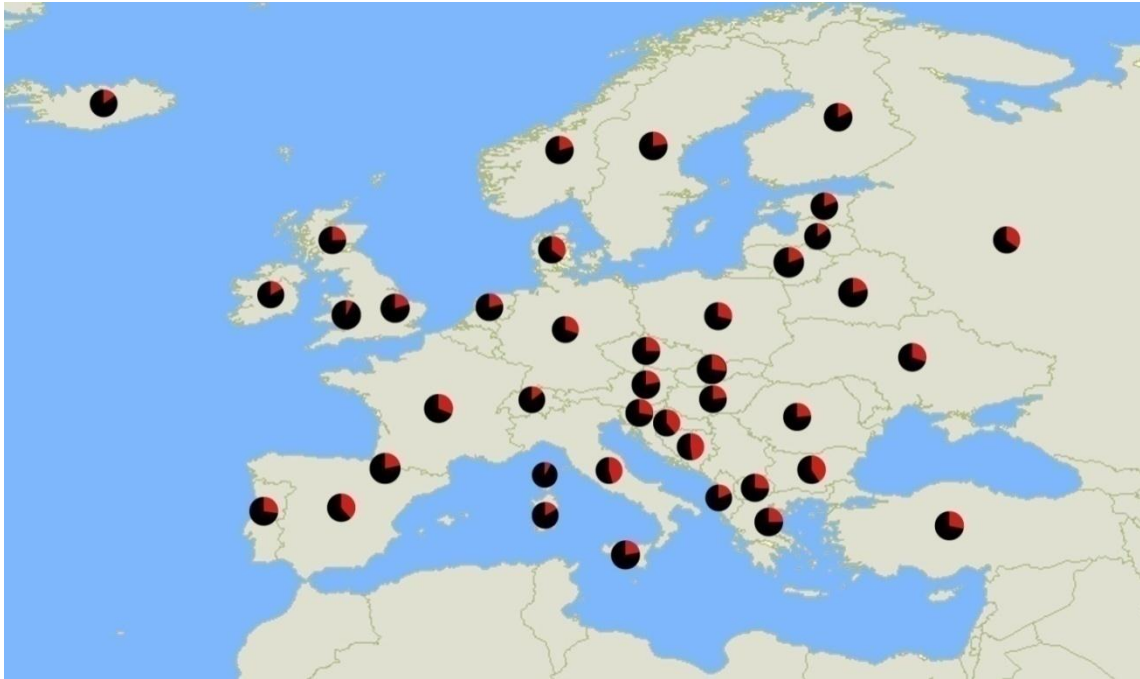
#### **4.3.3. Приватни хаплотипови и хаплотипови који су заједнички за српску и остале европске популације**

Хаплотипови детектовани у српској популацији, дефинисани на основу полиморфизама само *HVS-I* региона или оба хиперваријабилна региона (*HVS-I* и *HVS-II*) (Табеле 8.6 и 8.7, Прилог), искоришћени су за утврђивање процентуалне заступљености хаплотипова заједничких за српску и друге географски блиске и/или удаљене популације, као и за детерминацију хаплотипова који су приватни, односно присутни само у српској популацији (Табеле 8.6 и 8.7, Прилог). Ови подаци би могли указивати на интензитет протока гена између српске и других испитиваних популација, или на друге демографске процесе који су довели до садашње дистрибуције хаплотипова у овим популацијама.

Од укупног броја хаплотипова дефинисаних на основу варијабилности *HVS-I* региона и детектованих у српској популацији, 71.76% је заједничко са другим европским популацијама укључујући и популацију Турске (Слика 4.23.а). Од укупног броја хаплотипова у српској популацији, највећи проценат *HVS-I* хаплотипова је заједнички са популацијама јужне Европе (69.41%). Када се посматрају популације јужне Европе, од укупног броја хаплотипова у српској популацији највећи број *HVS-I* хаплотипова је дељен са популацијама Балканског полуострва (63.53%), док је нешто мањи број заједнички са популацијама Апенинског и Пиринејског полуострва (Слика 4.23.б). Са средњом Европом српска популација дели 45.88% детектованих *HVS-I* хаплотипова и примећује се



**Слика 4.23.** Процентуална заступљеност хаплотипова детектованих у српској популацији на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-I/HVS-II* региона који су заједнички за српску и остале европске популације груписане на основу: а) поделе Европе на регионе, б) поделе јужне Европе на полуострва, в) припадности популација одређеној језичкој породици, НП – нема података.



**Слика 4.24.** Заступљеност хаплотипова, дефинисаних на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона, који су заједнички за српску и остале европске популације. У сваком кругу црвеном бојом означена је заступљеност хаплотипова који су заједнички за српску и одговарајућу европску популацију. Процентуалне заступљености хаплотипова који су заједнички за српску и друге европске популације дате су у Табели 8.6, Прилога.

да се са повећањем географске удаљености смањује и проценат дељених хаплотипова, па тако српска популација са источном Европом дели 44.71%, са северном Европом 38.82% док са западном Европом дели 37.06% детектованих хаплотипова (Слика 4.23.а). Процентуална заступљеност *HVS-I* хаплотипова заједничких за српску и поједине европске популације шематски је приказана на Слици 4.24 и у Табели 8.6 Прилога.

Када се хаплотипови дефинишу на основу варијабилности оба хиперваријабилна региона (*HVS-I* и *HVS-II*), примећује се углавном сличан тренд по коме српска популација највећи број заједничких хаплотипова има са популацијама које су јој географски ближе (Слике 4.23.а и 8.11, Прилог). Укључивањем додатних полиморфизама који постоје у *HVS-II* региону, могуће је прецизније дефинисати поједине хаплотипове. Међутим, укупна величина узорка је у овој процени мања због мањег броја јединки које су анализирани за варијабилност *HVS-II* региона у појединим популацијама, док за неке подаци о варијабилности овог мтДНК региона и не постоје (нпр. популације које припадају балтичкој и келтској групи, Слика 4.23.в). Стога, укупан проценат заједничких

*HVS-I/HVS-II* хаплотипова између српске и осталих европских популација (укључујући и популацију Турске) опада на 65.20%, док је највећи проценат дељених хаплотипова са популацијама јужне Европе (61.23%), као и у случају претходне анализе (Слика 4.23.а). Такође, у складу са резултатима добијеним на основу анализе заједничких *HVS-I* хаплотипова, највећи удео *HVS-I/HVS-II* хаплотипова српска популација дели са осталим популацијама Балканског полуострва (59.03%) (Слика 4.23.б). И у овој анализи се може уочити тренд по којем са повећањем географске удаљености опада и проценат дељених хаплотипова између популација које се налазе у различитим регионима Европе (Слика 4.23.а). Процентуална заступљеност *HVS-I/HVS-II* хаплотипова заједничких за српску и поједине европске популације шематски је приказана на Слици 8.11 (Прилог).

Уколико се европске популације групишу на основу припадности одређеној језичкој породици и када се хаплотипови дефинишу на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона, уочава се да српска популација дели највећи број *HVS-I* хаплотипова (63.53%) са осталим јужнословенским популацијама (Слика 4.23.в), док је мањи проценат дељен са романским (54.12%), германским (43.53%), источнословенским (41.76%) и западнословенским популацијама (37.65%) (Слика 4.23.в). Укључивање варијабилности секвенци *HVS-II* региона даје сличну процентуалну заступљеност заједничких хаплотипова као и у претходној анализи, тако да српска популација има највише заједничких *HVS-I/HVS-II* хаплотипова са осталим популацијама које припадају јужнословенској групи (58.59%), а потом са романским (44.93%) и германским популацијама (44.05%) (Слика 4.23.в). У случају словенских популација, српска популација има нешто већи удео заједничких *HVS-I/HVS-II* хаплотипова са западнословенским у односу на источнословенске популације (Слика 4.23.в).

Наведени подаци су у складу са ранијим наводима о томе да европске популације које су географски блиске углавном имају значајан удео заједничких хаплотипова и да у великој мери деле заједничко порекло. Тако се и на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-I/HVS-II* региона може приметити да највећи проценат хаплотипова српска популација дели са популацијама које се налазе у њеној непосредној близини, а то су углавном остале популације

Балканског полуострва (Табеле 8.6 и 8.7, Прилог). Међу хаплотиповима који су дељени између популација Балканског полуострва, детектовани су и поједини хаплотипови присутни само у јужнословенским популацијама попут хаплотипова у оквиру подхаплогрупа *I1b* (16069Т 16126С 16145А 16222Т), *H* (16142Т 16325С) и *H3v* (16093С 16260Т 16311С) (Табела 8.6, Прилог). Када су у питању хаплотипови у српској популацији који су дељени само са још једном популацијом, поново је највећи проценат таквих хаплотипова дељен са популацијама Балканског полуострва. Од хаплотипова који су дељени са само још једном, две или више популација Балканског полуострва, највећи број хаплотипова српска популација дели са популацијама Босне и Херцеговине, а затим Хрватске и Бугарске (Табела 8.6 и 8.7, Прилог). Иако проценат хаплотипова заједничких за српску и остале европске популације опада са географском удаљеношћу, могу се уочити *HVS-I* хаплотипови које српска популација дели искључиво са јужно-, источно- и западнословенским популацијама, као што су хаплотипови који припадају подхаплогрупама *U5a* (16136С 16192Т 16256Т 16270Т), *U5a1* (16093С 16172С 16192Т 16256Т 16270Т 16399G) и *H* (16209С 16278Т 16293G 16311С) (Табела 8.6, Прилог). Српска популација са појединим западно- и јужнословенским популацијама (словачка, босанско-херцеговачка и хрватска) дели и хаплотип у оквиру хаплогрупе *D4* (16174Т 16362С) која је иначе карактеристична за азијске популације (Табела 8.6, Прилог).

Од укупног броја хаплотипова детектованих у српској популацији на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона, 60 хаплотипова је заједничко са древним популацијама које су од неолита па до средњег века биле присутне на различитим локалитетима у Европи (Табела 8.6, Прилог). Значајан број хаплотипова установљених у древним узорцима, који су заједнички са српском популацијом, присутан је у мањем или већем броју и код осталих савремених европских популација. *HVS-I* хаплотип код испитаника *Sb\_70* (хаплогрупа *H* - 16293С) и у археолошким налазима у Сирији из периода неолита (Fernandez 2014.) уочен је и у популацијама острва Ластово и Мљет, као и у популацијама Босне и Херцеговине, Македоније, Грчке и Турске (Табела 8.6, Прилог). Хаплотип испитаника *Sb\_105* (хаплогрупа *V* - 16162G 16298С) детектован је још на острву Црес и у популацијама Бугарске, Мађарске, Аустрије и Немачке, као и у

археолошком узорку јединке која је живела у раном неолиту на територији данашње Хрватске и припадала је старчевачкој култури [124]. Хаплотип испитаника *Sb\_75* (хаплогрупа *H* - 16080G) постоји у још шест савремених европских популација и то у популацијама Босне и Херцеговине, Хрватске, Немачке, Русије, Исланда и Данске, као и код јединке која је живела у неолиту на територији данашње Украјине [252]. Хаплотип испитаника *Sb\_69* (хаплогрупа *H* - 16093C 16129A) присутан је у још осам популација (Сардинија, Шпанија, Баскија, Француска, Енглеска, Шкотска, Данска и Норвешка). Такође овај хаплотип је детектован и код јединке пореклом из популације која је насељавала територију данашње Немачке током неолита и припадала је култури линеарнотракасте керамике [43].

Број јединки из древних популација, којима су анализирана оба хиперваријабилна региона, значајно је мањи и стога се број хаплотипова заједничких за српску и древне популације смањује на само двадесет пет када се у процену укључи и *HVS-II* регион. Хаплотипови древних узорака, за које постоје подаци и за *HVS-III* регион, већином су дељени и са осталим европским популацијама (Табела 8.7, Прилог). Међутим, иако би се за поједине хаплотипове дефинисане на основу варијабилности само *HVS-I* региона могло рећи да су били заступљени широм Европе, укључивањем полиморфизама *HVS-II* региона мења се слика и уочава се да је број популација у којима су присутни ови хаплотипови много мањи. То је случај са хаплотипом испитаника *Sb\_27* који припада хаплогрупи *W*. Овај хаплотип, за кога су карактеристичне транзиције на позицијама 16223 и 16292 у оквиру *HVS-I* региона, заступљен је у већини савремених европских и древних популација када се посматра само овај регион. Међутим, укључивањем полиморфизама из *HVS-II* региона (73G 189G 194T 195C 204C 207A 263G) број савремених популација које деле овај хаплотип са српском популацијом смањује се на седам, а древних на један (две јединке које су живеле на територији данашње Немачке пре 3.6 хиљада година и припадале Уњетичкој култури бронзаног доба [119]). Такође, хаплотип два испитаника *Sb\_68* и *Sb\_104* (16356C 16362C 73G 195C 263G) који припада подхаплогрупи *U4*, након укључивања полиморфизама *HVS-II* региона је установљен код особа пореклом из свега седам различитих, претежно јужноевропских популација, као и код једне



јединке која је живела на територији данашње Немачке пре око четири хиљаде година и припадала је култури линеарне керамике [123].

У српској популацији је уочен и релативно велики број хаплотипова који су приватни, односно присутни само у српској популацији. Од укупног броја хаплотипова детектованих на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона, 48 је присутно само у српској популацији (ови хаплотипови су приказани у Табели 4.6). Број приватних хаплотипова, добијених на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона, скоро је дупло већи и обухвата 95 хаплотипова (Табела 4.7). Овај резултат се може објаснити бољом резолуцијом која је постигнута укључивањем полиморфизама *HVS-II* региона, али такође може бити и последица мање величине узорка за поједине европске популације, јер за одређени број популација не постоје подаци о варијабилности *HVS-II* региона.

**Табела 4.6.** Приватни хаплотипови детектовани у српској популацији на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона (16024-16400)

Хаплотип	(Под)хаплогрупа	Референце
16189C 16255A	<i>H</i>	[211]
16241G 16266T 16311C	<i>H</i>	[211]
16153A 16189C 16356C 16362C	<i>H1b</i>	[211]
16183C 16189C 16311C 16356C	<i>H1b</i>	[211]
16188T 16209C	<i>H1o</i>	[211]
16092C 16201T 16304C	<i>H5</i>	[211]
16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	<i>J1b2/J</i>	[211]
16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	<i>L2a1k</i>	[211]
16126C 16248T 16355T 16362C	<i>R0a1a</i>	[211]
16126C 16260T 16294T 16355T	<i>T</i>	[211]
16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	<i>T1</i>	[211]
16201T 16293C 16356C	<i>U4</i>	[211]
16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	<i>U4c1</i>	[211]
16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	<i>U5a</i>	[211]
16293G 16318T	<i>U7</i>	[211]
16146G 16243C 16342C	<i>U8a1</i>	[211]
16048A 16261T 16270T	<i>H1ba</i>	[239]
16069T 16126C 16261T 16286T	<i>J</i>	[239]
16063C 16126C 16348T	<i>J1c3f</i>	[239]
16069T 16126C 16193T 16319A	<i>J2b1c1</i>	[239]
16093C 16224C 16266T 16270T 16311C	<i>K1a4a1a</i>	[239]
16147A 16172C 16223T 16248T 16304C 16320T 16355T	<i>N1a1a1a</i>	[239]
16136C 16192T 16256T 16270T 16287T	<i>U5a</i>	[239]
16192T 16256T 16260T 16270T 16291T 16399G	<i>U5a1b1</i>	[239]
16184T 16298C	<i>V1a2</i>	[163]
16126C 16189C 16223T 16264T 16270T 16274A 16278T 16293G 16311C 16362C	<i>L1b</i>	[163]
16060C 16131C 16304C	<i>H</i>	[203]
16092C 16213A 16256T 16293G 16311C	<i>H</i>	[203]
16093C 16304C 16327T 16363G	<i>H</i>	[203]
16162G 16209C 16248T	<i>H</i>	[203]
16183C 16189C 16266T	<i>H</i>	[203]
16221T 16260T	<i>H</i>	[203]
16357d	<i>H</i>	[203]
16069T 16126C 16176T 16193T 16292T	<i>J</i>	[203]
16129A 16192T 16224C 16301T 16311C	<i>K</i>	[203]
16126C 16270T 16294T 16304C	<i>T</i>	[203]
16126C 16294T 16296T 16304C 16352C	<i>T</i>	[203]
16129C 16183C 16189C	<i>U2</i>	[203]
16051C 16179T 16356C 16362C	<i>U4</i>	[203]

**Табела 4.6. Наставак**

Хаплотип	(Под)хаплогрупа	Референце
16192T 16256T 16270T 16291T	<i>U5</i>	[203]
16065.1T 16144C 16189C 16270T	<i>U5</i>	[203]
16184A 16189C 16223T 16278T	<i>X</i>	[203]
16145A 16176G 16223T 16244A	<i>N1b</i>	[203]
16071T 16086C 16172C 16187T 16189C 16217C 16223T	<i>B4</i>	[203]
16129A 16182C 16183C 16189C 16234T	<i>U8b1a1</i>	[203]
16174T 16207G 16358G 16362C	<i>D4h1</i>	[203]
16174T 16358G	<i>D4h1</i>	[203]
16183G 16354T	<i>U4a2a</i>	[203]

**Табела 4.7. Приватни хаплотипови детектовани у српској популацији на основу варијабилности секвенци *HVS-I* (16024-16400) и *HVS-II* региона (72-340)**

Хаплотип	(Под)хаплогрупа	Референце
73G 263G 16174T 16362C	<i>D</i>	[211]
131C 152C 263G	<i>H</i>	[211]
188G 262T 263G 16293C	<i>H</i>	[211]
228A 263G 269T 16189C 16193.1C	<i>H</i>	[211]
263G 16162G 16368C	<i>H</i>	[211]
153G 203A 204C 263G 16189C 16255A	<i>H</i>	[211]
153G 263G 16147T 16189C 16193.2C	<i>H</i>	[211]
16241G 16266T 16311C	<i>H</i>	[211]
199C 263G 16153A 16189C 16356C 16362C	<i>H1b</i>	[211]
152C 263G 16183C 16189C 16311C 16356C	<i>H1b</i>	[211]
263G 267C 16188T 16209C	<i>H1o</i>	[211]
146C 263G 16304C 16390A	<i>H5</i>	[211]
263G 16183C 16189C 16304C	<i>H5</i>	[211]
143A 189G 226C 263G 16294T 16304C	<i>H5</i>	[211]
263G 334G 16166C 16304C	<i>H5</i>	[211]
95C 263G 373G 16092C 16201T 16304C	<i>H5</i>	[211]
73G 146C 152C 263G 271T 295T 16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	<i>J1b2/J</i>	[211]
73G 185A 263G 295T 16069T 16111T 16126C	<i>J1c</i>	[211]
73G 150T 249d 263G 16224C 16311C	<i>K</i>	[211]
73G 146C 195C 204C 263G 16093C 16224C 16311C	<i>K1b2</i>	[211]
73G 143A 152C 195C 263G 16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	<i>L2a1k</i>	[211]
146C 152C 263G 16126C 16248T 16355T 16362C	<i>R0a1a</i>	[211]
73G 152C 263G 16126C 16260T 16294T 16355T	<i>T</i>	[211]
73G 195C 263G 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	<i>T1</i>	[211]
73G 146C 151T 263G 16093C 16126C 16294T 16296T 16304C	<i>T2b</i>	[211]
73G 150T 263G 16189C 16343G 16390A	<i>U3a</i>	[211]
73G 195C 263G 16201T 16293C 16356C	<i>U4</i>	[211]
73G 195C 263G 310C 16278T	<i>U4a2</i>	[211]
73G 195C 263G 310C 315d 16192T	<i>U4a2</i>	[211]
73G 195C 263G 16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	<i>U4c1</i>	[211]
73G 263G 16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	<i>U5a</i>	[211]
73G 152C 263G 16293G 16318T	<i>U7</i>	[211]
73G 146C 263G 282C 16146G 16243C 16342C	<i>U8a1</i>	[211]
73G 189G 194T 195C 198C 204C 207A 210G 16172C 16223T 16231C 16292T	<i>W3'5</i>	[211]
73G 153G 195C 263G 16189C 16223T 16278T 16294T	<i>X2b</i>	[211]
73G 263G 16174T	<i>D</i>	[239]
195C 263G 310C 311T 16311C	<i>H11</i>	[239]
263G 326G 16048A 16261T 16270T	<i>H1ba</i>	[239]
248d 263G 16311C	<i>H1e1a4</i>	[239]
93G 239C 263G 16224C 16362C	<i>H6</i>	[239]
73G 263G 295T 16063C 16069T 16126C 16342C	<i>J</i>	[239]
73G 263G 295T 16069T 16126C 16261T 16286T	<i>J</i>	[239]
73G 242T 263G 295T 16069T 16126C 16145A 16172C 16222T 16261T	<i>J1b1a1</i>	[239]
73G 185A 263G 295T 16126C	<i>J1c</i>	[239]
73G 263G 295T 16063C 16126C 16348T	<i>J1c3f</i>	[239]
146C 263G 16069T 16126C 16193T 16319A	<i>J2b1c1</i>	[239]
73G 195C 263G 16093C 16224C 16266T 16270T 16311C	<i>K1a4a1a</i>	[239]
73G 142C 199C 204C 263G 16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	<i>N1a1a</i>	[239]
73G 142C 199C 204C 263G 16147A 16172C 16223T 16248T 16304C 16320T 16355T	<i>N1a1a1a</i>	[239]
73G 150T 263G 16261T 16343G	<i>U3</i>	[239]
263G 310C	<i>U4a2a</i>	[239]
73G 195C 263G 310C 16126C	<i>U4a2a</i>	[239]
73G 263G 16136C 16192T 16256T 16270T 16287T	<i>U5a</i>	[239]
73G 263G 16192T 16256T 16260T 16270T 16291T 16399G	<i>U5a1b1</i>	[239]

**Табела 4.7. Наставак**

Хаплогит	(Под)хаплогрупа	Референце
73G 241G 263G 16093C 16172C 16192T 16256T 16270T 16399G	<i>U5a1</i>	[163]
73G 146C 195C 263G 16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	<i>N1b</i>	[163]
73G 195C 263G 16179T 16356C 16362C	<i>U4c1a</i>	[163]
72C 263G 16184T 16298C	<i>V1a2</i>	[163]
73G 152C 182T 189G 195C 247A 263G 16126C 16189C 16223T 16264T 16270T 16274A 16278T 16293G 16311C 16362C	<i>L1b</i>	[163]
73G 185A 188G 228A 263G 295T 16069T 16126C 16366T	<i>J1c2*</i>	[163]
73G 185A 263G 295T 16063C 16069T 16126C 16342C	<i>J1c3*</i>	[163]
152C 262T 263G	<i>H</i>	[203]
195C 263G 16060C 16131C 16304C	<i>H</i>	[203]
146C 195C 263G 16092C 16213A 16256T 16293G 16311C	<i>H</i>	[203]
263G 16093C 16304C 16327T 16363G	<i>H</i>	[203]
73G 263G 16162G 16209C 16248T	<i>H</i>	[203]
263G 16183C 16189C 16266T	<i>H</i>	[203]
195C 215G 263G 320T 324G 16209C 16278T 16293G 16311C	<i>H</i>	[203]
73G 152C 195C 263G 16217C 16243C 16261T	<i>H</i>	[203]
146C 152C 237G 263G 16221T 16260T	<i>H</i>	[203]
73G 263G 16269G 16304C	<i>H</i>	[203]
144A 146C 195C 263G 16271C 16311C	<i>H</i>	[203]
263G 16357d	<i>H</i>	[203]
73G 185A 188G 228A 263G 295T 320T 16069T 16126C	<i>J</i>	[203]
73G 94A 150T 152C 189G 207A 263G 295T 16069T 16126C 16176T 16193T 16292T	<i>J</i>	[203]
73G 146C 263G 16071T 16224C 16311C	<i>K</i>	[203]
73G 263G 16129A 16192T 16224C 16301T 16311C	<i>K</i>	[203]
73G 195C 263G 320T 328C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	<i>T</i>	[203]
73G 152C 263G 16126C 16270T 16294T 16304C	<i>T</i>	[203]
73G 242T 263G 295T 16126C 16270T 16294T 16304C	<i>T</i>	[203]
73G 263G 16126C 16294T 16296T 16304C 16352C	<i>T</i>	[203]
152C 217C 263G 16129C 16183C 16189C	<i>U2</i>	[203]
73G 152C 263G 340T 16129C 16183C 16189C	<i>U2</i>	[203]
73G 195C 263G 16051C 16179T 16356C 16362C	<i>U4</i>	[203]
73G 263G 16192T 16256T 16270T 16291T	<i>U5</i>	[203]
73G 150T 243G 263G 16065.1T 16144C 16189C 16270T	<i>U5</i>	[203]
263G 320T 16298C	<i>V</i>	[203]
73G 189G 194T 195C 204C 207A 263G 16093C 16223T 16292T	<i>W</i>	[203]
73G 153G 195C 225A 226C 263G 16184A 16189C 16223T 16278T	<i>X</i>	[203]
73G 146C 263G 16145A 16176G 16223T 16244A	<i>N1b</i>	[203]
73G 146C 210G 263G 16071T 16086C 16172C 16187T 16189C 16217C 16223T	<i>B4</i>	[203]
73G 195C 263G 320T 16129A 16182C 16183C 16189C 16234T	<i>U8b1a1</i>	[203]
73G 263G 16174T 16207G 16358G 16362C	<i>D4h1</i>	[203]
73G 263G 16174T 16358G	<i>D4h1</i>	[203]
73G 195C 263G 310C 16183G 16354T	<i>U4a2a</i>	[203]

#### 4.4. Филогенија одабраних комплетно секвенцираних митогенома

У циљу бољег разумевања еволуције појединих мтДНК (под)хаплогрупа, односно утврђивања односа, старости и порекла потенцијално информативних мтДНК линија у популацији Србије, као и доприноса различитих миграција које су се одвијале преко територије Балкана у успостављању садашњег обрасца варијабилности митохондријског генског пула популације Србије, изведене су филогенетске и филогеографске анализе, као и процене старости мтДНК (под)хаплогрупа. У те сврхе коришћено је 58 одабраних комплетних митогенома из српске популације који припадају (под)хаплогрупама: *H5*, *H6*, *HV* (*HV2*, *HV10* и *HV16*), *K1*, *U1*, *U2*, *U3*, *U4*, *U5*, *U7*, *U8*, *N1b*, *D4* и *L2a1*. Митогеноми одабрани за секвенцирање припадају (под)хаплогрупама које су или ретке у европским популацијама (нпр. *HV*, *N1b*, *D4*, *L2a1* и *U1*) или су поједине њихове субкладе (гране) специфичне за популације које настајују поједине регионе Европе (нпр. *H5*, *H6*, *U4* и *U5*).

Секвенцирање одабраних целокупних митогенома обављено је на начин описан у поглављу 3.4.3. Одабрани комплетно секвенцирани мтДНК из српске популације анализирани су заједно са око 2000 комплетних митогенома из савремених, али и древних евроазијских популација, који су доступни у базама података.

У Табели 4.8 представљене су процене времена настанка појединачних мтДНК (под)хаплогрупа утврђене на три различита начина, односно узимајући у обзир различите стопе мутација у калибрацији молекулског сата (стопе замена у оквиру комплетног митогенома, кодирајућег региона и стопе синонимних замена). Укључивање митогенома детектованих у српској популацији у анализе процене времена настанка појединачних (под)хаплогрупа знатно је допринело побољшању ових процена у односу на раније налазе. Поред тога, ова анализа је омогућила детекцију мтДНК подхаплогрупа потенцијално специфичних за Балканско полуострво, што ће бити објашњено у наредним поглављима.

**Табела 4.8.** Процене времена настанка мтДНК подхаплогрупа (у хиљадама година) засноване на различитим стопама мутација коришћеним за калибрацију молекулског сата

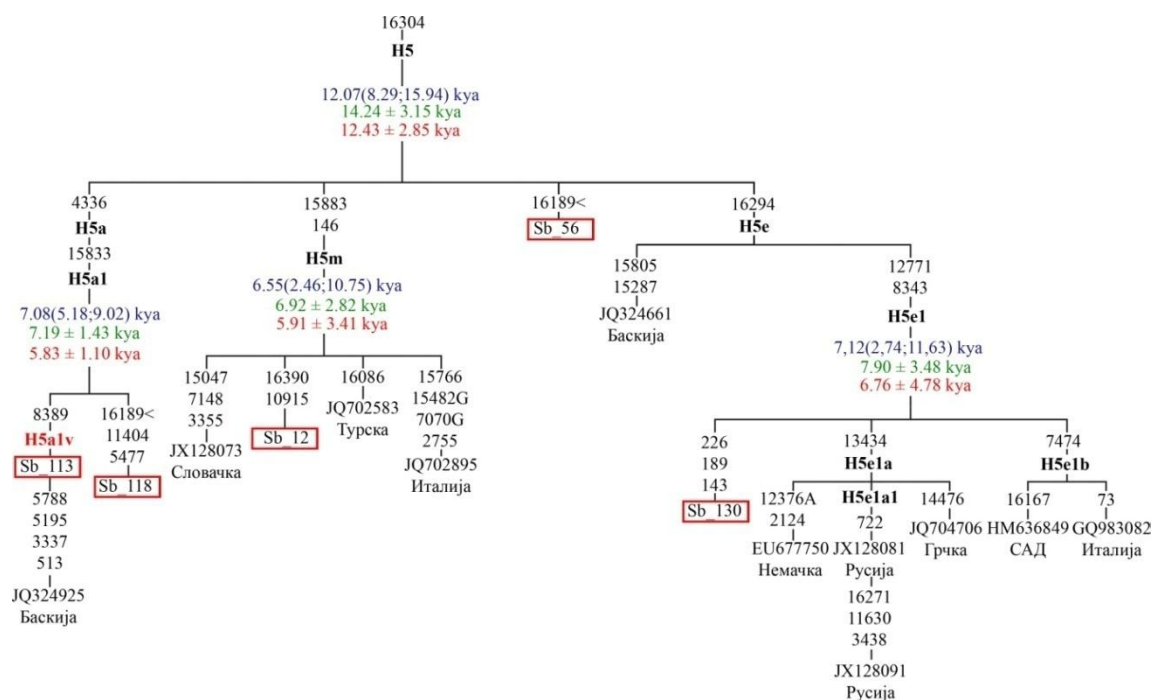
Хаплогрупа	N	Процене времена настанка хаплогрупа на основу		
		Стопа замена у комплетном митогеному	Стопа замена у кодирајућем региону	Стопа синонимних замена
		Средња вредност (95% CI* <i>min</i> ; 95% CI* <i>max</i> )	Средња вредност ± стандардна грешка	Средња вредност ± стандардна грешка
<i>H5</i>	373	12.48 (8.14; 16.92)	15.26 ± 3.66	13.53 ± 3.78
<i>H5m</i>	6	5.66 (2.33; 9.06)	8.45 ± 2.77	6.57 ± 3.48
<i>H5a1</i>	168	7.3 (5.67; 8.94)	7.55 ± 1.05	5.91 ± 0.78
<i>H5e1</i>	11	6.91 (2.72; 11.21)	7.96 ± 3.48	7.17 ± 5.17
<i>H6a1a</i>	81	7.63 (5.93; 9.34)	8.14 ± 1.10	7.59 ± 1.44
<i>H6a2b</i>	2	1.29 (-1.22; 3.84)	2.31 ± 2.31	3.94 ± 3.94
<i>HV10</i>	5	3.11 (0.62; 5.64)	1.84 ± 1.30	1.58 ± 1.58
<i>HV16a</i>	10	3.37 (1.39; 5.37)	2.77 ± 1.13	2.37 ± 1.37
<i>HV2a2</i>	6	11.53 (5.79; 17.45)	7.68 ± 2.87	5.26 ± 3.22
<i>U1a1c2</i>	3	2.59 (-1.18; 6.44)	1.54 ± 1.54	2.63 ± 2.63
<i>U2e1b1</i>	18	2.44 (1.09; 3.81)	2.05 ± 0.96	0.88 ± 0.62
<i>U2e2a1d</i>	12	7.44 (2.44; 12.6)	6.53 ± 1.92	6.57 ± 2.63
<i>U3a1d</i>	2	5.22 (0.1; 10.5)	6.92±3.99	7.88±5.57
<i>U3a3</i>	4	18.3 (10.43; 26.47)	21.9 ± 5.76	15.77 ± 5.57
<i>U4a2a</i>	35	5.67 (3.69; 7.68)	6.19 ± 1.53	3.83 ± 1.08
<i>U4a2a1</i>	8	2.91 (0.8; 5.05)	1.73 ± 1.0	0.99 ± 0.99
<i>U4a2c2</i>	2	2.59 (-0.99; 6.24)	4.61±3.26	7.88±5.57
<i>U4a2g1</i>	4	2.59 (0.05; 5.16)	2.31 ± 1.63	3.94 ± 2.79
<i>U4b</i>	103	19.29 (12.97; 25.8)	23.81 ± 4.74	23.27 ± 6.95
<i>U4b1a1a</i>	15	6.82 (1.67; 12.13)	7.07 ± 3.30	2.63 ± 1.18
<i>U4b1a1a1</i>	10	2.85 (1.01; 4.7)	4.15 ± 1.53	2.37 ± 1.37
<i>U4b1a1a1a</i>	2	1.29 (-1.22; 3.84)	2.31±2.31	0.00 ± 0.00
<i>U4c1</i>	49	6.63 (4.64; 8.65)	7.24 ± 1.13	4.83 ± 1.02
<i>U4c1b1</i>	3	0.86 (-0.82; 2.55)	0.00 ± 0.00	0.00 ± 0.00
<i>U4d2b</i>	6	4.33 (-0.31; 9.13)	1.54 ± 1.09	0.00 ± 0.00
<i>U5a1a1j</i>	2	20.45 (9.8; 31.64)	18.44±6.52	0.00 ± 0.00
<i>U5a1a2a</i>	29	6.5 (3.87; 9.18)	9.06 ± 2.21	9.24 ± 3.35
<i>U5a2b1e1</i>	2	5.22 (0.1; 10.5)	2.31 ± 2.31	3.94 ± 3.94
<i>U5a2b6</i>	2	5.22 (0.1; 10.5)	6.92±3.99	7.88±5.57
<i>U5b1a1</i>	4	1.29 (-0.49; 3.09)	2.31 ± 1.63	1.97 ± 1.97
<i>U5b1e'h</i>	49	16.69 (7.51; 26.31)	14.86 ± 5.80	15.12 ± 8.06
<i>U5b3<sup>#</sup></i>	80	13.13 (9.08; 17.26)	11.41 ± 1.81	9.66 ± 1.61
<i>U7b</i>	36	9.77 (6.1; 13.53)	8.07 ± 1.96	7.23 ± 2.53
<i>U8a1a1a2</i>	2	3.9 (-0.5; 8.42)	2.31±2.31	0.00 ± 0.00
<i>K1a2</i>	46	12.59 (8.85; 16.4)	13.83 ± 2.91	13.03 ± 2.51
<i>K1a4a1</i>	174	14.24 (7.39; 21.34)	12.96 ± 3.32	9.06 ± 1.63
<i>K1a4d</i>	25	3 (1.21; 4.81)	2.77 ± 1.09	3.78 ± 1.78
<i>K1a4k</i>	2	3.9 (-0.5; 8.42)	4.61±3.26	7.88±5.57
<i>K1a4l</i>	2	3.9 (-0.5; 8.42)	6.92±3.99	7.88±5.57
<i>K1a13a1</i>	7	3.33 (-0.29; 7.05)	2.63 ± 2.63	4.51 ± 4.51
<i>K1a30b</i>	3	6.1 (-0.06; 12.51)	4.61 ± 3.44	5.26 ± 5.26
<i>K1b1c</i>	19	6.2 (3.68; 8.76)	7.04 ± 1.80	5.39 ± 2.16
<i>K1b2a2</i>	22	4.98 (2.5; 7.49)	5.45 ± 1.78	5.02 ± 1.52
<i>N1b1a</i>	66	14.13 (11.34; 16.96)	14.88±1.95	14.1±2.89
<i>N1b1a7'8</i>	11	15.4 (9.93; 21.03)	13.41±3.35	7.88±2.78
<i>D4j8</i>	9	6.1 (2.7; 9.58)	5.63±2.11	7.88±3.39
<i>L2a1k1</i>	4	11.3 (3.29; 19.67)	9.22±4.61	7.88±6.23

\*— интервал поверења; <sup>#</sup> приказана је процена старости за подхаплогрупу *U5b3* јер су хаплотипови који формирају подкладу *U5b3j* идентични;

#### 4.4.1. Подхаплогрупе *H5* и *H6*

Према подацима из литературе, подхаплогрупу *H5* одликује јужноевропско порекло и процењена старост од око 16 хиљада година, што се поклапа са периодом реколонизације северних делова Европе из јужноевропских рефугијума након последњег леденог максимума [133]. Раније реконструкције филогеније подхаплогрупе *H5* показале су да постоје поједине гране (подкладе) које су карактеристичне за популације централне и источне Европе, укључујући источно- и западнословенске популације [133]. Како би се утврдило да ли *H5* хаплотипови у српској популацији припадају подхаплогрупама карактеристичним за јужну или централну/источну Европу, они су комплетно секвенцирани и укључени у филогенетске анализе и анализе процене старости.

Од девет детектованих хаплотипова подхаплогрупе *H5* успешно је секвенцирано пет митогенома. Филогенетском анализом је утврђено да један хаплотип припада *H5\** парагрупи неклассификованих хаплотипова (група хаплотипова који нису сврстани ни у једну од до сада дефинисаних *H5* подхаплогрупа) (испитаник *Sb\_56*, Слика 4.27 и 8.12, Прилог). Остали хаплотипови су сврстани у подхаплогрупе *H5a1*, *H5e1* и *H5m* (Слика 4.27 и 8.13-8.15, Прилог). Процењена времена њиховог настанка су приказана у Табели 4.8. На Слици 4.27 је приказано раније реконструисано филогенетско стабло подхаплогрупе *H5* [211] на којем је хаплотип испитаника *Sb\_113* био сврстан у новодефинисану подкладу *H5a1v* заједно са секвенцом из Баскије, на основу чега је претпостављено њено јужноевропско порекло [211]. Међутим, након укључивања нових, јавно доступних митогеномских секвенци у филогенетску реконструкцију, анализирани српски *H5a1* хаплотип се више није груписао у заједничку подхаплогрупу са баскијским узорком (Слика 8.13, Прилог). „Баскијски хаплотип“ је у овој новој анализи груписан са две секвенце из Алжира формирајући нову подхаплогрупу *H5a1t* (Слика 8.13, Прилог). С друге стране, други српски *H5a1* хаплотип (испитаник *Sb\_118*) у ранијој анализи се није груписао ни са једном секвенцом (Слика 4.27) [211], док је при анализи у коју је укључен већи број митогенома овај хаплотип груписан са хаплотипом непознатог порекла формирајући нову подхаплогрупу *H5a1z* (Слика 8.13, Прилог).

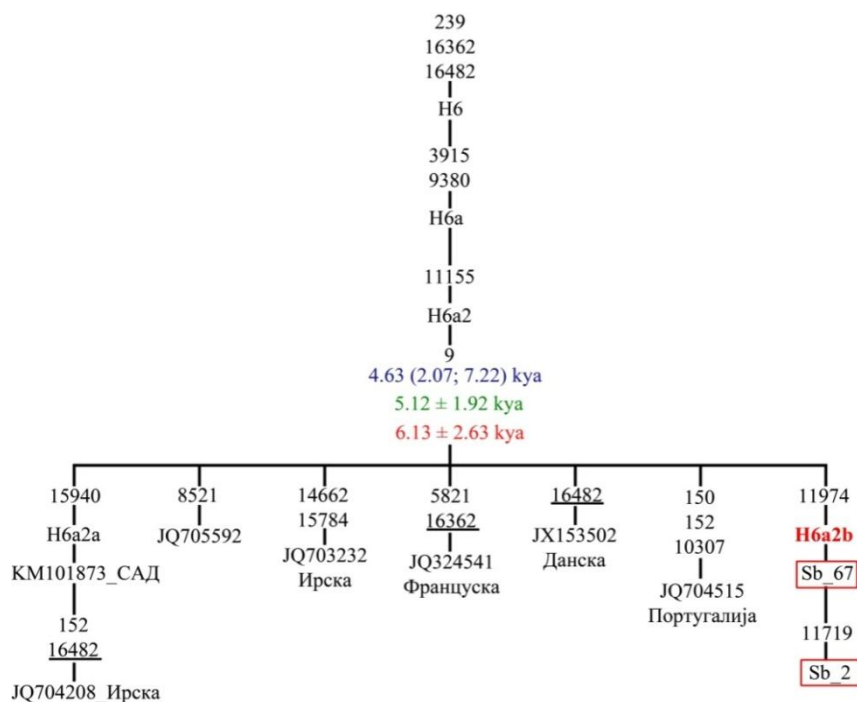


**Слика 4.27.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *H5* базирано на комплетним митогеномским секвенцама на којем је приказано пет хаплотипова детектованих у српској популацији. Хаплотипови у српској популацији уоквирени су црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, новодефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*кya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

Српски хаплотипови који припадају подхаплогрупама *H5e1* и *H5m* су, након додатне анализе, остали сврстани у одговарајуће подхаплогрупе (Слике 8.14 и 8.15, Прилог). Док је *H5e1* хаплотип груписан са секвенцама које воде порекло из различитих европских популација, у *H5m* подкладу су били укључени и митогеноми пореклом са Блиског истока и Кавказа.

У оквиру веома старе подхаплогрупе *H6*, чије је време настанка процењено на 15 до 33.5 хиљада година [133], постоје три гране: *H6a*, *H6b* и *H6c*. Док је подхаплогрупа *H6a* карактеристична за европске популације, *H6b* је присутна у популацијама Блиског истока и централне Азије [138]. За подхаплогрупу *H6c*, која је присутна са ниском учесталашћу у различитим европским популацијама укључујући и западнословенске, претпоставља се да је опстала у неком од европских рефугијума током периода последње глацијације и да је до њене експанзије дошло тек током последње 3-4 хиљаде година [133].

Како би се утврдило којим подхаплогрупама припадају *H6* хаплотипови из српске популације, комплетно су секвенцирана четири митогенома. Након филогенетске анализе, у коју су биле укључене све доступне комплетне митогеномске секвенце подхаплогрупе *H6*, ови митогеноми су сврстани у подхаплогрупе *H6a1a* (испитаници *Sb\_19* и *Sb\_25*, Слика 8.16, Прилог) и *H6a2* (испитаници *Sb\_2* и *Sb\_67*, Слика 4.28) чија су процењена времена настанка 7.6-8.1 и 4.6-6.1 хиљада година, респективно (Табела 4.8). У оквиру *H6a2* подхаплогрупе присутне су секвенце које већином воде порекло из северне и западне Европе, док два митогенома из српске популације формирају нову младу подкладу *H6a2b* која је потенцијално специфична за Балканско полуострво (Слика 4.28) и чија је старост процењена на 1.3 -3.9 хиљада година (Табела 4.8).



**Слика 4.28.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *H6a2* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, новедефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

#### 4.4.2. Подхаплогрупе *HV2*, *HV10* и *HV16*

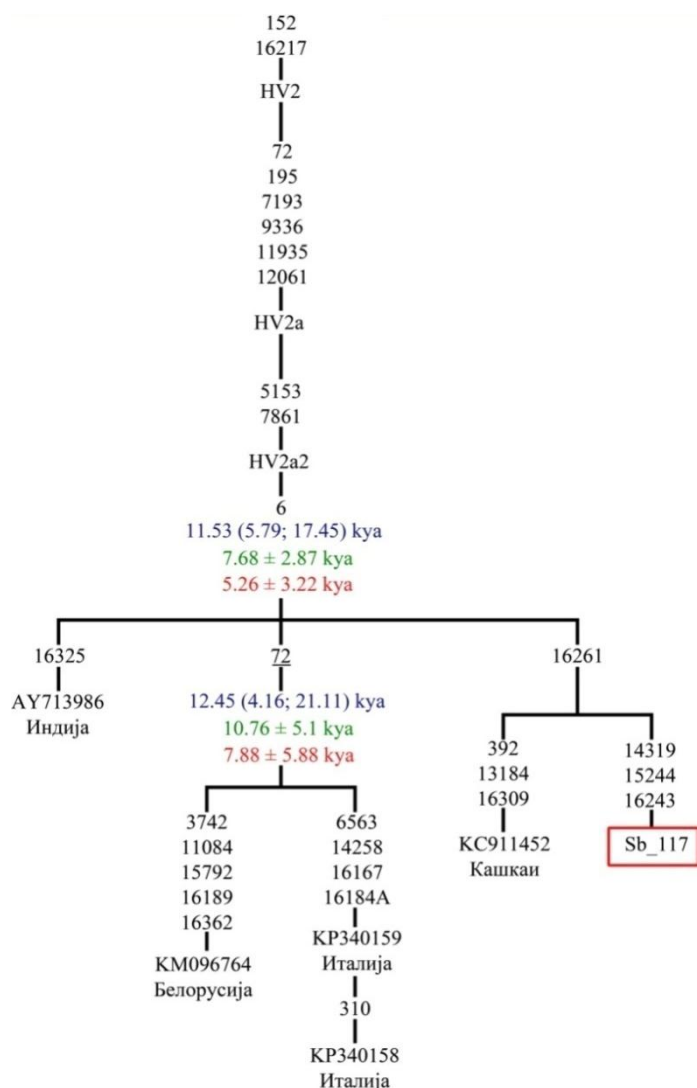
Хаплогрупа *HV* је у европским популацијама или одсутна или присутна са ниском учесталošћу (Табела 8.5, Прилог), док се са високом учесталošћу, која се



креће до 24%, може детектовати у различитим етничким групацијама Ирана [140]. Према литературним подацима, за поједине гране у оквиру хаплогрупе *HV*, попут *HV4*, претпоставља се да воде порекло из источне Европе, док се за подкладу унутар ове подхаплогрупе, *HV4a1a*, сматра да је настала у франко- кантабријском региону [164, 253].

*HV* хаплотипови детектовани у српској популацији комплетно су секвенцирани у циљу утврђивања њихове припадности одговарајућим подхаплогрупама у оквиру хаплогрупе *HV*. Након филогенетске анализе, у коју су биле укључене све доступне комплетне митогеномске секвенце хаплогрупе *HV*, ови хаплотипови су сврстани у подхаплогрупе *HV2*, *HV10* и *HV16* чија се процењена времена настанка крећу у распону од 1.6-11.5 хиљада година (Табела 4.8). Хаплотип испитаника *Sb\_117* се у оквиру *HV2a2* гране групише са хаплотиповима из Ирана, Индије, Белорусије и Италије (Слика 4.29). За ову подхаплогрупу, процењене старости од 5.3-11.5 хиљада година, претпоставља се да је настала у западној Азији и да се одатле проширила у јужну Европу [234].

Хаплотип испитаника *Sb\_106* сврстан је у релативно младу подхаплогрупу *HV10* у којој се групише са хаплотиповима који већином воде порекло из различитих словенских популација (пољска, чешка и словеначка) (Слика 8.17, Прилог). Стога се може претпоставити да је *HV10* подхаплогрупа настала у средњој Европи и њено присуство у српској популацији би се могло објаснити миграцијама словенских племена у раном средњем веку. Три хаплотипа из српске популације (испитаници *Sb\_45*, *Sb\_47* и *Sb\_97*), који су сврстани у подхаплогрупу *HV16*, идентични су и заједно са хаплотиповима који углавном потичу из северне, средње и источне Европе формирају нову подкладу *HV16a* (Слика 8.18, Прилог).



**Слика 4.29.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *HV2a2* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, позиција са повратном мутацијом је подвучена, позиција са трансверзијом обележена је суфиксом. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

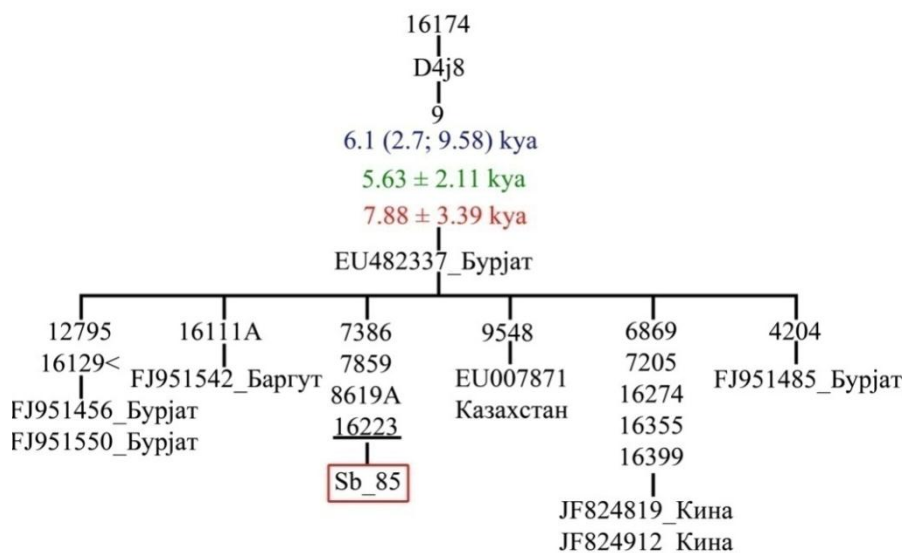
#### 4.4.3. Ретке подхаплогрупе *N1b*, *D4* и *L2a1*

Филогенетске анализе хаплотипова који су ретки, како у европским популацијама, тако и у српској популацији, а више заступљени у другим регионима, попут Блиског истока (*N1b*), источне Азије (*D4*) и Африке (*L2a1*), могу послужити за утврђивање доприноса различитих миграција које су се одвијале кроз територију Балкана у успостављању садашњег обрасца варијабилности митохондријског генског пула популације Србије. Из тих разлога

комплетно су секвенцирани хаплотипови детектовани у српској популацији који припадају ретким мтДНК подхаплогрупама: *N1b*, *D4* и *L2a1*.

Подхаплогрупа *N1b* је ретка у Европи и највећу учесталост има на Блиском истоку [130]. Овој подхаплогрупи припадају хаплотипови испитаника *Sb\_51* и *Sb\_143*. Хаплотип испитаника *Sb\_51* је сврстан у подхаплогрупу *N1b1a\** у којој су, поред европских, присутне и секвенце пореклом са Блиског истока и Кавказа (Табела 8.8, Прилог) и чије је време настанка процењено на 14.1-14.8 хиљада година (Табела 4.8 и Слика 8.19, Прилог). Хаплотип испитаника *Sb\_143* је сврстан у *N1b1a7'8* подкладу која обухвата хаплотипове пореклом из јужне Европе и са Блиског истока и процењује се да је њено време настанка пре 7.9-15.4 хиљада година (Табела 4.8 и Слика 8.20, Прилог).

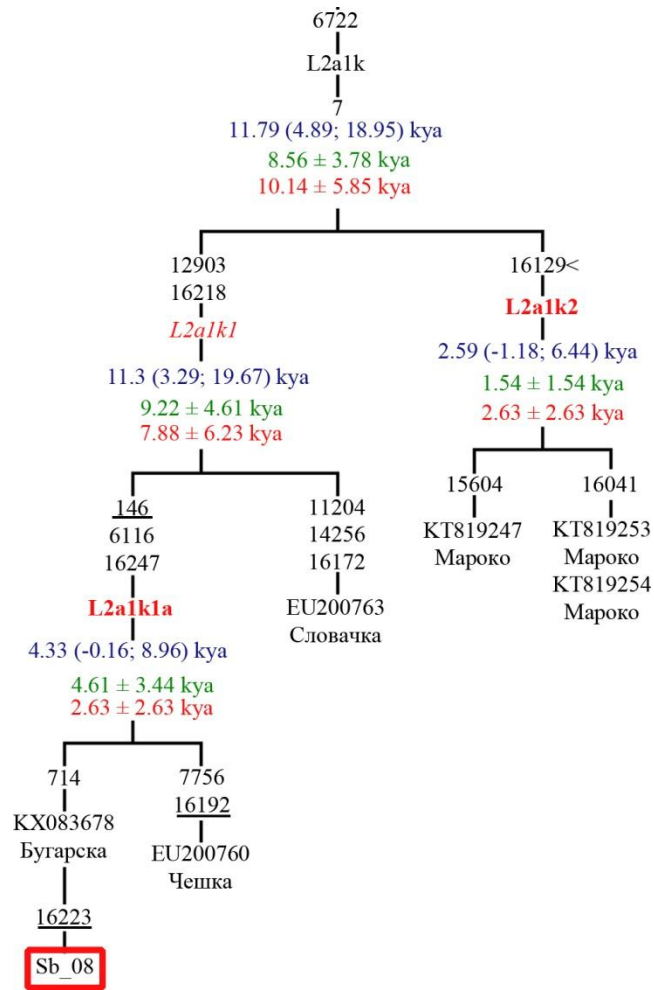
С обзиром да је подхаплогрупа *D4* карактеристична за источну Азију [254], хаплотип детектован у српској популацији, а који припада овој подхаплогрупи, комплетно је секвенциран. Након филогенетске анализе, хаплотип испитаника *Sb\_85* је сврстан у подхаплогрупу *D4j8* (Слика 4.30) заједно са хаплотиповима пореклом из популација које живе у околини Бајкалског језера (монголска племена Баргути и Бурјати), као и популација Кине и Казахстана. Процењено



**Слика 4.30.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *D4j8* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позицију са рекурентном мутацијом, позиција са повратном мутацијом је подвучена, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

време настанка ове подхаплогрупе је 5.6-7.9 хиљада година (Табела 4.8).

Хаплотип испитаника *Sb\_8*, који је на основу варијабилности *HVS-I*, *HVS-II* и кодирајућег региона мтДНК сврстан у неевропску подхаплогрупу *L2a1*, комплетно је секвенциран и у ранијој анализи сврстан у подхаплогрупу *L2a1k* (Слика 8.21, Прилог) [211]. Ова анализа укључивала је само три тада доступне комплетне митогеномске секвенце пореклом из Чешке, Словачке и Србије. У оквиру *L2a1k* подхаплогрупе, хаплотип детектован код испитаника *Sb\_8* био је сврстан у новодефинисану подкладу *L2a1k1* заједно са хаплотипом из Чешке (Слика 8.21, Прилог). За подхаплогрупу *L2a1k* се претпоставља да је настала у Европи пре око 10 хиљада година [128, 255]. Међутим, укључивање нових, јавно доступних *L2a1k* секвенци из Бугарске и Марока у филогенетску анализу, омогућило је да се у оквиру подхаплогрупе *L2a1k* редефинише подклада *L2a1k1* као и да се дефинише нова, афричка подклада *L2a1k2* (Слика 4.31). Наиме, подклада *L2a1k1*, процењене старости од 7.9-11.3 хиљада година, укључује хаплотипове само из европских популација (западно- и јужнословенских), док су хаплотипови пореклом из Марока организовани у младу подкладу *L2a1k2*. У оквиру подкладе *L2a1k1*, српски, бугарски и чешки хаплотип се групишу у нову грану *L2a1k1a* (Слика 4.31).



**Слика 4.31.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *L2a1k* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позицију са рекурентном мутацијом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, редефинисана подхаплогрупа је у *italic* форми и обележена је црвеном бојом, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

#### 4.4.4. Суперхаплогрупа *U*

Суперхаплогрупа *U* обухвата хаплогрупе *U* и *K* које су, после хаплогрупе *H*, најчешће у савременим европским популацијама (Табела 8.5, Прилог). За разлику од савремених европских популација, код древних популација Европе, пре неолитске експанзије, најчешћи хаплотипови нису припадали хаплогрупи *H* већ појединим кладама у оквиру суперхаплогрупе *U* [113-117]. Међу древним европским популацијама ловаца-сакупљача најчешће су биле подхаплогрупе *U4* и *U5* које су и данас у Европи највише заступљене од свих *U* подхаплогрупа

(Табела 8.5, Прилог). Међутим, мтДНК линије у оквиру хаплогрупе *U* биле су слабо заступљене у популацијама фармера током раног неолита, односно биле су веома ретке или чак потпуно одсутне у популацијама фармера из средње Европе [120]. Спектар и заступљеност (под)хаплогрупа мењао се током раног неолита (током тзв. неолитске транзиције) када су сакупљачко-ловачка друштва постепено замењена друштвима која се баве пољопривредом (фармери). Током неолитске транзиције долази до повећања учесталости (под)хаплогрупа такозваног „неолитског пакета“ (*N1a*, *T2*, *K*, *J*, *HV*, *V*, *W* и *X*) који је карактеристичан за неолитске фармере [44, 119]. У средњем неолиту, учесталост појединих клада у оквиру хаплогрупе *U* поново расте услед поновног повећања бројности популација ловаца сакупљача, што је образац уочен и применом аутозомних маркера [123]. Други важан процес, значајан за успостављање савременог генског пула европских популација, догодио се на прелазу из касног неолита у бронзано доба (пре око 4.5-5 хиљада година) када се носиоци јамне културе досељавају у средњу Европу. За носиоце јамне културе су карактеристичне (под)хаплогрупе *U2*, *U4*, *U5a*, *I*, *T1*, *W* и *H* [44, 119, 123, 124] чија се учесталост у средњој Европи најпре повећала, а затим опала услед поновног повећања бројности популација фармера и ловаца сакупљача на прелазу из касног неолита у бронзано доба [123]. Ова такозвана „степска“ компонента је и данас присутна у европским популацијама, али је највише заступљена у популацијама северне Европе, а најмање у јужноевропским популацијама [123]. До данас није у потпуности разјашњено да ли су *U* подхаплогрупе у савременим популацијама Балканског полуострва доспеле у овај регион са мигрантима током касног неолита и бронзаног доба, или су их у овај регион донели мигранти током миграција у периоду од IV-IX в.н.е. на шта указују подаци добијени анализом аутозомних маркера [123, 126, 127]. Како би се утврдила филогенија и порекло *U* и *K* подхаплогрупа детектованих у узорку српске популације, ови хаплотипови су одабрани за комплетно секвенцирање и филогенетску анализу.

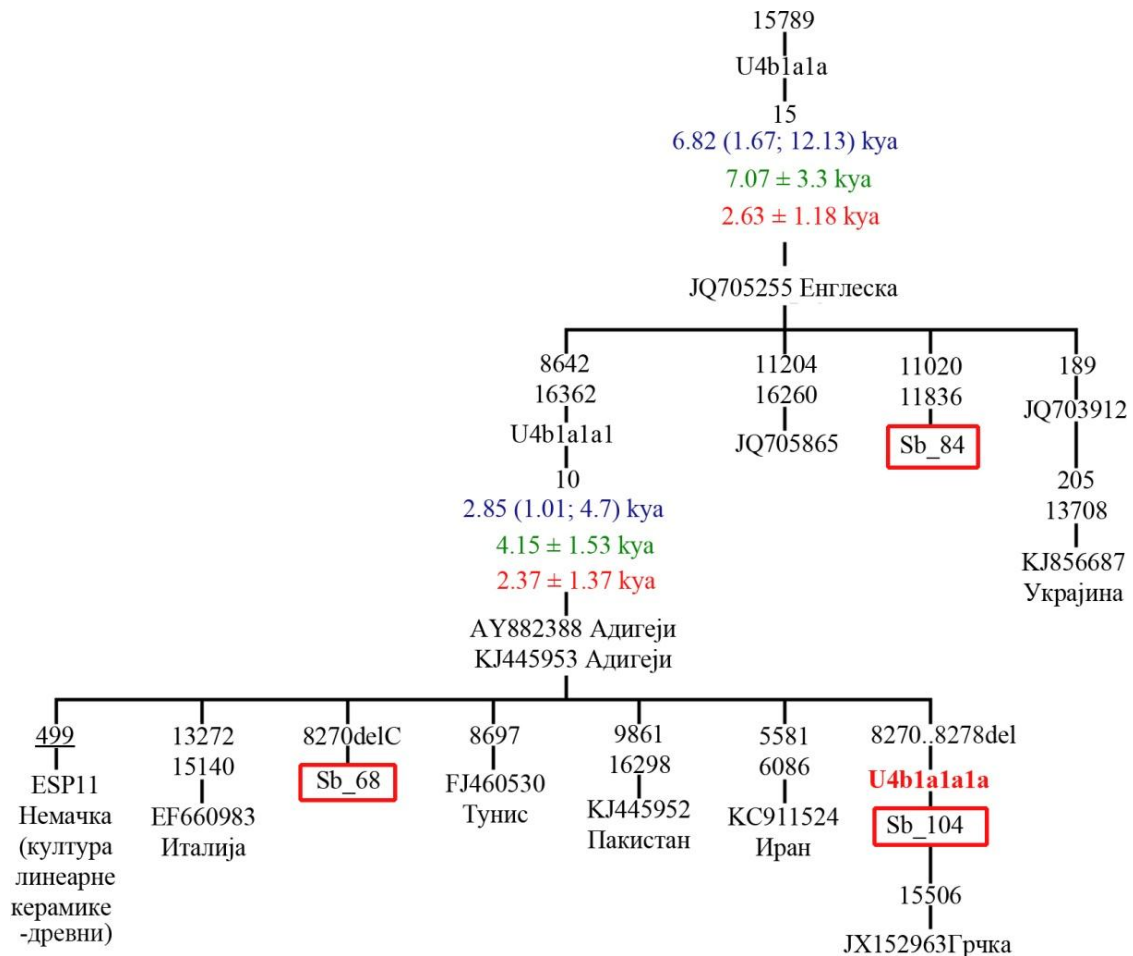
#### **4.4.4.1. Подхаплогрупа *U4***

Након комплетног секвенцирања митогенома и њихове филогенетске анализе, хаплотипови детектовани у српској популацији, који припадају подхаплогрупи

*U4*, сврстани су у подкладе *U4a2a\**, *U4a2a1*, *U4a2c2*, *U4a2g1*, *U4b*, *U4b1a1a*, *U4c1*, *U4c1b1* и *U4d2b* [256]. Процењене старости ових подхаплогрупа су приказане у Табели 4.8. Према литературним подацима, подхаплогрупа *U4a2* је високо заступљена у популацијама средње и источне Европе, укључујући западно- и источнословенске популације, и претпоставља се да је настала у региону централне/источне Европе пре око седам хиљада година [164]. У оквиру ове подхаплогрупе, хаплотип испитаника *Sb\_128* је сврстан у паравгрупу неклассификованих хаплотипова *U4a2a\** заједно са хаплотиповима пореклом углавном из источне и северне Европе, док је хаплотип испитаника *Sb\_103* уврштен у младу подкладу *U4a2a1* заједно са хаплотиповима пореклом из Пољске, Данске и Шведске (Слика 8.22, Прилог).

Хаплотип испитаника *Sb\_151* припада подхаплогрупи *U4a2c*, која је до сада детектована само код источнословенских популација, и заједно са хаплотипом из Белорусије формира нову подкладу *U4a2c2* чије је време настанка процењено на 2.6-7.9 хиљада година (Табела 4.8 и Слика 8.23, Прилог). У оквиру подхаплогрупе *U4a2g*, хаплотип испитаника *Sb\_100* се групише са хаплотиповима из Русије и Финске у нову подкладу *U4a2g1*, чија је старост процењена на 2.3-3.9 хиљада година (Слика 8.24, Прилог).

Четири хаплотипа у српској популацији сврстана су у подхаплогрупу *U4b* која је распрострањена широм западног дела Евроазије (Табела 8.8, Прилог). Хаплотип испитаника *Sb\_11* припада *U4b\** паравгрупи неклассификованих хаплотипова (Слика 8.25, Прилог), док су остала три хаплотипа (детектована код испитаника *Sb\_68*, *Sb\_84* и *Sb\_104*) сврстана у подхаплогрупу *U4b1a1a* (Слика 4.32). У оквиру ове подхаплогрупе, хаплотипови испитаника *Sb\_68* и *Sb\_104* припадају подклади *U4b1a1a1* која је заступљена на Медитерану (Италија, Грчка и Турска), али и у региону Блиског истока и Кавказа (Иран, Пакистан и Адигеји са северног Кавказа). Битно је напоменути да се међу *U4b1a1a1* секвенцама налази и хаплотип јединке која је припадала култури линеарне керамике (*eng. Corded Ware*) са територије данашње Немачке и чија је старост процењена на око 4.5 хиљаде година (узорак *ESP11*) [123]. Хаплотип испитаника *Sb\_104* се заједно са хаплотипом из Грчке групише у новедефинисану подкладу *U4b1a1a1a* чије је процењено време настанка 1.3-2.3 хиљада година (Табела 4.8 и Слика 4.32).

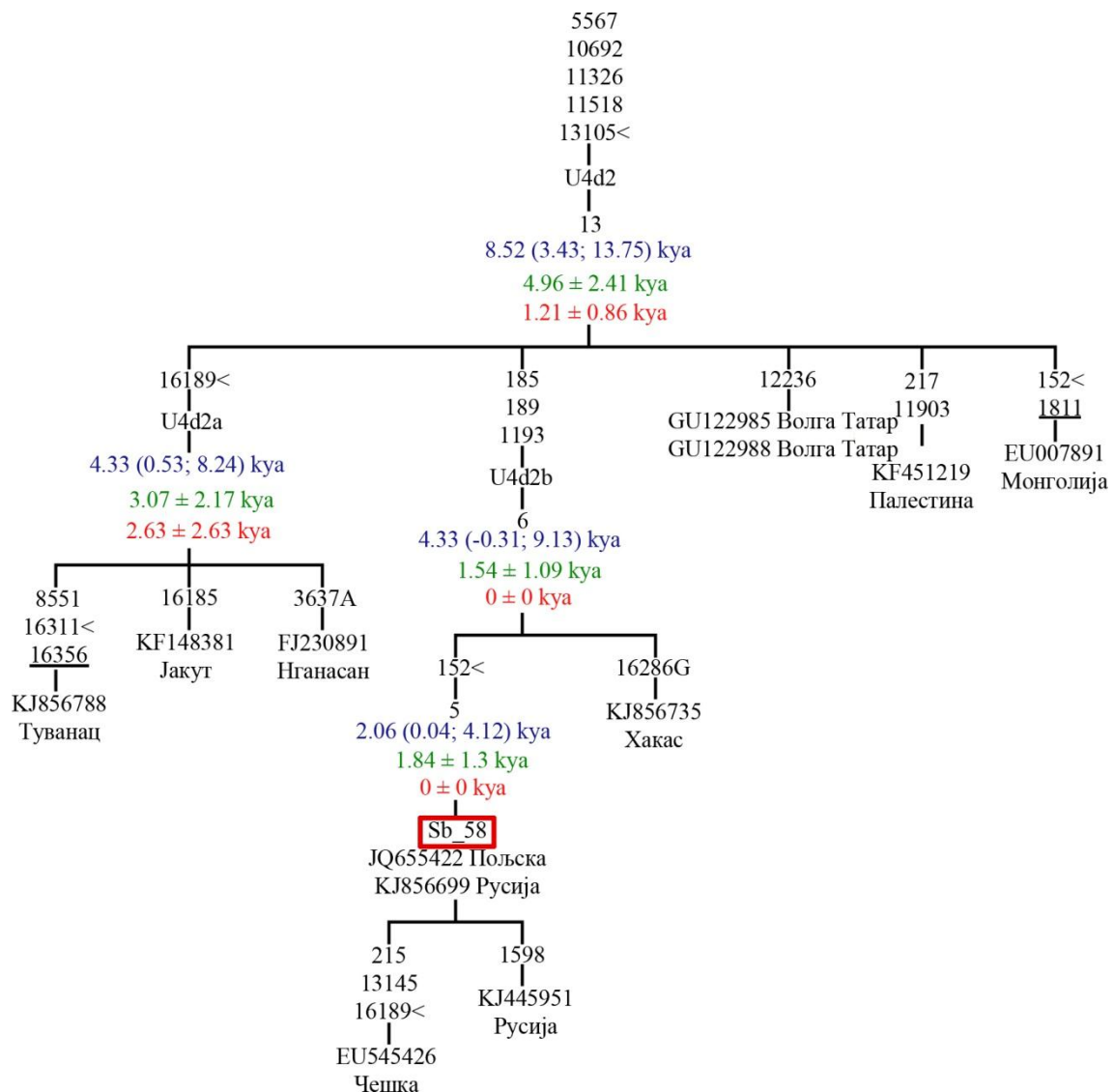


**Слика 4.32.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U4b1a1a* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, позиција са повратном мутацијом је подвучена, *del* обележава делеције, новодефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

На основу филогенетске анализе, три хаплотипа су сврстана у подхаплогрупу *U4c1* која је заступљена у популацијама средње и северозападне Европе, али је такође детектована и код две јединке из касног неолита. Оне су припадале култури пехара (*eng. Bell-Beaker culture*) са територије данашње Немачке и живеће су пре око 4 хиљаде година, а у филогенетску анализу нису укључене јер њихове комплетне митогеномске секвенце нису доступне (узорци *KAR51* и *KAR52*, [119]). Хаплотип испитаника *Sb\_134* припада групи неклассификованих секвенци у оквиру подхаплогрупе *U4c1\**, док хаплотипови испитаника *Sb\_53* и *Sb\_66* заједно са хаплотиповима из Бугарске и Италије формирају нову подхаплогрупу *U4c1b* која потенцијално води порекло из јужне Европе (Слика



8.26, Прилог). Време настанка подхаплогрупе *U4c1b* се процењује на 2.8-6.8 хиљада година (Слика 8.26, Прилог). У оквиру ове подхаплогрупе, хаплотипови из српске популације, заједно са секвенцом из Бугарске, формирају нову, веома младу подкладу *U4c1b1* која је потенцијално специфична за Балканско полуострво (Табела 4.8 и Слика 8.26, Прилог).



**Слика 4.33.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U4d2* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са повратним мутацијама су подвучене, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

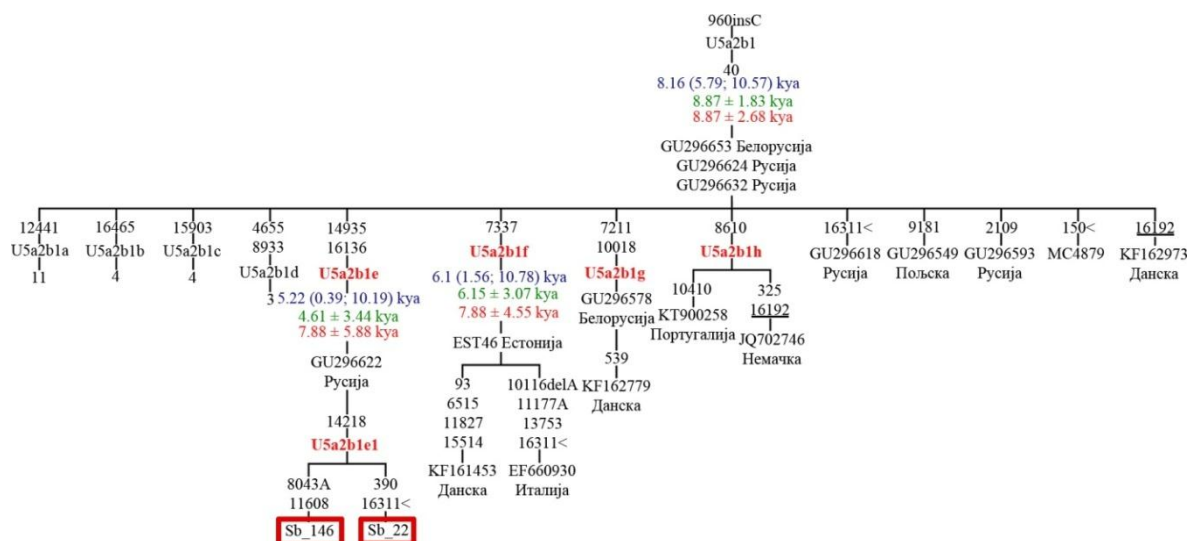
На основу података о географској дистрибуцији подхаплогрупе *U4d2*, која је заступљена код аутохтоних народа Сибира (Јакути, Туванци, Хакаси и

Нганасани), у популацијама источне Европе (Татари са Волге), као и код различитих словенских популација, може се претпоставити да је ова подхаплогрупа настала у источној Европи одакле се проширила у Сибир и средњу Европу, пре око 4.9-8.5 хиљада година [256]. Хаплотип испитаника *Sb\_58* је, у оквиру ове подхаплогрупе, сврстан у младу подкладу *U4d2b* заједно са хаплотиповима који су углавном пореклом из словенских популација источне и средње Европе (Слика 4.33).

#### 4.4.4.2. Подхаплогрупа *U5*

Раније филогенетске анализе подхаплогрупе *U5a*, која је распрострањена широм Европе, указују да је настала пре око 16-20 хиљада година и да се највероватније проширила по европском континенту из различитих рефугијума након последњег леденог максимума [257]. Подхаплогрупа *U5a* је у анализираном узорку српске популације представљена хаплотиповима који припадају подхаплогрупама *U5a1a1j*, *U5a1a2a\**, *U5a2b1e1* и *U5a2b6*. Процењена времена настанка ових подхаплогрупа приказана су у Табели 4.8. Хаплотип испитаника *Sb\_127* се групише заједно са хаплотипом из Шведске формирајући нову подкладу *U5a1a1j* (Слика 8.27, Прилог), док је хаплотип испитаника *Sb\_62*, који је идентичан хаплотипу из Турске, сврстан у подхаплогрупу *U5a1a2a\** процењене старости од 6.5-9.2 хиљаде година (Слика 8.28, Прилог). Три хаплотипа у српској популацији сврстана су у подхаплогрупу *U5a2b*, у оквиру које се хаплотипови испитаника *Sb\_22* и *Sb\_146* заједно са хаплотипом из Русије групишу у нову подкладу *U5a2b1e* чије је време настанка процењено на 4.6-7.9 хиљада година (Слика 4.34). У оквиру ове подкладе, хаплотипови из Србије формирају нову грану *U5a2b1e1* процењене старости од 2.3-5.2 хиљада година (Табела 4.8). Хаплотип испитаника *Sb\_123* се заједно са секвенцом непознатог порекла групише у нову подкладу *U5a2b6* процењене старости од 5.2-7.9 хиљада година (Табела 4.8 и Слика 8.29, Прилог).

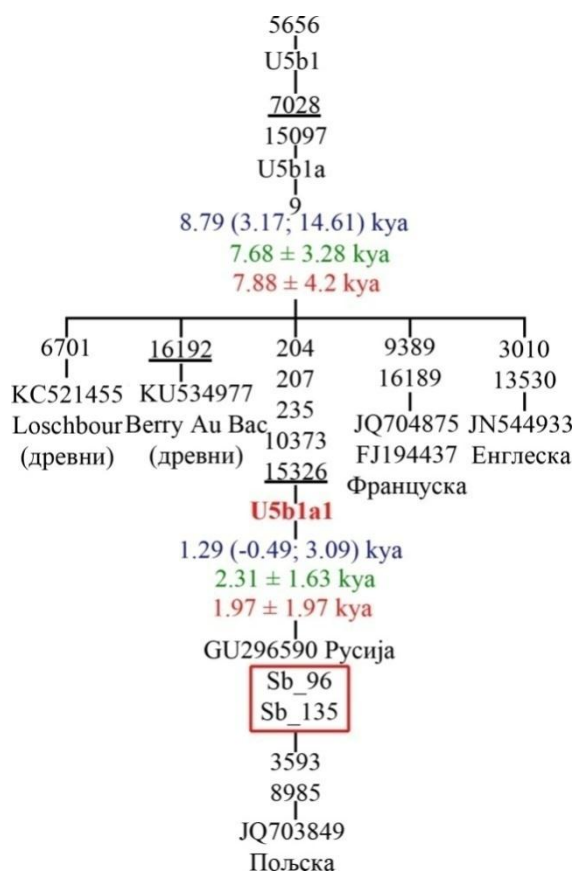
Хаплотипови који припадају подхаплогрупи *U5b* су након филогенетске анализе сврстани у подхаплогрупе *U5b1a1*, *U5b1e'h\** и *U5b3j*. Хаплотипови испитаника *Sb\_96* и *Sb\_135* су идентични хаплотипу из Русије и заједно са секвенцом из Пољске формирају нову, младу подкладу *U5b1a1* процењене



**Слика 4.34.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U5a2b1* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *ins* обележава инсерције, *del* обележава делеције, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце су представљени у Табели 8.8 (Прилог).

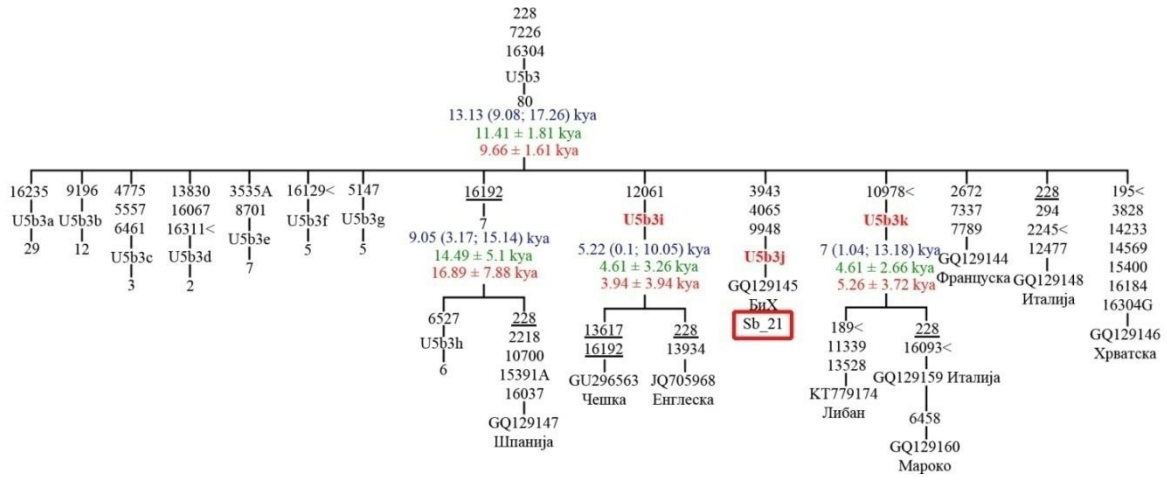
старости од 1.3-2.3 хиљада година (Табела 4.8 и Слика 4.35). Ова подклада води порекло од подхаплогрупе *U5b1a* у оквиру које су укључени хаплотипови из савремених популација Француске и Енглеске, али и хаплотипови пореклом од ловаца сакупљача који су живели на територији данашње Француске и Луксембурга пре око шест, односно осам хиљада година (*Berry Au Vac*, [258]; *Loschbour*, [115]). Ови резултати указују на потенцијално западноевропско порекло подхаплогрупе *U5b1a*.

Хаплотип испитаника *Sb\_7* сврстан је у парагрупу *U5b1e'h\** у којој се налазе хаплотипови пореклом из различитих европских популација, као и хаплотип 10 хиљада година старе јединке која је је припадала ловачко сакупљачком друштву средњег мезолита на територији данашње Француске (*Ranchot*, [258]) (Слика 8.30, Прилог). С обзиром да је процењено време настанка ове подхаплогрупе 14.9-16.7 хиљада година, може се претпоставити да се ова подхаплогрупа проширила по европском континенту из рефугијума након последњег леденог максимума.



**Слика 4.35.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U5b1a* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, новодефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подељаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

Хаплотип испитаника *Sb\_21* је идентичан хаплотипу пореклом из Босне и Херцеговине и заједно са њим формира нову подкладу *U5b3j* у оквиру подхаплогрупе *U5b3* (Слика 4.36). Процена времена настанка подхаплогрупе *U5b3* (9.7-13.1 хиљада година) у сагласности је са проценама које су добијене у ранијим истраживањима чији аутори претпостављају да је ова подхаплогрупа настала на Апенинском полуострву одакле се проширила само дуж обала Тиренског и Јадранског мора [99].



**Слика 4.36.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U5b3* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са повратним мутацијама су подвучене, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, новодефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце су представљени у Табели 8.8 (Прилог).

#### 4.4.4.3. Подхаплогрупа *U8*

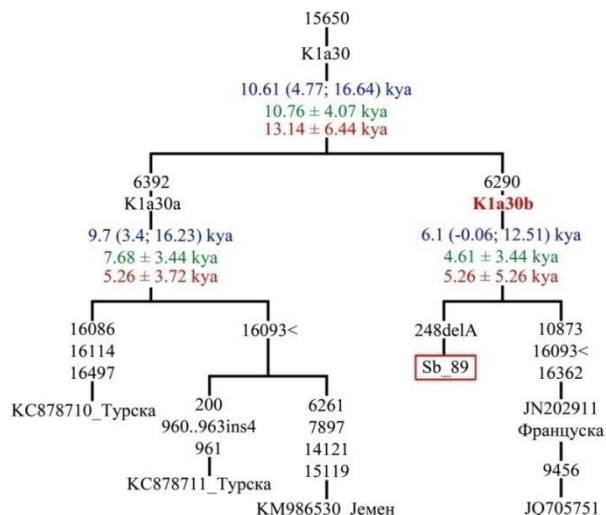
Подхаплогрупа *U8* обухвата две гране: *U8a* и *U8b*. Иако је подхаплогрупа *U8a* распрострањена широм Европе, њена учесталост је ниска. Митогеном испитаника *Sb\_172* је након филогенетске анализе сврстан у новодефинисану подкладу *U8a1a1a2*, заједно са хаплотипом из Чешке (Слика 8.31, Прилог). Процењено време настанка подхаплогрупе *U8a1a1a2* је 2.3-3.9 хиљада година (Табела 4.8). Према филогеографским анализама, подхаплогрупа *U8a* се кроз Европу ширила у два таласа - најпре пре око 30 хиљада година преко Пиринејског полуострва и средње Европе све до Балтичког мора, а затим пре око 10-15 хиљада година, када је дошло до много веће експанзије подкладе *U8a1* у Европи и ширења све до територија данашње Русије и Шкотске, које се данас одликују мањим диверзитетом подхаплогрупе *U8a* у односу на средњу Европу [144]. Стога се присуство *U8a1a1a2* подкладе у западно- и јужнословенским популацијама може објаснити или раним ширењем *U8a1* кроз средњу Европу, или каснијим миграцијама Словена у раном средњем веку.

Хаплогрупа *K*, најзаступљенија сестринска клада подхаплогрупе *U8b*, распрострањена је широм Европе и њена дистрибуција се поклапа са дистрибуцијом *U8a* и *U8b* подхаплогрупе [136]. Иако је време њеног настанка процењено на око 36 хиљада година, још увек није са сигурношћу утврђено да ли је настала у Европи или на Блиском истоку [145]. Подаци указују да се њена главна подклада *K1a* проширила по Европи и Блиском истоку пре око 20 хиљада година, док су мање подкладе *K1b*, *K1c* и *K2* највероватније настале у Европи у периоду између последњег лацијалног максимума и неолита [145]. Након филогенетске анализе, у коју су биле укључене све доступне комплетне митогеномске секвенце које припадају хаплогрупи *K*, у анализираном узорку српске популације детектовани су хаплотипови који припадају следећим подхаплогрупама: *K1a2* (Слика 8.32, Прилог), *K1a4a1* (Слика 8.33, Прилог), *K1a4d* (Слика 8.34, Прилог), *K1a4k* (Слика 8.35, Прилог), *K1a4l* (Слика 8.35, Прилог), *K1a30b* (Слика 4.37), *K1a13a1* (Слика 4.38), *K1b1c* (Слика 8.36, Прилог) и *K1b2a2* (Слика 8.37, Прилог).

Иако је већина ових подхаплогрупа присутна у Европи, *K1a2*, *K1a4*, *K1a30* и *K1b1c* су такође заступљене и у популацијама Блиског истока. Присуство хаплотипова пореклом са Блиског истока у подхаплогрупама које садрже претежно европске хаплотипове, и обратно, може се објаснити скоријим или древним протоком гена између Европе и Блиског истока дуж Медитерана [145]. Стога би се присуство блискоисточних хаплотипова унутар претежно европских подхаплогрупа *K1a2* и *K1a4* могло објаснити миграцијама из Европе ка Блиском истоку (Слике 8.32 и 8.35, Прилог). Међутим, нова истраживања су показала присуство *K1a2* хаплотипова код јединки које су током неолита насељавале територије данашње Турске (пре око осам хиљада година) и Грчке (пре око шест хиљада година) што би се могло објаснити миграцијама које су се одвијале из северозападне Турске ка северној Грчкој [176].

Међутим, с обзиром да подхаплогрупе *K1a30* и *K1b1c* садрже скоро подједнак број хаплотипова пореклом из Европе и Блиског истока, порекло ових подхаплогрупа се не може са сигурношћу утврдити (Слика 4.37 и Слика 8.36, Прилог). Битно је напоменути да су након филогенетске анализе у оквиру подхаплогрупе *K1a30* уочене две регион-специфичне подкладе: блискоисточна

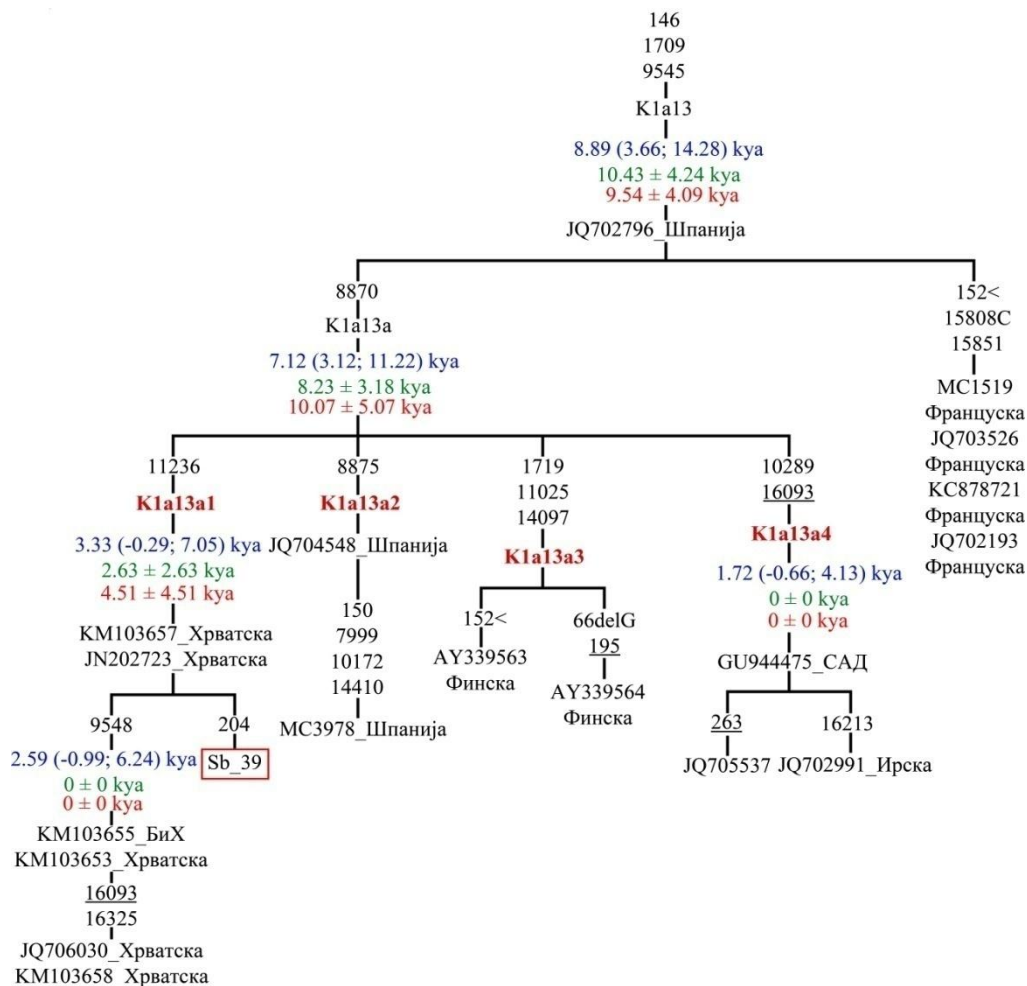
подклада *K1a30a* и новодефинисана европска подклада *K1a30b* која укључује хаплотипове детектоване у Србији (испитаник *Sb\_89*) и Француској као и један хаплотип непознатог порекла (Слика 4.37).



**Слика 4.37.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *K1a30* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, *ins* обележава инсерције, *del* обележава делецију, новодефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

Анализа комплетног митогенома омогућила је прецизније сврставање хаплотипова у одговарајуће подхаплогрупе, тако да је хаплотип испитаника *Sb\_80*, који је на основу анализе варијабилности *HVS-I* и *HVS-II* региона најпре сврстан у подхаплогрупу *K2*, након анализе комплетне секвенце мтДНК сврстан у подхаплогрупу *K1a2*. С обзиром да извештајан број *K* хаплотипова, детектованих у узорку српске популације, настаје директно из корена подхаплогрупа *K1a2*, *K1a4a1*, *K1b1c* и *K1b2a2* (испитаници *Sb\_80*, *Sb\_57*, *Sb\_5*, *Sb\_148*, *Sb\_145* и *Sb\_23*), није било могуће одредити потенцијалну изворну популацију ових хаплотипова (Слике 8.32, 8.33, 8.36 и 8.37, Прилог). То је такође случај и са хаплотипом испитаника *Sb\_138* који са митогеномом јединке непознатог порекла формира нову подкладу *K1a4k* (Слика 8.35, Прилог). Митогеном испитаника *Sb\_4*, заједно са хаплотипом јединке из Бугарске, формира новодефинисану подкладу *K1a4l* процењеног времена настанка од 3.9-7.9 хиљада година (Табела 4.8 и Слика 8.35, Прилог). Хаплотип испитаника *Sb\_10* сврстан је у подхаплогрупу *K1a4d*,

процењене старости од 3.2-4.2 хиљаде година, која групише хаплотипове који већински припадају германској групи популација и воде порекло из средње и северне Европе (Слика 8.34, Прилог).



**Слика 4.38.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *K1a13* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са повратним мутацијама су подвучене, позиција са трансверзијом обележена је суфиксом, *del* обележава делецију, новнодефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

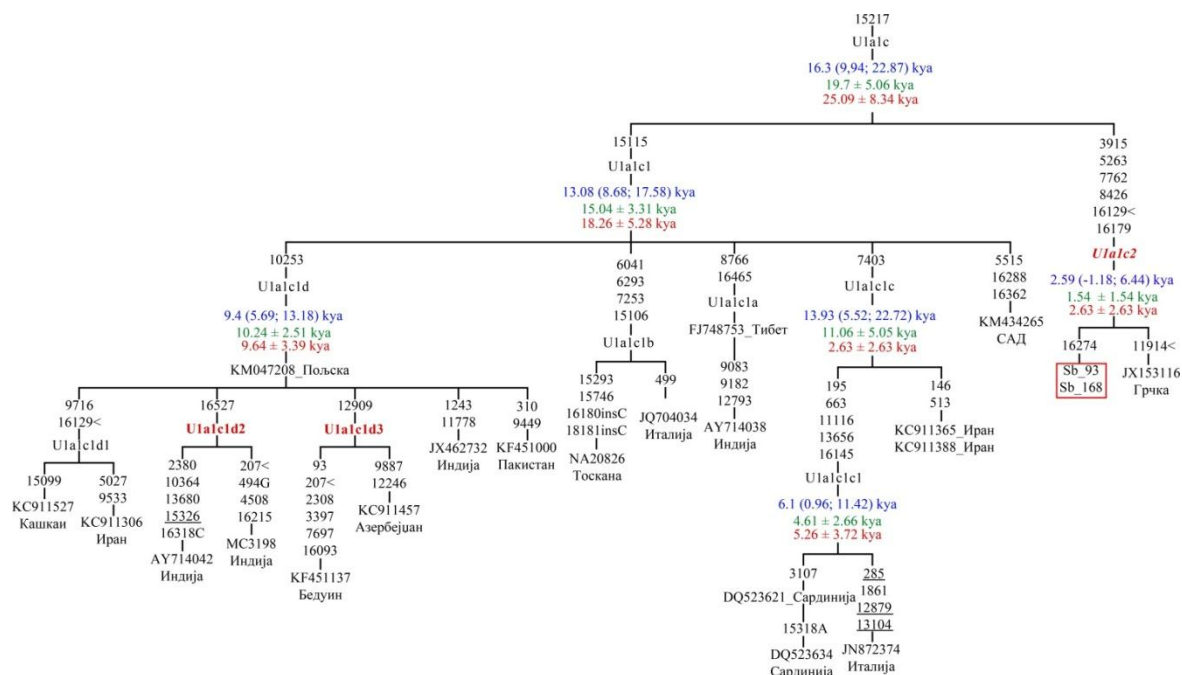
Битно је напоменути да је филогенетска анализа омогућила да се дефинишу нове подкладе у оквиру подхаплогрупе *K1a13a*: *K1a13a1*, *K1a13a2*, *K1a13a3* и *K1a13a4* (Слика 4.38). Митогеном испитаника *Sb\_39* сврстан је заједно са хаплотиповима из Хрватске и Босне и Херцеговине у новдефинисану подкладу *K1a13a1* чије је процењено време настанка 2.6-4.5 хиљада година (Табела 4.8). Стога се може претпоставити потенцијално балканско порекло подкладе *K1a13a1*



која може представљати генетичку заоставштину балканских популација гвозденог доба.

#### 4.4.4.4. *U* подхаплогрупе мале учесталости: *U1*, *U2e*, *U3a* и *U7b*

Два идентична хаплотипа, детектована код испитаника *Sb\_93* и *Sb\_168*, сврстана су у подхаплогрупу *U1alc* где заједно са хаплотипом из Грчке формирају новодефинисану подкладу *U1alc2* (Слика 4.39) чије је процењено време настанка 1.5-2.6 хиљада година (Табела 4.8).



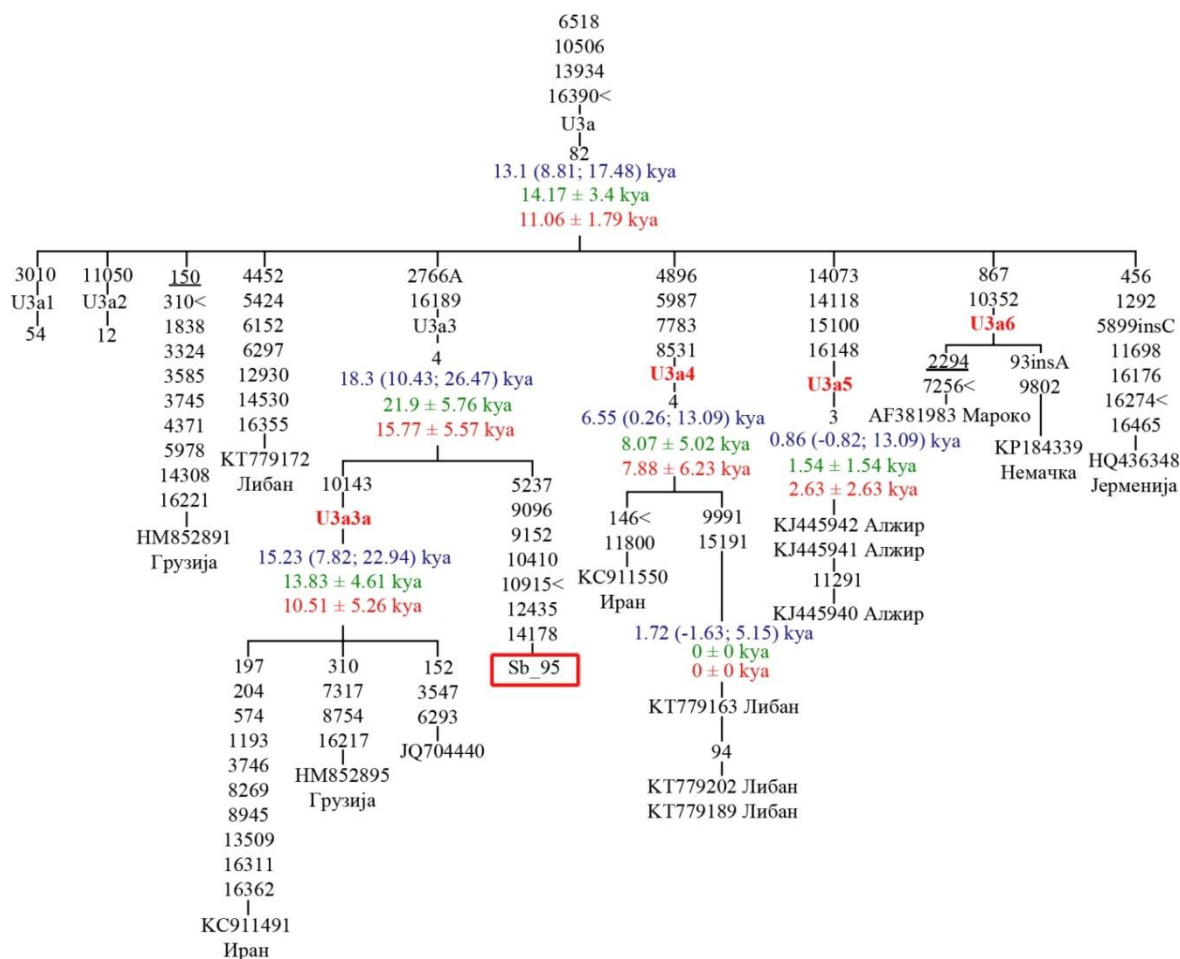
**Слика 4.39.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U1alc* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *ins* обележава инсерције, новодефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

Овај резултат указује на могућност да је ова подхаплогрупа настала на Балканском полуострву. Време раздвајања подклада *U1alc1* и *U1alc2*, које је процењено на период након последњег леденог максимума, као и чињеница да је подклада *U1alc1* данас распрострањена у Индији, Ирану и јужној Европи, указују на могућност да је предачки хаплотип *U1alc2* стигао на Балканско полуострво преко Мале Азије.

Два хаплотипа у узорку српске популације сврстана су у подхаплогрупу *U2e*: хаплотип испитаника *Sb\_170* у подхаплогрупу *U2e1b1* (Слика 8.38, Прилог) и хаплотип испитаника *Sb\_52* у подхаплогрупу *U2e2ald* (Слика 8.39, Прилог). Предложена је рedefиниција корена подкладе *U2e2ald*, тако да супституције на основу којих се дефинише припадност овој подклади обухватају поред транзиције на позицији 5746 и повратну мутацију на позицији 16092. Процењена времена настанка подкладе *U2e1b1* и *U2e2ald* износе 0.9-2.4 и 6.5-7.4 хиљада година, респективно (Табела 4.8). У оквиру обе подхаплогрупе присутни су претежно хаплотипови пореклом из различитих словенских популација.

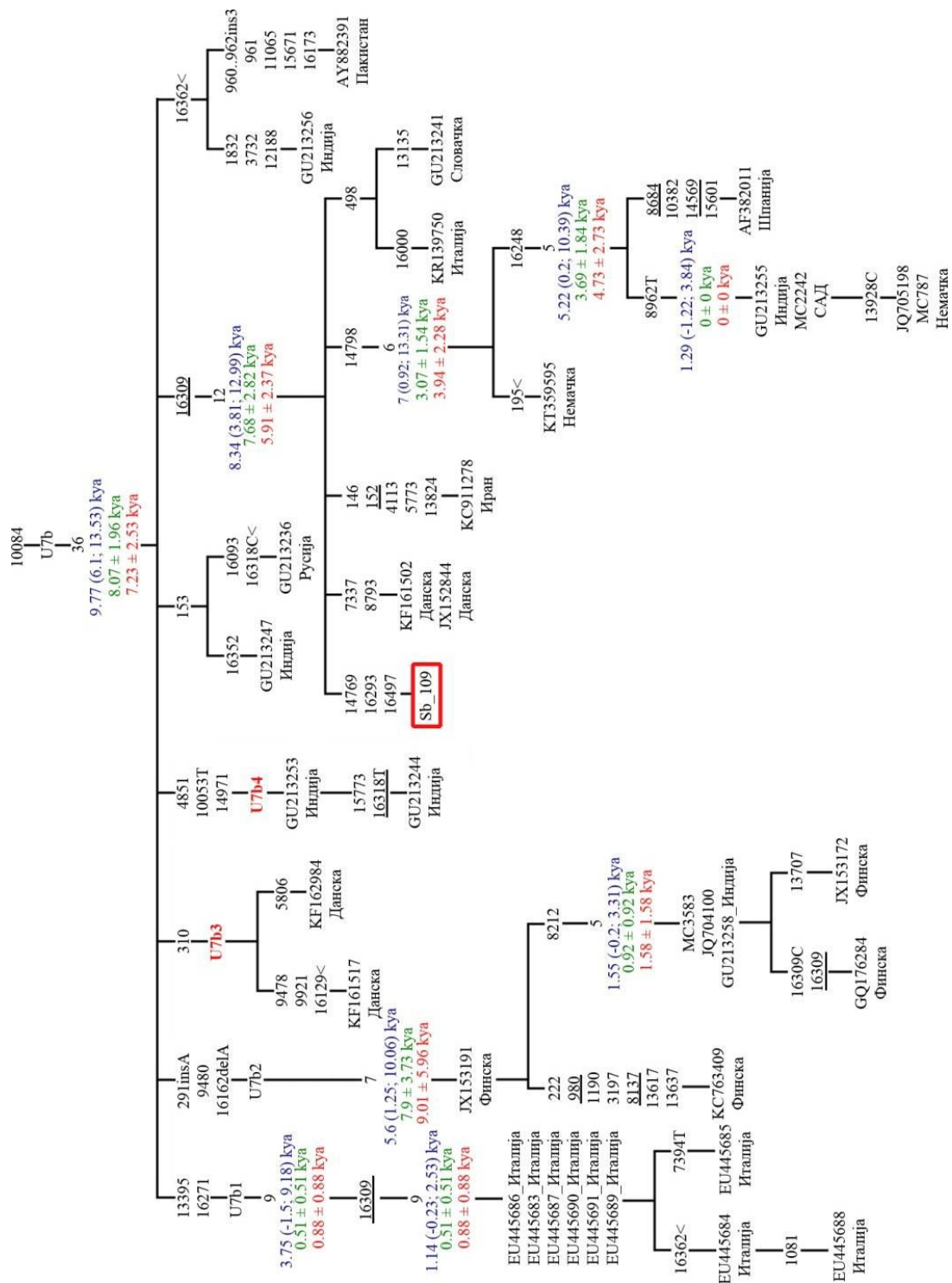
Подхаплогрупи *U3* припадају два хаплотипа из анализираниог узорка српске популације, која су сврстана у подхаплогрупе *U3a1* и *U3a3*. *U3a* линије су присутне у популацијама Европе, Блиског истока, Кавказа и северне Африке. Подхаплогрупа *U3a1*, која је распрострањена широм Европе и највероватније европског порекла [141], одликује се процењеним временом настанка од 5.1-7.4 хиљаде година (Слика 8.40, Прилог). Ови подаци указују на то да се ширење *U3a1* линија у Европи десило током касног холоцена или нешто касније [234]. Хаплотип испитаника *Sb\_144*, заједно са хаплотипом из Шпаније, формира нову подхаплогрупу *U3ald* процењеног времена настанка од 5.2-7.9 хиљада година (Табела 4.8 и Слика 8.40, Прилог).

Други *U3* хаплотип, пореклом од испитаника *Sb\_95*, припада подхаплогрупи *U3a3*, процењеног времена настанка од 15.8-21.9 хиљада година (Табела 4.8). Ова подхаплогрупа обухвата хаплотипове пореклом са Блиског истока и Кавказа (Слика 4.40) што може да укаже на древне интеракције између популација које су насељавале ове просторе са популацијама Балканског полуострва. С обзиром да српски *U3a3* хаплотип нема транзицију на позицији 10143, која је до сада сматрана једном од дефинишућих за одређивање припадности подклади *U3a3*, предложена је рedefиниција корена *U3a3* подкладе, односно супституција на основу којих се дефинише припадност овој подклади, а које обухватају трансверзију на позицији 2766 и транзицију на позицији 16189. Хаплотипови који поседују и транзицију на позицији 10143 формирају засебну грану која је дефинисана као нова субклада *U3a3a* (Слика 4.40).



**Слика 4.40.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U3a* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *ins* обележава инсерције, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце су представљени у Табели 8.8 (Прилог).

У подхаплогрупу *U7* сврстан је хаплотип испитаника *Sb\_109*. Овај хаплотип припада *U7b* грани подхаплогрупе *U7* за коју се претпоставља да је настала на територији Европе и процењено време њеног настанка је 7.2-9.8 хиљада година (Табела 4.8). Српски хаплотип је у оквиру *U7b* подхаплогрупе сврстан у групу претежно европских хаплотипова на основу повратне мутације на позицији 16309 (Слика 4.41). С обзиром да се позиција 16309 одликује релативно високом стопом мутација, постоји могућност да је овакво груписање хаплотипова на основу



**Слика 4.41.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U7b* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *ins* обележава инсерције, *del* обележава делеције, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*кya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

транзиције на позицији 16309 артефакт. И поред тога, филогенетска анализа, у коју су биле укључене доступне митогеномске секвенце које припадају подхаплогрупи *U7b*, омогућила је прецизнију процену времена њеног настанка у односу на раније налазе *Derenko* и сар. (са 6-11 хиљада на 7.2-9.8 хиљада година) [234]. Унутар *U7b* подхаплогрупе могу се уочити регион-специфичне подкладе у оквиру којих су груписани хаплотипови пореклом из Италије, Данске, Финске и Индије (Слика 4.41, Табела 8.8, Прилог).

## 5. ДИСКУСИЈА

Митохондријска ДНК се већ дуги низ година успешно користи као генетички маркер у студијама које за циљ имају утврђивање порекла и историје људских популација, карактеризацију генетичке варијабилности древних популација и разумевање улоге демографских, генетичких (миграције, замене и мешања популација, генетички дрифт, ефекат оснивача, уска грла) и других процеса у формирању генетичке разноврсности људске врсте [4, 135, 136, 216]. Митохондријску ДНК за овакав тип истраживања чини погодном низ особина које поседује, попут унипаренталног наслеђивања, одсуства рекомбинација, присуства у великом броју копија у ћелији, као и виша стопа мутација у односу на једарни геном. Развој нових технологија, током протекле деценије, омогућио је да се данас са лакоћом анализирају не само поједини региони, већ и комплетни митогеноми великог броја савремених и древних јединки, што омогућава стицање бољег увида у еволуциону историју људских популација [123, 125, 259, 260].

Иако је до данас анализирана варијабилност мтДНК великог броја европских популација, подаци за српску популацију врло су оскудни. Имајући у виду да популација Србије насељава централни део Балканског полуострва, које је имало важну улогу као коридор преко којег су се одвијале бројне миграције људи, од праисторије па све до савременог доба, анализа варијабилности мтДНК репрезентативног узорка српске популације веома је значајна не само за боље разумевање демографских, историјских и других процеса који су довели до формирања генског пула ове популације, већ и осталих јужнословенских популација. Стога је један од циљева ове студије био да се досадашња сазнања о еволуционој историји популација на Балканском полуострву употпуне анализама варијабилности мтДНК у савременој популацији Србије.

### 5.1. Генетичка разноврсност испитиваних популација

У циљу дефинисања генетичке разноврсности становништва Републике Србије анализирани су мтДНК 172 испитаника. У студију су укључени испитаници чији су женски преци друге генерације по мајчинској линији декларисаног српског етницитета и воде порекло са територија Републике Србије и суседних држава, република бивше СФРЈ (Хрватска, Босна и Херцеговина и Црна Гора).

Укључивањем постојећих података из литературе [163, 197, 203, 239] направљен је обједињени, скоро двоструко повећан узорак. Овај обједињени узорак коришћен је у свим даљим анализама. Ради утврђивања степена генетичке разноврсности митохондријског генског пула процењене су вредности параметара генетичке разноврсности: број хаплотипова, разноврсност хаплотипова, нуклеотидна разноврсност, број полиморфних места, као и средњи број разлика између парова хаплотипова. У циљу истраживања генетичких сличности и разлика између српске и осталих европских популација урађена је анализа главних компоненти на основу учесталости мтДНК (под)хаплогрупа, а утврђене су и међупопулационе генетичке дистанце добијене анализом варијабилности секвенци *HVS-I* и/или *HVS-I* и *HVS-II* региона.

#### **5.1.1. Спектар и учесталост мтДНК (под)хаплогрупа у популацији Србије**

Све мтДНК (под)хаплогрупе које су карактеристичне за европске популације детектоване су и у популацији Србије (Табела 8.1, Прилог). Поред тога, њихова учесталост у српској популацији је у распону очекиваних вредности за учесталости одговарајућих (под)хаплогрупа у осталим европским популацијама (Табела 8.5, Прилог).

##### **5.1.1.1. Суперхаплогрупа *R0***

Имајући у виду да је у Европи хаплогрупа *H* представљена с највећом учесталošћу (Табела 8.5, Прилог) очекивано је да се хаплотипови који припадају овој хаплогрупи такође јављају са високом учесталošћу у српској популацији (44.34%, Табела 4.1). Заступљеност ове хаплогрупе у европским популацијама опада ка југу и истоку Европе, при чему на Блиском истоку, Кавказу и у средњој Азији достиже високу учесталост од 10 до 30% [97, 136, 138, 261]. Литературни подаци указују да је хаплогрупа *H* настала у региону Блиског истока пре око 25-30 хиљада година, одакле се ширила у неколико таласа [136-138, 233, 261]. Прва експанзија хаплогрупе *H* одиграла се пре почетка последњег леденог максимума у региону Блиског истока и јужног Кавказа [233]. Током овог периода, хаплогрупа *H* се проширила и на поједине делове Европе, првенствено њене јужне области попут

Пиринејског полуострва које се сматра једним од глацијалних рефугијума из којег је уследила постгласијална експанзија по европском континенту, тј. реколонизација Европе [97, 233, 261]. Већина подхаплогрупа које припадају хаплогрупи *H* проширила се Европом непосредно након завршетка последњег леденог максимума, односно током касног плеистоцена и раног холоцена [233]. Поред тога, до ширења хаплогрупе *H* са Блиског истока у Европу дошло је и током неолита [43, 117, 119, 243]. За време неолитских миграција у европским популацијама долази до повећања учесталости (под)хаплогрупа такозваног „неолитског пакета“ који обухвата (под)хаплогрупе *N1a*, *T2*, *K*, *J*, *HV*, *V*, *W* и *X* [44, 119]. Иако је хаплогрупа *H* постала учесталија у европским популацијама током неолитске транзиције, она се обично не сврстава у „неолитски пакет“ због тога што се сматра да су најчешће подхаплогрупе, *H1* и *H3*, настале раније, односно током касног глацијала или непосредно након постгласијалног периода на Пиринејском полуострву одакле су се прошириле Европом независно од миграција са Блиског истока [97, 133, 139, 261]. Такође, ове подхаплогрупе су одсутне или веома ретке на Блиском истоку.

Трагови наглих популационих експанзија, кроз које су прошле људске популације током горњег палеолита и неолита, могу се уочити и у хаплотип мрежи која приказује генеолошке односе хаплотипова хаплогрупе *H* [136], као и у мрежи хаплотипова детектованих у српској популацији (Слика 4.10). Хаплогрупа *H* се одликује са више од 100 дефинисаних подхаплогрупа, при чему се поједине подхаплогрупе у европским популацијама јављају са већом учесталošћу, попут подхаплогрупа *H1* и *H3*. Највиша учесталост ових подхаплогрупа установљена је у западној Европи где се налазио франко-кантабријски рефугијум из којег су се прошириле широм континента током пост-гласијалне реколонизације [97, 138, 261]. У Европи су, у оквиру подхаплогрупе *H1*, најчешће подхаплогрупе *H1a* и *H1b* које су ван европског континента детектоване у Турској и северном Кавказу [233]. У анализираном узорку српске популације, хаплотипови из подхаплогрупе *H1* већином су сврстани у подхаплогрупу *H1b* (Табела 8.1, Прилог). Подхаплогрупа *H2* је карактеристична за источну Европу и Азију [138]. У српској популацији детектовани су хаплотипови који припадају подхаплогрупи *H2a1* (Табела 8.1, Прилог). Ова подхаплогрупа је високо заступљена на Арабијском полуострву, а са



релативно високом учесталости може се наћи у средњој Азији (12.5%), као и у појединим европским популацијама, попут источнословенских популација и Естонаца [138].

У Европи, подхаплогрупа *H5* је трећа по заступљености *H* подхаплогрупа и за њу се претпоставља да је настала у јужној Европи одакле се проширила након последњег леденог максимума [133]. Подхаплогрупа *H5* у анализираном узорку српске популације представља најчешћу *H* подхаплогрупу. *Mielnik-Sikorska* и сар. су предложили да би реконструкција филогеније линија које припадају подхаплогрупи *H5*, као и анализа географске дистрибуције хаплотипова, могла да пружи увид у порекло словенских популација [133].

Подхаплогрупа *H6* се сматра једном од најстаријих подхаплогрупа хаплогрупе *H* и процењено је да је настала пре око 26 хиљада година у региону југозападне Азије [233]. Она се проширила пре последњег леденог максимума у региону Блиског истока и Кавказа, док је до експанзије ове подхаплогрупе у Европу дошло касније, пре око 3.4 хиљаде година [233]. Поједине подкладе подхаплогрупе *H6* су специфичне за поједине регионе Евроазије. Подкладе *H6a* и *H6c* су карактеристичне за европске, док се *H6b* везује преваходно за популације средње Азије и Блиског истока, што указује на дужу временску изолованост ових популација [133, 138]. Сви хаплотипови подхаплогрупе *H6* у анализираном узорку српске популације припадају подхаплогрупи *H6a*. Од осталих детектованих *H* подхаплогрупа издвајају се *H8*, *H9*, *H11* и *H12* чији су хаплотипови мање заступљени у европским популацијама [262], што је случај и са српском популацијом.

Хаплогрупе *HV*, *HV0* и *V* су блиско сродне хаплогрупи *H*. Ове сестринске хаплогрупе су се по Европи највероватније прошириле током касног палеолита пре око 15 хиљада година [263, 264]. Према до сада доступним подацима, сматра се да су заступљеност и дистрибуција тзв. старих „палеолитских“ линија у савременим европским популацијама резултат миграција након последњег леденог максимума, а приликом којих су популације из глацијалних рефугијума реколонизовале Европу [98, 101, 136, 261]. Учесталост хаплогрупе *HV* у Европи је релативно ниска, при чему се са највећом учесталости може наћи у југоисточној и источној Европи (Табела 8.5, Прилог). Ова хаплогрупа припада такозваном митохондријском

„неолитском пакету“ хаплогрупа које у европским популацијама почињу да се јављају са повећаним учесталостима током неолита захваљујући ширењу пољопривреде и доласку фармера са Блиског истока [44, 119]. У српској популацији, хаплогрупа *HV* је детектована са ниском учесталошћу, што одговара учесталостима у осталим европским популацијама. Међу *HV* хаплотиповима у српској популацији, идентификован је хаплотип који припада подхаплогрупи *HV2* која је чешћа на Блиском истоку и веома се ретко може наћи у европским популацијама. Предложено је да се настанак подхаплогрупе *HV2* може сместити на територију данашњег Ирана и време од око 36-42 хиљаде година, а током касног лацијала долази до њене диверзификације и каснијег ширења у јужну Азију и Европу [234].

Хаплогрупа *HV0* је у европским популацијама заступљена са нешто већом учесталошћу (0.9% - 8.5%) у односу на сестринску хаплогрупу *HV*, а најчешћа је у популацијама Пиринејског полуострва (Табела 8.5, Прилог). У анализираном узорку српске популације, ове хаплогрупе се јављају са сличном учесталошћу (Табела 8.5, Прилог). У хаплогрупу *HV0* спада и хаплогрупа *V* која је према *Torroni* и сар. настала на Пиринејском полуострву након последњег леденог максимума, пре око 11 хиљада година, одакле се проширила Европом током постгласијалне реколонијације, чиме се може објаснити висока учесталост ове хаплогрупе на Пиринејском полуострву [98]. У анализираном узорку српске популације, хаплогрупа *V* присутна је са ниском учесталошћу од 1.74%, што је у сагласности са учесталостима у осталим европским популацијама.

У српској популацији је детектован и један хаплотип из подхаплогрупе *R0a* која се ретко може наћи у европским популацијама и карактеристична је за популације југозападне Азије, односно Арабијског полуострва где достиже учесталост и до 35% [129, 131]. Процењује се да је ова подхаплогрупа настала пре око 30 хиљада година на Арабијском полуострву које је препознато као један од потенцијалних гласијалних рефугијума [131]. Сматра се да се подхаплогрупа *R0a* ширила у Европу дуж Медитерана и југоисточне Европе крајем плеистоцена и у раном холоцену [131].

### 5.1.1.2. Суперхаплогрупа *U*

Друга по заступљености у европским популацијама је суперхаплогрупа *U*, која је са мањом учесталošћу присутна и на Блиском истоку, при чему су поједине подхаплогрупе карактеристичне за поједине регионе Европе, Блиског истока и северне Африке [136]. Старост суперхаплогрупе *U* је процењена на око 50 хиљада година, што је чини најстаријом европском мтДНК хаплогрупом [136]. Сматра се да је суперхаплогрупа *U* настала током палеолита у првим популацијама анатомски савремених људи који су населили Европу [136, 263]. Према подацима добијеним анализом ДНК из археолошких узорака, показано је да су *U* мтДНК линије биле најчешће у пренеолитским ловачко сакупљачким друштвима [114, 116, 265]. У анализираном узорку српске популације, суперхаплогрупа *U* је заступљена са учесталošћу од 23.25% и представљена је хаплотиповима који припадају (под)хаплогрупама *U1*, *U2*, *U3*, *U4*, *U5*, *U7*, *U8* и *K* (Табела 4.1).

Најучесталија *U* подхаплогрупа у српској популацији је подхаплогрупа *U4* која обухвата подкладе *U4a* и *U4c* (Табела 4.1 и Табела 8.1, Прилог). Подхаплогрупа *U4* се у европским популацијама јавља са учесталošћу од 0 до 9.2% и најчешћа је у популацији Летоније и Србије (Табела 8.5, Прилог). Учесталост ове подхаплогрупе опада од југоистока и истока Европе ка северозападу (Табела 8.5, Прилог). Према *Richards* и сар., подхаплогрупа *U4*, заједно са *HV*, *U1* и *U2*, представља једну од главних оснивачких мтДНК линија која се проширила Европом током средњег горњег палеолита, тј. у периоду од пре 26 до 14.5 хиљада година [136].

Подхаплогрупа *U5* је једна од најстаријих *U* подхаплогрупа и за њу се процењује да је настала пре око 37 хиљада година, односно за време раног горњег палеолита [139]. Ова подхаплогрупа се дели на две подкладе: подхаплогрупу *U5b*, процењене старости од око 20-24 хиљаде година, и подхаплогрупу *U5a* за коју се сматра да је настала током последњег леденог максимума, пре око 16-20 хиљада година [257]. Подхаплогрупа *U5* је најчешћа *U* подхаплогрупа у европским популацијама, са учесталošћу од 3.5% до 21.6% (Табела 8.5, Прилог). Учесталост ове подхаплогрупе опада од североистока Европе ка југу, при чему се највеће учесталости могу детектовати у финској и баскијској популацији (Табела 8.5, Прилог). У анализираном узорку српске популације, учесталост подхаплогрупе *U5*

слична је учесталостима код осталих јужноевропских популација (Табела 8.5, Прилог) и обухвата *U5a* и *U5b* хаплотипове (Табела 8.1, Прилог).

У оквиру подхаплогрупе *U8*, у српској популацији детектовани су хаплотипови који припадају реткој подхаплогрупи *U8a*, као и хаплотипови хаплогрупе *K* која представља најзаступљенију сестринску кладу подхаплогрупе *U8b*. Подхаплогрупа *U8a* се у европским популацијама јавља са ниском учесталошћу и најчешћа је на Корзици (Табела 8.5, Прилог). Сматра се да је подхаплогрупа *U8a* настала пре око 37 хиљада година на Пиринејском полуострву одакле се, пре око 30 хиљада година, проширила до средње Европе и Балтика, док се њена подклада *U8a1*, пре око 10-15 хиљада година, проширила све до територија данашње Русије и Шкотске [144].

Хаплогрупа *K* заступљена је у свим европским популацијама са учесталошћу која се креће у распону од 1.7% до 11.9% (Табела 8.5, Прилог). Сматра се да је ова хаплогрупа настала пре око 36 хиљада година и да се њена главна клада *K1a* проширила Европом и Блиским истоком пре око 20 хиљада година. За њене остале класе, *K1b*, *K1c* и *K2*, сматра се да су настале у Европи у периоду између последњег глацијалног максимума и неолита [145]. У анализираном узорку српске популације, хаплогрупа *K* је представљена хаплотиповима који припадају подхаплогрупама *K1a*, *K1b* и *K2* (Табела 8.1, Прилог).

Остале подхаплогрупе у оквиру суперхаплогрупе *U* - *U1*, *U2*, *U3* и *U7*, присутне су са ниским учесталостима у српској популацији, што је у сагласности са њиховим учесталостима у осталим европским популацијама (Табела 8.5, Прилог).

Подхаплогрупа *U1* је веома ретка у европским популацијама (Табела 8.5, Прилог), а најзаступљенија је у популацијама Кавказа и Мале Азије [135, 136]. У Европи, учесталост ове подхаплогрупе опада од југоистока (Балканског полуострва) ка северозападу (Табела 8.5, Прилог). Оваква распрострањеност подхаплогрупе *U1* може се објаснити миграцијама са Блиског истока ка Европи и то преко Мале Азије и Балкана, највероватније током средњег горњег палеолита [136]. У оквиру подхаплогрупе *U1* налазе се две подкласе, *U1a'c* и *U1b*, од којих се подхаплогрупа *U1b* углавном може детектовати у европским популацијама [234]. У оквиру *U1a'c* гране, за коју се сматра да је настала на простору југозападне Азије

и чија је старост процењена на 29-44 хиљада година [234], налази се подклада *U1a* чији су хаплотипови установљени у српској популацији (Табела 8.1, Прилог). Процењена старост ове подкладе износи 13-15 хиљада година и може се наћи у популацијама широм јужне и југозападне Азије, Кавказа и Европе [234].

Подхаплогрупа *U2* је вероватно настала у Европи током средњег горњег палеолита (26-14.5 хиљада година) [136], а у анализираном узорку српске популације представљена је хаплотиповима који се класификују у подкладу *U2e* (Табела 8.1, Прилог) чија је старост процењена на 21-22 хиљаде година [141]. Ова подхаплогрупа је присутна у западно-евроазијским популацијама и то тако да у Европи њена учесталост износи око 0.9%, док је у западној Азији заступљена са учесталошћу од 1.7% [168].

Према *Richards* и сар., подхаплогрупа *U3* која је карактеристична за популације Блиског истока, у Европи се појавила у време неолитске експанзије заједно са (под)хаплогрупама *J* и *T1* и неколико подхаплогрупа које припадају хаплогрупама *H* и *W* [136]. Подхаплогрупа *U3* обухвата две главне гране, *U3a'c* и *U3b*, чије су процењене старости веома сличне (18-26 и 18-24 хиљада година, респективно) [234]. У анализираном узорку српске популације, подхаплогрупа *U3* је представљена хаплотиповима из подхаплогрупе *U3a* (Табела 8.1, Прилог). Ова подхаплогрупа, чија је старост процењена на 10-14 хиљада година, детектује се у популацијама Европе, Блиског истока, Кавказа и северне Африке [234].

Према *Sahakyan* и сар., подхаплогрупа *U7* је настала на Блиском истоку пре око 15.6 до 18.6 хиљада година, што је чини најмлађом подхаплогрупом у оквиру суперхаплогрупе *U* [143]. Сматра се да се ова подхаплогрупа ширила у два таласа: први се одиграо непосредно након последњег глацијалног максимума када је дошло до ширења подхаплогрупе *U7* ка јужној и централној Азији, док је до другог таласа ширења дошло током периода од пре 5-8 хиљада година када се ова подхаплогрупа проширила ка медитеранском делу Европе [143]. Подхаплогрупа *U7* је типична за популације Блиског истока и Индије [140, 266], а у оквиру ове подхаплогрупе дефинисане су подкладе *U7a* и *U7c* карактеристичне за југозападну Азију и Индију, док је подклада *U7b* карактеристична за Европу [234]. *U7* хаплотип детектован у анализираном узорку српске популације припада подхаплогрупи *U7b* (Табела 8.1, Прилог).

### 5.1.1.3. Суперхаплогрупа JT

Суперхаплогрупа JT, која обухвата хаплогрупе J и T, по учесталости у европским популацијама налази се на трећем месту (Табела 8.5, Прилог). Старост хаплогрупе J је процењена на око 30 до 43 хиљада година, док се хаплогрупа T датира на око 26 до 29 хиљада година [101]. Пионирска истраживања Richards и сар. указивала су на то да су (под)хаплогрупе T\* и T2, заједно са најчешћим подкладама хаплогрупе H, као и хаплогрупама K, W и X, доспеле у Европу са Блиског истока током касног горњег палеолита (14.5-12 хиљада година), док су (под)хаплогрупе J и T1 пристигле у Европу током неолита [136]. Према скоријим истраживањима Pala и сар., хаплогрупе J и T су из региона Блиског истока, који је служио као глацијални рефугијум, почеле да се шире у Европу пре око 19 хиљада година [101]. Ова експанзија се одвијала у два велика таласа миграција. Први талас се одиграо пре 12-16 хиљада година, када су се Европом прошириле подхаплогрупе J1c, J1b1a, J2a1, T1a1, T2a1b и T2f1 [101]. Други талас миграција се одвијао пре 10-11 хиљада година и водио је ширењу подхаплогрупа T2b и T2e. Хаплогрупа J је у европским популацијама заступљена са учесталашћу од 5.1% до 15.2%, при чему је најчешћа у острвским популацијама западне Европе (Табела 8.5, Прилог). Заступљеност ове хаплогрупе у анализираном узорку српске популације одговара распону учесталости у осталим европским популацијама (Табела 4.1 и Табела 8.5, Прилог) и обухвата подхаплогрупе J1c, J1b и J2 (Табела 8.1, Прилог). Учесталост хаплогрупе T у европским популацијама износи између 4.1% и 16.6%, при чему је најчешћа у влашкој и мађарској популацији (Табела 8.5, Прилог). У анализираном узорку српске популације, хаплогрупа T је заступљена са нешто нижом учесталашћу, слично осталим европским популацијама (Табела 4.1 и Табела 8.5, Прилог), и обухвата хаплотипове подхаплогрупа T1 и T2 (Табела 8.1, Прилог).

### 5.1.1.4. (Под)хаплогрупе NI, W и X2b

У анализираном узорку српске популације детектоване су, са ниском учесталашћу, (под)хаплогрупе које директно потичу од суперхаплогрупе N (N1a, N1b, I, W и X2). Оне су и у осталим европским популацијама заступљене са ниским учесталостима (Табела 8.5, Прилог).

Старост хаплогрупе *I* процењена је на око 25 хиљада година, док се подхаплогрупе *N1a* и *N1b* датирају на око 20 и 19 до 25 хиљада година, респективно [130]. На основу литературних података, претпоставља се да су ове подхаплогрупе настале на Блиском истоку који је служио као један од глацијалних рефугијума током последњег леденог максимума [100, 130]. Сугерише се да је подхаплогрупа *N1a* доспела у Европу током неолита са миграцијама фармера, као део „неолитског митохондријског пакета“ [44, 119], док се хаплогрупа *I* у европским популацијама појављује са повећаном учесталашћу нешто касније и вероватно је последица миграција носилаца јамне културе током касног неолита и бронзаног доба, пре око 4.5 хиљада година [123, 125]. Према истраживањима *Olivieri* и сар., поједине подхаплогрупе, попут *I1*, *I2'3* и *I5*, у Европу су се прошириле раније, током касног глацијалног периода, пре око 12-18 хиљада година [100]. Хаплотипови који припадају хаплогрупи *I* се у европским популацијама могу наћи са учесталашћу од 0.3% до 4.8% при чему су најзаступљенији на северу Европе, док им учесталост опада ка југу (Табела 8.5, Прилог). У анализираном узорку српске популације, хаплогрупа *I* је представљена хаплотипом из подхаплогрупе *I5*. Подхаплогрупа *N1b* се углавном може наћи у југозападној Азији, а предложена су два сценарија по којима се ова подхаплогрупа проширила у Европу. Први сценарио претпоставља да се подхаплогрупа *N1b* проширила током неолита, пре око 8 хиљада година, док други, вероватнији сценарио сугерише да се ова подхаплогрупа у Европу проширила током касног глацијала, пре око 15 хиљада година [130].

Старост хаплогрупе *W* процењена је на око 20 хиљада година, док је за хаплогрупу *X* претпостављена старост од око 30 хиљада година [130]. Сматра се да су ове хаплогрупе настале у региону Блиског истока током последњег леденог максимума, одакле су се даље прошириле у Европу [100, 130]. На основу постојећих података, претпоставља се да је експанзија хаплогрупе *W*, односно њених подхаплогрупа *W3*, *W4* и *W5*, започела крајем глацијалног периода, пре око 12-18 хиљада година, док се подхаплогрупа *W1* проширила касније, пре око 10-11 хиљада година [100]. Истраживања су показала да су хаплогрупе *W* и *X* биле део „неолитског митохондријског пакета“ који су мигранти са Блиског истока донели у Европу током неолита када и долази до повећања учесталости ових хаплогрупа у

европским популацијама [44, 119]. Учесталост хаплогрупе *W* у европским популацијама се креће од 0 до 7.2%, при чему је највећа заступљеност у популацији Финске (Табела 8.5, Прилог). У анализираном узорку српске популације детектовани су хаплотипови који припадају подхаплогрупи *W3'5* (Табела 8.1, Прилог).

Хаплогрупа *X* је у европским популацијама заступљена са 0 до 3.8%, а највиша је у популацијама источног Медитерана одакле вредности учесталости опадају ка северозападу Европе (Табела 8.5, Прилог). У српској популацији су установљени хаплотипови подхаплогрупе *X2b* за коју се претпоставља да има европско порекло [130]. Тренутна разноврсност, као и распрострањеност ове подхаплогрупе у западној Еврозији и северној Африци, указују на популациону експанзију након последње глацијације [146].

#### **5.1.1.5. Подхаплогрупе *L2a1* и *D4***

У анализираном узорку српске популације утврђено је присуство хаплогрупа које нису карактеристичне за европске популације, попут подхаплогрупа *D4* и *L2a1* (Табела 8.1, Прилог). *L* и *D* хаплогрупе се спорадично и са веома малим учесталостима могу наћи у европским популацијама.

Подхаплогрупа *D4* је специфична за источноазијске популације, али је присутна и у популацијама источне Европе [132, 133]. Сматра се да је ова ситуација резултат комплексних интеракција популација источне и западне Еврозије, које су се одвијале још од горњег палеолита па до данашњих дана [267]. Битно је напоменути да су се током средњег века одвијале миграције из средњеазијских популација у Европу, попут инвазија Хуна, Авара, Монгола и других народа средње Азије [191, 268]. Сви наведени догађаји могли су да допринесу ширењу источноазијских мтДНК хаплогрупа у Европу [133], а посебно у источну Европу где су азијски хаплотипови присутни са већом учесталošћу у односу на друге европске регионе.

Хаплотипови који припадају хаплогрупи *L* специфични су за Африку где је детектована њихова највећа разноврсност. Истраживања указују да је већина афричких хаплотипова у Европу доспела током последње две хиљаде година, за време владавине Римског царства, периода арапског освајања Пиринејског



полуострва и Сицилије, као и током периода који је обележила трговина робовима [128, 255]. Међутим, у европским популацијама налазе се и подхаплогрупе за које се претпоставља да су настале на европском континенту, попут подхаплогрупа *L1b1a8*, *L1b1a11*, *L1b1a12* и *L2a1k* [128, 255]. Хаплотип детектован у српској популацији се, на основу присуства транзиције С у Т на позицији 16218, сврстава у подхаплогрупу *L2a1k* која је до сада откривена још само у популацијама Чешке, Словачке, Хрватске и Бугарске [211, 255]. Ова подхаплогрупа је први пут дефинисана у раду *Malyarchuk* и сар. у којем је процењено да је настала пре око 10 хиљада година на територији Европе [255]. Присуство овако старе подхаплогрупе која води порекло од изворно афричке подкладе *L2a1* у европским популацијама, може се објаснити миграцијама након последњег леденог максимума, што сугерише да је до контакта европских са подсахарским афричким популацијама долазило још у праисторији [128, 255].

Анализа спектра и учесталости мтДНК (под)хаплогрупа показала је да су у српској популацији заступљене већином мтДНК (под)хаплогрупе карактеристичне за популације људи у Европи, као и да се њихове учесталости налазе унутар опсега очекиваног за европске популације, укључујући и оне које припадају јужнословенској групи [169, 197, 198, 236, 238]. Такође, ова студија је показала да се у популацији Србије налазе и неке ретке (под)хаплогрупе, као што су, *R0a*, *HV2*, *L2a1k*, *D4*, *N1a* и *N1b*. Присуство ретких (под)хаплогрупа у становништву Србије указује на проток гена између различитих популација источне, средње и југозападне Азије, као и између просторно блиских популација које су насељавале Балканско полуострво у различитим временским периодима.

### **5.1.2. Параметри генетичке разноврсности испитиваних популација**

Утврђивање нивоа генетичке разноврсности популација један је од првих корака у популационо-генетичким студијама. Ниво генетичке варијабилности у некој популацији резултат је, с једне стране, процеса који доводе до њеног повећања, попут мутација и миграција (мешања популација), и с друге стране, механизма који варијабилност смањују, као што су нагло смањење бројности, генетички дрифт, инбридинг и др. Досадашња истраживања варијабилности аутозомних маркера људских популација показала су да у Европи постоји

клинална дистрибуција генетичке разноврсности и да је највећи степен диверзитета детектован у јужним деловима европског континента [269, 270]. Наведени образац се објашњава веома сложенем историјом ових популација, која обухвата честе експанзије и упливе генофондова различитих популација које су у Европу доспевале миграцијама, у највећем броју случајева преко јужне Европе током пост-гласијалних и неолитских миграција људи из Мале Азије и Блиског истока [100, 101, 136]. Поред тога, познато је да је Балканско полуострво (као и већи делови јужне Европе) служило као гласијални рефугијум током последњег леденог доба са којег је отпочела постгласијална експанзија и насељавање средње и северне Европе, а рефугијални региони се обично одликују високим степеном генетичке разноврсности [100, 101, 130, 131, 136].

Литературни подаци о нивоу митохондријске генетичке разноврсности људских популација на Балканском полуострву су оскудни. *Bosch* и сар. су анализирали варијабилност мтДНК и *Y* хромозома и утврдили да су вредности параметара генетичке разноврсности и спектар (под)хаплогрупа у популацијама са Балканског полуострва веома сличне вредностима у осталим европским популацијама, као и да се балканске популације одликују високом хомогеношћу [271]. Међутим, *Saras* и сар. су указали на чињеницу да је ова студија покрила мали број популација са Балканског полуострва (грчка, албанска, македонска и румунска), као и да су величине узорака анализираних популација биле неадекватне (недовољно велике), због чега су и добијени резултати о хомогености популација на Балканском полуострву [198].

Варијабилност митохондријског генома популације Србије до данас је испитивана у малом броју студија чији су основни циљеви били успостављање базе података за форензичку идентификацију и утврђивање учесталости и дистрибуције мтДНК хаплогрупа у различитим популацијама југоисточне Европе [197, 203]. У овом раду утврђен је ниво генетичког диверзитета у репрезентативном узорку популације Србије на основу варијабилности секвенци *HVS-I*, односно *HVS-I* и *HVS-II* региона. У досадашњим студијама може се пронаћи већи број података за варијабилност *HVS-I* региона у односу на *HVS-II* регион, али се укључивањем секвенци *HVS-II* повећава број информативних нуклеотидних позиција, а тиме и прецизност дефинисања (под)хаплогрупа и

израчунатих параметара. Према очекивањима, вредности свих параметара генетичке разноврсности у популацији Србије, утврђене на основу варијабилности секвенци *HVS-I* региона, биле су високе, а све вредности, осим нуклеотидне разноврсности, биле су још више када је у анализе укључен и *HVS-II* регион (Табела 4.2). Поред тога, када је у анализама коришћен обједињени узорак популације Србије, утврђен број хаплотипова је удвостручен (Табеле 4.2-4.4).

У поређењу са европским популацијама, које су на основу поделе на сродне језичке породице сврстане у јужнословенску, западословенску, источнословенску, романску, германску, угро-финску, келтску, балтичку и групу названу „остали“ (албанска, грчка, турска и баскијска популација), разноврсност хаплотипова популације Србије (на основу варијабилности *HVS-I* региона) спада у највеће на европском континенту, док вредности осталих параметара генетичке разноврсности одговарају распону детектованом у другим европским популацијама (Табела 4.3). Начелно, у већини популација Балканског полуострва, разноврсност хаплотипова показује високе вредности, иако у опсегу очекиваног генетичког диверзитета за европске популације (Табела 4.3).

Познавање нивоа генетичке разноврсности популација у одређеном региону омогућава да се идентификују популације/региони са повећаним степеном генетичке разноврсности, што може да укаже да је одређени простор имао улогу глацијалног рефугијума [99]. Такође, детектовање популација са повећаним степеном генетичке разноврсности може указивати на изворне популације када се испитују острвске популације или популацијски изолати [171, 198, 272].

## **5.2. Генетичка диференцијација и структурирање испитиваних популација**

Наредни корак у популационо-генетичким студијама јесте утврђивање нивоа генетичке диференцијације и структурирања испитиваних популација. У те сврхе се могу користити различите методе и приступи, а добијени резултати су, између осталог, од значаја и за детектовање историјских размена/мешања или изолованости популација.

Постоји неколико истраживања у којима се у анализама главних компоненти, базираним на фреквенцама мтДНК (под)хаплогрупа, може уочити висок степен хетерогености популација из јужнословенске групе које насељавају регион

Балканског полуострва [169, 170, 198]. Стога су у овом раду најпре упоређени подаци из претходних студија јужнословенских популација, укључујући и налазе из овог рада, а затим је популација Србије упоређена са осталим европским популацијама. Овде су коришћена два сета података - учесталост мтДНК (под)хаплогрупа и варијабилност секвенци само *HVS-I*, или оба хиперваријабилна региона мтДНК (*HVS-I* и *HVS-II*).

У првој анализи главних компоненти, која се заснивала на учесталости мтДНК (под)хаплогрупа, коришћене су различите субпопулације пет јужнословенских популација (Слике 4.1 и 8.1) и уочена је њихова изразита хетерогеност. Овакав резултат није био неочекиван с обзиром на висок ниво генетичког диверзитета у популацијама Балканског полуострва. Спроведена *PC* анализа показала је да се, међу јужнословенским популацијама, највећом хетерогеношћу субпопулација одликује управо српска популација, што може да укаже на то да популација Србије у досадашњим студијама није била представљена репрезентативним узорком.

Како би српска и остале испитиване популације биле представљене на репрезентативан начин, сви доступни подаци о субпопулацијама једне популације, из различитих студија, обједињени су у сет података који је коришћен у даљим анализама. Битно је напоменути да су ова поређења популација дала сличне резултате, без обзира на то да ли су у анализама коришћене фреквенце (под)хаплогрупа у популацијама (*PC* анализе) или генетичке дистанце парова популација добијене на основу варијабилност секвенци само *HVS-I* или оба хиперваријабилна региона мтДНК (*HVS-I* и *HVS-II*). У графичким презентацијама ових анализа (Слике 4.2,-4.4, 4.6 и 4.8), популација Србије заузима централну позицију унутар групе јужнословенских популација, а јужнословенске популације се уједно одликују и највећом хетерогеношћу у односу на остале словенске групе. Резултати који указују на високу хетерогеност словенских популација подржани су и резултатима анализе молекуларне варијансе (Табела 4.5). Хетерогеност јужнословенских популација може се уочити и у *PC* анализама неколико претходних студија које су се бавиле диверзитетом мтДНК европских популација [168-170].

Популација Србије заузима интермедијарни положај у групи јужнословенских популација и позиционирана је између јужнословенских популација источног (Бугарска и Македонија) и западног дела (Словенија, Хрватска, Босна и Херцеговина) Балканског полуострва. Исти образац добијен је и у студијама *Kovacevic* и сар. и *Kushniarevich* и сар. [152, 163]. У наведеним радовима анализирана је варијабилност аутозомних маркера (*SNP*) у популацијама Балканског полуострва и блискоисточним популацијама [163], односно у балтичким и словенским популацијама [152].

Резултати анализе генетичких дистанци између парова популација, на основу варијабилности *HVS-I* региона, указале су на одсуство статистички значајних генетичких разлика између српске и осталих јужнословенских популација (Табела 8.9, Прилог). Када је у анализу уврштен и *HVS-II* регион, добијене су значајне разлике само између српске популације и популација Словеније и Бугарске (Табела 8.10, Прилог).

Други значајан резултат, добијен анализом оба сета података, јесте географска стратификација популација, односно тренд груписања популација у складу са географском распрострањеношћу (Слике 4.3, 4.6, 4.8), као и груписање словенских популација према њиховој припадности одговарајућој језичкој породици (Слике 4.3, 4.6). Додатне анализе (корелације координата популација на *PC* осама или по димензијама *MDS* графика са географским координатама анализираних популација) потврдиле су позитивну географску стратификацију популација (Слике 4.3, 4.6 и 4.8; Табела 8.11, Прилог). Добијено поклапање географског положаја и генетичке удаљености анализираних популација у сагласности је са радом *Novembre* и сар. који су из анализе великог броја аутозомних локуса такође показали значајну корелацију између географског положаја и генетичке удаљености популација [270].

Лингвистичка стратификација словенских популација је образац који није био показан у неким претходним истраживањима [168-172]. С друге стране, раздвајање (стратификација) словенских популација на три групе које одговарају западно-, источно- и јужнословенској групи, у складу је са резултатима *PC* и *MDS* анализа базираних на аутозомним маркерима и маркерима *Y*- хромозома које су спровели *Kushniarevich* и сар. [152].

Анализе главних компоненти, за које су коришћене учесталости мтДНК (под)хаплогрупа код двадесет одабраних европских популација, показале су да западнословенске популације показују скоро подједнак генетички афинитет према источно- и јужнословенским популацијама, а међу њима чешка и словачка популација показују већи афинитет према јужнословенским популацијама (Слика 4.3). Чињеница да су наведене западно- и јужнословенске популације на *PCA* графицима блиско позициониране, може се објаснити специфичним географским положајем ових популација дуж Дунавске долине и њиховим дуготрајним контактом, почев од времена када су Словени населили Балканско полуострво и регион око Дунава. Поред тога, словенска племена била су, од тренутка досељавања на Балканско полуострво и регион Дунавске долине, под владавином различитих држава, почевши од Аварског каганата преко Велике Моравске државе, краљевине Угарске, Аустријског царства и, на крају, Аустро-Угарског царства [195, 268].

Чињеница да су ове популације дуго времена постојале у оквирима истих држава свакако омогућава интензивнији проток гена, што се манифестује њиховим садашњим генетичким структурама. Релативно ниске  $F_{ST}$  вредности, добијене на основу варијабилности секвенци *HVS-I* региона, уочене су између словенских популација и мађарске популације (Табела 8.9). Такође, у *PC* и *MDS* анализама уочава се позиционирање мађарске популације у близини јужнословенских, односно западно- и источнословенских популација, што би могло да указује на значајан уплив генског пула словенских популација у митохондријски генски пул савремене мађарске популације (Слике 4.3-4.4, 4.6 и 4.8). До сличног налаза дошли су и *Tomory* и сар. који су генетички афинитет мађарске и словенских популација објаснили повећаним протоком гена у мађарску популацију из већински словенских популација које су насељавале Панонску низију пре досељавања Угара у IX веку н.е, али и каснијим протоком гена имајући у виду блиске географске регионе [172]. Поред чињенице да се мађарска популација географски налази између источно-, западно- и јужнословенских популација, треба поменути да су ове популације биле блиско повезане миграцијама словенских племена преко територија данашње Мађарске и

Румуније приликом насељавања Балканског полуострва, током неколико векова [193, 195].

За разлику од мађарске, румунска популација је позиционирана са словенским популацијама само у анализи главних компоненти када су биле укључене 42 европске популације (Слика 4.4), док у осталим анализама није показала генетички афинитет према словенским популацијама (Слике 4.2-4.3, 4.6). Такође,  $F_{ST}$  вредности између словенских популација и румунске популације углавном су више у односу на  $F_{ST}$  вредности између словенских и мађарске популације (Табела 8. 9, Прилог). Међутим, анализе варијабилности  $Y$  хромозома у румунској популацији указале су на значајан проток гена из словенских популација [273], а *Kushniarevich* и сар. [152] су, на основу анализе варијабилности аутозомних маркера и  $Y$  хромозома, уочили да се и популација Мађарске и популација Румуније групише са словенским популацијама. На основу анализе варијабилности  $STR$  маркера показано је да су различите словенске популације, као и италијанска, грчка и турска популација, имале важан утицај на генски фонд савремене румунске популације [274].

Приказани резултати, према којима се аустријска и немачка популација (група германских популација) позиционирају близу словенских популација, могу се објаснити њиховим географским положајем и постепеном асимилацијом у подручјима где се ове популације граниче. Како географски блиске популације обично показују и већи степен генетичке сличности [126] овакав резултат је очекиван знајући да су ове популације током дугог временског периода насељавале исти географски регион. Ранија истраживања, базирана на варијабилности секвенци  $HVS-I$  региона, указивала су да популације Русије и Немачке испољавају високу генетичку сличност [275]. Поред скоријег протока гена, који би могао да објасни генетичку сличност ове две групе популација, наведени образац би могао да се објасни и дубљом историјском везом ове две групе популација. Наиме, германске и словенске популације се повезују са древним културама које су насељавале исти регион као и данас, а то је култура касног бронзаног доба, у археологији позната као култура поља са урnama (*Urnfield*, 1300–700 п.н.е.). Међутим, имајући у виду веома ограничен број података о древним јединкама/популацијама у археолошким налазима, извођење

закључака о дубљој повезаности германских и словенских популација у средњој Европи било би спекулативно. Наведене германске и словенске популације значајније се разликују на основу учесталости *NR<sub>Y</sub>* хаплогрупа [276] и поред сличности у митохондријском генском пулу, што би могло да укаже на веома комплексне интеракције између популација које укључују и разлике између полова у трендовима миграција.

У спроведеним *PC* анализама уочено је неколико популација и субпопулација (нпр. турска, албанска, субпопулације Шпаније и Португалије) које се издвајају у односу на већину испитиваних популација и које су у овом раду третиране као „аутлајери“ (Слике 4.2-4.4). Овакав резултат је очекиван за турску популацију, имајући у виду да се ова блискоисточна популација разликује по спектру и учесталости мтДНК (под)хаплогрупа у односу на европске популације. Наиме, турска популација се одликује нижом учесталосту хаплогрупе *H* и вишом учесталосту хаплогрупе *HV*, као и хаплотипова који припадају суперхаплогрупи *U* (Табела 8.4). Такође, високе *F<sub>ST</sub>* вредности између јужнословенских и турске популације указују на мањи интензитет протока гена и поред дугог периода током којег су ове популације биле у међусобном контакту, а који обухвата време Византијског и Османлијског царства на овим просторима. Податак да није долазило до значајнијег протока гена између јужнословенских популација и турске популације у сагласности је са претходно објављеним резултатима студија на мтДНК и *Y* варијабилности појединих јужнословенских популација. Према *Calafell* и сар., турска популација је имала занемарљив допринос митохондријском генском фонду бугарске популације [277], а *Regueiro* и сар. су установили и занемарљив утицај хаплотипова *Y* хромозома из турске у српску популацију [201].

Генетичка удаљеност све три субпопулације Португалије и јужног дела Шпаније у односу на остале анализиране популације последица је значајно веће учесталости хаплогрупе *L* у наведеним субпопулацијама, као и присуства хаплогрупе *U<sub>6</sub>* која одсуствује у већини европских популација (Табела 8.5, Прилог). С друге стране, издвојени положај албанске популације у *PC* анализи (Слика 4.2) није поуздан узимајући у обзир веома мали узорак којим је представљена ова популација у генетичким анализама.



Висок ниво диверзитета мтДНК у популацији Србије сасвим је очекиван имајући у виду да се популације Балканског полуострва одликују специфичном и веома комплексном демографском историјом. Важно је напоменути да су *Kovacevic* и сар. уочили јасне знаке сложене динамике и мешања популација западног Балкана са популацијама источног Балкана, јужне Европе и словенских популација Балканског полуострва и источне Европе [163]. Поред тога, како је већ речено, генетичка удаљеност популација одражава и њихову географску удаљеност [270]. Стога је очекиван и налаз да популација Србије заузима интермедијерни положај у групи јужнословенских популација. Назнаке овакве географске стратификације могу се уочити и у студијама *Kovacevic* и сар. и *Kusniarevich* и сар. [152, 163]. Штавише, у овој студији је добијена лингвистичка стратификација словенских популација на западно-, источно- и јужнословенску групу, која у другим студијама није била јасна [168-172].

### **5.3. Генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији и филогеографија ретких хаплотипова**

#### **5.3.1. Генеолошки односи хаплотипова детектованих у српској популацији**

Филогеографија је наука која се бави еволуционом историјом гена путем утврђивања генеолошке структуре генетичке разноврсности у простору. Она представља везу између популационе генетике и филогеније, и омогућава да се рашчлане и одвоје утицаји садашњих генетичких, демографских и других процеса од процеса који су током еволуционе историје деловали на популације и који су довели до садашње просторне дистрибуције генеолошки повезаних линија. У циљу утврђивања генеолошких односа хаплотипова детектованих у узорку српске популације и филогеографске анализе, као и утврђивања порекла ретких (под)хаплогрупа, конструисане су мреже хаплотипова и праћена је просторна дистрибуција генеолошки повезаних хаплотипова у простору.

Мреже хаплотипова у испитиваном узорку српске популације, конструисане на основу полиморфизама *HVS-I* и *HVS-II* региона, као и одговарајућих позиција (7028, 11719 и 12308) кодирајућег региона мтДНК, одговарају мрежама хаплотипова из других студија које су конструисане на исти начин или

коришћењем већег броја полиморфизама кодирајућег региона [135, 171, 272, 278-280]. Посебна одлика ових мрежа је звездолика организација хаплотипова који припадају хаплогрупи *H*, где од једног фреквентног и широко распрострањеног предачког хаплотипа настаје велики број изведених хаплотипова. Овакви генеолошки односи указују на наглу диверзификацију до које обично долази услед нагле експанзије популације. Ова нагла диверзификација повезује се са постгласијалном експанзијом популација приликом које је дошло до ширења хаплогрупе *H* кроз Блиски исток, Кавказ и Европу [233]. Генеолошки односи хаплотипова који припадају суперхаплогрупи *U*, са хаплогрупама *U* и *K*, указују на древну експанзију популација након чега су изворни хаплотипови изумрли или су у популацијама заступљени са јако малом учесталашћу, при чему данас постоји велики број изведених хаплотипова. Организација хаплотипова у оквиру суперхаплогрупе *U* у сагласности је са литературним подацима [135, 171, 272, 278-280]. Генеолошки односи осталих (под)хаплогрупа, *R0a*, *HV*, *HV0*, *V*, *J*, *T*, *W*, *X2b*, *I*, *N1a*, и *N1b*, такође одговарају њиховим генеолошким односима утврђеним у другим студијама [135, 171, 272, 278-280].

### **5.3.2. Порекло и генеолошки односи ретких хаплотипова детектованих у српској популацији**

Филогеографска анализа хаплотипова који припадају ретким (под)хаплогрупама омогућава да се, између осталог, детектују трагови протока гена који би могли да се повежу са миграцијама из одређених популација. Овакви закључци не могу се донети из анализа честих хаплотипова који су присутни у великом броју популација. Поред тога, у случају ретких (под)хаплогрупа, информативно је утврдити у којим регионима постоји повећан степен генетичког диверзитета, јер такви региони могу представљати центре порекла датих (под)хаплогрупа, а популације које су у одговарајућем временском периоду насељавале дате регионе могу бити изворне (исходне) популације за те хаплотипове. То је такође од великог значаја за праћење протока гена између различитих популација.

Неколико хаплотипова детектованих у српској популацији припадају подхаплогрупама које су ретке у европским популацијама и чешће се могу наћи

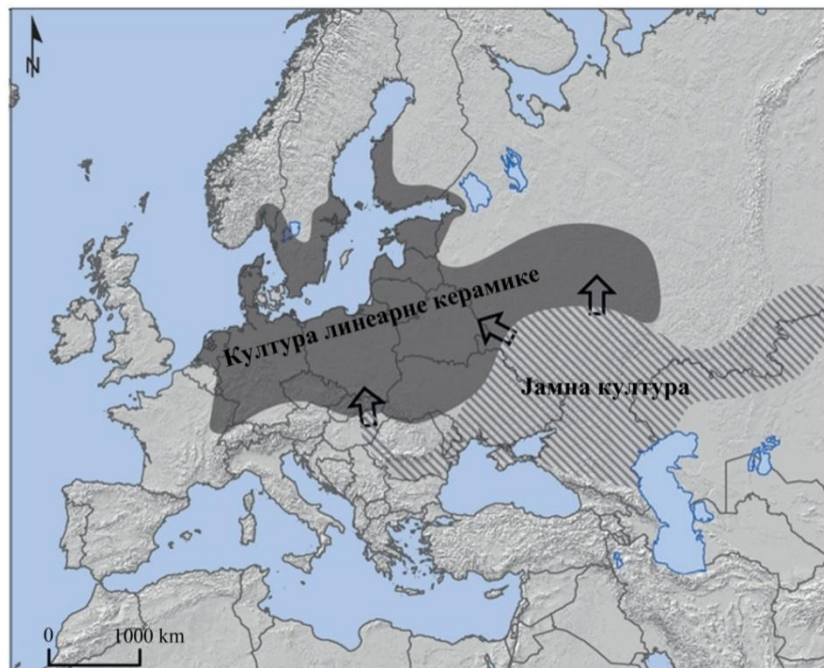
на Блиском истоку и у југозападној Азији, као што су *R0a*, *N1a*, *N1b* и *HV2* [130, 131, 234, 251]. С друге стране, у српској популацији су уочене и ретке (под)хаплогрупе *I1*, *I5*, *W* и *X2b* које се одликују већом учесталашћу у европским популацијама у поређењу са популацијама Блиског истока [100, 130].

Филогеографска анализа, као и анализа „оснивача“ подхаплогрупе *R0a* (углавном њене класе *R0a2r*), сугеришу да је до ширења ове подхаплогрупе са Арабијског полуострва у југоисточну Европу и Медитеран дошло крајем плеистоцена или током раног холоцена [131]. Хаплотип детектован у српској популацији, који припада подхаплогрупи *R0a1*, води порекло од предачког хаплотипа који је у Европи већином заступљен на Балканском полуострву (Слика 4.14 и Слика 8.2, Прилог). На Балкану су и иначе установљене релативно високе вредности параметара генетичке разноврсности подхаплогрупе *R0a* (Табела 8.12, Прилог). Занимљиво је да се у мрежи, конструисаној на основу варијабилности секвенци *HVS-I* региона, у групи предачких хаплотипова налази и хаплотип јединке која је живела на територији данашње Данске у III в.н.е. [242]. Како је хаплогрупа *R0a* изузетно ретка, скоро одсутна у савременим популацијама северне Европе, њено присуство у древној популацији на територији данашње Данске могло би да указује на значајну мобилност људи у Европи током римског периода [242]. Регион или изворну популацију из које води порекло овај хаплотип тешко је одредити будући да се он налази у групи предачких хаплотипова (Слика 8.2, Прилог) заједно са хаплотиповима јединки из југоисточне Европе, Блиског истока и Африке. У случају хаплотипа детектованог у српској популацији, може се претпоставити да он води порекло са Балканског полуострва. Овакав закључак изводи се на основу чињенице да је ово једини *R0a* хаплотип окарактерисан транзицијом на позицији 16248, а на основу које се разликује од предачког хаплотипа детектованог и код јединки са Балканског полуострва (Слика 4.14 и Слика 8.2, Прилог). Иако се међу предачким хаплотиповима већински налазе хаплотипови пореклом из јужне Европе (Балканско и Апенинско полуострво), значајан број води порекло са Арабијског полуострва због чега се не може искључити могућност да овај хаплотип има блискоисточно порекло. Међутим, за прецизније утврђивање порекла хаплотипа у српској популацији неопходно је

спровести детаљну филогенетску анализу на основу комплетних секвенци мтДНК које припадају подхаплогрупи *R0a*.

Подхаплогрупа *N1a* је у популацијама неолитских фармера имала високу учесталост и сматра се да се у Европи појавила за време неолитске експанзије [44, 244]. Подхаплогрупа *N1a* одликује се трансверзијом на позицији 16147 на основу које се могу разликовати европско-средњеазијска (трансверзија С у А) и афричко-јужноазијска грана (трансверзија С у G) [244]. Сматра се да су хаплотипови који припадају подхаплогрупи *N1a* и њеној 16147А грани, у Европу доспели током неолитске експанзије пошто већина хаплотипова подхаплогрупе *N1a* детектованих код јединки из неолитских популација фармера и из савремених европских популација припада управо овој грани [44, 119, 124, 244]. Међутим, код древних јединки, које су живеле током касног бронзаног доба на територији данашње Русије у близини Црног мора, установљена су и два хаплотипа 16147G гране (*RISE555*, [125], *Kall*, [247]). Ови хаплотипови се налазе и у савременим популацијама Балканског полуострва, као и средње и источне Европе (Слика 4.15 и Слика 8.3, Прилог). *Alentoft* и сар. су, анализирајући комплетне геноме древних јединки, установили да су миграције сточара/номада (припадника јамне културе) из понтско-каспијских степа ка средњој и северној Европи, током раног бронзаног доба, имале значајан утицај на генетичку структуру савремених европских популација [125]. *Haak* и сар. су својим налазима потврдили значај ових миграција у обликовању генетичке разноврсности савремених европских популација и ширењу индоевропских језика (Слика 5.1) [123]. Иначе, период бронзаног доба карактеришу миграције носиоца јамне културе која се првобитно распрострарила у источној Европи око Црног мора. Овим миграцијама се јамна култура ширила и дошла у контакт са културом линеарне керамике која је била заступљена у средњој Европи. Генетичке компоненте карактеристичне за носиоце јамне културе детектоване су код две јединке са Балканског полуострва из бронзаног доба (*RISE595* и *RISE596* [125]). Како су у српској популацији и другим популацијама са Балканског полуострва присутни хаплотипови обе гране подхаплогрупе *N1a*, постоји могућност да су наведене линије на ове просторе доспеле у два наврата, са популацијама фармера током неолитске експанзије

(16147A грана), али и са носиоцима јамне културе током бронзаног доба (16147G грана).



Слика 5.1. Распрострањеност културе линеарне керамике и јамне културе у раном бронзаном добу. Стрелице показују правце миграција и ширење утицаја јамне културе у Европи (преузето и модификовано из [125]).

Подхаплогрупа *N1b* је у Европи заступљена са ниском учесталošћу, и то углавном на средњем и источном Медитерану, док је најчешћа у југозападној Азији. Анализе „оснивача“, засноване на варијабилности секевенци *HVS-I* региона, сугеришу да се главна грана ове подхаплогрупе *N1b1* проширила Европом током касног глацијала [130]. Највећа разноврсност хаплотипова подхаплогрупе *N1b* уочена је на Блиском истоку, док је Балканско полуострво регион у којем се такође детектују високе вредности параметара разноврсност хаплотипова и нуклеотидна разноврсност (Табела 8.12, Прилог). Овај податак указује на могућност да су носиоци подхаплогрупе *N1b* са Блиског истока стигли у Европу преко Балканског полуострва. Према процени *Fernandes* и сар., подхаплогрупа *N1b* се у Европу проширила пре неолита, те су стога неке млађе подкладе, као нпр. *N1b2*, највероватније настале на територији Европе [130]. *N1b* хаплотипови детектовани у српској популацији групишу се са хаплотиповима из популација Балканског полуострва, али спорадично и из Италије, средње и источне Европе (Слика 4.16 и Слика 8.4, Прилог). Могуће је да они припадају

подкладама које су карактеристичне за Балканско полуострво и које су настале од предачких хаплотипова након миграција са Блиског истока, пре око 15 хиљада година, односно током касног глацијала. Како би се утврдила еволуциона историја *N1b* митохондријских линија у популацијама Балканског полуострва, потребно је у филогенетску анализу укључити већи број комплетно секвенцираних *N1b* митогенома из овог региона Европе.

Хаплогрупа *I* је у српској популацији заступљена са две подхаплогрупе, *I1* и *I5*. Иако је хаплогрупа *I* најзаступљенија у северној Европи, највише вредности параметара генетичке разноврсности присутне су на Блиском истоку и у југоисточној Европи, на основу чега је претпостављено да је ова хаплогрупа настала на Блиском истоку [100, 130]. Процењено је да је подхаплогрупа *I1* настала пре око 16 хиљада година на Блиском истоку [100], где је и детектована највиша генетичка разноврсност, са изузетком параметра разноврсност хаплотипова добијеног на основу *HVS-I/HVS-II* региона; разноврсност подхаплогрупе *I1* је највећа у западној Европи. Са Блиског истока се подхаплогрупа *I1* миграцијама, током касног глацијала, проширила Европом и то највероватније преко Балканског полуострва [100]. *HVS-I/HVS-II* хаплотипови идентични *I1* хаплотипу у српској популацији уочени су на Апенинском полуострву и Сицилији (Слика 4.17). Висока учесталост, као и нешто нижи параметри разноврсности ове хаплогрупе на северу Европе, могли би се објаснити генетичким дрејфом. Међутим, без анализе секвенци комплетних митогенома не може се са сигурношћу тврдити из ког региона воде порекло ови хаплотипови у српској популацији. Могуће је да су се предачки хаплотипови на територију Балканског полуострва проширили миграцијама током неолитске експанзије, након чега су се ширили преко средње и источне Европе на север. Такође, може се претпоставити да су се миграције одвијале из правца севера и истока Европе будући да се хаплотипови детектовани у српској популацији налазе у групи са хаплотиповима који су већином пореклом из северне Европе.

Подхаплогрупа *I5* је нешто старија од подхаплогрупе *I1* и сматра се да је настала пре око 18 хиљада година, такође на Блиском истоку, одакле се проширила у Европу пре око 10-11 хиљада година [100]. Интересантно је да се данас у западној Европи налази значајан број становника који припадају

подхаплогрупи *I5*, при чему се овај регион одликује релативно ниским вредностима параметара генетичке разноврсности у поређењу са јужном и средњом Европом (Табела 8.12, Прилог). Овакав образац – релативно висока учесталост подхаплогрупе уз ниске вредности параметара генетичке разноврсности – очекиван је уколико су на обликовање варијабилности у популацијама западне Европе велики утицај имали догађаји оснивања (ефекат оснивача) или генетички дрифт. Са друге стране, највише вредности генетичке разноврсности подхаплогрупе *I5* установљене су у средњој Европи, а потом и на Балканском и Апенинском полуострву (Табела 8.12, Прилог). У древним популацијама јужне [281] и источне Европе, али и Кавказа, [125], подхаплогрупа *I5* била је присутна још од бронзаног доба, а детектована је и у средњевековним узорцима из средње Европе [172]. Хаплотип у српској популацији групише се са хаплотиповима из популација јужне Европе, и то првенствено Балканског полуострва (Слика 4.18 и Слика 8.6, Прилог). Према до сада доступним подацима, *I5* хаплотип из српске популације вероватно је настао на Балканском полуострву, али је за прецизније утврђивање његовог географског порекла потребно анализирати већи број комплетних митогенома који се сврставају у ову подхаплогрупу.

Према *Fernandes* и сар., највећа разноврсност хаплогрупе *W* на нивоу секвенци *HVS-I* региона присутна је у југоисточној Европи, северозападној Африци и на Арабијском полуострву [130]. На основу овог налаза, као и хаплотип мреже конструисане на основу секвенци *HVS-I* региона, *Fernandes* и сар. су указали на могућност да је хаплогрупа *W* настала у Европи [130]. Међутим, према подацима *Olivieri* и сар., ова хаплогрупа највероватније води порекло са Блиског истока [100]. Према филогенетском стаблу, конструисаном на основу комплетних митогенома, старост подхаплогрупа *W1*, *W3*, *W4*, *W5* и *W6* процењена је на око 13 хиљада година, што се поклапа касним глацијалом [130]. Оваква старост сугерише да је њихова експанзија започела током касног глацијала, док анализе раста популација, засноване на комплетним митогеномима хаплогрупа *N2* и *W*, указују да је до ширења ових подхаплогрупа у Европи дошло пре око осам хиљада година, односно током неолита [130]. У Европи је данас хаплогрупа *W* најзаступљенија у њеним северним деловима. Међутим, највише вредности

параметара разноврсност хаплотипова и нуклеотидна разноврсност, добијене на основу секвенци *HVS-I* региона, регистроване су на Апенинском и Балканском полуострву, као и у средњој Европи и на Блиском истоку (Табела 8.12, Прилог). Укључивањем варијабилности *HVS-II* региона у анализе, добијене су високе и међусобно сличне вредности параметара генетичке разноврсности у Азији, средњој Европи, на Апенинском и Балканском полуострву, као и на Блиском истоку (Табела 8.12, Прилог). Ови подаци указују на то да данас Апенинско и Балканско полуострво, заједно са средњом Европом, представљају центре разноврсности хаплогрупе *W*. Хаплотипови у српској популацији већином се могу сврстати у гране које су специфичне за средњу Европу и Балканско полуострво (гране у оквиру подклада *W3b*, *W1c* и *W1h*). Иако би се могло претпоставити да су ове линије настале на Балканском полуострву, ипак се не може искључити могућност миграција из средње и источне Европе на Балкан. Додатно се за подкладу *W3b*, на основу приказаних резултата, не може искључити и могућност миграција са Блиског истока. Међутим, без анализе комплетних митогенома не може се са већом сигурношћу утврдити порекло ових хаплотипова у српској популацији.

У оквиру хаплогрупе *X* најраспрострањенија је подхаплогрупа *X2*. Основне гране похаплогрупе *X2* већином су локализоване на Блиском истоку, Кавказу и у северној Африци, при чему је главна подклада *X2*, која је дефинисана транзицијом на позицији 225, присутна у популацијама Блиског истока, северне Африке и Европе [130]. Подхаплогрупа *X2b* којој припадају хаплотипови детектовани у српској популацији, највероватније је европског порекла и процењене старости од око 13 хиљада година [130]. Према *Fernandes* и сар., оснивачке линије хаплогрупе *X*, углавном линије дефинисане транзицијом на позицији 225, присутне у Европи старе су око 16 хиљада година и највероватније су у Европу доспеле миграцијама током касног глацијала са Блиског истока [130]. Ови подаци, као и резултати по којима је јужна Европа регион са највећом учесталошћу подхаплогрупе *X2b* и уједно високим вредностима параметара генетичке разноврсности, указују на то да је подклада *X2b* вероватно настала у јужној Европи. Важно је напоменути да се највише вредности параметара разноврсност хаплотипова и нуклеотидна разноврсност подкладе *X2b*, на основу анализе секвенце *HVS-I* региона, детектују



у источној Европи и на Балканском полуострву, док се на нивоу оба хиперваријабилна региона највише вредности проналазе у јужној Европи, првенствено на Балканском и Апенинском полуострву (Табела 8.12, Прилог). Хаплотипови у српској популацији већином се групишу са секвенцама које воде порекло из популација јужне (углавном Балканског полуострва) и средње Европе. Као и за хаплогрупу *W*, без анализе комплетних митогенома тешко је са сигурношћу тврдити из ког региона потичу ови хаплотипови, иако се на основу приказаних резултата може претпоставити да су неки од њих настали на Балканском полуострву (Слика 4.20).

Подхаплогрупа *HV2* је првенствено заступљена у популацијама Блиског истока, док је у Европи ретка. На Балканском и Апенинском полуострву присутне су релативно високе вредности параметара генетичке разноврсности подхаплогрупе *HV2* (Табела 8.12, Прилог). Чињеница да се након популација Блиског истока највећом разноврсношћу и бројем хаплотипова подхаплогрупе *HV2* одликују популације Балканског полуострва сугерише на правце миграција којима је ова подхаплогрупа са Блиског истока стигла у Европу. Пошто су на Балканском полуострву детектоване високе вредности параметара генетичке разноврсности подхаплогрупе *HV2*, као и хаплотипови присутни само у овом региону (Слика 4.21), може се претпоставити да је на Балканском полуострву дошло до диверзификације у оквиру подхаплогрупе *HV2* и настанка нових регионалних подклада. Како би се јасно утврдила еволуциона историја *HV2* митохондријских линија на Балканском полуострву, неопходно је комплетно секвенцирати и укључити у анализу већи број митогенома који припадају подхаплогрупи *HV2*.

Подхаплогрупа *L2a1k*, којој припада и једини *L* хаплотип детектован у испитиваном узорку српске популације, јесте мтДНК подхаплогрупа за коју се претпоставља да је настала *in situ* у Европи пре око 10 хиљада година [128, 255]. Хаплотипови ове подхаплогрупе, детектовани су, до данас, само у западно- и јужнословенским популацијама (чешка, словачка, бугарска и хрватска) које насељавају Дунавски слив. Према хаплотип мрежи конструисаној на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона, предачки хаплотип од кога води *L2a1k* грана дефинисана транзицијом на позицији 16218, већином се детектује у

Африци, али је присутан и на Блиском истоку (Слика 4.22). Имајући у виду старост *L2a1k* похаплогрупе, као и њену тренутну географску дистрибуцију, могуће је да је предачки хаплотип доспео у Европу, прецизније Балканско полуострво, из Африке преко Блиског истока пре око 10 хиљада година.

Досадашња истраживања недвосмислено указују на то да је Балканско полуострво представљало један од глацијалних рефугијума са којег је отпочела постгласијална реколонизација Европе [133, 187, 188]. Такви региони се обично одликују високим нивоом генетичког диверзитета, што је у случају јужне Европе, која укључује и Балканско полуострво, демонстрирано у ранијим као и у овој студији [270]. Стога се закључује да Балканско полуострво представља један од значајних центара разноврсности мтДНК хаплогрупа, у којем би се могле очекивати и подкладе потенцијално специфичне за овај регион јужне Европе. *Kovacevic* и сар. и *Sarac* и сар. су анализом комплетних митогенома већ показали да се на Балканском полуострву налазе специфичне локалне подкладе појединих подхаплогрупа мтДНК, што је правац у коме треба усмерити даља истраживања [163, 198]. Додатно, филогеографска анализа ретких мтДНК (под)хаплогрупа, спроведена у овој студији, омогућила је стицање новог увида у утицаје различитих миграција на обликовање садашњег митохондријског генског пула српске популације.

### **5.3.3. Приватни хаплотипови и хаплотипови који су заједнички за српску и остале европске популације**

Савремени мтДНК профил српске и других популација је, између осталог, детерминисан и нивоом протока гена између популација. С обзиром да се највећи проток гена може очекивати између географски блиских популација, у таквим популацијама се претпоставља и присуство највећег броја заједничких, односно дељених хаплотипова. Досадашња истраживања су заиста показала да географски блиске популације поседују велики проценат дељених хаплотипова и у значајној мери деле заједничко порекло, као и да су процеси попут миграција, замене и мешања популација играли важну улогу у формирању генетичке структуре савремених европских популација. Имајући у виду да географски блиске популације имају и значајан број заједничких хаплотипова, процентуална

заступљеност хаплотипова у њима се може користити за утврђивање интензитета протока гена, при чему висок удео заједничких (дељених) хаплотипова у популацијама логично указује на висок степен размене гена, али потенцијално и на заједничко порекло популација. Стога је један од циљева ове тезе био утврђивање степена заступљености хаплотипова које српска популација дели са осталим европским популацијама, при чему су хаплотипови заједнички за српску и друге европске популације идентификовани на основу варијабилности само *HVS-I* региона или оба хиперваријабилна региона (*HVS-I* и *HVS-II*). Иако српска популација дели значајан број хаплотипова и са популацијама средње и источне Европе (Слике 4.23 и 4.24), највећи број хаплотипова у популацији Србије заједнички је са популацијама јужне Европе, и то првенствено са популацијама Балканског полуострва. Овакав налаз у складу је са ранијим подацима и закључцима других студија [126, 152, 163].

Када се посматрају појединачне популације Балканског полуострва, српска популација највише хаплотипова дели са осталим јужнословенским популацијама, од којих се издвајају популације Босне и Херцеговине, Хрватске и Бугарске (Слике 4.24, 8.11, Прилог; Табеле 8.6 и 8.7, Прилог). Најмањи проценат заједничких хаплотипова, међутим, има са суседном албанском популацијом (Слике 4.24 и 8.11, Прилог; Табеле 8.6 и 8.7, Прилог). Овакви резултати указују на то да, осим географске близине, веома значајан фактор који може утицати на интензитет протока гена између популација јесте и заједничко културно-историјско наслеђе, као и припадност истој језичкој породици. У прилог томе говори и налаз да српска популација највећи број хаплотипова дели управо са јужнословенским популацијама на Балканском полуострву (Слика 4.23).

Када су у питању хаплотипови који су у српској популацији дељени са само још по једном популацијом, поново се уочава највећи проценат таквих хаплотипова на Балканском полуострву. Чињеница да су у популацијама Балканског полуострва уочени хаплотипови који су за сада детектовани само код њих, сугерише на постојање специфичних балканских хаплотипова. Претпоставка о постојању оваквих мтДНК линија има потврду у радовима *Kovacevic* и сар. и *Sarac* и сар. који су на основу филогенетске анализе комплетних митогенома идентификовали линије у оквиру подхаплогрупа *K1a* и *X2* специфичне за

Балканско полуострво [163, 198]. У прилог овој претпоставци говори и значајан број приватних *HVS-I* и *HVSI/HVS-II* хаплотипова који су детектовани у српској популацији (Табеле 8.6 и 8.7, Прилог)

Занимљиво је да популација Србије висок проценат хаплотипова дели и са популацијама које припадају романској групи. У ову групу спадају популације из јужне Европе (Пиринејско и Апенинско полуострво), али и популације западне (Француска) и средње Европе (Румунија). Поред тога, сличан али нешто нижи проценат заједничких хаплотипова српска популација дели и са источно- и западнословенским популацијама, као и са германским популацијама које насељавају регионе источне, средње и северне Европе. Ови налази се не могу објаснити интензивним протоком гена услед географске блискости популација, нити услед припадности истој језичкој групи. Међутим, они су једним делом у складу са налазима *Ralph* и *Coop* који су показали да данашњи људи из југоисточне, источне и средње Европе деле велики број геномских сегмената идентичних по пореклу (*IBD*) и да стога потичу од једне, релативно мале исходне популације која се проширила по великом географском региону [126]. Временски оквир у којем су аутори детектовали повећан број заједничких предака између наведених популација одговара периоду миграција познатих као Велика сеоба народа (IV–IX. век н.е.) [126].

Такође, *Kushniarevich* и сар. су показали да јужнословенске популације деле подједнак проценат *IBD* сегмената са источно- и западнословенским популацијама, као и са суседним популацијама које су позициониране између њих (румунска и мађарска). Према ауторима, овакав образац би се могао објаснити њиховим заједничким пореклом и протоком гена који се одвијао преко великог дела европског континента [152].

Анализа је показала да становништво Србије поседује значајан проценат хаплотипова заједничких са популацијом Апенинског полуострва (Слике 4.23 и 4.24). *Ralph* и *Coop* су, анализирајући проценат дељених *IBD* сегмената између европских популација, утврдили да се савремена италијанска популација одликује значајном структурираношћу, као и да са осталим европским популацијама дели мали број заједничких предака у последњих 1.5 хиљада година, што је такође уочено и између јединки унутар саме италијанске популације [126]. Највећи удео

заједничких предака између италијанске и осталих европских популација датира се на време од пре више од 2.5 хиљаде година. Једини изузетак јесу суседне популације Балканског полуострва са којима Италијани деле значајнији број заједничких предака у последњих 1.5 хиљада година.

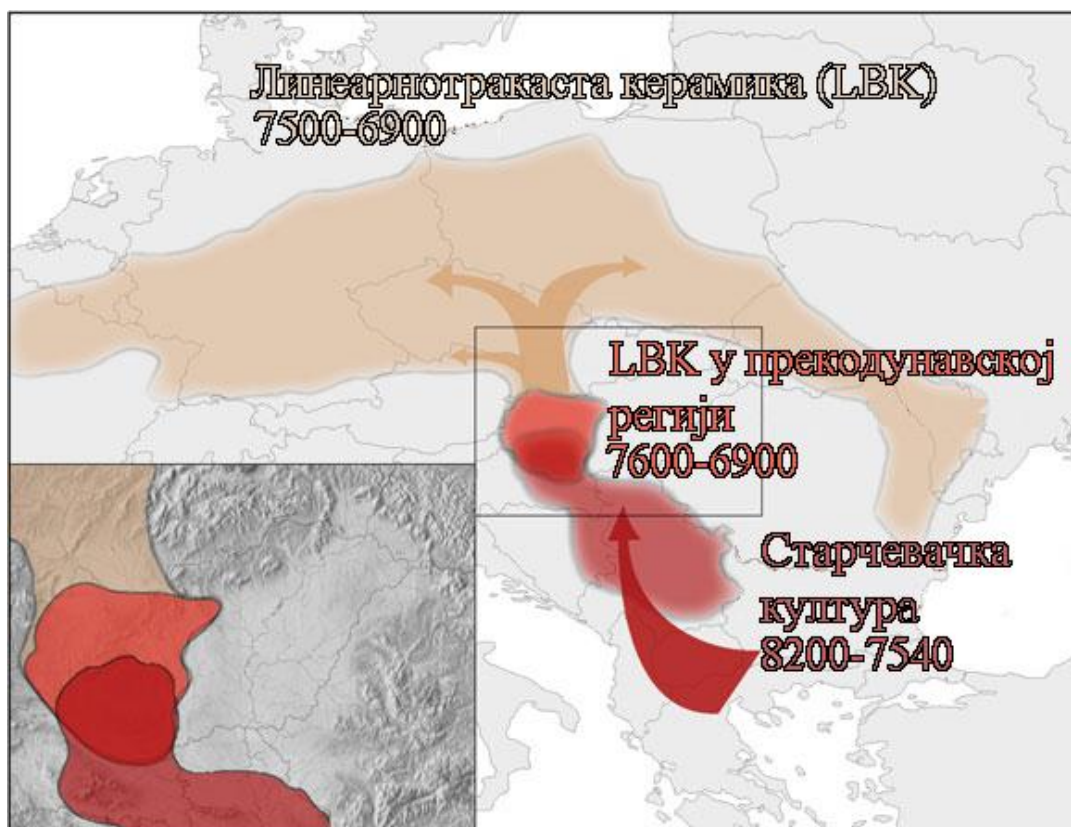
Приликом анализе заједничких хаплотипова посебно су информативни хаплотипови мале учесталости будући да вероватноћа проналазака фреквентних хаплотипова у великом броју популација, па чак и географски удаљених, расте са њиховом заступљеношћу. С друге стране, уколико географски удаљене популације (попут српске и западно- и источнословенских популација) деле значајан број ретких хаплотипова, то указује на значајан проток гена између њих. Друга могућност подразумева да су такви хаплотипови у прошлости били распрострањени широм Европе, али се временом њихова учесталост смањила и у појединим популацијама изгубила. При претраживању ретких европских хаплотипова, доступних из литературе, уочени су хаплотипови који су дељени искључиво између српске и других јужнословенских популација, или српске и осталих словенских популација (Табела 8.6 и 8.7, Прилог). Овај податак указује на интензиван проток гена унутар словенске, а посебно јужнословенске групе, као и на значајан утицај миграција словенских племена током средњег века на формирање митохондријског генског фонда савремених словенских популација.

Међу хаплотиповима у српској популацији значајан број је заједнички са древним популацијама које су насељавале различите регионе Европе током праисторије и историје. Међутим, већина ових дељених хаплотипова спада у групу високо фреквентних хаплотипова који се данас могу наћи у већини европских популација. Оваква слика добија се углавном због чињенице да су подаци о варијабилности мтДНК у древним популацијама већином засновани на секвенцама само *HVS-I* региона и веома ретко *HVS-I* и *HVS-II* региона. Проблем представља и мали древних број узорака, као и чињеница да нису ни сви временски периоди нити региони подједнако заступљени. Древне популације су често представљене јединкама пронађеним само на једном археолошком локалитету. Ипак, из ових узорака детектовани су поједини хаплотипови у древним популацијама који су ретки у савременим популацијама Европе.

Присуство *HVS-I* хаплотипа (хаплогрупа *H*) код испитаника *Sb\_70*, али и у савременим популацијама Балканског полуострва и Мале Азије и код неолитског примерка са територије данашње Сирије, могло би се објаснити миграцијама фармера са Блиског истока у Европу током неолитске експанзије. О смеру неолитских миграција (са Блиског истока преко Балканског полуострва и даље ка средњој Европи) могло би се закључивати и на основу распрострањености хаплотипа испитаника *Sb\_105* (хаплогрупа *V*), који је присутан у савременим популацијама Балканског полуострва и средње Европе у региону Дунавског слива (Немачка, Аустрија и Мађарска). Наиме, овај хаплотип је установљен и код јединке из раног неолита са територије данашње Хрватске, која је припадала старчевачкој култури [124]. Старчевачка култура је постојала у неолиту, пре 7-8 хиљада година, и била је распрострањена у региону данашње Србије, Хрватске и Мађарске [124]. У делу горњег тока Дунава, који обухвата западни део данашње Мађарске и тремеђу са Аустријом и Словачком, поред старчевачке културе била је присутна и култура линеарнотракасте керамике за коју поједини архелози сматрају да се развила из старчевачке културе [282-284] (Слика 5.2). Из ове Дунавске регије, култура линеарнотракасте керамике се проширила средњом Европом и могуће је да је овај процес био праћен миграцијама носилаца наведеног хаплотипа.

Након укључивања полиморфизама *HVS-II* региона у анализу, број хаплотипова заједничких са древним популацијама се смањио првенствено због малог броја доступних секвенци *HVS-II* региона из древних узорака. За поједине хаплотипове, као на пример оне код испитаника *Sb\_27*, *Sb\_68* и *Sb\_104*, након укључивања полиморфизама *HVS-II* смањио се број популација у којима су присутни. У древним популацијама, ови хаплотипови су детектовани код јединки које су насељавале територију данашње Немачке током неолита и бронзаног доба [119, 123]. Доступност података о *HVS-II* регионима код древних популација са територије данашње Немачке много је већа у односу на древне примерке из других географских региона. Стога се закључци о присутности ових хаплотипова само у древним популацијама средње Европе морају узети са резервом. Испитивање дељених хаплотипова у древним и савременим популацијама које

насељавају исти географски регион, може указивати на генетички континуитет популација на истом простору током дужег временског периода [167].



**Слика 5.2.** Географска распрострањеност старчевачке културе и културе линеарнотракасте керамике. На слици су приказани правци ширења неолитских култура. Засенчене области на мапи представљају распрострањеност старчевачке културе и културе линеарнотракасте керамике (LBK) у прекодунавском региону и средњој Европи. Представљени су и временски периоди у којима су те културе постојале у обележеним областима Европе (преузето и модификовано из [124]).

Анализе дељених хаплотипова спроведене у овом раду показују највиши проценат *HVS-I* и *HVS-I/HVS-II* хаплотипова у српској популацији који су заједнички са популацијама јужне Европе, и то првенствено са географски блиским популацијама Балканског полуострва унутар јужнословенске групе. Поред географске блискости, значајан број дељених хаплотипова између ових популација може се објаснити и заједничким културно-историјским наслеђем и припадношћу истој језичкој породици. Значајан проценат приватних хаплотипова у српској популацији, као и хаплотипови уочени искључиво у популацијама Балканског полуострва, указују на постојање мтДНК линија специфичних за Балканско полуострво. Присуство хаплотипова које српска популација дели са источно- и западнословенским популацијама, као и са германским популацијама,

повезује се са миграцијама током периода Велике сеобе народа. Извођење поузданих закључака, међутим, морало би се заснивати на повећању узорка и анализама већег броја информативних нуклеотидних позиција у кодирајућем региону мтДНК, или на секвенцама комплетних митогенома.

#### **5.4.Филогенија одабраних комплетно секвенцираних митогенома**

Захваљујући развоју технологија секвенцирања, данас је могуће користити целе митохондријске геноме за реконструкцију филогеније, чиме се добија много бољи увид у историју женских линија анализираних популација. У овом раду анализирано је 58 комплетно секвенцираних митогенома из српске популације, који су одабрани на основу тога што припадају или ретким европским (под)хаплогрупама, или (под)хаплогрупама чије су поједине кладе специфичне за популације у појединим регионима Европе. Анализа комплетних митогенома пружила је важан допринос разумевању еволуционе историје популације Србије, а додатно је омогућила и идентификацију регионалних подхаплогрупа, као и прецизније одређивање времена њиховог настанка и филогеније.

Према *Mielnik-Sikorska* и сар., подхаплогрупа *H5* је највероватније настала крајем последњег леденог доба у јужној Европи [133]. Предложено је да је једна од њених најстаријих грана, *H5e*, заједно са *H5a3* и *H5a4*, настала током пост-гласијалне реколонизације Европе у људским популацијама које су насељавале рефугијуме јужне Европе [133]. Хаплотип детектован у српској популацији који припада *H5\** парагрупи неклассификованих хаплотипова, од оснивачке секвенце се разликује у само једној мутацији (Слика 4.27 и Слика 8.12, Прилог), те се стога може претпоставити да има јужноевропско порекло. У анализираном узорку српске популације пронађен је хаплотип који је сврстан у подхаплогрупу *H5e1* (Слика 4.27) [211], док је у словенским популацијама средње и источне Европе доминантна нешто млађа подхаплогрупа *H5e1a* [133]. Подхаплогрупа *H5m* је на основу првобитне анализе, у коју је био укључен мањи број митогенома, као и на основу процењене старости и тренутног географског распрострањења, доведена у везу са културама Дунавске долине из времена неолита или бакарног доба [211]. Међутим, накнадна анализа на већем броју секвенци показала је да подхаплогрупи *H5m* припадају и митогеноми пореклом са Блиског истока и



Кавказа, чиме је наведена хипотеза о географском пореклу подхаплогрупе *H5m* доведена у питање (Слика 8.15, Прилог).

Два митогенома у српској популацији припадају подхаплогрупи *H6a1a* (Слика 8.16, Прилог), процењене старости од око осам хиљада година. Овој подхаплогрупи припадају митогеноми пореклом из различитих европских популација, због чега се не може прецизно утврдити место њеног настанка. У оквиру подхаплогрупе *H6a2* дефинисана је нова подхаплогрупа *H6a2b* (Слика 4.28) која обухвата два митогенома из српске популације. Како овој новој подхаплогрупи припадају хаплотипови детектовани само у српској, али не и у другим европским популацијама, могуће место настанка њеног настанка је Балканско полуострво.

Комплетним секвенцирањем и филогенетском анализом митогенома детектованих у испитиваном узорку српске популације, уочене су подхаплогрупе присутне у словенским популацијама средње и источне Европе, као на пример *U2e1b1*, *U2e2a1d*, *U4a2a*, *U4a2c*, *U4a2g1*, *U4d2b*, *U5a2b1e*, *U5b1a1*, *HV10* и *L2a1k1* (Слике 4.31, 4.33 и 4.35 као и Слике 8.17, 8.22-24, Прилог). Процењене старости наведених подхаплогрупа се крећу од 0.9 до 12.9 хиљада година (Табела 4.8). Српски хаплотипови у оквиру ових подхаплогрупа су или идентични (нпр. хаплотипови који припадају *U2e1b1*, *U4d2b* и *U5b1a1*), или се разликују у по једној или неколико мутација од секвенци пронађених у осталим словенским популацијама. Овај налаз би могао да указује на заједничко порекло ових популација [165] и/или на значајан допринос миграција Словена у формирању генског фонда савремених популација Балканског полуострва. Међутим, број доступних комплетних митогенома који припадају овим подхаплогрупама релативно је мали, те је потребно да се њихов број повећа како би се прецизније утврдила времена раздвајања подхаплогрупа и са већом поузданошћу извели закључци о доприносу миграција Словена митохондријском генском пулу савремене српске популације.

За подхаплогрупу *U4a2* се раније сматрало да је карактеристична за западно- и источнословенске популације у регионима источне и средње Европе [164]. Међутим, након укључивања већег броја комплетних митогенома у филогенетске анализе, утврђено је да је ова подхаплогрупа, иако најчешће

присутна у словенским популацијама средње и источне Европе, такође присутна и у германским, балтичким и романским популацијама (Слика 8.22 и Табела 8.8, Прилог). Због недостатка података о тачкастом полиморфизму на позицији 310 у *HVS-II* региону, где транзиција Т у С дефинише припадност подхаплогрупи *U4a2*, њено присуство се не може са сигурношћу потврдити у популацијама Хрватске и Бугарске [169, 198]. Присуство хаплотипова који припадају овој подхаплогрупи је за сада потврђено у популацијама Србије, Босне и Херцеговине, Словеније и Македоније [236-238, 285].

Хаплотипови који припадају подхаплогрупама *U4a2a*, *U4a2a1*, *U4a2b* и *U4a2g1* присутни су у различитим словенским и германским популацијама северне и средње Европе, као и у Финској, што указује на то да су ове подхаплогрупе највероватније настале у средњој Европи (Слике 8.22 и 8.24, Прилог). У том случају, иницијално ширење различитих клада подхаплогрупе *U4a2*, које су високо заступљене у словенским популацијама, могло би се повезати са ширењем културе линеарне керамике која је била распрострањена у средњој и источној Европи пре 4.3–5.2 хиљаде година [164], док би се присуство ових подхаплогрупа у популацијама Балканског полуострва могло објаснити миграцијама словенских племена током раног средњег века.

Да су наведене миграције имале важну улогу у формирању генског фонда савремених словенских популација може да укаже и дистрибуција подхаплогрупе *HV10*. Процењена старост подхаплогрупе *HV10*, као и чињеница да је детектована у различитим словенским популацијама (чешкој, пољској, словеначкој и српској) (Слика 8.17, Прилог), упућује на могућност да је ова хаплогрупа доспела у савремену српску популацију захваљујући миграцијама словенских племена у VI и VII в.н.е. Податак да је ова подхаплогрупа детектована и у мађарској популацији у сагласности је са резултатима *Tomory* и сар. који су закључили да је постојао значајан проток гена између словенских популација у Панонској низији и Мађара који су се у овај регион доселили крајем IX в.н.е. [172]. Осим тога, *PC* и *MDS* анализе су показале високу генетичку сличност словенских популација и мађарске популације, а то је демонстрирано и у раду *Kushniarevich* и сар. на основу анализе варијабилности аутозомних маркера и маркера *Y* хромозома [152].

С обзиром да је донедавно подхаплогрупа *L2a1k* била детектована само у европским популацијама и да је њена старост процењена на око 10 хиљада година, претпостављено је да је настала *in situ* у Европи, при чему је њено присуство на овом континенту резултат протока гена из афричких популација у Европу током праисторије [128, 255]. На основу анализе урађене у овој студији, која је обухватила већи број хаплотипова из *L2a1k* подхаплогрупе, процењено је да је она настала пре 8.6–11.8 хиљада година (Слика 4.31). Поред тога, у оквиру ове подхаплогрупе дефинисане су две подкладе: европска *L2a1k1* и афричка *L2a1k2* (Слика 4.22). Процена старости редефинисане европске подхаплогрупе *L2a1k1* у сагласности је са већ објављеним подацима [128, 255], док је новедефинисана афричка подклада *L2a1k2* знатно млађа од европске (Слика 4.31). Поред доступних комплетних митогенома који су ушли у филогенетску анализу (чешки, словачки, бугарски и српски), на основу транзиције С у Т на позицији 16218 у *HVS-I* региону утврђено је присуство подхаплогрупе *L2a1k1* код још две јединке пореклом из Чешке (*Mitosearch*, <http://www.mitosearch.org>) и Хрватске [198]. Комплетно секвенцирање ових митогенома додатно би побољшало процену старости *L2a1k1* подхаплогрупе. На основу досадашње анализе се може закључити да је подхаплогрупа *L2a1k1* заступљена искључиво у словенским популацијама које насељавају регион око Дунава. Имајући у виду процењену старост, као и географску распрострањеност ове подхаплогрупе, може се претпоставити да је она настала и раширила се у популацијама мезолита или неолитским популацијама које су припадале културама дунавске долине попут Старчевачке, Винчанске и културе линеарнотракасте керамике. Стога је могуће да је подхаплогрупа *L2a1k1* настала на Балканском полуострву и да се дуж Дунава ширила путем ширења неолитских култура. У прилог овој хипотези говоре и антрополошки подаци који указују на присуство негроидних карактеристика код првих фармера у Малој Азији и Македонији [286]. Међутим, да би се са већом сигурношћу могло говорити о пореклу подхаплогрупе *L2a1k1* било би неопходно анализирати мтДНК фармера који су насељавали територију Балканског полуострва током неолита.

Подхаплогрупа *K1a4d* је претежно заступљена у германским популацијама северне и средње Европе (Слика 8.34, Прилог) и стога је вероватно да је настала у

наведеним деловима Европе. Имајући у виду могуће место настанка ове подхаплогрупе, њено присуство у српској популацији је вероватно резултат миграција германских племена (Острогота, Визигота и Гепида) на територију Балканског полуострва, крајем IV и почетком V в.н.е. Поред тога, *PCA* и *MDS* анализе, које су обухватиле све (под)хаплогрупе у анализираним популацијама, показале су блиско груписање популација које говоре германским и словенским језицима, што се може објаснити њиховом географском блискошћу и постепеном асимилацијом у регионима граничења током времена. У прилог генетичкој повезаности наведених група популација говори и налаз заједничких хаплотипова суперхаплогрупе *U* (нпр. *U4a2a*, *U4a2a1*, *U4a2b* и *K1b2a2*) (Слике 8.22 и 8.37, Табела 8.8, Прилог). Процене старости ових подхаплогрупа (од 0.99–6.2 хиљада година) углавном се поклапају са временским оквирима током којих су на територији средње Европе постојале касна неолитска култура линеарне керамике (пре 4.3–5.2 хиљаде година, Слика 5.1) и култура поља са урнама из касног бронзаног доба (пре 2.7–3.3 хиљаде година) [122]. Иако је формулисана хипотеза према којој се култура поља са урнама повезује са прото-словенским популацијама [122], могуће је да су носиоци обе наведене културе имали утицаја у формирању митохондријског генског пула како прото-словенске, тако и прото-германске групе популација средње Европе. Међутим, да би се са сигурношћу могао извести овакав закључак, неопходно је спровести даља, молекуларно генетичка и археолошка истраживања древних популација Европе.

Хаплотипови у оквиру хаплогрупе *U4b1a1a1* распрострањени су широм Медитерана, Блиског истока и Кавказа, при чему је недавно пронађен *U4b1a1a1* хаплотип на територији Немачке код древне јединке која је припадала култури линеарне керамике (Слика 4.32). Старост наведене јединке процењена методом радиоактивног изотопа угљеника  $^{14}\text{C}$  (2473–2348 година п.н.е.) [123] поклапа се са процењеном старошћу наведене подхаплогрупе (2.4–4.1 хиљада година, Табела 4.8). Присуство *U4b1a1a1* подхаплогрупе у савременим популацијама Европе вероватно потиче од древних номада-сточара који су из степа источне Европе пристигли на територије западне Азије/Кавказа, средње Европе и Балканског полуострва током бронзаног доба (Слика 5.1) [287, 288]. У прилог овој тези говоре и генеолошки односи подхаплогрупе *U5a1a1* (Слика 8.27, Прилог). Наиме,

у корену ове подхаплогрупе налазе се четири митогенома детектована у савременим популацијама Немачке и Естоније, као и код два древна узорка из Русије који припадају јамној култури, а чија старост је процењена на 3305–2925 и 3021–2635 година п.н.е. [123]. Новије гране, попут *U5a1a1j*, настале су у Европи, а затим су се прошириле овим континентом. Временски оквир ове експанзије, међутим, остаје недефинисан због контрадикторних процена старости подхаплогрупе *U5a1a1j* (18.4-20.5 хиљада година) и исходне гране *U5a1a1* (6.3-8.6 хиљада година), што је вероватно последица мале величине узорка за подхаплогрупу *U5a1a1j*.

Поред високе заступљености у средњој и источној Европи, подхаплогрупа *U5a1a2a* је присутна и у популацијама Јерменије, Турске и јужног Сибира (Слика 8.28, Прилог). Ова подхаплогрупа је такође присутна и код јединки из древних популација са територије данашње Немачке, које су живеле током касног неолита (узорак *BZH12*; старост око четири хиљаде година), као и популацијама јужног Сибира из периода бронзаног доба (узорак *RISE496*; старост око 3 хиљаде година) [123, 125]. Присуство идентичних хаплотипова ове подхаплогрупе у популацијама Турске и Србије, може се објаснити веома динамичним миграцијама и разменама између европских и азијских популација током бронзаног доба [125]. Међутим, не може се искључити могућност да је до присуства идентичних хаплотипова у овим популацијама дошло услед честих кретања људи са Балканског полуострва у Малу Азију, или у супротном смеру. Ове територије су у више наврата биле под управом великих држава, као што су Хеленске државе, Римско, Византијско и Османлијско царство, што је омогућавало велику мобилност људи по територијама ових старих држава.

Од осталих клада у оквиру подхаплогрупе *U5*, којима је могуће претпоставити место настанка, издваја се релативно млада подхаплогрупа *U5b1a1* (1.3–2.3 хиљаде година) (Слика 4.35). Ова подхаплогрупа је до сада детектована само у словенским популацијама (српска, руска и пољска), иако води порекло од *U5b1a* линије која је највероватније настала у западној Европи јер обухвата хаплотипове установљене код древних јединки са територија данашње Француске (*Berry Au Vac*, [258]) и Луксембурга (*Loschbour*, [115]) старости од око шест и осам хиљада година. Међутим, најновије молекуларно-генетичке анализе древних

јединки са Балканског полуострва, од палеолита до гвозденог доба, могле би да укажу на алтернативно место настанка подхаплогрупе *U5b1a* која је данас присутна у западној, средњој и јужној Европи [106]. На основу анализе варијабилности аутозомних маркера, *Mathieson* и сар. су установили да су древне јединке са територије Сицилије (*Grotta d'Oriente*, хаолотип *U2'3'4'7'8'9*, старости око 14 хиљада година) и данашње Хрватске (Вела шпиља, хаплотип *U5b2b*, старости око осам хиљада година) генетички блиске западноевропским ловцима сакупљачима из налазишта у Луксембургу (*Loschbour*, хаплотип *U5b1a*, старости око осам хиљада година, [115]), Швајцарској (*Bichon*, хаплотип *U5b1h*, старости око 13 хиљада година, [289]) и Италији (*Villabruna*, хаплотип *U5b2b*, старости 14 хиљада година, [290]) [106]. Према *Mathieson* и сар., ови подаци указују на то да су током периода од шест хиљада година (пре 14 до осам хиљада година) западноевропске популације ловаца-сакупљача била распрострањене на великој територији, од Атлантске обале на западу, преко Сицилије на југу, до Балканског полуострва на југоистоку Европе [106]. Претпоставља се да је таква распрострањеност ове групе последица експанзије из глацијалног рефугијума у југоисточној Европи, која је отпочела пре око 15 хиљада година, као и да су се током ове експанзије популације ловаца-сакупљача мешале или потпуно замениле већ постојеће популације у западној Европи [106, 290]. Стога није искључено да је подхаплогрупа *U5b1a* настала на територији југоисточне Европе током мезолита, одакле се проширила Европом.

Процена старости подхаплогрупе *U5b3* (9.7–13.1 хиљада година) добијена у овој студији (Слика 4.36, Табела 4.8) у сагласности је са претходним проценама. Филогенетске анализе су показале да је ова подхаплогрупа највероватније настала на Апенинском полуострву, које је представљало један од глацијалних рефугијума, одакле се током раног холоцена ширила дуж обала Тиренског и Јадранског мора [99]. У српској популацији је детектован хаплотип који у оквиру подхаплогрупе *U5b3* припада новедефинисаној подклади *U5b3j* за коју се претпоставља да је настала на Балканском полуострву (Слика 4.36).

Према *Gonzalez* и сар., подхаплогрупа *U8a* се Европом проширила у два таласа [144]. У првом таласу су носиоци ове подхаплогрупе населили Пиринејско полуострво и средњу Европу, стигавши до Балтичке обале, док су у другом таласу

ширења, које је било јачег интензитета, носиоци подхаплогрупе *U8a1* стигли до Шкотске и Русије, области које данас показују мању генетичку разноврсност ове подхаплогрупе у односу на средњу Европу. Стога би се присуство хаплотипова подхаплогрупе *U8a1a1a2* у западнословенској (чешка) и јужнословенској популацији (српска) (Слика 8.31, Прилог) могло објаснити првим таласом ширења подхаплогрупе *U8a* у средњу Европу или, алтернативно, миграцијама Словена у раном средњем веку.

Подхаплогрупа *U3a1* је данас распрострањена широм Европе. На основу спроведених анализа претпостављено је да је *U3a1* настала у средњој Европи, што је у сагласности са ранијим опажањима *Derenko* и сар. [141]. Корен ове подхаплогрупе је датиран на 5.1-7.4 хиљада година (Слика 8.40, Прилог) и у њему се налазе два митогенома из савремене популације Данске, као и једна секвенца пореклом од јединке која је у средњем неолиту живела на територији данашње Немачке (*Salzmünde, SALZ3B, 3400–3025* година п.н.е., [123]). На основу ових налаза сматра се да се ова подхаплогрупа, током средњег неолита, проширила из средње Европе широм континента, при чему су од ње настале нове линије попут *U3ald* за коју се може претпоставити да је јужноевропског порекла с обзиром да је присутна код особа из јужноевропских популација (шпанска и српска популација) (Слика 8.40, Прилог). Сличан сценарио је могућ и за подкладу *U4b1a1a1a* која је детектована само код две јединке са Балканског полуострва (Слика 4.32), а потекла је од подхаплогрупе *U4b1a1a1* која је вероватно настала у средњој/источној Европи.

Међу хаплотиповима суперхаплогрупе *U* у српској популацији уочене су не само мтДНК линије за које се може претпоставити да су настале у јужној Европи, већ и линије које су највероватније настале на Балканском полуострву. Подхаплогрупа *K1a13a1* је до сада детектована искључиво код становника Босне и Херцеговине, Хрватске и Србије (Слика 4.38), што може указати да је ова мтДНК линија специфична за регион Балканског полуострва и да је највероватније ту и настала. Могућност постојања мтДНК линија специфичних за Балканско полуострво, попут *K1a13a1*, већ је предложена од стране *Kovacevic* и сар. [163]. Такође, у прилог томе говоре и налази *Sarac* и сар. који су дефинисали ретку европску подкладу *X2q1* као специфичну за Балканско полуострво [198].

Сличан закључак би се могао донети и за подхаплогрупе *H6a2b*, *U1a1c2*, *U4c1b1*, *U5b3j* и *K1a4l* које су такође детектоване само у популацијама Балканског полуострва. Ипак, збор малог броја митогенома који припадају овим подхаплогрупама, а доступни су за анализу, извођење поузданих закључака о месту настанка ових подхаплогрупа захтева даље анализе.

Присуство мтДНК линија у српској популацији за које се претпоставља да су настале у јужној Европи (нпр. *H5\** и *U3a1d*) или на самом Балканском полуострву (*H6a2b*, *K1a13a1*, *L2a1k1*, *U5b3j*, *U1a1c2*), могло би се објаснити генетичким доприносом популација које су постојале на Балканском полуострву пре Велике сеобе народа и досељавања Словена и других древних популација. Претпоставка о суделовању аутохтоних популација у формирању генског фонда савремених балканских популација у сагласности је са резултатима *Kushniarevich* и сар. који су на основу анализе варијабилности аутозомних маркера и *Y* хромозома детектовали тзв. „југоисточно-европску“ генетичку компоненту на Балканском полуострву [152]. „Југоисточно-европска“ генетичка компонента означена је као аутохтона за популације Балканског полуострва које су насељавале овај регион пре досељавања Словена. На основу овог налаза, *Kushniarevich* и сар. су закључили да током периода ширења словенских језика на Балканско полуострво, а који се поклапа са периодом Велике сеобе народа, није дошло до значајнијег протока гена и да је ширење словенских језика на Балканско полуострво највероватније последица културолошке асимилације [152].

Поред мтДНК (под)хаплогрупа специфичних за Европу, у српској популацији су детектовани и хаплотипови који су сврстани у подхаплогрупе карактеристичне за азијске популације, *D4* (источна Азија), *HV2* и *N1b* (Блиски исток).

До појаве источноазијских хаплотипова у европским популацијама је највероватније дошло услед веома комплексних односа између популација источне и западне Евроазије током дугог временског периода који се протеже од горњег палеолита до данас [267]. Хаплотипови унутар хаплогрупе *D* су, осим у српској популацији, установљени и у осталим словенским популацијама, попут популација Пољске, Белорусије, Русије, Чешке и Босне и Херцеговине [133, 170, 175, 198, 291, 292], али и у не-словенским популацијама – у Мађарској, Грчкој и



Италији [136, 168, 293]. Претпоставља се да су ови хаплотипови доспели у Европу током средњег века, када су различите популације из средње Азије мигрирале у Европу, након чега су уследиле и велике миграције из средње и источне Европе ка њеним западним и јужним регионима. Према археолошким и историјским подацима, азијске популације, попут Хуна, Авара и Монгола, учествовале су у ратовима у Европи, али и у формирању сталних насебина и сопствених држава [191, 268]. Имајући у виду да су ове азијске популације насељавале Панонску низију и да су током војних похода пролазиле преко Балканског полуострва, могуће је да су утицале и на генетичку структуру тадашњих људских популација са ових простора, што се манифестује присуством појединих клада хаплогрупе *D* у савременим балканским популацијама.

За разлику од хаплотипова који припадају европским подхаплогрупама *HV10* и *HV16*, хаплотип подхаплогрупе *HV2a2* се групише са хаплотиповима који су већином пореклом из западне Азије (на основу филогеографских анализа базираних на секвенцама *HVS-I* и *HVS-II* региона, као и комплетног митогенома). Хаплотип *HV2a2*, који припада блискоисточној подхаплогрупи, а пронађен је у узорку из популације Србије, има полиморфизме у секвенци *HVS-I* региона (и у *HVS-II* код узорака за које постоје подаци) који су идентични полиморфизмима хаплотипова детектованих у хрватској и босанско-херцеговачкој популацији [198, 236, 285]. Вероватно је да подхаплогрупа *HV2a2* у популацијама Балканског полуострва потиче из средњег холоцена, као последица миграција из западне Азије у Европу дуж малоазијско-балканске руте. Истом рутом су на ово подручје могли стићи и већином ирански хаплотипови, као што су *N1a3* и *N3* [170, 211].

Подхаплогрупа *N1b1a*, која је иначе ретка, најчешће се може уочити у популацијама Блиског истока и Кавказа, док је у Европи најфреквентнија у популацијама јужне Европе (Слике 8.19-8.20 и Табела 8.8, Прилог). Хаплотипови сврстани у подхаплогрупу *N1b1* на основу варијација у секвенцама *HVS-I* региона, а у неким случајевима и *HVS-II* региона, детектовани су у популацијама Бугарске, Македоније, Грчке, Италије, али и Немачке и Украјине [169, 212, 238, 271, 294-296]. Имајући у виду процењену старост подхаплогрупе *N1b1a* (14.1-14.9 хиљада година), њену учесталост у јужној Европи (Слике 8.19 и Табела 8.8, Прилог), као и податак да се на Балканском полуострву за подхаплогрупу *N1b* уочавају високе

вредности параметара генетичке разноврсности (разноврсност хаплотипова, нуклеотидна разноврсност и средњи број разлика између парова хаплотипова, Табела 8.12, Прилог), не може се искључити могућност да су предачке мтДНК линије подхаплогрупе *N1b1a* на Балканско полуострво доспеле на сличан начин као и *HV2a2* хаплотипови.

Присуство подхаплогрупа карактеристичних за Блиски исток и Кавказ у српској популацији у сагласности је са налазима *Kovacevic* и сар. који су, на основу аутозомних (*SNP*) и хаплоидних маркера мтДНК и *Y* хромозома, утврдили да се учесталост блискоисточно/кавказке генетичке компоненте благо повећава према јужним и источним деловима западног Балкана [163]. Поред тога, аутори су, анализирајући аутозомне сегменте идентичне по пореклу (*IBD*), установили да постоји већа генетичка сродност између сваке од популација западног Балкана и популације Турске, него између испитиваних популација и осталих популација Блиског истока. Наведени резултат је објашњен повећаном генетичком разменом која је последица географске блискости популација [163].

У овом раду је утврђено да и поједини хаплотипови суперхаплогрупе *U* у српској популацији припадају подхаплогрупама које обухватају и хаплотипове пореклом са Блиског истока и/или Кавказа, као што су *U3a3*, *U5a1a2a*, *K1a2*, *K1b1c*. Овај налаз би се могао објаснити миграцијама које су се одвијале у таласима, током дужег временског периода, од северних понтских степа ка Балканском полуострву, и то почевши од масовних миграција носиоца јамне културе током касног неолита и раног бронзаног доба, па све до миграција Анта у раном средњем веку. Анти су представљали мултиетничку групу сачињену од Сармата, раних Словена и Гота [297].

Доласком номада, носилаца јамне културе, током касног неолита и раног бронзаног доба, на Балканско полуострво [123, 289] у овај регион су могли dospети блискоисточно/кавказки хаплотипови који нису били присутни у популацијама фармера раног и средњег неолита. Миграцијама неолитских фармера преко Мале Азије ка Балканском полуострву у овај регион су могле dospети блискоисточне хаплогрупе типичне за неолитске фармере. Да би се могло утврдити да ли су и које од мтДНК хаплогрупа у савременој популацији Србије и популацијама Блиског истока и Кавказа dospеле на Балканско полуострво

миграцијама током неолита или бронзаног доба, неопходно је проширити постојећу базу података комплетних мтДНК секвенци са подацима о древним популацијама са ових простора.

### **5.5. Чиниоци који су утицали на обликовање савременог митохондријског генског пула српске популације**

Поред тога што је Балканско полуострво представљало глацијални рефугијум током последњег леденог максимума, овај простор је, захваљујући свом положају који повезује Европу са Азијом, био рута миграција људи у различитим временским периодима због чега је динамика популација на овом простору била веома комплексна. Вишеструке колонизације овог простора, миграције из различитих праваца и мешања људи разноврсног популационог порекла, резултовале су тиме да се савремене популације Балканског полуострва одликују веома високим нивоом разноврсности мтДНК. Ова студија је показала да су важне улоге у формирању савременог генског пула популације Србије имала два основна фактора. Први се односи на аутохтоне популације које су насељавале Балканско полуострво пре досељавања Словена и чији је генски фонд садржавао генетичке трагове бројних древних популација из којих су мигранти доспевали на Балкан. Други утицај на повећање генетичког диверзитета српске популације оствариле су касније миграције из словенских и германских популација, током раног средњег века. Дакле, постојање изузетно велике разноврсности мтДНК савремене популације Србије може се објаснити генетичким доприносом како словенских/германских, тако и пре-словенских популација.

## 6. ЗАКЉУЧЦИ

1. Анализа варијабилности кодирајућег, *HVS-I* и *HVS-II* региона мтДНК, која је омогућила сврставање детектованих мтДНК у одговарајуће хаплогрупе/подхаплогрупе, показала је да су у популацији Србије заступљене већином мтДНК хаплогрупе/подхаплогрупе карактеристичне за европске популације. Њихове процењене учесталости налазе се у оквирима учесталости које су карактеристичне и за остале европске популације. Поред тога, установљене су и ретке неевропске подхаплогрупе које су и у већини европских популација заступљене са ниском учесталошћу.
2. У популацији Србије су, на основу варијабилности *HVS-I* региона, детектоване високе вредности параметара генетичког диверзитета. Укључивањем *HVS-II* региона у анализу, вредности свих анализираних параметара генетичке разноврсности су повећане, са изузетком нуклеотидне разноврсности. Добијене мере налазе се у опсегу вредности параметара генетичке разноврсности осталих европских популација.
3. Популација Србије није значајно генетички диференцирана у односу на остале јужнословенске популације и у свим анализама заузима централну позицију између популација које насељавају источни (Македонија и Бугарска) и западни део Балканског полуострва (Босна и Херцеговина, Хрватска и Словенија). Уочени генетички односи су у складу и са географском дистрибуцијом испитиваних популација.
4. Анализиране европске популације груписане су на начин који одговара њиховој географској дистрибуцији, а словенске популације се групишу и у складу са припадношћу одговарајућој језичкој породици. Највећа хетерогеност популација утврђена је у јужнословенској групи. Германске и мађарска популација показују генетички афинитет ка словенским популацијама, што може бити последица повећаног протока гена између наведених група/популација.
5. На Балканском полуострву детектоване су високе вредности параметара генетичке разноврсности ретких мтДНК подхаплогрупа, попут *HV2* и *X2b*.

Стога се Балканско полуострво може сматрати једним од значајних центара разноврсности мтДНК хаплогрупа у којем би се могле очекивати и мтДНК линије специфичне за овај регион јужне Европе. Такав налаз је очекиван узимајући у обзир чињеницу да је Балкан представљао глацијални рефугијум.

6. Највећи проценат *HVS-I* и *HVS-I/HVS-II* хаплотипова српска популација дели са популацијама јужне Европе, и то првенствено са географски блиским популацијама Балканског полуострва које припадају јужнословенској групи. Поред тога, у српској популацији је уочен и значајан проценат приватних хаплотипова.
7. На основу филогенетске и филогеографске анализе комплетних митогенома у српској популацији било је могуће дати прецизније процене времена настанка појединих мтДНК линија у односу на раније налазе, детектовати линије потенцијално специфичне за Балканско полуострво, дати нови увид у порекло и еволуцију појединих мтДНК подхаплогрупа, као и у утицаје различитих миграција на формирање митохондријског генског пула савремене популације Србије.
8. У испитиваном узорку српске популације уочене су мтДНК подхаплогрупе које су највероватније настале у јужној Европи (*H5\**, *U3a1d* и *U4b1a1a1a*), као и оне које су потенцијално специфичне за Балканско полуострво (*K1a13a1*, *H6a2b*, *U1a1c2*, *U4c1b1*, *U5b3j* и *K1a4l*).
9. Српска популација дели одређени број мтДНК подхаплогрупа са источно- и западнословенским популацијама, што подржава претпоставке о заједничком пореклу словенских популација и доприносу миграција Словена у обликовању митохондријског генског пула савремене српске популације.
10. Српска популација дели и одређене мтДНК подхаплогрупе са другим европским популацијама, попут подхаплогрупе *K1a4d* која је претежно заступљена у германским популацијама северне и средње Европе, што би се могло објаснити миграцијама германских племена попут Острогота, Визигота и Гепида, носиоца ове подхаплогрупе, на Балканско полуострво крајем IV и почетком V в.н.е.

11. Хаплотипови који припадају подхаплогрупама *U4a2a*, *U4a2a1*, *U4a2b* и *U4a2g1* присутни су у словенским популацијама и германским популацијама северне и средње Европе, као и у Финској, што указује на њихово могуће средњеевропско порекло. Присуство ових подхаплогрупа у популацијама Балканског полуострва могло би бити последица миграција словенских племена током раног средњег века.
12. Имајући у виду процењену старост, као и географску распрострањеност подхаплогрупе *L2a1k1*, може се претпоставити да је она настала на Балканском полуострву и да се проширила у популацијама мезолита или неолитским популацијама које су припадале културама дунавске долине, попут Старчевачке, Винчанске и културе линеарнотракасте керамике.
13. Подхаплогрупе карактеристичне за азијске популације такође су детектоване у испитиваном узорку српске популације. Присуство подхаплогрупе *D4j8* у српској популацији могло би се повезати са средњевековним војним походима азијских популација (Хуна, Авара и Монгола) по Балканском полуострву и њиховим генетичким упливом у популације које су већ постојале на овом подручју. Присуство подхаплогрупе *HV2a2* у популацијама Балканског полуострва могло би представљати ефекат миграција из западне Азије у Европу дуж малоазијско-балканске руте, током средњег холоцена.
14. У обликовању савременог митохондријског генског пула српске популације важну улогу имале су: а) аутохтоне популације које су насељавале Балканско полуострво пре досељавања Словена и чији је генски фонд садржавао генетичке трагове бројних древних популација из којих су мигранти доспели на Балкан у различитим временским периодима (нпр. носиоци јамне културе) и б) миграције из словенских и германских популација током раног средњег века. Стога се постојање изузетно велике разноврсности мтДНК савремене популације Србије може објаснити генетичким доприносом како словенских/германских тако и пре-словенских популација.

## 7. ЛИТЕРАТУРА

1. Sommer, M., *History in the gene: Negotiations between molecular and organismal anthropology*. J Hist Biol, 2008. **41**(3): p. 473-528.
2. Mourant, A.E. and D.M. Phil, *The Distribution of the Human Blood Groups*. 1954, Oxford: Blackwell Scientific Publications. 438.
3. Menozzi, P., A. Piazza, and L.L. Cavalli-Sforza, *Synthetic maps of human gene frequencies in Europeans*. Science, 1978. **201**(4358): p. 786-92.
4. Jobling, M., M. Hurles, and C. Tyler-Smith, *Human Evolutionary Genetics: Origins, Peoples and Disease*. 2004, New York: Garland Science Publishing.
5. Cann, R., M. Stoneking, and A.C. Wilson, *Mitochondrial DNA and human evolution*. Nature, 1987. **325**(6099): p. 31-6.
6. Lewin, R., *The unmasking of mitochondrial Eve*. Science, 1987. **238**(4823): p. 24-6.
7. Kimura, M., *Evolutionary rate at the molecular level*. Nature, 1968. **217**(5129): p. 624-626.
8. Robin, E.D. and R. Wong, *Mitochondrial DNA molecules and virtual number of mitochondria per cell in mammalian cells*. J Cell Physiol, 1988. **136**(3): p. 507-13.
9. Margulis, L., *Symbiosis in Cell Evolution*. 1981, Boston: Boston University.
10. Attardi, G. and G. Schatz, *Biogenesis of mitochondria*. Annu Rev Cell Biol, 1988. **4**: p. 289-333.
11. Clayton, D.A., *Transcription of the mammalian mitochondrial genome*. Annu Rev Biochem, 1984. **53**: p. 573-94.
12. Lang, B.F., M.W. Gray, and G. Burger, *Mitochondrial genome evolution and the origin of eukaryotes*. Annu Rev Genet, 1999. **33**: p. 351-397.
13. Bensasson, D., et al., *Mitochondrial pseudogenes: evolution's misplaced witnesses*. Trends Ecol Evol, 2001. **16**(6): p. 314-321.
14. Anderson, S., et al., *Sequence and organization of the human mitochondrial genome*. Nature, 1981. **290**(5806): p. 457-65.
15. van Oven, M., *PhyloTree Build 17: Growing the human mitochondrial DNA tree*. Forensic Sci Int Genet: Genetics Supplement Series, 2015. **5**: p. e392–e394.
16. van Oven, M. and M. Kayser, *Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation*. Hum Mutat, 2009. **30**(2): p. E386-94.
17. Brown, T.A., et al., *Replication of mitochondrial DNA occurs by strand displacement with alternative light-strand origins, not via a strand-coupled mechanism*. Genes Dev, 2005. **19**(20): p. 2466-76.
18. Clayton, D.A., *Transcription and replication of mitochondrial DNA*. Hum Reprod, 2000. **15 Suppl 2**: p. 11-7.
19. Shadel, G.S. and D.A. Clayton, *Mitochondrial DNA maintenance in vertebrates*. Annu Rev Biochem, 1997. **66**: p. 409-35.
20. Tanaka, M. and T. Ozawa, *Strand asymmetry in human mitochondrial DNA mutations*. Genomics, 1994. **22**(2): p. 327-35.
21. Lindahl, T., *Instability and decay of the primary structure of DNA*. Nature, 1993. **362**(6422): p. 709-15.

22. Bandelt, H.J., et al., *Estimation of mutation rates and coalescence times: some caveats*. Human Mitochondrial DNA and the Evolution of Homo Sapiens, ed. H.J. Bandelt, M.B. Richards, and V. Macaulay. Vol. 18. 2006, Berlin: Springer-Verlag.
23. Brown, W.M., M.J. George, and A.C. Wilson, *Rapid evolution of animal mitochondrial DNA*. Proc Natl Acad Sci USA, 1979. **76**(4): p. 1967-71.
24. Howell, N., et al., *Relative rates of evolution in the coding and control regions of African mtDNAs*. Mol Biol Evol, 2007. **24**(10): p. 2213-2221.
25. Pakendorf, B. and M. Stoneking, *Mitochondrial DNA and human evolution*. Annu Rev Genom Hum G, 2005. **6**: p. 165-183.
26. Hasegawa, M., et al., *Toward a more accurate time scale for the human mitochondrial DNA tree*. J Mol Evol, 1993. **37**(4): p. 347-54.
27. Meyer, S., G. Weiss, and A. von Haeseler, *Pattern of nucleotide substitution and rate heterogeneity in the hypervariable regions I and II of human mtDNA*. Genetics, 1999. **152**(3): p. 1103-10.
28. Soares, P., et al., *Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock*. Am J Hum Genet, 2009. **84**(6): p. 740-59.
29. Pereira, L., et al., *Comparing phylogeny and the predicted pathogenicity of protein variations reveals equal purifying selection across the global human mtDNA diversity*. Am J Hum Genet, 2011. **88**(4): p. 433-9.
30. Li, M., et al., *Extensive tissue-related and allele-related mtDNA heteroplasmy suggests positive selection for somatic mutations*. Proc Natl Acad Sci U S A, 2015. **112**(8): p. 2491-6.
31. Kivisild, T., *Maternal ancestry and population history from whole mitochondrial genomes*. Investig Genet, 2015. **6**: p. 3.
32. Li, M., et al., *Detecting heteroplasmy from high-throughput sequencing of complete human mitochondrial DNA genomes*. Am J Hum Genet, 2010. **87**(2): p. 237-49.
33. Ramos, A., et al., *Frequency and pattern of heteroplasmy in the complete human mitochondrial genome*. PLoS ONE, 2013. **8**(10): p. e74636.
34. Bendall, K.E. and B.C. Sykes, *Length heteroplasmy in the first hypervariable segment of the human mtDNA control region*. Am J Hum Genet, 1995. **57**(2): p. 248-56.
35. Stoneking, M., *Hypervariable sites in the mtDNA control region are mutational hotspots*. Am J Hum Genet, 2000. **67**(4): p. 1029-1032.
36. Avise, J.C., *Phylogeography: the history and formation of species*. 2000, Cambridge, MA: Harvard University Press.
37. Kayser, M., et al., *Reduced Y-chromosome, but not mitochondrial DNA, diversity in human populations from West New Guinea*. Am J Hum Genet, 2003. **72**(2): p. 281-302.
38. Wilder, J.A., Z. Mobasher, and M.F. Hammer, *Genetic evidence for unequal effective population sizes of human females and males*. Mol Biol Evol, 2004. **21**(11): p. 2047-2057.
39. Oota, H., et al., *Human mtDNA and Y-chromosome variation is correlated with matrilineal versus patrilineal residence*. Nat Genet, 2001. **29**(1): p. 20-21.
40. Wilder, J.A., et al., *Global patterns of human mitochondrial DNA and Y-chromosome structure are not influenced by higher migration rates of females versus males*. Nat Genet, 2004. **36**(10): p. 1122-5.



41. Bamshad, M.J., et al., *Female gene flow stratifies Hindu castes*. Nature, 1998. **395**(6703): p. 651-652.
42. Wooding, S., et al., *Directional migration in the Hindu castes: inferences from mitochondrial, autosomal and Y-chromosomal data*. Hum Genet, 2004. **115**(3): p. 221-229.
43. Brotherton, P., et al., *Neolithic mitochondrial haplogroup H genomes and the genetic origins of Europeans*. Nat Commun, 2013. **4**: p. 1764.
44. Haak, W., et al., *Ancient DNA from European early neolithic farmers reveals their near eastern affinities*. PLoS Biol, 2010. **8**(11): p. e1000536.
45. Hervella, M., et al., *Ancient DNA from Hunter-Gatherer and Farmer Groups from Northern Spain Supports a Random Dispersion Model for the Neolithic Expansion into Europe*. PLoS ONE, 2012. **7**(4): p. e34417.
46. Malmstrom, H., et al., *Ancient mitochondrial DNA from the northern fringe of the Neolithic farming expansion in Europe sheds light on the dispersion process*. Philos T R Soc B, 2015. **370**(1660).
47. Gill, P., et al., *Identification of the remains of the Romanov family by DNA analysis*. Nat Genet, 1994. **6**(2): p. 130-5.
48. Brown, W.M., *Polymorphism in mitochondrial DNA of humans as revealed by restriction endonuclease analysis*. Proc Natl Acad Sci USA, 1980. **77**(6): p. 3605-3609.
49. Torroni, A., et al., *Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs*. Am J Hum Genet, 1993. **53**(3): p. 563-90.
50. Andrews, R.M., et al., *Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA*. Nat Genet, 1999. **23**(2): p. 147.
51. Zuckerkandl, E. and L.B. Pauling, *Molecular disease, evolution, and genetic heterogeneity*. Horizons in Biochemistry, ed. M. Kasha and B. Pullman. 1962, New York: Academic Press.
52. Kimura, M., *The Neutral Theory of Molecular Evolution*. 1983, Cambridge: Cambridge University Press.
53. Elson, J.L., D.M. Turnbull, and N. Howell, *Comparative genomics and the evolution of human mitochondrial DNA: assessing the effects of selection*. Am J Hum Genet, 2004. **74**(2): p. 229-38.
54. Kivisild, T., et al., *The role of selection in the evolution of human mitochondrial genomes*. Genetics, 2006. **172**(1): p. 373-87.
55. Ruiz-Pesini, E. and D.C. Wallace, *Evidence for adaptive selection acting on the tRNA and rRNA genes of human mitochondrial DNA*. Hum Mutat, 2006. **27**(11): p. 1072-81.
56. Howell, N., et al., *African haplogroup L mtDNA sequences show violations of clock-like evolution*. Mol Biol Evol, 2004. **21**(10): p. 1843-1854.
57. Nachman, M.W., et al., *Nonneutral mitochondrial DNA variation in humans and chimpanzees*. Genetics, 1996. **142**(3): p. 953-63.
58. Torroni, A., et al., *Do the four clades of the mtDNA haplogroup L2 evolve at different rates?* Am J Hum Genet, 2001. **69**(6): p. 1348-56.
59. Forster, P., et al., *Origin and evolution of native American mtDNA variation: A reappraisal*. Am J Hum Genet, 1996. **59**(4): p. 935-945.
60. Saillard, J., et al., *mtDNA variation among Greenland Eskimos: The edge of the Beringian expansion*. Am J Hum Genet, 2000. **67**(3): p. 718-726.

61. Mishmar, D., et al., *Natural selection shaped regional mtDNA variation in humans*. Proc Natl Acad Sci U S A, 2003. **100**(1): p. 171-6.
62. Perego, U.A., et al., *Distinctive Paleo-Indian migration routes from Beringia marked by two rare mtDNA haplogroups*. Curr Biol, 2009. **19**(1): p. 1-8.
63. Ho, S.Y., et al., *Time dependency of molecular rate estimates and systematic overestimation of recent divergence times*. Mol Biol Evol, 2005. **22**(7): p. 1561-8.
64. Johanson, D. and A.E. Maitland, *Lucy: The Beginning of Humankind*. 1981, St Albans: Granada.
65. McDougall, I., F.H. Brown, and J.G. Fleagle, *Stratigraphic placement and age of modern humans from Kibish, Ethiopia*. Nature, 2005. **433**(7027): p. 733-736.
66. Trinkaus, E., *Femoral neck-shaft angles of the Qafzeh-Skhul early modern humans, and activity levels among immature Near Eastern Middle Paleolithic hominids*. J Hum Evol, 1993. **25**(5): p. 393-416.
67. Liu, W., et al., *The earliest unequivocally modern humans in southern China*. Nature, 2015. **526**(7575): p. 696-699.
68. Trinkaus, E., et al., *An early modern human from the Pestera cu Oase, Romania*. Proc Natl Acad Sci U S A, 2003. **100**(20): p. 11231-6.
69. Henn, B.M., L.L. Cavalli-Sforza, and M.W. Feldman, *The great human expansion*. Proc Natl Acad Sci U S A, 2012. **109**(44): p. 17758-17764.
70. Trinkaus, E., et al., *Early modern human cranial remains from the Pestera cu Oase, Romania*. J Hum Evol, 2003. **45**(3): p. 245-253.
71. Bar-Josef, O., *The Middle and early Upper Paleolithic in Southwest Asia and neighboring regions*. The Geography of Neandertals and Modern Humans in Europe and the Greater Mediterranean, ed. O. Bar-Josef and D. Pilbeam. 2000, Cambridge: MA: Peabody Museum Press.
72. Hodgson, J.A., C.M. Bergey, and T.R. Disotell, *Neandertal genome: the ins and outs of African genetic diversity*. Curr Biol, 2010. **20**(12): p. R517-9.
73. Klein, R., *The Human Career: Human Biological and Cultural Origins*. 2009, Chicago: Univ Chicago Press.
74. McBrearty, S. and A.S. Brooks, *The revolution that wasn't: a new interpretation of the origin of modern human behavior*. J Hum Evol, 2000. **39**(5): p. 453-563.
75. Klein, R., *Paleoanthropology. Whither the Neanderthals?* Science, 2003. **299**(5612): p. 1525-7.
76. DeGiorgio, M., M. Jakobsson, and N.A. Rosenberg, *Out of Africa: modern human origins special feature: explaining worldwide patterns of human genetic variation using a coalescent-based serial founder model of migration outward from Africa*. Proc Natl Acad Sci U S A, 2009. **106**(38): p. 16057-62.
77. Ramachandran, S., et al., *Support from the relationship of genetic and geographic distance in human populations for a serial founder effect originating in Africa*. Proc Natl Acad Sci U S A, 2005. **102**(44): p. 15942-7.
78. Amos, W. and J.I. Hoffman, *Evidence that two main bottleneck events shaped modern human genetic diversity*. Proc Biol Sci, 2010. **277**(1678): p. 131-137.
79. McEvoy, B.P., et al., *Human population dispersal "Out of Africa" estimated from linkage disequilibrium and allele frequencies of SNPs*. Genome Res, 2011. **21**(6): p. 821-829.

80. Underhill, P.A. and T. Kivisild, *Use of Y chromosome and mitochondrial DNA population structure in tracing human migrations*. *Annu Rev Genet*, 2007. **41**: p. 539-564.
81. Wallace, D.C., *Bioenergetics in human evolution and disease: implications for the origins of biological complexity and the missing genetic variation of common diseases*. *Philos T R Soc B*, 2013. **368**(1622).
82. Wallace, D.C. and D. Chalkia, *Mitochondrial DNA Genetics and the Heteroplasmy Conundrum in Evolution and Disease*. Cold Spring Harbor Perspectives in Biology, 2013. **5**(11).
83. Lott, M.T., et al., *mtDNA Variation and Analysis Using Mitomap and Mitomaster*. *Curr Protoc Bioinformatics*, 2013. **44**: p. 1 23 1-26.
84. Ruiz-Pesini, E., et al., *An enhanced MITOMAP with a global mtDNA mutational phylogeny*. *Nucleic Acids Res*, 2007. **35**: p. D823-D828.
85. Richards, M., et al., *A Model for the Dispersal of Modern Humans out of Africa*. Human Mitochondrial DNA and the Evolution of Homo sapiens. *Nucleic Acids and Molecular Biology*, ed. H.J. Bandelt, V. Macaulay, and M. Richards. Vol. 18. 2006, Berlin, Heidelberg: Springer.
86. Bilton, D.T., et al., *Mediterranean Europe as an area of endemism for small mammals rather than a source for northwards postglacial colonization*. *Proc Biol Sci*, 1998. **265**(1402): p. 1219-1226.
87. Hewitt, G., *The genetic legacy of the Quaternary ice ages*. *Nature*, 2000. **405**(6789): p. 907-13.
88. Hewitt, G.M., *Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation*. *Biol J Linn Soc*, 1996. **58**(3): p. 247-276.
89. Stewart, J.R., et al., *Refugia revisited: individualistic responses of species in space and time*. *Proc Biol Sci*, 2010. **277**(1682): p. 661-671.
90. Stewart, J.R. and C.B. Stringer, *Human Evolution Out of Africa: The Role of Refugia and Climate Change*. *Science*, 2012. **335**(6074): p. 1317-1321.
91. Stringer, C., *The Origin of Our Species*. 2011, London: Allen Lane.
92. Benazzi, S., et al., *Early dispersal of modern humans in Europe and implications for Neanderthal behaviour*. *Nature*, 2011. **479**(7374): p. 525-U249.
93. Higham, T., et al., *The earliest evidence for anatomically modern humans in northwestern Europe*. *Nature*, 2011. **479**(7374): p. 521-4.
94. Dolukhanov, P., *Foraging and farming groups in north-eastern and north-western Europe: identity and interaction*. *Cultural Transformations and Interactions in Eastern Europe*, ed. J. Chapman and P. Dolukhanov. 1993, Aldershot: Avebury.
95. Gamble, C., et al., *The Archaeological and Genetic Foundations of the European Population during the Late Glacial: Implications for 'Agricultural Thinking'*. *Cambridge Archaeological Journal*, 2005. **15**(2): p. 193-223.
96. Gamble, C., et al., *Climate change and evolving human diversity in Europe during the last glacial*. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 2004. **359**(1442): p. 243-53; discussion 253-4.
97. Achilli, A., et al., *The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool*. *Am J Hum Genet*, 2004. **75**(5): p. 910-8.
98. Torroni, A., et al., *A signal, from human mtDNA, of postglacial recolonization in Europe*. *Am J Hum Genet*, 2001. **69**(4): p. 844-52.

99. Pala, M., et al., *Mitochondrial haplogroup U5b3: a distant echo of the epipaleolithic in Italy and the legacy of the early Sardinians*. *Am J Hum Genet*, 2009. **84**(6): p. 814-21.
100. Olivieri, A., et al., *Mitogenomes from Two Uncommon Haplogroups Mark Late Glacial/Postglacial Expansions from the Near East and Neolithic Dispersals within Europe*. *PLoS ONE*, 2013. **8**(7):p. e70492.
101. Pala, M., et al., *Mitochondrial DNA signals of late glacial recolonization of Europe from near eastern refugia*. *Am J Hum Genet*, 2012. **90**(5): p. 915-24.
102. Martin, K. and J. Sauerborn, *Agroecology*. 2013, Dordrecht: Springer.
103. Bellwood, P., *First Farmers: The Origins of Agricultural Societies*. 2004: Wiley-Blackwell.
104. Demoule, J.P. and C. Perles, *The Greek Neolithic: A New Review*. *J World Prehist*, 1993. **7**(4): p. 355-416.
105. Price, T.D., *Europe's First Farmers*. 2000, Cambridge: Cambridge University Press.
106. Mathieson, I., et al., *The Genomic History Of Southeastern Europe*. *Nature*, 2018. **555**(7695): p. 197-203.
107. Ammerman, A. and L.L. Cavalli-Sforza, *The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe*. 1984, Princeton: Princeton University Press.
108. Chikhi, L., et al., *Y genetic data support the Neolithic demic diffusion model*. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2002. **99**(17): p. 11008-11013.
109. Battaglia, V., et al., *Y-chromosomal evidence of the cultural diffusion of agriculture in Southeast Europe*. *Eur J Hum Genet*, 2009. **17**(6): p. 820-30.
110. Zvelebil, M. and K. Zvelebil, *Agricultural transition and Indo-European dispersals*. *Antiquity*, 1988. **62**(236): p. 574-583.
111. Fort, J., *Demic and cultural diffusion propagated the Neolithic transition across different regions of Europe*. *J R Soc Interface*, 2015. **12**(106).
112. Sampietro, M.L., et al., *Palaeogenetic evidence supports a dual model of Neolithic spreading into Europe*. *Proc Biol Sci*, 2007. **274**(1622): p. 2161-2167.
113. Bollongino, R., et al., *2000 years of parallel societies in Stone Age Central Europe*. *Science*, 2013. **342**(6157): p. 479-81.
114. Bramanti, B., et al., *Genetic Discontinuity Between Local Hunter-Gatherers and Central Europe's First Farmers*. *Science*, 2009. **326**(5949): p. 137-140.
115. Fu, Q., et al., *A revised timescale for human evolution based on ancient mitochondrial genomes*. *Curr Biol*, 2013. **23**(7): p. 553-9.
116. Malmstrom, H., et al., *Ancient DNA Reveals Lack of Continuity between Neolithic Hunter-Gatherers and Contemporary Scandinavians*. *Curr Biol*, 2009. **19**(20): p. 1758-1762.
117. Pinhasi, R., et al., *The genetic history of Europeans*. *Trends Genet*, 2012. **28**(10): p. 496-505.
118. Skoglund, P., et al., *Origins and Genetic Legacy of Neolithic Farmers and Hunter-Gatherers in Europe*. *Science*, 2012. **336**(6080): p. 466-469.
119. Brandt, G., et al., *Ancient DNA Reveals Key Stages in the Formation of Central European Mitochondrial Genetic Diversity*. *Science*, 2013. **342**(6155): p. 257-261.
120. Brandt, G., et al., *Human paleogenetics of Europe - The known knowns and the known unknowns*. *J Hum Evol*, 2015. **79**: p. 73-92.

121. Gimbutas, M., *The Indo-Europeanization of Europe: the intrusion of steppe pastoralists from south Russia and the transformation of Old Europe*. Word, 1993. **44**: p. 205-222.
122. Mallory, J.P. and D.Q. Adams, *Encyclopedia of Indo-European Culture*, ed. J.P. Mallory and D.Q. Adams. 1997, Chicago: Fitzroy Dearborn Publishers. 855.
123. Haak, W., et al., *Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe*. Nature, 2015. **522**(7555): p. 207-211.
124. Szecsenyi-Nagy, A., et al., *Tracing the genetic origin of Europe's first farmers reveals insights into their social organization*. Proc Biol Sci, 2015. **282**(1805).
125. Allentoft, M.E., et al., *Population genomics of Bronze Age Eurasia*. Nature, 2015. **522**(7555): p. 167-172.
126. Ralph, P. and G. Coop, *The geography of recent genetic ancestry across Europe*. PLoS Biol, 2013. **11**(5): p. e1001555.
127. Hellenthal, G., et al., *A Genetic Atlas of Human Admixture History*. Science, 2014. **343**(6172): p. 747-751.
128. Cerezo, M., et al., *Reconstructing ancient mitochondrial DNA links between Africa and Europe*. Genome Res, 2012. **22**(5): p. 821-6.
129. Cerny, V., et al., *Internal Diversification of Mitochondrial Haplogroup R0a Reveals Post-Last Glacial Maximum Demographic Expansions in South Arabia*. Mol Biol Evol, 2011. **28**(1): p. 71-78.
130. Fernandes, V., et al., *The Arabian cradle: mitochondrial relicts of the first steps along the southern route out of Africa*. Am J Hum Genet, 2012. **90**(2): p. 347-55.
131. Gandini, F., et al., *Mapping human dispersals into the Horn of Africa from Arabian Ice Age refugia using mitogenomes*. Sci Rep, 2016. **6**:p. 25472.
132. Kong, Q.P., et al., *Updating the East Asian mtDNA phylogeny: a prerequisite for the identification of pathogenic mutations*. Hum Mol Genet, 2006. **15**(13): p. 2076-2086.
133. Mielnik-Sikorska, M., et al., *The history of Slavs inferred from complete mitochondrial genome sequences*. PLoS ONE, 2013. **8**(1): p. e54360.
134. Finnila, S., M.S. Lehtonen, and K. Majamaa, *Phylogenetic network for European mtDNA*. Am J Hum Genet, 2001. **68**(6): p. 1475-1484.
135. Macaulay, V., et al., *The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs*. Am J Hum Genet, 1999. **64**(1): p. 232-49.
136. Richards, M., et al., *Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool*. Am J Hum Genet, 2000. **67**(5): p. 1251-76.
137. Torroni, A., et al., *mtDNA analysis reveals a major late Paleolithic population expansion from southwestern to northeastern Europe*. Am J Hum Genet, 1998. **62**(5): p. 1137-52.
138. Loogvali, E.L., et al., *Disuniting uniformity: a pied cladistic canvas of mtDNA haplogroup H in Eurasia*. Mol Biol Evol, 2004. **21**(11): p. 2012-21.
139. Soares, P., et al., *The archaeogenetics of Europe*. Curr Biol, 2010. **20**(4): p. R174-83.
140. Quintana-Murci, L., et al., *Where west meets east: The complex mtDNA landscape of the southwest and Central Asian corridor*. Am J Hum Genet, 2004. **74**(5): p. 827-845.

141. Derenko, M., et al., *Western Eurasian ancestry in modern Siberians based on mitogenomic data*. BMC Evol Biol, 2014. **14**: p. 217.
142. Secher, B., et al., *The history of the North African mitochondrial DNA haplogroup U6 gene flow into the African, Eurasian and American continents*. BMC Evol Biol, 2014. **14**.
143. Sahakyan, H., et al., *Origin and spread of human mitochondrial DNA haplogroup U7*. Sci Rep, 2017. **7**.
144. Gonzalez, A.M., et al., *The mitochondrial lineage U8a reveals a Paleolithic settlement in the Basque country*. BMC Genomics, 2006. **7**: p. 124.
145. Costa, M.D., et al., *A substantial prehistoric European ancestry amongst Ashkenazi maternal lineages*. Nat Commun, 2013. **4**: p. 2543.
146. Reidla, M., et al., *Origin and diffusion of mtDNA haplogroup X*. Am J Hum Genet, 2003. **73**(5): p. 1178-1190.
147. *World Population Prospects: The 2015 Revision*. UN — Department of Economic and Social Affairs.
148. Novotna, P. and B. Vaclav, *Glottochronology and its application to the Balto-Slavic languages*. Baltistica, 2007. **42**(2; 3): p. 185–210; 323–346.
149. Bouckaert, R., et al., *Mapping the Origins and Expansion of the Indo-European Language Family*. Science, 2012. **337**(6097): p. 957-960.
150. Rexova, K., D. Frynta, and J. Zrzavy, *Cladistic analysis of languages: Indo-European classification based on lexicostatistical data*. Cladistics, 2003. **19**(2): p. 120-127.
151. Gray, R.D. and Q.D. Atkinson, *Language-tree divergence times support the Anatolian theory of Indo-European origin*. Nature, 2003. **426**(6965): p. 435-439.
152. Kushniarevich, A., et al., *Genetic Heritage of the Balto-Slavic Speaking Populations: A Synthesis of Autosomal, Mitochondrial and Y-Chromosomal Data*. PLoS ONE, 2015. **10**(9): p. e0135820.
153. Barford, P., *The early Slavs: culture and society in early medieval Eastern Europe*. 2001, Ithaca NY: Cornell University Press.
154. Curta, F., *The making of the Slavs. History and archaeology of the Lower Danube Region, ca. 500–700*. Cambridge studies in medieval life and thought Fourth series. Vol. 52. 2001, Cambridge: Cambridge University Press. 463.
155. Kaczanowski, P. and M. Parczewski. *Archaeology on the origins of the Slavs*. 2001. Cracow: Academic Library.
156. Mallory, J.P., *In search of the Indo-Europeans: language, archaeology, and myth*. 1989, New York: Thames and Hudson.
157. Buko, A., *The Archaeology of Early Medieval Poland: Discoveries – Hypotheses – Interpretations*. East Central and Eastern Europe in the Middle Ages, 450-1450. Vol. 1. 2007, Leiden, Boston: Brill.
158. Kostrzewski, J., W. Chmielewski, and K. Jazdzewski, *Pradzieje Polski [The prehistory of Poland]*. 1965, Wroclaw-Warszawa-Krakow: Zakład Narodowy imienia Ossolińskich (In Polish).
159. Sedov, V.V., *Proishozhdenie I rannyya istoriya slavian [Origin and early history of Slavs]*. 1979, Moskva: Nauka (In Russian).
160. Godlowski K., *The first settlements of the Slavs*. 2000, Cracow: Institute of Archeology, Jagiellonian University.
161. Heather, P., *Empires and Barbarians: The Fall of Rome and the Birth of Europe*. 2010, Oxford: Oxford University Press.

162. Sedov, V.V., *Slaviane: Istoriko-arheologicheskoe issledovanie [Slavs: Historical and archaeological study]*. 2002, Moskva: Yazyki slavianskoi kultury (In Russian).
163. Kovacevic, L., et al., *Standing at the Gateway to Europe - The Genetic Structure of Western Balkan Populations Based on Autosomal and Haploid Markers*. PLoS ONE, 2014. **9**(8): p. e105090.
164. Malyarchuk, B., et al., *Mitochondrial DNA phylogeny in Eastern and Western Slavs*. Mol Biol Evol, 2008. **25**(8): p. 1651-8.
165. Malyarchuk, B.A., *Differentiation and genetic position of Slavs among Eurasian ethnic groups as inferred from variation in mitochondrial DNA*. Russ J Genet, 2001. **37**(12): p. 1437-1443.
166. Rebala, K., et al., *Y-STR variation among Slavs: evidence for the Slavic homeland in the middle Dnieper basin*. J Hum Genet, 2007. **52**(5): p. 406-414.
167. Juras, A., et al., *Ancient DNA Reveals Matrilineal Continuity in Present-Day Poland over the Last Two Millennia*. PLoS ONE, 2014. **9**(10): p. e110839.
168. Achilli, A., et al., *Mitochondrial DNA variation of modern Tuscans supports the near eastern origin of Etruscans*. Am J Hum Genet, 2007. **80**(4): p. 759-768.
169. Karachanak, S., et al., *Bulgarians vs the other European populations: a mitochondrial DNA perspective*. Int J Legal Med, 2012. **126**(4): p. 497-503.
170. Kushniarevich, A., et al., *Uniparental genetic heritage of belarusians: encounter of rare middle eastern matrilineages with a central European mitochondrial DNA pool*. PLoS ONE, 2013. **8**(6): p. e66499.
171. Sarac, J., et al., *Influence of evolutionary forces and demographic processes on the genetic structure of three Croatian populations: a maternal perspective*. Ann Hum Biol, 2012. **39**(2): p. 143-55.
172. Tomory, G., et al., *Comparison of maternal lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations*. Am J Phys Anthropol, 2007. **134**(3): p. 354-68.
173. Balanovsky, O., et al., *Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context*. Am J Hum Genet, 2008. **82**(1): p. 236-250.
174. Morozova, I., et al., *Russian ethnic history inferred from mitochondrial DNA diversity*. Am J Phys Anthropol, 2012. **147**(3): p. 341-351.
175. Grzybowski, T., et al., *Complex interactions of the Eastern and Western Slavic populations with other European groups as revealed by mitochondrial DNA analysis*. Forensic Sci Int Genet, 2007. **1**(2): p. 141-7.
176. Hofmanova, Z., et al., *Early farmers from across Europe directly descended from Neolithic Aegeans*. Proc Natl Acad Sci USA, 2016. **113**(25): p. 6886-91.
177. Richards, M., et al., *Paleolithic and neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool - Reply*. Am J Hum Genet, 1997. **61**(1): p. 251-254.
178. Sirakov, N., et al., *An ancient continuous human presence in the Balkans and the beginnings of human settlement in western Eurasia: A Lower Pleistocene example of the Lower Palaeolithic levels in Kozarnika cave (North-western Bulgaria)*. Quatern Int, 2010. **223**: p. 94-106.
179. Malez, M., et al., *Upper Pleistocene hominids from Vindija, Croatia, Yugoslavia*. Curr Anthropol, 1980. **21**: p. 365-367.
180. Serre, D., et al., *No evidence of neandertal mtDNA contribution to early modern humans*. PLoS Biol, 2004. **2**(3): p. 313-317.

181. Green, R.E., et al., *The Neandertal genome and ancient DNA authenticity*. Embo Journal, 2009. **28**(17): p. 2494-2502.
182. Noonan, J.P., et al., *Sequencing and analysis of Neanderthal genomic DNA*. Science, 2006. **314**(5802): p. 1113-1118.
183. Wolpoff, M., et al., *Upper Pleistocene Human Remains From Vindija Cave, Croatia, Yugoslavia*. Am J Phys Anthropol, 1981. **54**: p. 499-545.
184. Kozłowski, J.K. and M. Otte, *The formation of the Aurignacian in Europe*. J Anthropol Res, 2000. **56**(4): p. 513-534.
185. Churchill, S.E. and F.H. Smith, *Makers of the early Aurignacian of Europe*. Yearb Phys Anthropol, Vol 43 2000, 2000. **43**: p. 61-115.
186. Tallavaara, M., et al., *Human population dynamics in Europe over the Last Glacial Maximum*. Proc Natl Acad Sci U S A, 2015. **112**(27): p. 8232-8237.
187. Rootsi, S., et al., *Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I reveals distinct domains of prehistoric gene flow in Europe*. Am J Hum Genet, 2004. **75**(1): p. 128-37.
188. Semino, O., et al., *The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective*. Science, 2000. **290**(5494): p. 1155-9.
189. Chapman, J., *Fragmentation in Archaeology: People, Places, and Broken Objects in the prehistory of South Eastern Europe*. 2000, London: Routledge. 297.
190. Garašanin, M., *The Bronze Age in the Central Balkan Area*, in *The Prehistory of the Balkans, the Middle East and the Aegean world, tenth to eighth centuries B.C.*, J. Boardman, et al., Editors. 1982, Cambridge University Press: Cambridge. p. 75-186.
191. Ostrogorski, G., *Istorija Vizantije*. Vol. 75. 1998, Belgrade: Narodna Knjiga Alfa. 593.
192. Wilkes, J., *The Illyrians*. The peoples of Europe. 1996, Oxford: Wiley-Blackwell. 351.
193. Živković, T., *South Slavs under the Byzantine rule (600-1025)*. Monographs. Vol. 38. 2002, Belgrade: Institute of History. 512.
194. Novaković, R., *Gde se nalazila Srbija od VII do XII veka*. 1981, Belgrade: Narodna Knjiga. 415.
195. Stanojević, S., *Istorija srpskoga naroda*. 1926, Belgrade: Izdavačka Knjižarnica Napredak. 431.
196. Ćorović, V., *Ilustrovana istorija Srba*. Vol. I. 2005, Beograd: Politika-Narodna Knjiga.
197. Cvjetan, S., et al., *Frequencies of mtDNA haplogroups in southeastern Europe--Croatians, Bosnians and Herzegovinians, Serbians, Macedonians and Macedonian Romani*. Coll Antropol, 2004. **28**(1): p. 193-8.
198. Sarac, J., et al., *Maternal genetic heritage of Southeastern Europe reveals a new Croatian isolate and a novel, local sub-branching in the x2 haplogroup*. Ann Hum Genet, 2014. **78**(3): p. 178-94.
199. Pericic, M., et al., *High-resolution phylogenetic analysis of southeastern Europe traces major episodes of paternal gene flow among Slavic populations*. Mol Biol Evol, 2005. **22**(10): p. 1964-75.
200. Balaesque, P., et al., *A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages*. PLoS Biol, 2010. **8**(1).



201. Regueiro, M., et al., *High levels of Paleolithic Y-chromosome lineages characterize Serbia*. *Gene*, 2012. **498**(1): p. 59-67.
202. Salas, A., et al., *MtDNA analysis of the Galician population: A genetic edge of European variation*. *Eur J Hum Genet*, 1998. **6**(4): p. 365-375.
203. Zgonjanin, D., et al., *Sequence polymorphism of the mitochondrial DNA control region in the population of Vojvodina Province, Serbia*. *Legal Med*, 2010. **12**(2): p. 104-107.
204. Cao, W., et al., *Comparison of methods for DNA extraction from paraffin-embedded tissues and buccal cells*. *Cancer Detect Prev*, 2003. **27**(5): p. 397-404.
205. Kovacevic Grujicic, N., et al., *Direct PCR amplification of HVSI region of mitochondrial DNA from buccal cell swabs*. *Arch Biol Sci*, 2012. **64**(3): p. 851-858.
206. Quinque, D., et al., *Evaluation of saliva as a source of human DNA for population and association studies*. *Anal Biochem*, 2006. **353**(2): p. 272-7.
207. Vigilant, L., et al., *African populations and the evolution of human mitochondrial DNA*. *Science*, 1991. **253**(5027): p. 1503-7.
208. Kocher, T.D., et al., *Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers*. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 1989. **86**(16): p. 6196-200.
209. Kocher TD, W.A., *Sequence evolution of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees: control region and a protein-coding region*. In: *Evolution of Life: Fossils, Molecules and Culture*, ed. O. SHT. 1991, Tokyo: Springer Verlag.
210. Vigilant, L., et al., *Mitochondrial DNA sequences in single hairs from a southern African population*. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 1989. **86**(23): p. 9350-4.
211. Davidovic, S., et al., *Mitochondrial DNA perspective of Serbian genetic diversity*. *Am J Phys Anthropol*, 2015. **156**(3): p. 449-65.
212. Turchi, C., et al., *Italian mitochondrial DNA database: results of a collaborative exercise and proficiency testing*. *Int J Legal Med*, 2008. **122**(3): p. 199-204.
213. Montiel, R., A. Malgosa, and P. Francalacci, *Authenticating ancient human mitochondrial DNA*. *Hum Biol*, 2001. **73**(5): p. 689-713.
214. Simon, M., et al., *The presence of nuclear families in prehistoric collective burials revisited: the bronze age burial of Montanissell Cave (Spain) in the light of aDNA*. *Am J Phys Anthropol*, 2011. **146**(3): p. 406-13.
215. Izagirre, N. and C. de la Rúa, *An mtDNA analysis in ancient Basque populations: implications for haplogroup V as a marker for a major paleolithic expansion from southwestern Europe*. *Am J Hum Genet*, 1999. **65**(1): p. 199-207.
216. Torroni, A., et al., *Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations*. *Genetics*, 1996. **144**(4): p. 1835-50.
217. Bogacsi-Szabo, E., et al., *Mitochondrial DNA of ancient Cumanians: culturally Asian steppe nomadic immigrants with substantially more western Eurasian mitochondrial DNA lineages*. *Hum Biol*, 2005. **77**(5): p. 639-62.
218. Kwok, P.Y. and S. Duan, *SNP Discovery by Direct DNA Sequencing*. *Methods Mol Biol*, 2003. **212**: p. 71-84.
219. Brandstatter, A., et al., *Mitochondrial DNA control region sequences from Nairobi (Kenya): inferring phylogenetic parameters for the establishment of a forensic database*. *Int J Legal Med*, 2004. **118**(5): p. 294-306.

220. Behar, D.M., et al., A "Copernican" reassessment of the human mitochondrial DNA tree from its root. *Am J Hum Genet*, 2012. **90**(4): p. 675-84.
221. Lee, H.Y., et al., *mtDNAMANAGER: a Web-based tool for the management and quality analysis of mitochondrial DNA control-region sequences*. *BMC Bioinformatics*, 2008. **9**: p. 483.
222. Kloss-Brandstatter, A., et al., *HaploGrep: a fast and reliable algorithm for automatic classification of mitochondrial DNA haplogroups*. *Hum Mutat*, 2011. **32**(1): p. 25-32.
223. Fregel, R. and S. Delgado, *HaPLoSearch: A tool for haplotype-sequence two-way transformation*. *Mitochondrion*, 2011. **11**(2): p. 366-367.
224. Excoffier, L. and H.E. Lischer, *Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows*. *Mol Ecol Resour*, 2010. **10**(3): p. 564-7.
225. Nei, M., *Molecular Evolutionary Genetics*. 1987, New York, NY, USA: Columbia University Press.
226. Tajima, F., *Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations*. *Genetics*, 1983. **106**(2): p. 437-60.
227. Tajima, F., *Measurement of DNA polymorphism*, in *Mechanisms of Molecular Evolution. Introduction to Molecular Paleopopulation Biology*, N. Takahata and A.G. Clark, Editors. 1993, Japan Scientific Societies Press, Sinauer Associates, Inc.: Tokyo, Sunderland. p. 37-59.
228. Hammer, Ø., D.A.T. Harper, and P.D. Ryan, *PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis*. *Palaeontologia Electronica*, 2001. **4**(1): p. 9.
229. Richards, M., et al., *In search of geographical patterns in European mitochondrial DNA*. *Am J Hum Genet*, 2002. **71**(5): p. 1168-74.
230. Wright, S., *The genetical structure of populations*. *Ann Eugen*, 1951. **15**(4): p. 323-54.
231. Wright, S., *The Interpretation of Population Structure by F-Statistics with Special Regard to Systems of Mating*. *Evolution*, 1965. **19**(3): p. 395-420.
232. Taguchi, Y.H. and Y. Oono, *Relational patterns of gene expression via non-metric multidimensional scaling analysis*. *Bioinformatics*, 2005. **21**(6): p. 730-40.
233. Roostalu, U., et al., *Origin and expansion of haplogroup H, the dominant human mitochondrial DNA lineage in West Eurasia: the Near Eastern and Caucasian perspective*. *Mol Biol Evol*, 2007. **24**(2): p. 436-48.
234. Derenko, M., et al., *Complete mitochondrial DNA diversity in Iranians*. *PLoS ONE*, 2013. **8**(11): p. e80673.
235. Babalini, C., et al., *The population history of the Croatian linguistic minority of Molise (southern Italy): a maternal view*. *Eur J Hum Genet*, 2005. **13**(8): p. 902-912.
236. Malyarchuk, B.A., et al., *Mitochondrial DNA variability in Bosnians and Slovenians*. *Ann Hum Genet*, 2003. **67**(Pt 5): p. 412-25.
237. Zupanec Pajnic, I., J. Balazic, and R. Komel, *Sequence polymorphism of the mitochondrial DNA control region in the Slovenian population*. *Int J Legal Med*, 2004. **118**(1): p. 1-4.
238. Zimmermann, B., et al., *Mitochondrial DNA control region population data from Macedonia*. *Forensic Sci Int Genet*, 2007. **1**(3-4): p. e4-9.

239. Harvey, NCBI GenBank.
240. Abu-Amero, K.K., et al., *Mitochondrial DNA structure in the Arabian Peninsula*. BMC Evol Biol, 2008. **8**: p. 45.
241. Theyab, J.B., S. Al-Bustan, and M.H. Crawford, *The Genetic Structure of the Kuwaiti Population: mtDNA Inter- and Intra-population Variation*. Hum Biol, 2012. **84**(4): p. 379-403.
242. Melchior, L., et al., *Rare mtDNA haplogroups and genetic differences in rich and poor Danish iron-age villages*. Am J Phys Anthropol, 2008. **135**(2): p. 206-215.
243. Haak, W., et al., *Ancient DNA from the first European farmers in 7500-year-old Neolithic sites*. Science, 2005. **310**(5750): p. 1016-8.
244. Palanichamy, M.G., et al., *Mitochondrial haplogroup N1a phylogeography, with implication to the origin of European farmers*. BMC Evol Biol, 2010. **10**: p. 304.
245. Alt, K.W., et al., *Lombards on the Move - An Integrative Study of the Migration Period Cemetery at Szolad, Hungary*. PLoS ONE, 2014. **9**(11): p. e110793.
246. Zupan, A., N. Hauptman, and D. Glavac, *The maternal perspective for five Slovenian regions: The importance of regional sampling*. Ann Hum Biol, 2016. **43**(1): p. 57-66.
247. Wilde, S., et al., *Direct evidence for positive selection of skin, hair, and eye pigmentation in Europeans during the last 5,000 y*. Proc Natl Acad Sci U S A, 2014. **111**(13): p. 4832-4837.
248. Gamba, C., et al., *Population genetics and DNA preservation in ancient human remains from Eastern Spain* Forensic Sci Int Genet: Genetics Supplement Series, 2008. **1**: p. 462-464.
249. Topf, A.L., et al., *Ancient human mtDNA genotypes from England reveal lost variation over the last millennium*. Biology Lett, 2007. **3**(5): p. 550-553.
250. Herrnstadt, C., et al., *Reduced-median-network analysis of complete mitochondrial DNA coding-region sequences for the major African, Asian, and European haplogroups*. Am J Hum Genet, 2002. **70**(5): p. 1152-1171.
251. Gonzalez, A.M., et al., *Mitochondrial DNA variation in Jordanians and their genetic relationship to other Middle East populations*. Ann Hum Biol, 2008. **35**(2): p. 212-231.
252. Newton, J.R., *Ancient Mitochondrial DNA From Pre-historic Southeastern Europe: The resence of East Eurasian Haplogroups Provides Evidence of Interactions with South Siberians Across the Central Asian Steppe Belt*, in *Cell and Molecular Biology Department*. 2011, Grand Valley State University: Allendale, MI, USA. p. 88.
253. Gomez-Carballa, A., et al., *Genetic Continuity in the Franco-Cantabrian Region: New Clues from Autochthonous Mitogenomes*. PLoS ONE, 2012. **7**(3): p. e32851.
254. Kong, Q.P., et al., *Phylogeny of East Asian mitochondrial DNA lineages inferred from complete sequences*. Am J Hum Genet, 2003. **73**(3): p. 671-676.
255. Malyarchuk, B.A., et al., *Reconstructing the phylogeny of African mitochondrial DNA lineages in Slavs*. Eur J Hum Genet, 2008. **16**(9): p. 1091-6.
256. Davidovic, S., et al., *Mitochondrial super-haplogroup U diversity in Serbians*. Ann Hum Biol, 2017. **44**(5): p. 408-418.

257. Malyarchuk, B., et al., *The Peopling of Europe from the Mitochondrial Haplogroup U5 Perspective*. PLoS ONE, 2010. **5**(4): p. e10285.
258. Posth, C., et al., *Pleistocene Mitochondrial Genomes Suggest a Single Major Dispersal of Non-Africans and a Late Glacial Population Turnover in Europe*. Curr Biol, 2016. **26**(6): p. 827-33.
259. Gomez-Carballa, A., et al., *Mitogenomes from The 1000 Genome Project reveal new Near Eastern features in present-day Tuscans*. PLoS ONE, 2015. **10**(3): p. e0119242.
260. Li, S.T., et al., *Variation and association to diabetes in 2000 full mtDNA sequences mined from an exome study in a Danish population*. Eur J Hum Genet, 2014. **22**(8).
261. Pereira, L., et al., *High-resolution mtDNA evidence for the late-glacial resettlement of Europe from an Iberian refugium*. Genome Res, 2005. **15**(1): p. 19-24.
262. Brandstatter, A., et al., *Timing and deciphering mitochondrial DNA macro-haplogroup R0 variability in Central Europe and Middle East*. BMC Evol Biol, 2008. **8**: p. 191.
263. Richards, M.B., et al., *Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe*. Ann Hum Genet, 1998. **62**(Pt 3): p. 241-60.
264. Torroni, A., et al., *Harvesting the fruit of the human mtDNA tree*. Trends Genet, 2006. **22**(6): p. 339-345.
265. Pinhasi, R., R.A. Foley, and M.M. Lahr, *Spatial and temporal patterns in the Mesolithic-Neolithic archaeological record of Europe*, in *Archaeogenetics: DNA and the population prehistory of Europe*, C. Renfrew and K. Boyle, Editors. 2000, McDonald Institute for Archaeological Research: Cambridge. p. 45-56.
266. Metspalu, M., et al., *Most of the extant mtDNA boundaries in South and Southwest Asia were likely shaped during the initial settlement of Eurasia by anatomically modern humans*. BMC Genet, 2004. **5**: p. 26.
267. Derenko, M., et al., *Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA in northern Asian populations*. Am J Hum Genet, 2007. **81**(5): p. 1025-41.
268. Curta, F., *Southeastern Europe in the Middle Ages, 500-1250*. Cambridge Medieval Textbooks. 2006, Cambridge: Cambridge University Press. 496.
269. Lao, O., et al., *Correlation between genetic and geographic structure in Europe*. Curr Biol, 2008. **18**(16): p. 1241-1248.
270. Novembre, J., et al., *Genes mirror geography within Europe*. Nature, 2008. **456**(7218): p. 98-101.
271. Bosch, E., et al., *Paternal and maternal lineages in the Balkans show a homogeneous landscape over linguistic barriers, except for the isolated Aromuns*. Ann Hum Genet, 2006. **70**(Pt 4): p. 459-87.
272. Jeran, N., et al., *Mitochondrial DNA heritage of Cres Islanders--example of Croatian genetic outliers*. Coll Antropol, 2009. **33**(4): p. 1323-8.
273. Stanciu, F., et al., *Population data for Y-chromosome haplotypes defined by 17 STRs in South-East Romania*. Legal Med, 2010. **12**(5): p. 259-264.
274. Stanciu, F., *Genetic analysis of Romanian human populations, using Short Tandem Repeat markers*. 2011, University of Bucharest: Bucharest.
275. Malyarchuk, B.A. and M.V. Derenko, *[Variation of human mitochondrial DNA: distribution of hot spots in hypervariable segment I of the major noncoding region]*. Genetika, 2001. **37**(7): p. 991-1001.

276. Kayser, M., et al., *Significant genetic differentiation between Poland and Germany follows present-day political borders, as revealed by Y-chromosome analysis*. Hum Genet, 2005. **117**(5): p. 428-43.
277. Calafell, F., et al., *From Asia to Europe: mitochondrial DNA sequence variability in Bulgarians and Turks*. Ann Hum Genet, 1996. **60**(Pt 1): p. 35-49.
278. Augustin, D.H., et al., *Maternal Genetic Legacy of the Eastern Adriatic Island of Krk - An Interplay of Evolutionary Forces and Island's Historical Events in Shaping the Genetic Structure of Contemporary Island Population*. Coll Antropol, 2012. **36**(2): p. 353-362.
279. Cocos, R., et al., *Genetic affinities among the historical provinces of Romania and Central Europe as revealed by an mtDNA analysis*. BMC Genet, 2017. **18**.
280. Tolk, H.V., et al., *MtDNA haplogroups in the populations of Croatian Adriatic Islands*. Coll Antropol, 2000. **24**(2): p. 267-80.
281. Hughey, J.R., et al., *A European population in Minoan Bronze Age Crete*. Nat Commun, 2013. **4**(1861).
282. Bánffy, E., *The 6th millennium BC boundary in Western Transdanubia and its role in the Central European Transition/The Szentgyörgyvölgyi-Pityerdomb settlement*. 2004, Budapest: Archaeological Institute of the Hungarian Academy of Science. 451.
283. Dolukhanov, P., et al., *The chronology of neolithic dispersal in Central and Eastern Europe*. J Archaeol Sci, 2005. **32**(10): p. 1441-1458.
284. Gronenborn, D., *A variation on a basic theme: The transition to farming in Southern Central Europe*. J World Prehist, 1999. **13**(2): p. 123-210.
285. Ahmic, A., et al., *A preliminary study of the Paleolithic and Neolithic contribution the European mtDNA flow in shaping the genetic structure of recent Bosnian population*. ESJ 2013. **9**(36): p. 539-550.
286. Angel, J.L., *Biological relations of Egyptian and eastern Mediterranean populations during Pre-dynastic and Dynastic times*. J Hum Evol, 1972. **1**(3): p. 307-313.
287. Bulatovic, A., *Corded Ware in the Central and Southern Balkans: A Consequence of Cultural Interaction or an Indication of Ethnic Change?* J Indo-Eur Stud, 2014. **42**(1-2): p. 101-143.
288. Gimbutas, M., *The first wave of Eurasian steppe pastoralists into Copper Age Europe*. J Indo-Eur Stud, 1977. **5**: p. 277-338.
289. Jones, E.R., et al., *Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians*. Nat Commun, 2015. **6**: p. 8912.
290. Fu, Q.M., et al., *The genetic history of Ice Age Europe*. Nature, 2016. **534**(7606): p. 200-205.
291. Malyarchuk, B.A., et al., *Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians*. Ann Hum Genet, 2002. **66**(Pt 4): p. 261-83.
292. Malyarchuk, B.A., et al., *Mitochondrial DNA variability in the Czech population, with application to the ethnic history of Slavs*. Hum Biol, 2006. **78**(6): p. 681-96.
293. Irwin, J., et al., *Hungarian mtDNA population databases from Budapest and the Baranya county Roma*. Int J Legal Med, 2007. **121**(5): p. 377-83.
294. Eduardoff, M., et al., *Mass spectrometric base composition profiling: Implications for forensic mtDNA databasing*. Forensic Sci Int-Gen, 2013. **7**(6): p. 587-592.

295. Irwin, J., et al., *Mitochondrial control region sequences from northern Greece and Greek Cypriots*. *Int J Legal Med*, 2008. **122**(1): p. 87-9.
296. Pshenichnov, A., et al., *Genetic Affinities of Ukrainians From the Maternal Perspective*. *Am J Phys Anthropol*, 2013. **152**(4): p. 543-550.
297. Sedov, V.V., *Slavyane v rannem srednevekovje [Slavs in the Early Middle Ages]*. 1995, Moskva: Nauka (In Russian).

## 8. ПРИЛОГ

**Табела 8.1.** мтДНК хаплогрупе испитиваног узорка српске популације који су дефинисани на основу варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона (позиције 16024-16400 и 72-340) и тачкастих полиморфизама у оквиру кодирајућег региона мтДНК (*PCR-RFLP*). На табели су приказани, пол испитаника, географско порекло женског претка друге генерације по мајчинској линији као и припадност одговарајућој мтДНК (под)хаплогрупи.

Ознака узорка	Пол	Географско порекло	(Под)хаплогрупа	<i>HVS-I</i>	<i>HVS-II</i>
Sb_2	женско	Београд	H6	16362C	239C 263G 315.1C
Sb_4	женско	јужна Србија	K	16224C 16304C 16311C	73G 150T 263G 315.1C
Sb_5	женско	Хрватска	K1b1c	16224C 16311C	73G 94A 263G 315.1C
Sb_6	женско	Београд	J2b	16069T 16126C 16193T	73G 150T 152C 263G 295T 315.1C
Sb_7	женско	западна Србија	U5b1b	16186T 16189C 16270T 16293G	73G 150T 263G 309.1C 315.1C
Sb_8	женско	јужна Србија	L2a1k	16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	73G 143A 152C 195C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_9	женско	Војводина	H12	16287T	195C 263G 315.1C
Sb_10	женско	јужна Србија	K1a*	16093C 16224C 16311C	73G 263G 309.1C 315.1C
Sb_11	мушко	јужна Србија	U4	16201T 16293C 16356C	73G 195C 263G 309.1C 315.1C
Sb_12	женско	Хрватска	H5	16304C 16390A	146C 263G 309.1C 315.1C
Sb_13	женско	Београд	W	16223T 16292T 16311C	73G 143A 189G 195C 204C 207A 263G 315.1C
Sb_14	мушко	Црна Гора	H	rCRS	199C 263G 309.1C 309.2C 315.1C 366A
Sb_16	женско	јужна Србија	T1a	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	73G 152C 195C 263G 309.1C 315.1C
Sb_18	мушко	западна Србија	H	rCRS	152C 263G 309.1C 315.1C
Sb_19	мушко	Косово и Метохија	H6	16362C	239C 263G 315.1C
Sb_20	женско	Хрватска	H	rCRS	131C 152C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_21	женско	западна Србија	U5b3	16192T 16270T 16304C	73G 150T 228A 263G 315.1C
Sb_22	женско	западна Србија	U5a	16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	73G 263G 315.1C
Sb_23	женско	јужна Србија	K1b2	16224C 16311C	73G 146C 195C 263G 315.1C
Sb_24	мушко	Хрватска	W3'5	16172C 16223T 16231C 16292T	73G 189G 194T 195C 199C 204C 207A 210G 263G 315.1C
Sb_25	женско	западна Србија	H6	16362C	152C 239C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_26	женско	Београд	H	16129A	263G 315.1C
Sb_27	женско	западна Србија	W3'5	16223T 16292T	73G 189G 194T 195C 204C 207A 263G 315.1C
Sb_28	женско	јужна Србија	H2a1	16354T	146C 263G 315.1C
Sb_29	женско	Црна Гора	H	16189C 16193.1C 16193.2C	153G 204C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_30	женско	Војводина	T	16126C 16260T 16294T 16355T	73G 152C 263G 315.1C
Sb_31	мушко	западна Србија	H2a1	16354T	263G 309.1C 315.1C
Sb_32	женско	јужна Србија	H	rCRS	263G 315.1C
Sb_33	женско	Босна и Херцеговина	N1a	16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	73G 152C 199C 204C 263G 315.1C
Sb_34	женско	централна Србија	H	16311C	263G 315.1C
Sb_35	женско	Црна Гора	H5	16304C	263G 315.1C
Sb_36	женско	Црна Гора	X2b	16189C 16223T 16278T	73G 153G 195C 225A 226C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_37	женско	западна Србија	H	rCRS	263G 309.1C 315.1C
Sb_38	женско	Црна Гора	H	rCRS	152C 263G 309.1C 315.1C
Sb_39	женско	Босна и Херцеговина	K1b2	16093C 16224C 16311C	73G 146C 195C 204C 263G 309.1C 315.1C
Sb_40	женско	западна Србија	H	rCRS	199C 263G 309.1C 315.1C
Sb_41	женско	јужна Србија	J1b	16069T 16126C 16145A 16222T	73G 195C 263G 315.1C
Sb_42	мушко	Војводина	H	16209C	263G 315.1C
Sb_43	женско	западна Србија	H	rCRS	263G 315.1C
Sb_45	женско	Босна и Херцеговина	HV	16311C	263G 309.1C 315.1C
Sb_46	женско	западна Србија	H	16293G	263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_47	женско	Босна и Херцеговина	HV	16311C	263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_48	мушко	Босна и Херцеговина	H8	16288C 16362C	114T 146C 195C 263G 315.1C
Sb_49	мушко	западна Србија	J1c2	16069T 16126C 16366T	73G 185A 188G 228A 263G 295T 309.1C 315.1C
Sb_50	женско	Црна Гора	J1c	16069T 16126C	73G 185A 228A 263G 295T 315.1C
Sb_51	женско	Хрватска	N1b	16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	73G 146C 263G 315.1C
Sb_52	женско	Косово и Метохија	U2e	16051G 16129C 16182C 16183C 16189C 16362C	73G 152C 217C 263G 309.1C 315.1C
Sb_53	мушко	Хрватска	U4c1	16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	73G 195C 263G 309.1C 315.1C
Sb_54	женско	јужна Србија	H	rCRS	263G 315.1C
Sb_55	женско	Хрватска	H9a	16168T	152C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_56	женско	јужна Србија	H5	16183C 16189C 16193.1C 16304C	263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_57	женско	Хрватска	K	16224C 16311C	73G 204C 263G 309.1C 315.1C

Ознака узорка	Пол	Географско порекло	(Под)хиплогрупа	HVS-I	HVS-II
Sb_58	женско	западна Србија	U4	16356C	73G 152C 185A 189G 195C 263G 315.1C
Sb_59	женско	Војводина	HV0	16298C 16311C	72C 263G 309.1C 315.1C
Sb_60	женско	Босна и Херцеговина	H11	16301T 16311C	195C 263G 315.1C
Sb_62	женско	Хрватска	U5a1	16256T 16270T 16399G	73G 263G 309.1C 315.1C
Sb_63	женско	Војводина	H	16362C	263G 315.1C
Sb_64	мушко	Војводина	T2b	16093C 16126C 16294T 16296T 16304C	73G 146C 151T 263G 315.1C
Sb_66	мушко	Војводина	U4c1	16051G 16179T 16356C 16362C	73G 195C 263G 315.1C
Sb_67	женско	јужна Србија	H6	16362C	239C 263G 309.1C 315.1C
Sb_68	женско	јужна Србија	U4	16356C 16362C	73G 195C 263G 315.1C
Sb_69	мушко	јужна Србија	H	16093C 16129A	93G 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_70	женско	Косово и Метохија	H	16293C	188G 262T 263G 309.1C 315.1C
Sb_71	мушко	јужна Србија	T1	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	73G 195C 263G 309.1C 315.1C
Sb_72	мушко	јужна Србија	H	rCRS	263G 315.1C
Sb_73	женско	Хрватска	H	16189C 16193.1C	228A 263G 269T 309.1C 315.1C
Sb_74	мушко	западна Србија	J1b1	16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	73G 242T 263G 295T 309.1C 315.1C
Sb_75	мушко	западна Србија	H	16080G	263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_76	женско	западна Србија	H2b	16311C	152C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_77	женско	западна Србија	T2	16126C 16294T 16296T	73G 151T 263G 309.1C 315.1C
Sb_78	женско	западна Србија	H	16209C	263G 315.1C
Sb_79	мушко	западна Србија	H	16293C	262T 263G 309.1C 315.1C
Sb_80	мушко	западна Србија	K2	16224C 16311C	73G 146C 263G 309.1C 315.1C
Sb_81	мушко	западна Србија	H	16129A	263G 315.1C
Sb_82	женско	западна Србија	H	16162G 16368C	263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_83	женско	западна Србија	T1	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	73G 195C 263G 309.1C 315.1C
Sb_84	мушко	западна Србија	U4	16356C	73G 195C 263G 315.1C
Sb_85	мушко	западна Србија	D4	16174T 16362C	73G 263G 309.1C 315.1C
Sb_86	мушко	западна Србија	J1c	16069T 16126C	73G 185A 263G 295T 309.1C 315.1C
Sb_87	мушко	западна Србија	H	rCRS	263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_88	мушко	западна Србија	H	16189C 16193.1C	152C 263G 315.1C
Sb_89	женско	западна Србија	K	16224C 16311C	73G 150T 249d 263G 315.1C
Sb_90	мушко	западна Србија	H1b	16153A 16189C 16193.1C 16356C 16362C	199C 263G 315.1C
Sb_91	женско	западна Србија	J1b1	16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	73G 242T 263G 295T 309.1C 315.1C
Sb_92	женско	западна Србија	H	16093C	263G 315.1C
Sb_93	женско	централна Србија	U1a	16129A 16179T 16182C 16183C 16189C 16249C 16274A	73G 263G 285T 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_94	мушко	западна Србија	H1b	16153A 16189C 16193.1C 16356C 16362C	199C 263G 315.1C
Sb_95	женско	западна Србија	U3a	16189C 16343G 16390A	73G 150T 263G 309.1C 315.1C
Sb_96	женско	западна Србија	U5b	16192T 16270T	73G 150T 204C 207A 235G 263G 309.1C 315.1C
Sb_97	женско	западна Србија	HV	16311C	263G 309.1C 315.1C
Sb_98	женско	Косово и Метохија	R0a1a	16126C 16248T 16355T 16362C	146C 152C 263G 315.1C
Sb_99	мушко	западна Србија	H11	16311C	195C 263G 309.1C 315.1C
Sb_100	мушко	источна Србија	U4a2	16356C	73G 143A 195C 263G 310C
Sb_101	женско	јужна Србија	J1c	16069T 16126C 16224C	73G 185A 189G 228A 263G 295T 315.1C
Sb_103	мушко	источна Србија	U4a2	16278T	73G 195C 263G 310C
Sb_104	женско	јужна Србија	U4	16356C 16362C	73G 195C 263G 315.1C
Sb_105	мушко	јужна Србија	V	16162G 16298C	72C 263G 294C 309.1C 315.1C
Sb_106	мушко	јужна Србија	HV	16311C	263G 309.1C 315.1C
Sb_107	женско	централна Србија	H11a	16092C 16293G 16311C	146C 195C 263G 315.1C
Sb_108	женско	централна Србија	H2a1	16354T	263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_109	мушко	централна Србија	U7	16293G 16318T	73G 152C 263G 315.1C
Sb_110	мушко	Војводина	V	16234T 16298C	73G 263G 309.1C 315.1C
Sb_111	мушко	источна Србија	H	16184T	263G 309.1C 315.1C
Sb_113	мушко	јужна Србија	H5	16304C	263G 309.1C 315.1C
Sb_114	мушко	јужна Србија	H	16189C	263G 309.1C 315.1C
Sb_115	женско	централна Србија	H	16189C 16193.1C	146C 153G 204C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_116	мушко	западна Србија	T1	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	73G 195C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_117	мушко	јужна Србија	HV2	16217C 16243C 16261T	72C 73G 152C 195C 263G 315.1C
Sb_118	женско	источна Србија	H5	16189C 16193.1C 16304C	263G 315.1C
Sb_120	мушко	источна Србија	H	16185T	263G 315.1C
Sb_122	мушко	источна Србија	H9a	16168T	152C 263G 309.1C 315.1C
Sb_123	женско	централна Србија	U5a	16192T 16256T 16270T	73G 263G 309.1C 315.1C
Sb_124	женско	Београд	H	16240G	93G 249d 263G 309.1C 315.1C



Ознака узорка	Пол	Географско порекло	(Под)хаплогрупа	HVS-I	HVS-II
Sb_125	женско	Војводина	H1o	16209C	263G 267C 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_126	женско	западна Србија	H	16042A 16288C	263G 315.1C
Sb_127	мушко	Косово и Метохија	U5a1	16192T 16256T 16270T 16399G	73G 146C 263G 315.1C
Sb_128	женско	Војводина	U4a2	16192T (16519C)	73G 195C 263G 310C 315d
Sb_129	женско	Војводина	H	16189C 16193.1C	153G 204C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_130	мушко	јужна Србија	H5	16294T 16304C	143A 189G 226C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_131	женско	централна Србија	H	rCRS	263G 315.1C
Sb_132	женско	Војводина	V	16234T 16298C	73G 263G 309.1C 315.1C
Sb_133	женско	Босна и Херцеговина	H	rCRS	263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_134	мушко	централна Србија	U4c1	16179T 16356C	73G 195C 263G 309.1C 315.1C
Sb_135	женско	Косово и Метохија	U5b	16192T 16270T	73G 150T 204C 207A 235G 263G 309.1C 315.1C
Sb_136	женско	централна Србија	H	rCRS	263G 309.1C 315.1C
Sb_137	мушко	централна Србија	X2b	16189C 16192T 16223T 16278T 16292T	73G 143A 189G 195C 225A 226C 235G 263G 309.1C 315.1C
Sb_138	женско	централна Србија	K1a	16093C 16224C 16311C 16354T	73G 263G 309.1C 315.1C
Sb_139	женско	централна Србија	H1b	16189C 16193.1C 16356C 16362C	263G 309.1C 315.1C
Sb_140	женско	централна Србија	H1o	16188T 16209C	263G 267C 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_141	женско	Црна Гора	J1c2	16069T 16126C 16366T	73G 185A 188G 228A 263G 295T 309.1C 315.1C
Sb_142	женско	Београд	H	16189C 16193.1C	153G 204C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_143	мушко	Црна Гора	N1b	16145A 16176A 16223T 16241G 16390A (16519C)	73G 195C 245C 263G 272G 315.1C
Sb_144	мушко	Косово и Метохија	U3a	16343G 16390A (16519C)	73G 150T 263G 315.1C
Sb_145	мушко	Косово и Метохија	K1b1c	16224C 16311C	73G 94A 263G 315.1C
Sb_146	мушко	Војводина	U5a	16136C 16192T 16256T 16270T	73G 263G 315.1C
Sb_147	мушко	централна Србија	H9a	16168T	152C 263G 309.1C 315.1C
Sb_148	женско	источна Србија	K1b1c	16224C 16311C (16519C)	73G 94A 263G 315.1C
Sb_149	женско	Београд	H	rCRS (16519C)	263G 315.1C
Sb_150	мушко	Војводина	H	16189C 16193.1C 16255A	153G 203A 204C 263G 309.1C 315.1C
Sb_151	мушко	централна Србија	U4a2	16356C (16519C)	73G 195C 263G 310C 315d 316d 317d
Sb_152	мушко	западна Србија	H5	16166C 16304C	263G 309.1C 309.2C 315.1C 334G
Sb_153	женско	Београд	H1b	16183C 16189C 16311C 16356C	152C 263G 315.1C
Sb_154	мушко	источна Србија	N1a	16147A 16172C 16223T 16248T 16320T 16355T 16519C	73G 152C 199C 204C 263G 309.1C 315.1C
Sb_157	мушко	источна Србија	H	16051G 16312G	195C 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_158	мушко	источна Србија	H5	16092C 16201T 16304C	95C 263G 309.1C 315.1C 373G
Sb_159	мушко	источна Србија	H5	16304C	263G 309.1C 315.1C
Sb_161	женско	источна Србија	J1b2/J	16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	73G 146C 152C 263G 271T 295T 315.1C
Sb_162	женско	централна Србија	H2a1	16354T	263G 309.1C 315.1C
Sb_163	мушко	Косово и Метохија	J1c	16069T 16126C	73G 185A 228A 263G 295T 315.1C
Sb_164	женско	источна Србија	H	16311C	263G 315.1C
Sb_166	женско	Хрватска	H	16362C	263G 315.1C
Sb_167	женско	Црна Гора	T2b	16126C 16294T 16296T 16304C	73G 263G 309.1C 315.1C
Sb_168	женско	централна Србија	U1a	16129A 16179T 16182C 16183C 16189C 16249C 16274A	73G 263G 285T 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_169	мушко	централна Србија	H	rCRS	263G 315.1C
Sb_170	мушко	јужна Србија	U2e	16051G 16129C 16189C 16256T	73G 152C 217C 263G 315.1C 340T
Sb_171	мушко	централна Србија	H	16147T 16189C 16193.1C 16193.2C	153G 263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_172	женско	Београд	U8a1	16146G 16243C 16342C	73G 146C 263G 282C 309.1C 315.1C
Sb_173	женско	централна Србија	I5a	16129A 16148T 16223T	73G 199C 204C 250C 263G 309.1C 315.1C
Sb_174	мушко	централна Србија	J2	16069T 16126C 16231C	73G 150T 195C 263G 295T 315.1C
Sb_175*	женско	централна Србија	H	16241G 16266T 16311C	
Sb_181	мушко	Косово и Метохија	J1b1	16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	73G 242T 263G 295T 309.1C 315.1C
Sb_182	мушко	централна Србија	J1c	16069T 16111T 16126C	73G 185A 263G 295T 315.1C
Sb_183	мушко	централна Србија	W3'5	16172C 16223T 16231C 16292T	73G 189G 194T 195C 198C 204C 207A 210G
Sb_185	мушко	западна Србија	X2b	16189C 16193.1C 16223T 16278T 16294T	73G 153G 195C 263G 309.1C 315.1C
Sb_186	женско	јужна Србија	H	rCRS	263G 309.1C 309.2C 315.1C
Sb_176*	женско	источна Србија	H		
Sb_177*	женско	јужна Србија	H		
Sb_178*	мушко	централна Србија	H		
Sb_179*	женско	централна Србија	H		
Sb_180*	женско	источна Србија	H		
Sb_184*	мушко	централна Србија	H		
Sb_155*	мушко	источна Србија	H		

\*- Хаплотипови који су у одговарајућу хаплогрупу мтДНК сврстани само на основу тачкастих полиморфизама у кодирајућем региону мтДНК (PCR-RFLP)

Табела 8.1. Наставак

Ознака узорка	-7025AlaI	+11718HaeIII	-14766MseI	-4577NciII	+12308HinfI	-9052HaeII	-13704 MvaI	+15606AluI	-8994HaeIII	+14465AccI	-4529HaeII	+10871MniI	+10397AluI	-5176AluI	+3592KpnAI	Комплетна секвенца (GenBank приступни број)
Sb_2	+	-														KM096761
Sb_4	-	-			+	+	-	-	-							KT697997
Sb_5	-	-			+	+		-	-							KT697998
Sb_6	-	-			-	-	+	-	-							
Sb_7	-	-			+	-		-	-							KT697999
Sb_8	-	-	-		-	-	-	-	-			-	-		+	KM096762
Sb_9	+	+			-	-		-	-							
Sb_10	-	-			+	+		-	-							KT698000
Sb_11	-	-			+	+		-	-							KT698001
Sb_12	+	+			-	-		-	-							KM096763
Sb_13	-	-			-	-	-	-	-							
Sb_14	+	+			-	-		-	+							
Sb_16	-	-			-	-		+	-							
Sb_18	+	+			-	-		-	-							
Sb_19	+	+			-	-		-	-							KM096765
Sb_20	+	+			-	-		-	-							
Sb_21	-	-			+	-		-	-							KT698002
Sb_22	-	-			+	-		-	-							KT698003
Sb_23	-	-			+	+		-	-							KT698004
Sb_24	-	-			-	-		-	+							
Sb_25	+	+			-	-		-	-							KM096766
Sb_26	+	+			-	-		-	-							
Sb_27	-	-			-	-		-	+							
Sb_28	+	+			-	-		-	-							
Sb_29	+	+			-	-		-	-							
Sb_30	-	-			-	-		+	-							
Sb_31	+	+			-	-		-	-							
Sb_32	+	+			-	-		-	-							
Sb_33	-	-		-	-	-	-	-	-							
Sb_34	+	+			-	-		-	-							
Sb_35	+	+			-	-		-	-							
Sb_36	-	-			-	-		-	-	+						
Sb_37	+	+			-	-		-	-							
Sb_38	+	+			-	-		-	-							
Sb_39	-	-			+	+	-	-	-							KT698005
Sb_40	+	+			-	-		-	-							
Sb_41	-	-			-	-	+	-	-							
Sb_42	+	+			-	-		-	-							
Sb_43	+	+			-	-		-	-							
Sb_45	-	+	+		-	-		-	-							KM096767
Sb_46	+	+	+		-	-		-	-							
Sb_47	-	+	+		-	-		-	-							KM096768
Sb_48	+	+			-	-		-	-							
Sb_49	-	-			-	-	+	-	-							
Sb_50	-	-			-	-	+	-	-							
Sb_51	-	-		-	-	-		-	-							без приступног броја
Sb_52	-	-			+	-		-	-							KT698006
Sb_53	-	-			+	-		-	-							KT698007
Sb_54	+	+			-	-		-	-							
Sb_55	+	+			-	-		-	-							
Sb_56	+	+			-	-		-	-							KM096769
Sb_57	-	-			+	+		-	-							KT698008
Sb_58	-	-			+	-		-	-							KT698009

Ознака узорка	-7025A/lul	+11718HaeIII	-14766MseI	-4577NdeIII	+12308HinfI	-9052HaeII	-13704 MvaI	+15606A/lul	-8994HaeIII	+14465AclI	-4529HaeII	+10871MriI	+10397A/lul	-5176A/lul	+3592KspAI	Комплетна секвенца (GenBank приступни број)
Sb_59	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_60	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_62	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698010
Sb_63	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_64	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_66	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698011
Sb_67	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KM096770
Sb_68	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698012
Sb_69	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_70	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_71	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_72	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_73	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_74	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_75	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_76	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_77	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_78	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_79	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_80	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698013
Sb_81	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_82	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_83	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_84	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698014
Sb_85	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	KM096771
Sb_86	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_87	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_88	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_89	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698015
Sb_90	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_91	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_92	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_93	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698016
Sb_94	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_95	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698017
Sb_96	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698018
Sb_97	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KM096772
Sb_98	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_99	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_100	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KM096773
Sb_101	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_103	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KM096774
Sb_104	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698019
Sb_105	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_106	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KM096775
Sb_107	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_108	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_109	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KT698020
Sb_110	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_111	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_113	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KM096776
Sb_114	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_115	+	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_116	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sb_117	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KM096777
Sb_118	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	KM096778

Ознака узорка	-7025A/lul	+11718HaeIII	-14766MseI	-4577NlaIII	+12308HinfI	-9052HaeII	-13704 MvaI	+15606A/lul	-8994HaeIII	+14465AclI	-4529HaeII	+10871MriI	+10397A/lul	-5176A/lul	+3592KspAI	Комплетна секвенца (GenBank приступни број)
Sb_120	+	+			-											
Sb_122	+	+			-											
Sb_123	-	-			+	-										KT698021
Sb_124	+	+			-											
Sb_125	+	+			-											
Sb_126	+	+			-											
Sb_127	-	-			+	-										KT698022
Sb_128	-	-			+	-										KM096779
Sb_129	+	+			-											
Sb_130	+	+			-			-								KM096780
Sb_131	+	+			-											
Sb_132	-	+	+	+	-	-			-	-	-	+	-			
Sb_133	+	+			-											
Sb_134	-	-			+											KT698023
Sb_135	+	-			+	-										KT698024
Sb_136	+	+			-											
Sb_137	-	-			-					+						
Sb_138	-	-			+	+										KT698025
Sb_139	+	+			-											
Sb_140	+	+			-											
Sb_141	-	-			-		+									
Sb_142	+	+			-											
Sb_143	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	+	-			без приступног броја
Sb_144	-	-			+											KT698026
Sb_145	-	-			+	+										KT698027
Sb_146	-	-			+	-										KT698028
Sb_147	+	+			-											
Sb_148	-	-			+	+										KT698029
Sb_149	+	+			-											
Sb_150	+	+			-											
Sb_151	-	-	+		+	-										KM096781
Sb_152	+	+			-											
Sb_153	+	+			-											
Sb_154	-	-			-											
Sb_157	+	+			-											
Sb_158	+	+			-											
Sb_159	+	+			-											
Sb_161	-	-			-		+									
Sb_162	+	+			-											
Sb_163	-	-			-		+									
Sb_164	+	+			-							+				
Sb_166	+	-			-							+				
Sb_167	-	-			-			+								
Sb_168	-	-			+	-										KT698030
Sb_169	+	+			-											
Sb_170	-	-			+	-										KT698031
Sb_171	+	+			-											
Sb_172	-	-			+	-	-	-								KT698032
Sb_173	-	-			-	-					+					
Sb_174	-	-			-		+									
Sb_175	+	+			-											
Sb_181	-	-			-		+									
Sb_182	-	-			-		+									
Sb_183	-	-			-			+								
Sb_185	-	-			-		-		+	-					-	
Sb_186	+	+			-											

Ознака узорка	-7025A <i>AluI</i>	+11718 <i>HaeIII</i>	-14766 <i>MseI</i>	-4577 <i>NlaIII</i>	+12308 <i>HinfI</i>	-9052 <i>HaeII</i>	-13704 <i>MvaI</i>	+15606 <i>AluI</i>	-8994 <i>HaeIII</i>	+14465 <i>AccI</i>	-4529 <i>HaeII</i>	+10871 <i>MriI</i>	+10397 <i>AluI</i>	-5176 <i>AluI</i>	+3592 <i>KpnAI</i>	Комплетна секвенца ( <i>GenBank</i> приступни број)
Sb_176	+	+			-											
Sb_177	+	+			-											
Sb_178	+	+			-											
Sb_179	+	+			-											
Sb_180	+	+			-											
Sb_184	+	+			-											
Sb_155	+	+			-											

**Табела 8.2.** Списак популација и величине узорака коришћених за израчунавање параметара генетичке разноврсности, процењивање степена генетичке диференцијације ( $F_{ST}$ ) и *AMOVA* на основу варијабилности секвенци контролног региона мтДНК (*HVS-I*, *HVS-I* и *HVS-II*). Списак референци дат је на крају Табеле 8.7.

Поп.	<i>HVS-I</i> (16090-16365)*		<i>HVS-I</i> (16024-16365)#		<i>HVS-I/HVS-II</i> (16024-16365; 72-340)&		Референце
	N	Σ(N)	N	Σ(N)	N	Σ(N)	
SRB	139	278	139	317	139	317	[28]
	87		77		77		[117]
	52		55		55		[41]
			21		21		[56]
			25		25		[121]
BOS	144	687	144	752	144	383	[69]
	369		369				[104]
	174		165		165		[41]
			74		74		[56]
HRV	488	551	488	568		66	[104]
	63		61		47		[41]
			19		19		[56]
MAK	200	200	200	259	200	222	[118]
			22		22		[56]
			37				[13]
SLO	104	229	104	728	104	631	[69]
	125		125		125		[119]
			97				[104]
			402		402		[120]
BUG	855	855	855	996	855	885	[51]
			30		30		[18]
			111				[99]
MAD	123	333	123	333		210	[111]
	210		210		210		[48]
GRK	125	498	125	523		373	[99]
	319		319		319		[49]
	54		54		54		[55]
			25				[13]
RUM	92	92	92	325			[99]
			105				[13]
			128				[46]
ALB	42	42	42	208		166	[9]
			148		148		[50]
			18		18		[56]
TUR	290	290	132	554		283	[99]
			29		29		[18]
			45				[24]
			150		150		[50]
			72				[29]
			75				[75]
			22				[98]
			29		29		[105]
RUS	157	357	157	1575	157	480	[40]
	201		201		199		[70]
			159				[10]
			124		124		[54]
			325				[67]
			50				[68]
			431				[80]
			103				[82]
			25				[99]
POL	436	436	436	1290	436	1253	[70]
			413		413		[40]
			404		404		[77]
			37				[99]
ЇEH	179	179	179	440	179	357	[72]
			85		85		[77]
			83				[99]
			93		93		[113]

<i>SLK</i>	207	207	207	581	207	581	[71]	
			374		374		[61]	
<i>BEL</i>	92	359	92	359			[11]	
	267		267				[57]	
<i>UKR</i>	159	159	159	784	159	159	[77]	
			18				[68]	
			607				[95]	
<i>ITA</i>	68	248	68	2583		1447	[79]	
	49		49		49		[35]	
	48		48				[99]	
	83		83		83		[108]	
					322			[1]
					199		199	[7]
					100		100	[12]
					387		387	[17]
					392			[23]
					61			[34]
					110		110	[38]
					124		124	[76]
					187			[83]
					50			[106]
		395	395	[112]				
<i>NEM</i>	156	795	156	1401		1229	[98]	
	67		67		67		[47]	
	49		50		50		[6]	
	200		200		200		[64]	
	109		100		100		[89]	
	213		213		213		[109]	
			100		100		[14]	
			199		199		[33]	
			11				[37]	
			300		300		[93]	
	5		[99]					
<i>AUS</i>	273	372	273	373	273	373	[15]	
	99		100		100		[85]	
<i>BAS</i>			55	1178	55	1011	[3]	
			598		598		[8]	
			45				[11]	
			110		110		[19]	
			61				[25]	
			230		219		[37]	
			29		29		[94]	
	50		[99]					
<i>DAN</i>			1951	2195	1951	2157	[63]	
			206		206		[78]	
			33				[98]	
			5				[99]	
<i>ENG</i>			9	342		100	[37]	
			141				[43]	
			100		100		[90]	
			69				[98]	
			23				[99]	
<i>EST</i>			117	380		114	[59]	
			101				[99]	
			28				[101]	
			20				[102]	
			114		114		[107]	
<i>FIN</i>			200	788	200	200	[42]	
			74				[53]	
			32				[58]	
			403				[74]	
			29				[98]	
			50				[101]	
<i>FRA</i>			163	1395	161	236	[8]	
			210				[32]	

			33		25		[37]
			868				[97]
			71				[99]
			50		50		[100]
<i>HOL</i>			680	680	680	680	[22]
<i>IRS</i>			200	300			[73]
			100				[99]
<i>ISL</i>			394	447			[44]
			14				[98]
			39				[101]
<i>KOR</i>			53	122			[34]
			23				[99]
			46				[114]
<i>LET</i>			114	412			[59]
			298				[92]
<i>LIT</i>			180	343			[52]
			163				[59]
<i>NOR</i>			323	629			[43]
			216				[81]
			74				[86]
			16				[99]
<i>POR1</i>			84	492		408	[39]
			121		121		[66]
			100		100		[87]
			187		187		[94]
<i>POR2</i>			78	213		135	[39]
			82		82		[87]
			53		53		[94]
<i>POR3</i>			137	481		344	[39]
			59		59		[87]
			285		285		[88]
<i>SAR</i>			87	430			[30]
			234				[34]
			63				[36]
			46				[99]
<i>SIC</i>			80	374	80	80	[17]
			155				[83]
			90				[99]
			49				[116]
<i>ŠKO1</i>			308	308			[43]
<i>ŠKO2</i>			876	876			[43]
<i>ŠPA</i>			214	3187		784	[4]
			518				[5]
			145		145		[8]
			61		61		[20]
			71				[25]
			118		118		[26]
			66				[34]
			131		82		[37]
			43				[39]
			279				[45]
			198				[60]
			242				[65]
			429				[84]
			95				[91]
			378		378		[94]
			92				[103]
			108				[21]
<i>ŠVA</i>			154	228	154	154	[31]
			74				[96]
<i>ŠVE</i>			28	962		595	[53]
			307				[59]
			299		299		[62]
			32				[102]



			296		296		[110]
<i>VEL</i>			92	92			[98]
<i>VLA</i>			175	175			[13]
$\Sigma(N)$		7167		31978		16413	

N – величина узорка

\*- узорци коришћени за анализе на основу секвенце *HVS-I* региона (16090-16365)

# - узорци коришћени за анализе на основу секвенце проширеног *HVS-I* региона (16024-16365)

& - узорци коришћени за анализе на основу секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона (16024-16365; 72-340)

**Табела 8.3.** Учесталост мтДНК (под)хаплогрупа различитих субпопулација пет јужнословенских популација које су коришћене у *PC* анализама чији су резултати приказани на Слици 4.1 у поглављу 4.2.1. “*PCA* – анализа главних компоненти” и Слици 8.1 Прилога. Списак референци је дат на крају Табеле 8.7.

Поп.	Реф.	(Под)хаплогрупа																						Остале	N
		H	HV	HV0 <sup>a</sup>	J	T	U*	U1	U2	U3	U4	U5	U6	U7	U8	K	I	W	X <sup>d</sup>	N <sup>e</sup>	RO <sup>e</sup>	M <sup>e</sup>	L		
BOS1	[69]	47,92	0,69	6,25	6,94	4,86	0,00	1,39	0,00	0,69	5,56	11,81	0,00	0,00	0,00	4,17	2,78	1,39	1,39	0,69	1,39	1,39	0,69	0,00	144
BOS2	[104]	42,68	6,28	4,60	7,53	3,35	0,00	0,42	0,84	0,84	4,18	8,79	0,42	1,67	0,42	6,69	2,51	3,77	2,09	0,42	2,51	0,00	0,00	0,00	239
BOS3	[104]	43,08	6,15	6,92	8,46	6,15	0,00	1,54	2,31	0,00	4,62	4,62	0,00	0,00	0,00	9,23	0,77	2,31	0,77	1,54	0,00	1,54	0,00	0,00	130
BOS4 <sup>#</sup>	[2]	52,87	0,38	6,90	8,81	4,98	0,00	0,77	1,53	1,15	1,53	4,21	0,00	0,38	0,00	4,60	1,53	3,07	5,75	0,77	0,00	0,77	0,00	0,00	261
BOS5 <sup>#</sup>	[41]	43,03	1,82	3,03	9,09	7,27	0,00	0,00	1,82	0,61	7,27	5,45	0,00	0,61	0,61	4,85	7,27	0,61	1,21	1,21	0,61	0,61	1,21	1,82	165
BOS6 <sup>#</sup>	[56]	40,54	5,41	12,16	14,86	6,76	0,00	0,00	2,70	0,00	4,05	1,35	0,00	0,00	0,00	5,41	1,35	1,35	1,35	0,00	1,35	0,00	1,35	0,00	74
MAK1	[27]	41,10	2,74	3,42	7,53	10,96	0,68	0,68	1,37	2,05	3,42	8,90	0,00	0,00	0,00	3,42	1,37	2,74	6,16	0,68	0,68	1,37	0,00	0,68	146
MAK2	[118]	45,00	0,00	4,50	7,50	9,50	1,00	1,00	3,00	1,00	2,00	8,00	0,00	0,00	0,00	5,00	1,50	4,00	3,00	2,00	1,00	0,50	0,00	0,50	200
SLO1	[69]	47,12	0,00	6,73	9,62	5,77	0,00	0,00	0,96	1,92	5,77	10,58	0,00	0,00	0,00	3,85	1,92	4,81	0,96	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	104
SLO2	[120]	38,06	1,49	4,98	11,19	10,70	0,00	1,49	3,48	2,49	2,74	9,70	0,25	0,00	0,00	5,97	0,00	1,24	1,24	1,99	0,00	0,00	0,00	2,99	402
SLO3 <sup>#</sup>	[119]	40,00	1,60	4,80	5,60	13,60	0,00	0,80	0,80	0,80	1,60	8,80	0,00	0,00	0,80	8,00	4,00	0,80	2,40	0,00	0,00	0,00	0,00	5,60	125
SLO4 <sup>#</sup>	[104]	38,14	0,00	4,12	14,43	14,43	0,00	1,03	3,09	1,03	2,06	13,40	0,00	0,00	1,03	5,15	0,00	1,03	1,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	97
SRB1a	[28]	47,48	3,60	2,88	6,47	5,04	0,00	0,72	0,72	1,44	8,63	6,47	0,00	0,72	0,00	7,91	0,00	2,16	1,44	2,16	0,72	0,72	0,72	0,00	139
SRB1b <sup>#</sup>	[28, 121]	50,00	2,91	2,33	8,14	4,65	0,00	1,16	1,16	1,16	6,98	5,23	0,00	0,58	0,58	6,40	0,58	2,33	1,74	2,33	0,58	0,58	0,58	0,00	172
SRB2	[117]	42,86	0,00	2,60	9,09	11,69	0,00	0,00	2,60	0,00	2,60	6,49	0,00	0,00	1,30	5,19	2,60	5,19	1,30	2,60	0,00	2,60	0,00	1,30	77
SRB3	[27]	41,03	0,85	5,13	6,84	5,13	1,71	0,00	1,71	0,85	6,84	9,40	0,00	1,71	0,00	4,27	3,42	3,42	0,00	3,42	0,85	0,00	0,00	3,42	117
SRB4 <sup>#</sup>	[41]	41,82	1,82	3,64	20,00	1,82	0,00	0,00	0,00	1,82	5,45	7,27	0,00	0,00	0,00	5,45	0,00	3,64	0,00	3,64	0,00	3,64	0,00	0,00	55
HRV1	[104]	45,29	3,07	5,33	9,84	6,15	0,00	1,23	2,66	1,43	2,66	9,22	0,20	0,41	0,41	4,51	2,66	1,84	1,84	0,82	0,00	0,00	0,20	0,20	488
HRV2	[41]	47,54	1,64	3,28	8,20	8,20	0,00	0,00	0,00	0,00	3,28	8,20	0,00	0,00	0,00	8,20	0,00	4,92	0,00	1,64	0,00	1,64	0,00	3,28	61
HRV3 <sup>#</sup>	[7]	31,71	7,32	2,44	12,20	17,07	0,00	0,00	2,44	4,88	0,00	4,88	0,00	0,00	0,00	7,32	0,00	0,00	2,44	4,88	0,00	2,44	0,00	0,00	41
		$\Sigma(N)$																					3098		

Легенда:

Поп. – популација

Реф. – Референца

Ознаке популација: *BOS* – босанско-херцеговачка, *MAK* – македонска, *SLO* – словеначка, *SRB* – српска, *HRV* – хрватска

*N* – величина популације

<sup>a</sup> – обухвата хаплогрупу *HV0* са *V*

<sup>b</sup> – обухвата хаплогрупу *N* без хаплогрупа *I*, *W*, *X* као и ретких хаплогрупа *A* и *Y*

<sup>e</sup> – обухвата хаплогрупу *RO* без хаплогрупа *H*, *HV* и *HV0*

<sup>2</sup> – обухвата хаплогрупу *M* укључујући и хаплогрупе *D*, *C*, *G* и *Z*

<sup>d</sup> – обухвата подхаплогрупе *X2b* и *X2c* од чега већину чине хаплотипови подхаплогрупе *X2b*

Остале – обухвата хаплогрупе које су према литературним подацима окарактерисане као ретке: *A*, *Y*, *B*, *F*, *JT* и *R* (без *RO*, *U*, *J* и *T*)

<sup>#</sup> – субпопулације које су коришћене у *PC* анализама чији су резултати приказани на Слици 8.1 Прилога

**Табела 8.4.** Учесталост мтДНК (под)хаплогрупа код 20 одабраних европских популација које су коришћене у *PC* анализама чији су резултати приказани на Сликама 4.2 и 4.3 у поглављу 4.2.1. „*PCA* – анализа главних компоненти“. Списак референци је дат на крају Табеле 8.7.

Поп.	Реф.	(Под)хаплогрупа																								
		<i>H</i>	<i>HV</i>	<i>HV0<sup>e</sup></i>	<i>J</i>	<i>T</i>	<i>U*</i>	<i>U1</i>	<i>U2</i>	<i>U3</i>	<i>U4</i>	<i>U5</i>	<i>U6</i>	<i>U7</i>	<i>U8</i>	<i>K</i>	<i>I</i>	<i>W</i>	<i>X<sup>p</sup></i>	<i>N<sup>p</sup></i>	<i>RO<sup>e</sup></i>	<i>M<sup>e</sup></i>	<i>L</i>	Остале	<i>N</i>	
<i>ALB</i>	[9]	52,38	4,76	2,38	7,14	7,14	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	14,29	0,00	0,00	0,00	2,38	4,76	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,38	2,38	42
<i>AUS</i>	[15]	43,59	0,37	2,20	8,79	13,19	1,10	0,73	2,20	1,10	4,76	9,16	0,00	0,00	0,00	8,42	0,37	1,47	1,47	0,73	0,00	0,37	0,00	0,00	0,00	273
<i>BEL</i>	[57]	37,08	2,62	6,74	5,62	10,86	0,00	0,00	1,50	2,25	3,75	12,36	0,00	0,37	0,00	3,75	2,62	3,37	1,12	3,37	0,00	2,62	0,00	0,00	267	
<i>BOS</i>	[27, 69]	46,26	4,22	5,57	7,49	4,22	1,54	0,77	0,96	0,19	3,84	8,45	0,00	0,77	0,00	5,95	2,11	2,69	1,54	0,77	1,34	0,77	0,19	0,38	521	
<i>BUG</i>	[51]	41,90	3,80	3,70	7,90	10,60	0,00	1,40	1,40	1,87	3,86	6,67	0,00	0,47	0,47	5,90	1,20	2,80	2,10	1,80	0,50	0,94	0,35	0,35	855	
<i>ЇEH</i>	[72]	44,13	1,68	2,23	11,73	12,29	0,00	0,00	0,56	2,23	2,79	8,38	0,00	0,00	0,56	3,91	2,79	0,56	1,68	2,23	0,00	1,68	0,00	0,56	179	
<i>GRK</i>	[49, 99]	41,22	1,58	2,48	11,49	7,43	0,45	2,03	0,45	3,38	4,05	5,63	0,45	0,45	0,00	4,73	2,93	2,25	4,28	1,13	2,03	1,35	0,00	0,23	444	
<i>HRV</i>	[27]	45,31	0,80	4,29	9,65	8,04	1,07	0,54	1,61	1,07	2,14	11,26	0,27	0,27	0,27	4,29	1,88	2,68	1,61	0,80	0,54	0,80	0,27	0,54	373	
<i>ITA</i>	[79, 112]	39,31	4,32	3,89	8,21	14,69	0,43	0,86	0,22	2,16	1,30	4,75	0,22	0,22	0,65	9,29	1,73	0,86	3,02	1,30	0,65	0,86	0,43	0,65	463	
<i>MAD</i>	[48, 111]	39,74	1,28	4,49	9,29	12,50	1,28	0,32	0,96	0,64	3,21	7,05	0,64	0,32	0,32	5,77	2,56	4,17	0,64	0,32	0,32	1,28	0,96	1,92	312	
<i>MAK</i>	[13, 27, 118]	43,60	1,31	3,92	7,31	10,70	1,31	1,04	2,09	1,31	2,87	7,83	0,00	0,00	0,00	4,44	1,31	3,39	3,92	1,57	0,78	0,78	0,00	0,52	383	
<i>NEM</i>	[14, 109]	41,21	0,64	2,88	10,22	12,78	0,00	0,32	0,64	1,60	3,83	9,58	0,00	0,32	0,00	7,03	2,24	2,24	1,28	0,32	0,00	0,32	0,00	2,56	313	
<i>POL</i>	[40, 70]	43,70	0,94	4,95	7,77	9,54	0,12	0,24	1,30	0,71	5,06	10,48	0,00	0,12	0,82	3,89	2,00	3,65	1,88	0,94	0,12	1,18	0,12	0,47	849	
<i>RUM</i>	[13, 99]	38,07	2,03	4,06	11,67	11,17	1,52	0,00	1,02	1,52	2,54	8,12	0,00	0,00	0,00	5,58	0,51	3,55	3,05	1,01	3,05	0,00	0,00	1,52	197	
<i>RUS</i>	[40, 68, 70]	41,42	3,43	5,64	7,35	10,54	0,25	0,49	1,23	0,74	2,21	10,78	0,00	0,25	1,23	2,45	2,21	1,96	2,45	0,74	0,49	2,70	0,00	1,47	408	
<i>SLK</i>	[71]	45,41	2,90	3,86	9,18	10,63	0,00	0,48	0,97	0,00	5,31	7,73	0,00	0,48	0,00	1,45	4,83	2,90	1,45	0,48	0,00	0,97	0,97	0,00	207	
<i>SLO</i>	[69, 119]	43,23	0,87	5,68	7,42	10,04	0,00	0,44	0,87	1,31	3,49	9,61	0,00	0,00	0,44	6,11	3,06	2,62	1,75	0,00	0,00	0,00	0,00	3,06	229	
<i>SRB</i>	[27, 28, 117, 121]	44,31	1,75	3,50	7,29	6,41	0,58	0,29	1,46	0,87	6,41	7,29	0,00	0,87	0,00	5,83	1,75	3,79	1,17	2,62	0,58	0,29	0,29	2,62	343	
<i>TUR</i>	[75, 99]	28,33	4,10	0,68	9,56	9,22	11,60	3,07	1,37	6,14	1,37	0,68	0,00	0,34	0,00	5,46	2,05	2,39	2,05	1,02	0,68	5,46	2,05	2,39	293	
<i>UKR</i>	[68, 77]	39,55	1,69	6,21	7,91	9,60	0,00	0,00	1,69	1,13	5,08	12,43	0,00	0,00	0,56	5,08	2,26	2,82	1,69	0,00	0,00	1,69	0,00	0,56	177	
		$\Sigma(N)$																							7128	

Ознаке популација су идентичне оним на Сликама 4.2 и 4.3 у поглављу 4.2.1. „*PCA* – анализа главних компоненти“. Ознаке за (под)хаплогрупе су исте као у Табели 8.3.

**Табела 8.5.** Учесталост мтДНК (под)хаплогрупа код 42 европске популације које су коришћене у *PC* анализи чији су резултати приказани на Слици 4.4 у поглављу 4.2.1. *“PCA – анализа главних компоненти”*. Списак референци је дат на крају Табеле 8.7.

Поп.	Реф.	(Под)хаплогрупа																				Остале	N		
		H	HV	HV0 <sup>a</sup>	J	T	U*	U1	U2	U3	U4	U5	U6	U7	U8	K	I	W	Χ <sup>o</sup>	N <sup>o</sup>	RO <sup>a</sup>			M <sup>a</sup>	L
ALB	[9, 50, 56]	47,60	2,40	3,37	7,21	7,21	0,00	0,96	0,00	0,96	4,81	5,77	0,00	0,00	0,00	4,33	3,37	5,77	1,92	0,00	1,92	0,96	0,48	0,96	208
AUS	[15, 85]	43,97	0,54	1,88	9,12	12,33	0,80	0,80	1,88	1,07	4,56	8,85	0,00	0,00	0,27	8,04	1,34	1,34	1,34	0,54	0,27	0,54	0,00	0,54	373
BAS	[3, 8, 11, 19, 25, 37, 94, 99]	48,60	1,27	8,48	7,72	6,70	0,25	0,00	0,68	0,17	0,85	15,35	0,25	0,08	0,59	4,33	0,59	0,68	2,21	0,25	0,08	0,17	0,25	0,42	1179
BEL	[10, 57]	37,88	3,06	6,41	5,29	10,31	4,46	0,00	1,11	1,67	2,79	11,42	0,00	0,28	0,00	3,34	2,51	2,79	1,11	2,79	0,00	2,51	0,00	0,28	359
BOS	[2, 41, 56, 69, 104]	46,00	3,16	6,02	8,69	5,23	0,00	0,69	1,38	0,69	4,24	6,42	0,10	0,59	0,20	5,73	2,76	2,37	2,57	0,79	0,99	0,69	0,39	0,30	1013
BUG	[18, 51, 99]	41,77	3,71	3,51	7,63	10,54	0,20	1,31	1,20	2,11	3,82	7,03	0,00	0,70	0,40	5,92	1,41	2,51	2,11	1,61	0,60	1,10	0,40	0,40	996
ĀEH	[72, 77, 99, 113, 115]	42,16	2,03	4,19	9,86	10,68	4,46	0,00	0,68	1,08	1,49	9,05	0,00	0,27	0,41	4,05	2,30	1,35	1,22	0,68	0,00	1,62	0,14	2,30	740
DAN	[63, 78, 98, 99]	45,94	0,53	4,41	10,16	9,98	0,00	0,04	1,83	0,89	2,81	7,93	0,09	0,13	0,40	7,53	2,67	1,47	1,47	0,45	0,00	0,13	0,22	0,89	2244
ENG	[37, 43, 90, 98, 99]	54,68	0,00	3,51	13,45	6,73	0,00	0,00	0,58	0,88	2,05	7,02	0,00	0,00	0,29	6,14	2,05	0,88	0,88	0,29	0,00	0,00	0,29	0,29	342
EST	[59, 99, 101, 102, 107]	46,32	0,79	1,05	9,21	10,00	0,79	0,00	0,79	0,53	5,79	12,89	0,00	0,00	0,79	2,11	1,32	3,42	0,79	1,32	0,00	0,79	0,00	1,32	380
FIN	[42, 53, 58, 74, 98, 101]	40,74	0,38	5,58	5,08	4,06	1,40	0,13	0,51	0,00	1,14	21,57	0,00	0,38	0,38	4,06	3,55	7,23	1,27	0,51	0,00	1,27	0,00	0,76	788
FRA	[8, 32, 37, 97, 99, 100]	43,37	1,86	5,73	7,46	8,53	0,29	0,07	1,51	1,00	2,44	9,39	0,22	0,07	0,72	8,96	1,86	1,79	1,29	0,86	0,43	0,50	0,79	0,86	1395
GRK	[13, 49, 55, 99]	41,68	1,91	2,10	10,90	8,22	0,38	1,72	0,76	2,87	3,44	5,16	0,38	0,38	0,00	4,97	2,87	2,29	3,82	1,34	1,72	1,72	0,00	1,34	523
HOL	[22]	41,18	0,44	3,38	10,74	11,62	0,00	0,00	0,59	0,74	2,79	8,97	0,00	0,15	0,59	11,76	1,62	1,91	0,29	0,15	0,15	0,29	0,29	2,35	680
HRV	[7, 41, 56, 104]	44,99	3,12	4,93	9,69	7,06	0,00	1,15	2,30	1,48	2,46	8,87	0,16	0,33	0,33	5,09	2,13	1,97	1,64	1,31	0,00	0,33	0,16	0,49	609
IRS	[73, 99]	44,19	1,33	5,65	10,96	7,31	0,33	0,00	1,33	1,00	1,33	8,31	0,00	0,00	0,00	11,96	2,99	2,33	0,66	0,00	0,00	0,33	0,00	0,00	301
ISL	[44, 98, 101]	41,83	4,92	1,79	14,32	10,51	0,00	0,00	0,00	2,24	2,46	7,61	0,00	0,00	0,00	7,16	4,47	0,22	1,57	0,00	0,00	0,67	0,22	0,00	447
ITA	[1, 7, 12, 17, 23, 34, 35, 38, 76, 79, 83, 99, 106, 108, 112]	40,74	3,46	3,64	8,07	12,49	0,11	1,04	1,71	2,45	1,71	5,95	0,48	0,56	0,33	6,99	1,60	1,90	2,38	1,26	0,78	0,74	0,74	0,86	2690
ITA1	[12, 17, 23, 79, 106, 112]	43,24	2,56	3,41	7,99	14,27	0,00	0,75	0,96	1,92	1,81	7,03	0,11	0,11	0,32	6,71	1,60	1,28	2,13	1,06	0,53	0,64	0,43	1,17	939
ITA2	[1, 7, 17, 34, 35, 38, 76, 99, 108, 112]	41,06	3,90	4,55	6,91	10,89	0,16	1,22	2,20	2,76	1,30	5,93	0,49	1,14	0,49	6,91	1,22	2,03	2,60	0,89	0,98	0,98	0,89	0,49	1230
ITA3	[7, 17, 83]	35,51	4,03	1,92	10,94	13,05	0,19	1,15	1,92	2,69	2,50	4,03	1,15	0,00	0,00	7,68	2,50	2,69	2,30	2,50	0,77	0,38	0,96	1,15	521
KOR	[34, 99, 114]	57,38	2,46	2,46	7,38	8,20	0,00	0,00	0,82	0,00	0,82	5,74	0,00	0,00	1,64	8,20	1,64	0,00	0,00	1,64	0,00	1,64	0,00	0,00	122
LET	[59, 92]	41,89	1,69	2,66	6,05	9,20	0,97	0,00	3,63	2,18	9,20	10,17	0,00	0,00	0,00	2,42	4,60	4,12	0,24	0,00	0,00	0,48	0,00	0,48	413
LIT	[52, 59]	46,94	0,58	6,12	6,41	10,20	1,17	0,00	0,00	1,17	3,79	10,79	0,00	0,00	0,58	1,75	3,21	2,04	0,58	2,33	0,00	0,87	0,00	1,46	343
MAD	[48, 111]	39,74	1,28	4,49	9,29	12,50	1,28	0,32	0,96	0,64	3,21	7,05	0,64	0,32	0,32	5,77	2,56	4,17	0,64	0,64	0,32	1,28	0,64	1,92	312
MAK	[13, 27, 56, 118]	43,95	1,23	3,70	7,65	10,12	1,23	1,23	1,98	1,23	3,21	7,65	0,00	0,00	0,00	4,69	1,23	3,46	3,70	1,48	0,99	0,74	0,00	0,49	405
NEM	[6, 14, 33, 37, 47, 64, 89, 93, 98, 99, 109]	46,04	0,50	3,93	9,14	10,14	0,50	0,29	0,71	1,43	3,07	8,21	0,00	0,14	0,29	6,07	2,36	2,00	1,71	0,36	0,07	1,00	0,14	1,93	1401
NOR	[43, 81, 86, 99]	48,33	0,48	4,13	10,33	9,06	0,32	0,16	0,00	1,27	2,70	11,76	0,00	0,00	0,32	5,72	1,91	1,43	0,48	0,95	0,00	0,16	0,32	0,16	629
POL	[40, 70, 77, 99]	42,71	1,01	4,42	8,84	10,00	0,08	0,47	1,09	0,93	4,81	11,09	0,00	0,16	0,78	3,95	1,86	3,26	1,71	1,01	0,08	1,01	0,31	0,47	1290
POR	[16, 25, 39, 66, 87, 88, 94, 98]	44,35	0,31	5,58	6,89	9,43	0,68	0,00	1,36	0,87	1,55	6,95	1,99	0,06	0,00	5,52	1,80	1,99	1,43	0,74	0,31	0,81	6,70	0,68	1612
POR1	[39, 66, 87, 94]	43,70	0,41	7,11	6,91	10,37	0,81	0,00	0,81	1,42	1,22	7,52	2,64	0,00	0,00	3,66	2,03	2,64	0,61	1,42	0,81	1,02	4,07	0,81	492
POR2	[39, 87, 94]	46,51	0,00	5,12	8,84	9,77	1,40	0,00	1,40	0,47	1,40	4,65	1,40	0,00	0,00	8,37	0,47	0,93	2,33	0,47	0,00	0,47	5,58	0,47	215
POR3	[39, 87, 88]	45,21	0,00	4,17	7,08	8,54	0,21	0,00	1,46	0,21	1,46	6,88	0,83	0,21	0,00	6,46	2,50	1,46	2,29	0,42	0,00	0,42	10,21	0,00	480
RUM	[13, 46, 99]	43,69	1,54	4,92	9,54	9,23	0,92	0,00	0,92	0,92	3,69	8,00	0,00	0,00	0,31	5,54	0,31	4,31	2,15	0,62	1,85	0,31	0,00	1,23	325
RUS	[10, 40, 54, 67, 68, 70, 80, 82, 99]	40,51	2,16	4,06	8,44	10,10	0,70	0,38	1,08	0,76	4,19	10,48	0,06	0,25	0,83	4,19	2,16	2,03	1,46	1,08	0,57	2,41	0,32	1,78	1575
SAR	[30, 34, 36, 99]	45,81	1,63	3,49	9,77	10,93	0,00	2,79	0,00	1,40	0,47	8,60	1,40	0,00	0,00	5,81	2,09	0,23	1,40	0,47	1,16	0,93	1,40	0,23	430
SLK	[61, 71]	43,20	1,72	3,27	8,61	9,47	0,34	0,52	0,86	0,86	5,51	10,84	0,00	0,17	0,52	3,79	2,93	2,07	1,20	0,69	0,17	2,41	0,34	0,52	581
SLO	[69, 104, 119]	41,72	0,61	5,21	9,51	11,35	0,00	0,61	1,53	1,23	3,07	10,74	0,00	0,00	0,61	5,83	2,15	2,15	1,53	0,00	0,00	0,00	2,15	326	
SIC	[17, 83, 99, 116]	41,55	4,29	4,56	7,51	11,80	0,00	1,07	0,54	1,61	0,80	3,49	0,54	1,07	0,27	7,51	1,34	1,34	3,22	3,75	0,54	1,34	1,88	0,00	373
SRB	[27, 28, 41, 56, 117, 121]	44,34	1,58	4,07	9,50	5,66	0,45	0,45	1,58	0,90	6,11	6,79	0,00	0,68	0,45	5,43	1,58	3,39	0,90	2,94	0,45	1,13	0,45	1,13	442
ŠKO	[43]	42,25	0,25	3,42	14,08	10,25	0,00	0,33	0,67	1,50	1,92	7,33	0,00	0,08	0,25	8,75	4,83	1,08	2,33	0,42	0,00	0,25	0,00	0,00	1200
ŠKO1	[43]	36,04	0,00	3,25	14,61	14,61	0,00	0,65	0,65	1,95	1,62	8,44	0,00	0,00	0,32	9,09	4,55	1,62	1,95	0,65	0,00	0,00	0,00	0,00	308
ŠKO2	[43]	44,39	0,34	3,48	13,90	8,74	0,00	0,22	0,67	1,35	2,02	6,95	0,00	0,11	0,22	8,63	4,93	0,90	2,47	0,34	0,00	0,34	0,00	0,00	892
ŠPA	[4, 5, 8, 20, 25, 26, 34, 37, 39, 45, 60, 65, 84, 91, 94, 103]	45,57	1,08	7,42	7,86	7,86	0,53	0,09	1,20	0,99	1,81	8,77	1,49	0,06	0,38	5,96	1,26	1,26	1,37	0,61	0,38	0,79	2,34	0,91	3421
ŠPA1	[4, 5, 20, 25, 26, 37, 39, 45, 60, 65, 84, 91, 103]	45,11	1,42	8,24	8,48	8,07	0,69	0,04	1,26	0,77	1,87	8,72	1,10	0,04	0,49	5,56	1,38	1,18	1,18	0,53	0,32	0,65	1,95	0,97	2465
ŠPA2	[25, 34, 60, 91]	43,74	0,00	6,17	7,05	6,70	0,18	0,18	1,23	1,59	1,59	8,64	3,35	0,18	0,00	7,58	0,88	2,29	1,59	0,88	0,53	1,41	4,23	0,00	567
ŠVA	[31, 96]	49,12	0,44	4,82	11,40	12,28	0,00	0,00	0,88	0,88	3,07	7,02	0,00	0,00	0,00	5,26	0,88	1,75	0,44	0,44	0,00	0,44	0,44	0,44	228
ŠVE	[53, 59, 62, 102, 110]	43,66	0,62	5,41	7,38	9,15	0,94	0,42	0,83	0,62	3,22	11,75	0,00												

**Табела 8.6.** Списак *HVS-I* хаплотипова обједињеног узорка српске популације који су приватни или заједнички за српску и остале европске популације добијен на основу анализе секвенце *HVS-I* региона (16024-16365). Инсерције и делеције на позицијама 16180-16193 и 303-315 (обележено у *italic* форми) су искључене из ове анализе. Приказане су и процентуалне заступљености хаплотипова који су заједнички за српску и појединачне европске популације или популације груписане на основу поделе Европе на регионе, поделе јужне Европе на полуострва и припадности популација одређеној језичкој породици. Списак референци је дат на крају Табеле 8.7.

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	Европске популације																		
		(Под)хаплогрупа	Босанско-херцеговачка [2, 41, 56, 69, 104]	Бугарска [18, 51, 99]	Хрватска [7, 41, 56, 104]	Жумберак [104]	Крк [104]	Црес[104]	Хвар[104]	Ластово, Млет [104]	Македонска [13, 56, 118]	Словенска [69, 104, 119]	Албанска [9, 50, 56]	Грчка [13, 49, 55, 99]	Валшка [13]	Корзијанска [34, 99, 114]	Италијанска [1, 7, 12, 17, 23, 34, 35, 38, 76, 79, 83, 99, 106, 108, 112]	Сардинијска [30, 34, 36, 99]	Сицилијанска [17, 83, 99, 116]	Португалска [16, 25, 39, 66, 87, 88, 94, 98]
[28, 121]	16174T 16362C	D	+		+															
[28, 121]	rCRS	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16129A	H	+	+	+															
[28, 121]	16189C <i>16193.1C 16193.2C</i>	H	+	+	+															
[28, 121]	16311C	H/HV	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16209C	H	+																	
[28, 121]	16293G	H	+	+	+	+														
[28, 121]	16362C	H/H6	+	+	+															
[28, 121]	16093C 16129A	H																		
[28, 121]	16293C	H	+																	
[28, 121]	16080G	H	+		+															
[28, 121]	16162G 16368C	H																		
[28, 121]	16093C	H	+	+	+															
[28, 121]	16184T	H	+																	
[28, 121]	16185T	H																		
[28, 121]	16240G	H		+																
[28, 121]	16042A 16288C	H		+																
[28, 121]	16189C <i>16193.1C 16255A</i>	H																		
[28, 121]	16051G 16312G	H	+	+	+															
[28, 121]	16147T 16189C <i>16193.1C 16193.2C</i>	H																		
[28, 121]	16241G 16266T 16311C	H																		
[28, 121]	16301T 16311C	H11																		
[28, 121]	16092C 16293G 16311C	H11a	+	+	+															
[28, 121]	16287T	H12	+	+	+	+														
[28, 121]	16153A 16189C <i>16193.1C 16356C 16362C</i>	H1b																		
[28, 121]	16189C <i>16193.1C 16356C 16362C</i>	H1b	+	+	+															
[28, 121]	16183C 16189C 16311C 16356C	H1b																		
[28, 121]	16188T 16209C	H1o																		
[28, 121]	16354T	H2a1	+	+	+	+														
[28, 121]	16304C 16390A	H5	+																	
[28, 121]	16304C	H5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16183C 16189C <i>16193.1C 16304C</i>	H5																		
[28, 121]	16189C <i>16193.1C 16304C</i>	H5	+	+	+															
[28, 121]	16294T 16304C	H5	+	+		+														
[28, 121]	16166C 16304C	H5	+																	
[28, 121]	16092C 16201T 16304C	H5																		
[28, 121]	16288C 16362C	H8	+	+	+															
[28, 121]	16168T	H9a	+	+																
[28, 121]	16298C 16311C	HV0		+																
[28, 121]	16217C 16243C 16261T	HV2	+		+															
[28, 121]	16129A 16148T 16223T	I5	+	+																
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16222T	J1b	+	+																
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	J1b1	+	+	+															
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	J1b2/J																		
[28, 121]	16069T 16126C	J1c	+	+	+	+														
[28, 121]	16069T 16126C 16224C	J1c		+																
[28, 121]	16069T 16111T 16126C	J1c																		
[28, 121]	16069T 16126C 16366T	J1c2	+	+	+															

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хаплогрупа	Босанско-херцеговачка [2, 41, 56, 69, 104]	Бугарска [18, 51, 99]	Хрватска [7, 41, 56, 104]	Жумберак [104]	Крк [104]	Црче [104]	Хвар [104]	Ластово, Млет [104]	Македонска [13, 56, 118]	Словеначка [69, 104, 119]	Албанска [9, 50, 56]	Грчка [13, 49, 55, 99]	Влашка [13]	Коринтска [34, 99, 114]	Италијанска [1, 7, 12, 17, 23, 34, 35, 38, 76, 79, 83, 99, 106, 108, 112]	Сардинијска [30, 34, 36, 99]	Спилијанска [17, 83, 99, 116]	Португалска [16, 25, 39, 66, 87, 88, 94, 98]	Шпанска [4, 5, 8, 20, 25, 26, 34, 37, 39, 45, 60, 65, 84, 91, 94, 103]	Баскијска [3, 8, 11, 19, 25, 37, 94, 99]
[28, 121]	16069T 16126C 16231C	J2																				
[28, 121]	16069T 16126C 16193T	J2b		+	+																	
[28, 121]	16224C 16304C 16311C	K	+																			
[28, 121]	16224C 16311C	K	+	+					+													
[28, 121]	16093C 16224C 16311C	K1a*	+	+	+	+				+												
[28, 121]	16093C 16224C 16311C 16354T	K1a*		+							+											+
[28, 121]	16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	L2a1k																				
[28, 121]	16147A 16172C 16223T 16248T 16320T 16355T	N1a	+	+	+																	
[28, 121]	16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	N1b		+							+											
[28, 121]	16145A 16176A 16223T 16241G 16390A	N1b		+							+											
[28, 121]	16126C 16248T 16355T 16362C	R0a1a																				
[28, 121]	16126C 16260T 16294T 16355T	T																				
[28, 121]	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	T1																				
[28, 121]	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T1	+	+	+	+	+	+		+	+	+	+	+	+						+	+
[28, 121]	16126C 16294T 16296T	T2	+	+	+	+																
[28, 121]	16093C 16126C 16294T 16296T 16304C	T2b																				
[28, 121]	16126C 16294T 16296T 16304C	T2b	+	+	+	+	+															
[28, 121]	16129A 16179T 16182C 16183C 16189C 16249C 16274A	U1a							+													+
[28, 121]	16051G 16129C 16182C 16183C 16189C 16362C	U2e		+																		+
[28, 121]	16051G 16129C 16189C 16256T	U2e			+	+																+
[28, 121]	16189C 16343G 16390A	U3a																				
[28, 121]	16343G 16390A	U3a	+		+					+												+
[28, 121]	16201T 16293C 16356C	U4																				
[28, 121]	16356C	U4	+	+	+						+		+	+	+							+
[28, 121]	16356C 16362C	U4	+	+	+						+											+
[28, 121]	16278T	U4a2/H	+	+	+																	+
[28, 121]	16192T	U4a2/H	+	+	+																	+
[28, 121]	16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	U4c1																				+
[28, 121]	16051G 16179T 16356C 16362C	U4c1	+																			+
[28, 121]	16179T 16356C	U4c1	+	+	+					+	+	+	+	+	+							+
[28, 121]	16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	U5a																				
[28, 121]	16192T 16256T 16270T	U5a	+	+	+				+													+
[28, 121]	16136C 16192T 16256T 16270T	U5a			+																	+
[28, 121]	16256T 16270T 16399G	U5a1	+	+	+						+	+	+	+								+
[28, 121]	16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1	+	+																		+
[28, 121]	16192T 16270T	U5b	+		+																	+
[28, 121]	16186T 16189C 16270T 16293G	U5b1b	+																			+
[28, 121]	16192T 16270T 16304C	U5b3	+	+		+																+
[28, 121]	16293G 16318T	U7																				
[28, 121]	16146G 16243C 16342C	U8a1																				
[28, 121]	16162G 16298C	V		+																		
[28, 121]	16234T 16298C	V	+																			+
[28, 121]	16223T 16292T 16311C	W	+		+																	+
[28, 121]	16172C 16223T 16231C 16292T	W3'5		+																		+
[28, 121]	16223T 16292T	W3'5	+	+	+	+	+															+
[28, 121]	16189C 16223T 16278T	X2b	+	+	+																	+
[28, 121]	16189C 16192T 16223T 16278T 16292T	X2b	+	+																		+
[28, 121]	16189C 16193.IC 16223T 16278T 16294T	X2b	+		+																	+
[41]	16174T	D/H	+	+	+																	
[41]	16142T 16325C	H	+	+	+																	
[41]	16188T	H	+	+																		
[41]	16274A	H	+	+	+																	+
[41]	16048A 16261T 16270T	H1ba																				
[41]	16311C 16390A	H11																				
[41]	16293G 16311C	H11a	+	+	+				+													+
[41]	16148T 16256T 16319A	H13a2c1		+	+																	

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хаплогрупа	Босанско-херцеговачка [2, 41, 56, 69, 104]	Бугарска [18, 51, 99]	Хрватска [7, 41, 56, 104]	Жуљуберак [104]	Крк [104]	Црсе [104]	Хвар [104]	Ластово, Млет [104]	Македонска [13, 56, 118]	Словеначка [69, 104, 119]	Албанска [9, 50, 56]	Грчка [13, 49, 55, 99]	Влашка [13]	Коринтска [34, 99, 114]	Италијанска [1, 7, 12, 17, 23, 34, 35, 38, 76, 79, 83, 99, 106, 108, 112]	Сардинијска [30, 34, 36, 99]	Сиплијанска [17, 83, 99, 116]	Португалска [16, 25, 39, 66, 87, 88, 94, 98]	Шпанска [4, 5, 8, 20, 25, 26, 34, 37, 39, 45, 60, 65, 84, 91, 94, 103]	Баскијска [3, 8, 11, 19, 25, 37, 94, 99]
[41]	16256T 16352C	H14a	+			+																
[41]	16271C 16311C	H1n	+																			
[41]	16093C 16260T 16311C	H3v	+		+				+													
[41]	16224C 16362C	H6	+		+																	
[41]	16298C	HV0	+	+	+	+	+	+	+		+	+		+		+	+	+	+	+	+	+
[41]	16221T	HV4a	+	+	+		+					+	+	+		+	+				+	+
[41]	16063C 16069T 16126C 16342C	J																				
[41]	16069T 16126C 16261T	J	+	+			+			+	+	+	+	+	+		+				+	+
[41]	16069T 16126C 16261T 16286T	J																				
[41]	16069T 16126C 16145A 16172C 16222T 16261T	J1b1a1	+	+	+					+	+	+	+	+			+			+	+	
[41]	16069T 16093C 16126C	J1c	+		+				+		+								+		+	
[41]	16126C	J1c/U4a2a			+						+							+			+	+
[41]	16063C 16126C 16348T	J1c3f																				
[41]	16069T 16126C 16148T 16193T	J2b	+		+																	
[41]	16069T 16126C 16193T 16319A	J2b1c1																				
[41]	16093C 16224C 16266T 16270T 16311C	K1a4a1a																				
[41]	16093C 16224C 16311C 16362C	K1a5a	+		+																	
[41]	16129A 16224C 16301T 16311C	K2b1b	+	+	+					+	+										+	
[41]	16147A 16172C 16223T 16248T 16304C 16320T 16355T	N1a1a1a																				
[41]	16261T 16343G	U3	+										+									
[41]	16136C 16192T 16256T 16270T 16287T	U5a																				
[41]	16192T 16256T 16260T 16270T 16291T 16399G	U5a1b1																				
[41]	16114A 16192T 16256T 16270T 16294T	U5a2a	+		+	+								+	+					+	+	
[41]	16066G 16129A 16145A 16223T 16292T	W1h										+										
[56]	16093C 16172C 16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1	+																			
[56]	16179T 16356C 16362C	U4c1a																				
[56]	16184T 16298C	V1a2																				
[56]	16126C 16189C 16223T 16264T 16270T 16274A 16278T 16293G 16311C 16362C	L1b									+		+									
[56]	16051G 16129C 16189C 16362C	U2e2a	+		+		+														+	+
[56]	16126C 16163G 16189C 16294T	T1a1*			+																	
[56]	16193T 16223T 16292T	W1c	+	+							+		+									
[117]	16060C 16131C 16304C	H																				
[117]	16092C 16213A 16256T 16293G 16311C	H																				
[117]	16092C 16293G 16301T 16311C	H	+		+																	
[117]	16093C 16304C 16327T 16363G	H																				
[117]	16162G 16209C 16248T	H																				
[117]	16183C 16189C 16266T	H																				
[117]	16209C 16278T 16293G 16311C	H			+																	
[117]	16221T 16260T	H																				
[117]	16239T	H	+	+	+													+			+	+
[117]	16269G 16304C	H																				
[117]	16291T	H		+									+								+	+
[117]	16357d	H																				
[117]	16129A 16223T 16311C	I																				
[117]	16069T 16126C 16176T 16193T 16292T	J																	+			
[117]	16071T 16224C 16311C	K																				
[117]	16129A 16192T 16224C 16301T 16311C	K																				
[117]	16126C 16181G 16294T	T																				
[117]	16126C 16270T 16294T 16304C	T																				
[117]	16126C 16294T 16296T 16304C 16352C	T																				
[117]	16126C 16294T 16304C	T		+	+			+			+	+		+			+	+	+		+	+
[117]	16129C 16183C 16189C	U2																				
[117]	16051C 16179T 16356C 16362C	U4																				
[117]	16192T 16256T 16270T 16291T	U5																				
[117]	16065.T 16144C 16189C 16270T	U5																				
[117]	16093C 16189C 16270T	U5	+	+	+						+		+	+	+		+				+	

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хаплогрупа	Европске популације																				
			Босанско-херцеговачка [2, 41, 56, 69, 104]	Бугарска [18, 51, 99]	Хрватска [7, 41, 56, 104]	Жумберак [104]	Крк [104]	Црне [104]	Хавар [104]	Ластово, Млет [104]	Македонска [13, 56, 118]	Словенацка [69, 104, 119]	Албанска [9, 50, 56]	Грчка [13, 49, 55, 99]	Валшка [13]	Коринтска [34, 99, 114]	Италијанска [1, 7, 12, 17, 23, 34, 35, 38, 76, 79, 83, 99, 106, 108, 112]	Сардинијска [30, 34, 36, 99]	Сипилијанска [17, 83, 99, 116]	Португалска [16, 25, 39, 66, 87, 88, 94, 98]	Шпанска [4, 5, 8, 20, 25, 26, 34, 37, 39, 45, 60, 65, 84, 91, 94, 103]	Баскијска [3, 8, 11, 19, 25, 37, 94, 99]	
[117]	16093C 16223T 16292T	W		+																			
[117]	16184A 16189C 16223T 16278T	X																					
[117]	16147G 16172C 16223T 16248T 16355T	NIa	+	+	+																		
[117]	16145A 16176G 16223T 16244A	NIb																					
[117]	16071T 16086C 16172C 16187T 16189C 16217C 16223T	B4																					
[117]	16129A 16182C 16183C 16189C 16234T	U8b1a1																					
[117]	16174T 16207G 16358G 16362C	D4h1																					
[117]	16174T 16358G	D4h1																					
[117]	16183G 16354T	U4a2a																					
		Величина узорка	784	996	568	81	132	119	96	119	259	728	208	523	175	122	2575	430	374	1186	3187	1178	
		Број дељених хаплотипова са обједињеним узорком српске популације (170 хаплотипова)	81	69	66	18	18	12	22	25	44	47	32	42	21	14	76	28	37	46	65	37	
		Процент дељених хаплотипова са српском популацијом	47,65	40,59	38,82	10,59	10,59	7,06	12,94	14,71	25,88	27,65	18,82	24,71	12,35	8,24	44,71	16,47	21,76	27,06	38,24	21,76	

Табела 8.6. Наставак

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хаплогрупа	Европске популације																					
			Мађарска [48, 111]	Румунска [13, 46, 99]	Чешка [72, 77, 99, 113]	Пољска [40, 70, 77, 99]	Словачка [61, 71]	Аустријска [15, 85]	Немачка [6, 14, 33, 37, 47, 64, 89, 93, 98, 99, 109]	Швајцарска [31, 96]	Белоруска [10, 57]	Руска [10, 40, 54, 67, 68, 70, 80, 82, 99]	Украјинска [68, 77, 95]	Летонска [59, 92]	Литванска [52, 59]	Естонска [59, 99, 101, 102, 107]	Француска [8, 32, 37, 97, 99, 100]	Холандска [22]	Енглеска [37, 43, 90, 98, 99]	Ирска [73, 99]	Шкотска [43]	Велшка [98]		
[28, 121]	16174T 16362C	D						+																
[28, 121]	rCRS	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16129A	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16189C 16193.1C 16193.2C	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16311C	H/HV	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16209C	H			+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16293G	H	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16362C	H/H6	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16093C 16129A	H															+							
[28, 121]	16293C	H																	+					
[28, 121]	16080G	H									+													
[28, 121]	16162G 16368C	H										+												
[28, 121]	16093C	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16184T	H						+				+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16185T	H															+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16240G	H																						
[28, 121]	16042A 16288C	H		+		+			+															
[28, 121]	16189C 16193.1C 16255A	H																						
[28, 121]	16051G 16312G	H		+																				
[28, 121]	16147T 16189C 16193.1C 16193.2C	H																						
[28, 121]	16241G 16266T 16311C	H																						
[28, 121]	16301T 16311C	H11																						
[28, 121]	16092C 16293G 16311C	H11a		+										+										
[28, 121]	16287T	H12	+	+	+																			
[28, 121]	16153A 16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b											+								+			
[28, 121]	16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16183C 16189C 16311C 16356C	H1b																						
[28, 121]	16188T 16209C	H1o																						
[28, 121]	16354T	H2a1	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16304C 16390A	H5										+												



Референтна	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(По)хаплогрупа	Мађарска [48, 111]	Румунска [13, 46, 99]	Чешка [72, 77, 99, 113]	Пољска [40, 70, 77, 99]	Словачка [61, 71]	Аустријска [15, 85]	Немачка [6, 14, 33, 37, 47, 64, 89, 93, 98, 99, 109]	Швајцарска [31, 96]	Белоруска [10, 57]	Руска [10, 40, 54, 67, 68, 70, 80, 82, 99]	Украјинска [68, 77, 95]	Летонска [59, 92]	Литванска [52, 59]	Естонска [59, 99, 101, 102, 107]	Француска [8, 32, 37, 97, 99, 100]	Холандска [22]	Енглеска [37, 43, 90, 98, 99]	Ирска [73, 99]	Шкотска [43]	Велика [98]	
[28, 121]	16304C	H5	+																				
[28, 121]	16183C 16189C 16193.IC 16304C	H5																					
[28, 121]	16189C 16193.IC 16304C	H5		+				+															
[28, 121]	16294T 16304C	H5	+	+	+	+	+																
[28, 121]	16166C 16304C	H5																					
[28, 121]	16092C 16201T 16304C	H5																					
[28, 121]	16288C 16362C	H8			+	+																	
[28, 121]	16168T	H9a			+	+																	
[28, 121]	16298C 16311C	HV0	+	+	+	+	+		+														
[28, 121]	16217C 16243C 16261T	HV2																					
[28, 121]	16129A 16148T 16223T	I5a																					
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16222T	I1b																					
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	I1b1	+	+		+	+		+														
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	I1b2/I																					
[28, 121]	16069T 16126C	I1c	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16069T 16126C 16224C	I1c		+																			
[28, 121]	16069T 16111T 16126C	I1c		+																			
[28, 121]	16069T 16126C 16366T	I1c2					+		+	+											+	+	
[28, 121]	16069T 16126C 16231C	I2								+											+	+	
[28, 121]	16069T 16126C 16193T	I2b			+	+		+	+														
[28, 121]	16224C 16304C 16311C	K		+	+		+	+	+												+	+	
[28, 121]	16224C 16311C	K	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16093C 16224C 16311C	K1a*	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16093C 16224C 16311C 16354T	K1a*																					
[28, 121]	16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	L2a1k																					
[28, 121]	16147A 16172C 16223T 16248T 16320T 16355T	N1a		+	+	+	+					+				+	+						
[28, 121]	16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	N1a																					
[28, 121]	16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	N1b							+														
[28, 121]	16145A 16176A 16223T 16241G 16390A	N1b																					
[28, 121]	16126C 16248T 16355T 16362C	R0a1a																					
[28, 121]	16126C 16260T 16294T 16355T	T																					
[28, 121]	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	T1																					
[28, 121]	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T1	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16126C 16294T 16296T	T2	+																				
[28, 121]	16093C 16126C 16294T 16296T 16304C	T2b																					
[28, 121]	16126C 16294T 16296T 16304C	T2b	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16129A 16179T 16182C 16183C 16189C 16249C 16274A	U1a																					
[28, 121]	16051G 16129C 16182C 16183C 16189C 16362C	U2e	+					+															
[28, 121]	16051G 16129C 16189C 16256T	U2e					+																
[28, 121]	16189C 16343G 16390A	U3a																					
[28, 121]	16343G 16390A	U3a		+	+	+		+	+					+	+			+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16201T 16293C 16356C	U4																					
[28, 121]	16356C	U4	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16356C 16362C	U4	+					+															
[28, 121]	16278T	U4a2/H				+	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16192T	U4a2/H					+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	U4c1							+														
[28, 121]	16051G 16179T 16356C 16362C	U4c1		+																			
[28, 121]	16179T 16356C	U4c1		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	U5a																					
[28, 121]	16192T 16256T 16270T	U5a	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16136C 16192T 16256T 16270T	U5a																					
[28, 121]	16256T 16270T 16399G	U5a1	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16192T 16270T	U5b					+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16186T 16189C 16270T 16293G	U5b1b																			+	+	+
[28, 121]	16192T 16270T 16304C	U5b3	+						+												+	+	+
[28, 121]	16293G 16318T	U7																					

Референтна	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(По)хипогрупа	Мађарска [48, 111]	Румунска [13, 46, 99]	Чешка [72, 77, 99, 113]	Пољска [40, 70, 77, 99]	Словачка [61, 71]	Аустријска [15, 85]	Немачка [6, 14, 33, 37, 47, 64, 89, 93, 98, 99, 109]	Швајцарска [31, 96]	Белоруска [10, 57]	Руска [10, 40, 54, 67, 68, 70, 80, 82, 99]	Украјинска [68, 77, 95]	Летонска [59, 92]	Литванска [52, 59]	Естонска [59, 99, 101, 102, 107]	Француска [8, 32, 37, 97, 99, 100]	Холандска [22]	Енглеска [37, 43, 90, 98, 99]	Ирска [73, 99]	Шкотска [43]	Велшка [98]	
[28, 121]	16146G 16243C 16342C	<i>U8a1</i>																					
[28, 121]	16162G 16298C	<i>V</i>	+					+	+														
[28, 121]	16234T 16298C	<i>V</i>																					
[28, 121]	16223T 16292T 16311C	<i>W</i>				+							+		+								
[28, 121]	16172C 16223T 16231C 16292T	<i>W3'5</i>	+	+									+										
[28, 121]	16223T 16292T	<i>W3'5</i>	+			+	+	+	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	16189C 16223T 16278T	<i>X2b</i>			+		+		+											+	+	+	
[28, 121]	16189C 16192T 16223T 16278T 16292T	<i>X2b</i>									+	+	+				+			+	+	+	
[28, 121]	16189C 16193.C 16223T 16278T 16294T	<i>X2b</i>																					
[41]	16174T	<i>D/H</i>					+					+	+										
[41]	16142T 16325C	<i>H</i>																					
[41]	16188T	<i>H</i>	+	+		+																	
[41]	16274A	<i>H</i>	+		+	+		+			+	+	+		+		+						
[41]	16048A 16261T 16270T	<i>H1ba</i>										+	+				+			+			
[41]	16311C 16390A	<i>H11</i>																					
[41]	16293G 16311C	<i>H11a</i>	+		+	+	+	+	+	+		+	+		+		+	+	+	+	+	+	+
[41]	16148T 16256T 16319A	<i>H13a2c1</i>		+		+			+			+	+										
[41]	16256T 16352C	<i>H14a</i>					+			+		+											
[41]	16271C 16311C	<i>H1n</i>															+						
[41]	16093C 16260T 16311C	<i>H3v</i>																					
[41]	16224C 16362C	<i>H6</i>																					
[41]	16298C	<i>HV0</i>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[41]	16221T	<i>HV4a</i>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[41]	16063C 16069T 16126C 16342C	<i>J</i>																					
[41]	16069T 16126C 16261T	<i>J</i>		+		+	+	+	+			+	+				+	+	+	+	+	+	+
[41]	16069T 16126C 16261T 16286T	<i>J</i>																					
[41]	16069T 16126C 16145A 16172C 16222T 16261T	<i>J1b1a1</i>	+		+	+	+		+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[41]	16069T 16093C 16126C	<i>J1c</i>			+	+							+								+	+	+
[41]	16126C	<i>J1c/U4a2a</i>	+		+							+	+				+				+	+	+
[41]	16063C 16126C 16348T	<i>J1c3f</i>																					
[41]	16069T 16126C 16148T 16193T	<i>J2b</i>																					
[41]	16069T 16126C 16193T 16319A	<i>J2b1c1</i>																					
[41]	16093C 16224C 16266T 16270T 16311C	<i>K1a4a1a</i>																					
[41]	16093C 16224C 16311C 16362C	<i>K1a5a</i>						+	+			+											
[41]	16129A 16224C 16301T 16311C	<i>K2b1b</i>																					
[41]	16147A 16172C 16223T 16248T 16304C 16320T 16355T	<i>N1a1a1a</i>																					
[41]	16261T 16343G	<i>U3</i>																					
[41]	16136C 16192T 16256T 16270T 16287T	<i>U5a</i>																					
[41]	16192T 16256T 16260T 16270T 16291T 16399G	<i>U5a1b1</i>																					
[41]	16114A 16192T 16256T 16270T 16294T	<i>U5a2a</i>				+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
[41]	16066G 16129A 16145A 16223T 16292T	<i>W1h</i>																					
[56]	16093C 16172C 16192T 16256T 16270T 16399G	<i>U5a1</i>									+	+											
[56]	16179T 16356C 16362C	<i>U4e1a</i>																+					
[56]	16184T 16298C	<i>V1a2</i>																					
[56]	16126C 16189C 16223T 16264T 16270T 16274A 16278T 16293G 16311C 16362C	<i>L1b</i>																					
[56]	16051G 16129C 16189C 16362C	<i>U2e2a</i>									+	+									+	+	
[56]	16126C 16163G 16189C 16294T	<i>T1a1*</i>																					
[56]	16193T 16223T 16292T	<i>W1c</i>					+																
[117]	16060C 16131C 16304C	<i>H</i>																					
[117]	16092C 16213A 16256T 16293G 16311C	<i>H</i>																					
[117]	16092C 16293G 16301T 16311C	<i>H</i>																					
[117]	16093C 16304C 16327T 16363G	<i>H</i>																					
[117]	16162G 16209C 16248T	<i>H</i>																					
[117]	16183C 16189C 16266T	<i>H</i>																					
[117]	16209C 16278T 16293G 16311C	<i>H</i>										+											
[117]	16221T 16260T	<i>H</i>																					
[117]	16239T	<i>H</i>	+		+	+																	
[117]	16269G 16304C	<i>H</i>							+		+						+	+				+	+

Референтна	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Мађарска [48, 111]	Румунска [13, 46, 99]	Чешка [72, 77, 99, 113]	Пољска [40, 70, 77, 99]	+ Словачка [61, 71]	+ Аустријска [15, 85]	Немачка [6, 14, 33, 37, 47, 64, 89, 93, 98, 99, 109]	Швајцарска [31, 96]	Белоруска [10, 57]	Руска [10, 40, 54, 67, 68, 70, 80, 82, 99]	Украјинска [68, 77, 95]	Летонска [59, 92]	Литванска [52, 59]	Естонска [59, 99, 101, 102, 107]	Француска [8, 32, 37, 97, 99, 100]	+ Холандска [22]	Енглеска [37, 43, 90, 98, 99]	+ Ирска [73, 99]	+ Шкотска [43]	Вешка [98]	
[117]	16291T	H	+																				
[117]	16357d	H																					
[117]	16129A 16223T 16311C	I				+				+													
[117]	16069T 16126C 16176T 16193T 16292T	J																					
[117]	16071T 16224C 16311C	K																					
[117]	16129A 16192T 16224C 16301T 16311C	K																					
[117]	16126C 16181G 16294T	T																					
[117]	16126C 16270T 16294T 16304C	T																					
[117]	16126C 16294T 16296T 16304C 16352C	T																					
[117]	16126C 16294T 16304C	T	+																				
[117]	16129C 16183C 16189C	U2				+						+						+		+			+
[117]	16051C 16179T 16356C 16362C	U4																					
[117]	16192T 16256T 16270T 16291T	U5																					
[117]	16065.1T 16144C 16189C 16270T	U5																					
[117]	16093C 16189C 16270T	U5	+			+						+											
[117]	16093C 16223T 16292T	W																	+				
[117]	16184A 16189C 16223T 16278T	X																					
[117]	16147G 16172C 16223T 16248T 16355T	N1a																					
[117]	16145A 16176G 16223T 16244A	N1b																					
[117]	16071T 16086C 16172C 16187T 16189C 16217C 16223T	B4																					
[117]	16129A 16182C 16183C 16189C 16234T	U8b1a1																					
[117]	16174T 16207G 16358G 16362C	D4h1																					
[117]	16174T 16358G	D4h1																					
[117]	16183G 16354T	U4a2a																					
		Величина узорка	333	325	440	1290	581	373	1401	228	359	1575	784	412	343	380	1395	680	342	300	1184	92	
		Број дељених хаплотипова са обједињеним узорком српске популације (170 хаплотипова)	39	40	43	49	46	37	51	25	36	59	51	25	33	32	53	36	35	29	41	13	
		Процент дељених хаплотипова са српском популацијом	22,94	23,53	25,29	28,82	27,06	21,76	30,00	14,71	21,18	34,71	30,00	14,71	19,41	18,82	31,18	21,18	17,06	24,12	7,65	15,29	

Табела 8.6. Наставак

Референтна	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Европске популације							Региони Европе					Групе популација које припадају сродној језичкој породици								
			Исландска [44, 98, 101]	Данска [63, 78, 98, 99]	Норвешка [43, 81, 86, 99]	Шведска [53, 59, 62, 102, 110]	Финска [42, 53, 58, 74, 98, 101]	Турска [18, 24, 29, 50, 75, 98, 99, 105]	Древни узорци [1-62]	Јужна Европа (N=20)	Средња Европа (N=8)	Источна Европа (N=6)	Западна Европа (N=5)	Северна Европа (N=5)	Јужнословенска група (N=10)	Западнословенска група (N=3)	Источнословенска група (N=3)	Балтичка група (N=2)	Германска група (N=8)	Романска група (N=9)			
[28, 121]	16174T 16362C	D																					
[28, 121]	rCRS	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	20	8	6	6	5	10	3	3	2	8	9	
[28, 121]	16129A	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	12	8	6	5	4	4	3	3	2	7	8	
[28, 121]	16189C 16193.1C 16193.2C	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	17	7	6	5	5	7	3	3	2	8	9	
[28, 121]	16311C	H/HV	+	+	+	+	+	+	+	+	+	20	8	6	6	5	10	3	3	2	8	9	
[28, 121]	16209C	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	7	5	4	6	4	3	3	2	1	7	5	
[28, 121]	16293G	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	11	4	3	4	4	6	2	3	0	5	5	
[28, 121]	16362C	H/H6	+	+	+	+	+	+	+	+	+	15	8	6	5	5	7	3	3	2	8	8	
[28, 121]	16093C 16129A	H	+	+	+							3	0	0	3	2	0	0	0	0	3	3	
[28, 121]	16293C	H										4	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	
[28, 121]	16080G	H	+	+								2	1	1	0	2	2	0	1	0	3	0	
[28, 121]	16162G 16368C	H										1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	
[28, 121]	16093C	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	12	8	6	4	5	6	3	3	2	7	7	
[28, 121]	16184T	H										6	1	2	4	0	1	1	2	0	2	5	

Референца	Хаплогрупа	(Пол)Хаплогрупа	Исландска [44, 98, 101]	Данска [63, 78, 98, 99]	Норвешка [43, 81, 86, 99]	Шведска [53, 59, 62, 102, 110]	Финска [42, 53, 58, 74, 98, 101]	Турска [18, 24, 29, 50, 75, 98, 99, 105]	Древни узорци [1-62]	Јужна Европа (N=20)	Средња Европа (N=8)	Источна Европа (N=6)	Западна Европа (N=5)	Северна Европа (N=5)	Јужнословенска група (N=10)	Западнословенска група (N=3)	Источнословенска група (N=3)	Балтичка група (N=2)	Германска група (N=8)	Романска група (N=9)
[28, 121]	16185T	H								2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
[28, 121]	16240G	H		+	+					6	0	0	1	2	1	0	0	0	2	5
[28, 121]	16042A 16288C	H								1	3	0	0	0	1	1	0	0	1	1
[28, 121]	16189C 16193.1C 16255A	H								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16051G 16312G	H								4	1	1	0	0	3	0	1	0	0	1
[28, 121]	16147T 16189C 16193.1C 16193.2C	H								1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
[28, 121]	16241G 16266T 16311C	H								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16301T 16311C	H11						+		0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	16092C 16293G 16311C	H11a		+				+	+	8	1	2	0	1	4	0	1	0	1	3
[28, 121]	16287T	H12		+				+	+	11	4	0	1	1	6	1	0	0	1	5
[28, 121]	16153A 16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b	+	+	+	+				10	7	4	3	4	6	3	3	1	7	5
[28, 121]	16183C 16189C 16311C 16356C	H1b								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16188T 16209C	H1o								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16354T	H2a1		+	+	+	+	+	+	15	8	6	4	4	9	3	3	2	6	6
[28, 121]	16304C 16390A	H5								2	0	1	1	0	1	0	1	0	0	2
[28, 121]	16304C	H5	+	+	+	+	+	+	+	19	8	6	6	5	10	3	3	2	8	8
[28, 121]	16183C 16189C 16193.1C 16304C	H5								2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
[28, 121]	16189C 16193.1C 16304C	H5						+		6	2	0	0	0	4	0	0	0	1	3
[28, 121]	16294T 16304C	H5		+		+			+	9	6	1	1	2	5	3	1	0	3	5
[28, 121]	16166C 16304C	H5								1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
[28, 121]	16092C 16201T 16304C	H5								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16288C 16362C	H8							+	8	2	1	1	0	4	2	0	0	0	4
[28, 121]	16168T	H9a		+				+	+	7	3	3	1	1	4	2	2	1	2	3
[28, 121]	16298C 16311C	HV0		+				+	+	11	6	2	2	2	4	3	2	0	4	7
[28, 121]	16217C 16243C 16261T	HV2				+		+	+	2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0
[28, 121]	16129A 16148T 16223T	I5a							+	7	0	0	0	0	5	0	0	0	0	2
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16222T	I1b								3	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	I1b1		+				+		6	5	4	1	1	5	2	3	0	2	2
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	I1b2/I								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16069T 16126C	I1c	+	+	+	+	+	+	+	16	8	6	6	5	7	3	3	2	8	8
[28, 121]	16069T 16126C 16224C	I1c								5	1	1	0	0	3	0	1	0	0	3
[28, 121]	16069T 16111T 16126C	I1c								1	2	0	1	0	0	0	0	0	1	2
[28, 121]	16069T 16126C 16366T	I1c2					+	+	+	9	3	1	2	1	6	1	1	0	1	1
[28, 121]	16069T 16126C 16231C	I2	+	+	+			+	+	1	0	0	2	3	0	0	0	0	4	1
[28, 121]	16069T 16126C 16193T	I2b	+	+			+	+	+	6	5	0	4	3	3	2	0	0	5	5
[28, 121]	16224C 16304C 16311C	K						+	+	6	2	1	0	0	2	1	0	0	0	5
[28, 121]	16224C 16311C	K	+	+	+	+	+	+	+	19	8	6	6	5	9	3	3	2	8	9
[28, 121]	16093C 16224C 16311C	K1a*		+	+	+	+	+	+	17	8	3	6	4	8	3	3	0	7	9
[28, 121]	16093C 16224C 16311C 16354T	K1a*								2	0	2	0	0	1	0	2	0	0	1
[28, 121]	16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	L2a1k								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16147A 16172C 16223T 16248T 16320T 16355T	N1a		+			+		+	3	4	4	0	2	3	3	2	1	1	1
[28, 121]	16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	N1a								2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0
[28, 121]	16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	N1b								2	1	1	0	0	2	0	1	0	1	0
[28, 121]	16145A 16176A 16223T 16241G 16390A	N1b								4	0	0	0	0	2	0	0	0	0	1
[28, 121]	16126C 16248T 16355T 16362C	R0a1a								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16126C 16260T 16294T 16355T	T								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	T1								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T1	+	+	+	+	+	+	+	18	8	6	6	5	9	3	3	2	8	8
[28, 121]	16126C 16294T 16296T	T2		+	+	+			+	12	7	5	5	3	5	3	3	1	7	6
[28, 121]	16093C 16126C 16294T 16296T 16304C	T2b								3	1	1	0	0	0	1	1	0	0	3
[28, 121]	16126C 16294T 16296T 16304C	T2b	+	+	+	+	+	+	+	17	8	6	5	5	8	3	3	2	8	8
[28, 121]	16129A 16179T 16182C 16183C 16189C 16249C 16274A	U1a								1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
[28, 121]	16051G 16129C 16182C 16183C 16189C 16362C	U2e		+						3	2	0	0	1	1	0	0	0	2	2
[28, 121]	16051G 16129C 16189C 16256T	U2e		+		+				5	2	2	0	2	4	1	2	0	2	1
[28, 121]	16189C 16343G 16390A	U3a	+							0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
[28, 121]	16343G 16390A	U3a				+		+	+	8	5	2	5	1	4	2	0	2	5	5

Референца	Хаплогеномски детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Географске регије																	
			Исландска [44, 98, 101]	Данска [63, 78, 98, 99]	Норвешка [43, 81, 86, 99]	Шведска [53, 59, 62, 102, 110]	Финска [42, 53, 58, 74, 98, 101]	Турска [18, 24, 29, 50, 75, 98, 99, 105]	Древни узорци [1-62]	Јужна Европа (N=20)	Средња Европа (N=8)	Источна Европа (N=6)	Западна Европа (N=5)	Северна Европа (N=5)	Јужнословенска група (N=10)	Западнословенска група (N=3)	Источнословенска група (N=3)	Балтичка група (N=2)	Германска група (N=8)	Романска група (N=9)
[28, 121]	16201T 16293C 16356C	U4								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16356C	U4	+	+	+	+	+	+	+	14	7	6	5	5	5	3	3	2	8	8
[28, 121]	16356C 16362C	U4		+	+					7	2	4	1	2	4	0	2	1	4	1
[28, 121]	16278T	U4a2/H		+						10	3	5	4	2	4	2	3	1	2	5
[28, 121]	16192T	U4a2/H		+						9	2	2	2	2	3	1	1	1	3	6
[28, 121]	16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	U4c1								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16051G 16179T 16356C 16362C	U4c1								5	1	0	0	0	2	0	0	0	0	2
[28, 121]	16179T 16356C	U4c1		+			+			13	6	3	2	2	6	3	1	1	5	6
[28, 121]	16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	U5a								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16192T 16256T 16270T	U5a	+	+	+	+	+	+	+	13	8	5	4	5	6	3	3	1	8	6
[28, 121]	16136C 16192T 16256T 16270T	U5a								2	2	1	0	0	2	2	1	0	0	0
[28, 121]	16256T 16270T 16399G	U5a1			+	+				12	7	6	3	2	5	3	3	2	5	6
[28, 121]	16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1			+	+	+			6	5	3	1	3	3	2	2	1	5	3
[28, 121]	16192T 16270T	U5b		+			+			10	3	3	2	2	4	2	2	1	4	6
[28, 121]	16186T 16189C 16270T 16293G	U5b1b								1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
[28, 121]	16192T 16270T 16304C	U5b3		+						9	2	0	4	1	5	0	0	0	4	4
[28, 121]	16293G 16318T	U7								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16146G 16243C 16342C	U8a1								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16162G 16298C	V							+	2	3	0	0	0	2	0	0	0	2	0
[28, 121]	16234T 16298C	V			+					2	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1
[28, 121]	16223T 16292T 16311C	W								7	1	2	0	0	5	1	1	1	0	2
[28, 121]	16172C 16223T 16231C 16292T	W3'5								5	2	1	0	0	2	0	1	0	0	2
[28, 121]	16223T 16292T	W3'5		+	+	+	+	+	+	13	5	6	5	4	7	2	3	2	7	5
[28, 121]	16189C 16223T 16278T	X2b	+	+	+				+	12	3	4	4	3	4	2	3	0	5	6
[28, 121]	16189C 16192T 16223T 16278T 16292T	X2b								4	0	2	0	0	2	0	2	0	0	2
[28, 121]	16189C 16193.1C 16223T 16278T 16294T	X2b								3	0	0	0	0	2	0	0	0	0	1
[41]	16174T	D/H		+						5	1	2	0	1	3	1	2	0	1	2
[41]	16142T 16325C	H								3	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0
[41]	16188T	H		+						8	4	3	1	1	2	1	2	1	1	6
[41]	16274A	H		+	+	+	+	+		9	4	2	2	4	4	2	2	0	5	6
[41]	16048A 16261T 16270T	H1ba								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16311C 16390A	H11								1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
[41]	16293G 16311C	H11a		+	+	+		+	+	14	7	4	4	3	7	3	2	1	7	6
[41]	16148T 16256T 16319A	H13a2c1								5	3	1	0	0	4	1	1	0	1	2
[41]	16256T 16352C	H14a							+	6	2	1	0	0	2	1	1	0	0	3
[41]	16271C 16311C	H1n								2	0	0	1	0	1	0	0	0	0	2
[41]	16093C 16260T 16311C	H3v								3	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0
[41]	16224C 16362C	H6								2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0
[41]	16298C	HV0	+	+	+	+	+	+	+	17	8	6	6	5	9	3	3	2	8	8
[41]	16221T	HV4a		+			+		+	12	5	2	1	2	5	2	2	0	3	6
[41]	16063C 16069T 16126C 16342C	J								1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
[41]	16069T 16126C 16261T	J		+		+	+	+	+	12	6	3	5	3	6	2	2	0	6	6
[41]	16069T 16126C 16261T 16286T	J								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16069T 16126C 16145A 16172C 16222T 16261T	J1b1a1	+	+	+	+		+	+	10	5	6	5	4	5	3	3	2	7	5
[41]	16069T 16093C 16126C	J1c		+					+	6	2	1	2	1	4	2	1	0	2	2
[41]	16126C	J1c/U4a2a	+	+				+	+	6	2	2	3	3	1	1	2	0	3	5
[41]	16063C 16126C 16348T	J1c3f				+	+			0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16069T 16126C 16148T 16193T	J2b								3	0	0	0	0	2	0	0	0	0	1
[41]	16069T 16126C 16193T 16319A	J2b1c1								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16093C 16224C 16266T 16270T 16311C	K1a4a1a								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16093C 16224C 16311C 16362C	K1a5a		+						2	2	1	0	1	2	0	1	0	3	0
[41]	16129A 16224C 16301T 16311C	K2b1b								5	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0
[41]	16147A 16172C 16223T 16248T 16304C 16320T 16355T	N1a1a1a								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16261T 16343G	U3								2	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1
[41]	16136C 16192T 16256T 16270T 16287T	U5a								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16192T 16256T 16260T 16270T 16291T 16399G	U5a1b1								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16114A 16192T 16256T 16270T 16294T	U5a2a		+	+	+	+	+	+	9	3	6	2	4	4	1	3	2	6	5

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Испитивани популациони групе																	
			Исландска [44, 98, 101]	Данска [63, 78, 98, 99]	Норвешка [43, 81, 86, 99]	Шведска [53, 59, 62, 102, 110]	Финска [42, 53, 58, 74, 98, 101]	Турска [18, 24, 29, 50, 75, 98, 99, 105]	Древни узорци [1-62]	Јужна Европа (N=20)	Средња Европа (N=8)	Источна Европа (N=6)	Западна Европа (N=5)	Северна Европа (N=5)	Јужнословенска група (N=10)	Западнословенска група (N=3)	Источнословенска група (N=3)	Балтичка група (N=2)	Германска група (N=8)	Романска група (N=9)
[41]	16066G 16129A 16145A 16223T 16292T	W1h								1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
[56]	16093C 16172C 16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1								1	0	2	0	0	1	0	2	0	0	0
[56]	16179T 16356C 16362C	U4c1a								0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
[56]	16184T 16298C	V1a2								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[56]	16126C 16189C 16223T 16264T 16270T 16274A 16278T 16293G 16311C 16362C	L1b								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[56]	16051G 16129C 16189C 16362C	U2e2a							+	7	0	2	2	0	3	0	2	0	0	3
[56]	16126C 16163G 16189C 16294T	T1a1*		+					+	2	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1
[56]	16193T 16223T 16292T	W1c							+	5	1	0	0	0	3	1	0	0	0	1
[117]	16060C 16131C 16304C	H								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16092C 16213A 16256T 16293G 16311C	H								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16092C 16293G 16301T 16311C	H								2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0
[117]	16093C 16304C 16327T 16363G	H								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16162G 16209C 16248T	H								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16183C 16189C 16266T	H								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16209C 16278T 16293G 16311C	H								1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0
[117]	16221T 16260T	H								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16239T	H		+	+	+				8	4	1	3	3	4	2	1	0	5	4
[117]	16269G 16304C	H								0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16291T	H	+	+	+	+	+	+	+	7	5	2	5	5	1	2	1	1	8	5
[117]	16357d	H								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16129A 16223T 16311C	I	+	+						2	2	1	0	2	0	1	0	1	2	2
[117]	16069T 16126C 16176T 16193T 16292T	J								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16071T 16224C 16311C	K								1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
[117]	16129A 16192T 16224C 16301T 16311C	K								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16126C 16181G 16294T	T								2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
[117]	16126C 16270T 16294T 16304C	T								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16126C 16294T 16296T 16304C 16352C	T								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16126C 16294T 16304C	T		+	+	+			+	12	7	3	6	3	5	3	2	1	7	6
[117]	16129C 16183C 16189C	U2								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16051C 16179T 16356C 16362C	U4								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16192T 16256T 16270T 16291T	U5								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16065.1T 16144C 16189C 16270T	U5								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16093C 16189C 16270T	U5	+	+				+	+	9	5	4	1	3	4	3	3	1	4	3
[117]	16093C 16223T 16292T	W		+					+	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0
[117]	16184A 16189C 16223T 16278T	X								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16147G 16172C 16223T 16248T 16355T	N1a								4	0	1	0	0	3	0	1	0	0	0
[117]	16145A 16176G 16223T 16244A	N1b								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16071T 16086C 16172C 16187T 16189C 16217C 16223T	B4								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16129A 16182C 16183C 16189C 16234T	U8b1a1								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16174T 16207G 16358G 16362C	D4h1								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16174T 16358G	D4h1								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16183G 16354T	U4a2a								0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
		Величина узорка	447	2195	629	962	980	554	1944	14157	4971	3853	3993	5213	4199	2311	2718	755	7029	9769

Број дељених хаплотипова са обједињеним узорком српске популације (170 хаплотипова)	26	60	35	38	30	48	60	118	78	76	63	66	108	64	71	39	74	92
Процент дељених хаплотипова са српском популацијом	15,29	35,29	20,59	22,35	17,65	28,24	35,29	69,41	45,88	44,71	37,06	38,82	63,53	37,65	41,76	22,94	43,53	54,12

Табела 8.6. Наставак

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хаплогрупа	Групе популација које припадају сродној језичкој породици		Популације различитих језичких афилијација		Полуострва јужне Европе		
			Угро-финска група (N=3)	Келтска група (N=3)	Албанска и Грчка (N=2)	Турска (N=1)	Балканско полуострво (N=13)	Апенинско полуострво (N=1)	Пиринејско полуострво (N=3)
[28, 121]	16174T 16362C	D	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	rCRS	H	3	3	2	1	13	1	3
[28, 121]	16129A	H	3	2	1	1	5	1	3
[28, 121]	16189C 16193.1C 16193.2C	H	2	2	2	1	10	1	3
[28, 121]	16311C	H/HV	3	3	2	1	13	1	3
[28, 121]	16209C	H	2	3	0	0	4	1	2
[28, 121]	16293G	H	2	2	0	0	6	1	3
[28, 121]	16362C	H/H6	3	2	1	1	9	1	3
[28, 121]	16093C 16129A	H	0	1	0	0	0	0	2
[28, 121]	16293C	H	0	0	1	1	4	0	0
[28, 121]	16080G	H	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	16162G 16368C	H	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	16093C	H	3	2	0	1	6	1	3
[28, 121]	16184T	H	0	1	1	0	2	1	2
[28, 121]	16185T	H	0	0	0	0	0	0	2
[28, 121]	16240G	H	0	0	1	0	2	1	2
[28, 121]	16042A 16288C	H	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	16189C 16193.1C 16255A	H	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16051G 16312G	H	0	0	1	0	4	0	0
[28, 121]	16147T 16189C 16193.1C 16193.2C	H	0	0	0	0	0	1	0
[28, 121]	16241G 16266T 16311C	H	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16301T 16311C	H11	0	0	0	1	0	0	0
[28, 121]	16092C 16293G 16311C	H11a	1	0	2	1	7	1	0
[28, 121]	16287T	H12	1	0	2	1	9	1	1
[28, 121]	16153A 16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b	1	1	0	0	6	1	3
[28, 121]	16183C 16189C 16311C 16356C	H1b	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16188T 16209C	H1o	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16354T	H2a1	3	2	1	1	10	1	3
[28, 121]	16304C 16390A	H5	0	0	0	0	1	1	0
[28, 121]	16304C	H5	3	3	2	1	13	1	3
[28, 121]	16183C 16189C 16193.1C 16304C	H5	0	0	0	0	0	1	1
[28, 121]	16189C 16193.1C 16304C	H5	0	0	0	1	4	1	0
[28, 121]	16294T 16304C	H5	1	0	1	0	7	1	1
[28, 121]	16166C 16304C	H5	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	16092C 16201T 16304C	H5	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16288C 16362C	H8	1	0	1	0	5	1	1
[28, 121]	16168T	H9a	0	0	1	1	5	1	1
[28, 121]	16298C 16311C	HV0	1	0	1	1	6	1	3
[28, 121]	16217C 16243C 16261T	HV2	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	16129A 16148T 16223T	I5a	0	0	0	0	5	1	0
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16222T	I1b	0	0	0	0	3	0	0
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	I1b1	2	0	1	1	6	0	0
[28, 121]	16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	I1b2/J	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16069T 16126C	I1c	3	3	2	1	9	1	3
[28, 121]	16069T 16126C 16224C	I1c	0	0	0	0	3	1	0
[28, 121]	16069T 16111T 16126C	I1c	0	1	0	0	0	1	0
[28, 121]	16069T 16126C 16366T	I1c2	1	2	2	1	8	0	1
[28, 121]	16069T 16126C 16231C	I2	0	1	0	1	0	1	0
[28, 121]	16069T 16126C 16193T	I2b	1	2	0	1	3	1	1
[28, 121]	16224C 16304C 16311C	K	1	0	0	1	2	1	2
[28, 121]	16224C 16311C	K	3	3	2	1	12	1	3

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хаплогрупа	Угро-финска група (N=3)	Келтска група (N=3)	Албанска и Грчка (N=2)	Турска (N=1)	Балканско полуострво (N=13)	Апенинско полуострво (N=1)	Пиринејско полуострво (N=3)
[28, 121]	16093C 16224C 16311C	<i>K1a*</i>	2	3	1	1	10	1	3
[28, 121]	16093C 16224C 16311C 16354T	<i>K1a*</i>	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	<i>L2a1k</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16147A 16172C 16223T 16248T 16320T 16355T	<i>N1a</i>	2	0	0	0	3	0	0
[28, 121]	16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	<i>N1a</i>	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	<i>N1b</i>	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	16145A 16176A 16223T 16241G 16390A	<i>N1b</i>	0	0	1	0	3	1	0
[28, 121]	16126C 16248T 16355T 16362C	<i>R0a1a</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16126C 16260T 16294T 16355T	<i>T</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	<i>T1</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	<i>T1</i>	3	3	2	1	12	1	3
[28, 121]	16126C 16294T 16296T	<i>T2</i>	2	2	1	1	7	1	2
[28, 121]	16093C 16126C 16294T 16296T 16304C	<i>T2b</i>	0	0	0	0	0	1	2
[28, 121]	16126C 16294T 16296T 16304C	<i>T2b</i>	3	2	2	1	10	1	3
[28, 121]	16129A 16179T 16182C 16183C 16189C 16249C 16274A	<i>U1a</i>	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	16051G 16129C 16182C 16183C 16189C 16362C	<i>U2e</i>	1	0	0	0	1	1	1
[28, 121]	16051G 16129C 16189C 16256T	<i>U2e</i>	0	0	0	0	4	0	1
[28, 121]	16189C 16343G 16390A	<i>U3a</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16343G 16390A	<i>U3a</i>	0	2	1	1	5	1	2
[28, 121]	16201T 16293C 16356C	<i>U4</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16356C	<i>U4</i>	3	2	2	1	8	1	3
[28, 121]	16356C 16362C	<i>U4</i>	2	0	1	1	5	1	1
[28, 121]	16278T	<i>U4a2/H</i>	2	3	1	1	5	1	3
[28, 121]	16192T	<i>U4a2/H</i>	0	1	0	1	3	1	3
[28, 121]	16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	<i>U4c1</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16051G 16179T 16356C 16362C	<i>U4c1</i>	0	0	2	1	4	1	0
[28, 121]	16179T 16356C	<i>U4c1</i>	1	0	2	0	9	1	3
[28, 121]	16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	<i>U5a</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16192T 16256T 16270T	<i>U5a</i>	3	1	2	1	8	1	3
[28, 121]	16136C 16192T 16256T 16270T	<i>U5a</i>	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	16256T 16270T 16399G	<i>U5a1</i>	2	1	2	1	7	1	3
[28, 121]	16192T 16256T 16270T 16399G	<i>U5a1</i>	1	0	1	0	4	1	1
[28, 121]	16192T 16270T	<i>U5b</i>	0	0	0	0	4	1	3
[28, 121]	16186T 16189C 16270T 16293G	<i>U5b1b</i>	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	16192T 16270T 16304C	<i>U5b3</i>	1	1	0	0	5	1	3
[28, 121]	16293G 16318T	<i>U7</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16146G 16243C 16342C	<i>U8a1</i>	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16162G 16298C	<i>V</i>	1	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	16234T 16298C	<i>V</i>	0	0	0	0	1	0	1
[28, 121]	16223T 16292T 16311C	<i>W</i>	0	0	0	0	5	0	2
[28, 121]	16172C 16223T 16231C 16292T	<i>W3'5</i>	1	0	2	1	5	0	0
[28, 121]	16223T 16292T	<i>W3'5</i>	3	2	1	1	8	1	3
[28, 121]	16189C 16223T 16278T	<i>X2b</i>	1	2	2	1	6	1	3
[28, 121]	16189C 16192T 16223T 16278T 16292T	<i>X2b</i>	0	0	0	0	2	1	1
[28, 121]	16189C <i>I6193.1C</i> 16223T 16278T 16294T	<i>X2b</i>	0	0	0	0	2	0	1
[41]	16174T	<i>D/H</i>	0	0	0	0	3	1	1
[41]	16142T 16325C	<i>H</i>	0	0	0	0	3	0	0
[41]	16188T	<i>H</i>	1	0	1	0	4	1	2
[41]	16274A	<i>H</i>	2	0	0	1	4	1	2
[41]	16048A 16261T 16270T	<i>H1ba</i>	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16311C 16390A	<i>H11</i>	0	0	0	0	1	0	0
[41]	16293G 16311C	<i>H11a</i>	2	1	2	1	9	1	2
[41]	16148T 16256T 16319A	<i>H13a2c1</i>	0	0	0	0	4	1	0
[41]	16256T 16352C	<i>H14a</i>	0	0	1	0	3	1	1
[41]	16271C 16311C	<i>H1n</i>	0	0	0	0	1	1	0
[41]	16093C 16260T 16311C	<i>H3v</i>	0	0	0	0	3	0	0



Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хаплогрупа	Угро-финска група (N=3)	Келтска група (N=3)	Албанска и Грчка (N=2)	Турска (N=1)	Балканско полуострво (N=13)	Апенинско полуострво (N=1)	Пиринејско полуострво (N=3)
[41]	16224C 16362C	H6	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16298C	HV0	3	3	1	0	10	1	3
[41]	16221T	HV4a	1	0	2	1	7	1	3
[41]	16063C 16069T 16126C 16342C	J	0	0	0	0	1	0	0
[41]	16069T 16126C 16261T	J	2	2	2	1	9	1	2
[41]	16069T 16126C 16261T 16286T	J	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16069T 16126C 16145A 16172C 16222T 16261T	J1b1a1	2	2	1	1	6	1	2
[41]	16069T 16093C 16126C	J1c	0	1	0	0	4	0	1
[41]	16126C	J1c/U4a2a	2	1	0	0	1	1	3
[41]	16063C 16126C 16348T	J1c3f	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16069T 16126C 16148T 16193T	J2b	0	0	0	0	2	1	0
[41]	16069T 16126C 16193T 16319A	J2b1c1	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16093C 16224C 16266T 16270T 16311C	K1a4a1a	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16093C 16224C 16311C 16362C	K1a5a	0	0	0	0	2	0	0
[41]	16129A 16224C 16301T 16311C	K2b1b	0	0	0	0	5	0	0
[41]	16147A 16172C 16223T 16248T 16304C 16320T 16355T	N1a1a1a	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16261T 16343G	U3	0	0	1	0	2	0	0
[41]	16136C 16192T 16256T 16270T 16287T	U5a	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16192T 16256T 16260T 16270T 16291T 16399G	U5a1b1	0	0	0	0	0	0	0
[41]	16114A 16192T 16256T 16270T 16294T	U5a2a	2	0	1	1	6	0	2
[41]	16066G 16129A 16145A 16223T 16292T	W1h	0	0	0	0	1	0	0
[56]	16093C 16172C 16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1	0	0	0	0	1	0	0
[56]	16179T 16356C 16362C	U4c1a	0	0	0	0	0	0	0
[56]	16184T 16298C	V1a2	0	0	0	0	0	0	0
[56]	16126C 16189C 16223T 16264T 16270T 16274A 16278T 16293G 16311C 16362C	L1b	0	0	0	0	0	0	0
[56]	16051G 16129C 16189C 16362C	U2e2a	0	2	0	0	3	1	3
[56]	16126C 16163G 16189C 16294T	T1a1*	0	0	0	1	1	1	0
[56]	16193T 16223T 16292T	W1c	0	0	1	1	4	1	0
[117]	16060C 16131C 16304C	H	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16092C 16213A 16256T 16293G 16311C	H	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16092C 16293G 16301T 16311C	H	0	0	0	0	2	0	0
[117]	16093C 16304C 16327T 16363G	H	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16162G 16209C 16248T	H	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16183C 16189C 16266T	H	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16209C 16278T 16293G 16311C	H	0	0	0	0	1	0	0
[117]	16221T 16260T	H	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16239T	H	1	1	0	0	4	1	2
[117]	16269G 16304C	H	0	1	0	0	0	0	0
[117]	16291T	H	2	2	1	1	2	1	3
[117]	16357d	H	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16129A 16223T 16311C	I	0	0	0	0	0	1	0
[117]	16069T 16126C 16176T 16193T 16292T	J	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16071T 16224C 16311C	K	0	0	0	0	0	1	0
[117]	16129A 16192T 16224C 16301T 16311C	K	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16126C 16181G 16294T	T	0	0	0	0	0	1	0
[117]	16126C 16270T 16294T 16304C	T	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16126C 16294T 16296T 16304C 16352C	T	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16126C 16294T 16304C	T	1	3	1	1	6	1	3
[117]	16129C 16183C 16189C	U2	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16051C 16179T 16356C 16362C	U4	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16192T 16256T 16270T 16291T	U5	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16065.1T 16144C 16189C 16270T	U5	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16093C 16189C 16270T	U5	2	0	2	0	7	1	1
[117]	16093C 16223T 16292T	W	0	0	0	1	1	0	0
[117]	16184A 16189C 16223T 16278T	X	0	0	0	0	0	0	0
[117]	16147G 16172C 16223T 16248T 16355T	N1a	0	0	1	0	4	0	0



Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хемогрупа	Босанско-херцеговачка [2, 41, 56, 69]	Бугарска [18, 51]	Хрватска [7, 41, 56]	Македонска [56, 118]	Словенска [69, 119, 120]	Албанска [50, 56]	Грчка [49, 55]	Италијанска [1, 7, 12, 17, 23, 35, 38, 76, 79, 99, 108, 112]	Сардинијска [36]	Сичилијанска [17]	Португалска [ 66, 87, 88, 94]	Шпанска [8, 20, 26, 37, 94]	Баскијска [3, 8, 19, 37, 94]	Мађарска [48]	Чешка [72, 77, 113]	Пољска [40, 70, 77]	Словачка [61, 71]	Аустријска [15, 85]	Неманка [6, 14, 33, 47, 64, 89, 93, 109]	Швајцарска [31]	
[28, 121]	146C 195C 263G 315.1C 16092C 16293G 16311C	H11a																					
[28, 121]	195C 263G 315.1C 16287T	H12		+		+		+	+								+						
[28, 121]	199C 263G 315.1C 16153A 16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b																					
[28, 121]	263G 315.1C 16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b	+				+			+							+		+	+	+	+	
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16183C 16189C 16311C 16356C	H1b																					
[28, 121]	263G 267C 315.1C 16209C	H1o	+																				
[28, 121]	263G 267C 315.1C 16188T 16209C	H1o																					
[28, 121]	146C 263G 315.1C 16354T	H2a1	+	+	+	+	+																
[28, 121]	263G 315.1C 16354T	H2a1	+	+			+			+													
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16311C	H2b	+	+			+			+													
[28, 121]	146C 263G 315.1C 16304C 16390A	H5											+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
[28, 121]	263G 315.1C 16304C	H5	+	+		+	+	+	+	+			+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	263G 315.1C 16183C 16189C 16193.1C 16304C	H5																					
[28, 121]	263G 315.1C 16189C 16193.1C 16304C	H5					+			+											+		
[28, 121]	143A 189G 226C 263G 315.1C 16294T 16304C	H5																					
[28, 121]	263G 315.1C 334G 16166C 16304C	H5																					
[28, 121]	95C 263G 315.1C 373G 16092C 16201T 16304C	H5																					
[28, 121]	239C 263G 315.1C 16362C	H6	+	+	+	+	+		+	+					+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	152C 239C 263G 315.1C 16362C	H6	+	+									+	+		+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	114T 146C 195C 263G 315.1C 16288C 16362C	H8																					
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16168T	H9a	+	+	+	+			+	+													
[28, 121]	72C 263G 315.1C 16298C 16311C	HV0		+		+		+		+				+		+		+	+				
[28, 121]	72C 73G 152C 195C 263G 315.1C 16217C 16243C 16261T	HV2	+																				
[28, 121]	73G 199C 204C 250C 263G 315.1C 16129A 16148T 16223T	I5a	+	+						+													
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16069T 16126C 16145A 16222T	J1b	+																				
[28, 121]	73G 242T 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	J1b1	+	+		+			+							+			+			+	
[28, 121]	73G 146C 152C 263G 271T 295T 315.1C 16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	J1b2/J																				+	
[28, 121]	73G 185A 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C	J1c	+			+	+		+	+			+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	73G 185A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C	J1c		+						+				+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	73G 185A 189G 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16224C	J1c																					
[28, 121]	73G 185A 263G 295T 315.1C 16069T 16111T 16126C	J1c																					
[28, 121]	73G 185A 188G 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16366T	J1c2	+	+	+	+		+	+					+					+			+	
[28, 121]	73G 150T 195C 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16231C	J2																					
[28, 121]	73G 150T 152C 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16193T	J2b		+						+				+									
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16224C 16304C 16311C	K								+			+										
[28, 121]	73G 204C 263G 315.1C 16224C 16311C	K																					
[28, 121]	73G 150T 249d 263G 315.1C 16224C 16311C	K																					
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C	K1a*		+	+				+	+			+	+	+		+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C 16354T	K1a*		+																			
[28, 121]	73G 94A 263G 315.1C 16224C 16311C	K1b1c	+	+			+			+													
[28, 121]	73G 146C 195C 263G 315.1C 16224C 16311C	K1b2		+			+			+				+			+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	73G 146C 195C 204C 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C	K1b2																					
[28, 121]	73G 146C 263G 315.1C 16224C 16311C	K2							+	+			+	+								+	
[28, 121]	73G 143A 152C 195C 263G 315.1C 16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	L2a1k											+	+									+
[28, 121]	73G 152C 199C 204C 263G 315.1C 16147A 16172C 16223T 16248T 16320T 16355T	N1a		+													+						
[28, 121]	73G 152C 199C 204C 263G 315.1C 16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	N1a	+	+																			
[28, 121]	73G 146C 263G 315.1C 16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	N1b		+																			
[28, 121]	73G 195C 245C 263G 272G 315.1C 16145A 16176A 16223T 16241G 16390A	N1b				+			+	+												+	
[28, 121]	146C 152C 263G 315.1C 16126C 16248T 16355T 16362C	R0a1a																					
[28, 121]	73G 152C 263G 315.1C 16126C 16260T 16294T 16355T	T																					
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	T1																					
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T1	+	+		+		+	+				+	+							+	+	+
[28, 121]	73G 152C 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T1a		+	+	+	+		+	+			+	+	+		+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	73G 151T 263G 315.1C 16126C 16294T 16296T	T2	+				+																
[28, 121]	73G 146C 151T 263G 315.1C 16093C 16126C 16294T 16296T 16304C	T2b																					
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16126C 16294T 16296T 16304C	T2b	+			+	+	+	+	+			+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	73G 263G 285T 315.1C 16129A 16179T 16182C 16183C 16189C 16249C 16274A	U1a					+																
[28, 121]	73G 152C 217C 263G 315.1C 16051G 16129C 16182C 16183C 16189C 16362C	U2e														+							

Референца	Хаптитови детектовани у српској популацији	(Под)хаптитови	Босанско-херцеговачка [2, 41, 56, 69]	Бугарска [18, 51]	Хрватска [7, 41, 56]	Македонска [56, 118]	Словенска [69, 119, 120]	Албанска [50, 56]	Грчка [49, 55]	Италијанска [1, 7, 12, 17, 23, 35, 38, 76, 79, 99, 108, 112]	Сардинијска [36]	Сипцијанска [17]	Португалска [ 66, 87, 88, 94]	Шпанска [8, 20, 26, 37, 94]	Баскијска [3, 8, 19, 37, 94]	Мађарска [48]	Чешка [72, 77, 113]	Пољска [40, 70, 77]	Словачка [61, 71]	Аустријска [15, 85]	Немачка [6, 14, 33, 47, 64, 89, 93, 109]	Швајцарска [31]	
[28, 121]	73G 152C 217C 263G 315.1C 340T 16051G 16129C 16189C 16256T	U2e					+							+									
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16189C 16343G 16390A	U3a																					
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16343G 16390A	U3a	+				+		+	+												+	
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16201T 16293C 16356C	U4																					
[28, 121]	73G 152C 185A 189G 195C 263G 315.1C 16356C	U4	+	+																		+	
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16356C 16362C	U4	+	+		+			+	+												+	
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16356C	U4	+	+			+	+	+	+			+	+						+	+	+	
[28, 121]	73G 143A 195C 263G 310C 16356C	U4a2																+	+				
[28, 121]	73G 195C 263G 310C 16278T	U4a2																					
[28, 121]	73G 195C 263G 310C 315d 16192T	U4a2																					
[28, 121]	73G 195C 263G 310C 315d 316d 317d 16356C	U4a2																					
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	U4c1												+	+								
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16051G 16179T 16356C 16362C	U4c1	+				+	+	+														
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16179T 16356C	U4c1	+	+		+	+		+	+			+	+	+		+	+	+	+	+	+	
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	U5a																					
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16192T 16256T 16270T	U5a	+				+			+			+	+	+		+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16136C 16192T 16256T 16270T	U5a	+														+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16256T 16270T 16399G	U5a1	+	+			+	+	+	+		+	+	+	+		+	+	+	+	+	+	+
[28, 121]	73G 146C 263G 315.1C 16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1	+																				
[28, 121]	73G 150T 204C 207A 235G 263G 315.1C 16192T 16270T	U5b					+																
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16186T 16189C 16270T 16293G	U5b1b	+																			+	+
[28, 121]	73G 150T 228A 263G 315.1C 16192T 16270T 16304C	U5b3	+	+						+				+	+		+					+	
[28, 121]	73G 152C 263G 315.1C 16293G 16318T	U7																					
[28, 121]	73G 146C 263G 282C 315.1C 16146G 16243C 16342C	U8a1																					
[28, 121]	72C 263G 294C 315.1C 16162G 16298C	V		+																			
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16234T 16298C	V	+																				
[28, 121]	73G 143A 189G 195C 204C 207A 263G 315.1C 16223T 16292T 16311C	W	+			+																	
[28, 121]	73G 189G 194T 195C 198C 204C 207A 210G 16172C 16223T 16231C 16292T	W3'S																					
[28, 121]	73G 189G 194T 195C 199C 204C 207A 210G 263G 315.1C 16172C 16223T 16231C 16292T	W3'S		+				+	+														
[28, 121]	73G 189G 194T 195C 204C 207A 263G 315.1C 16223T 16292T	W3'S	+	+				+							+							+	
[28, 121]	73G 153G 195C 225A 226C 263G 315.1C 16189C 16223T 16278T	X2b	+							+	+		+	+	+		+					+	
[28, 121]	73G 143A 189G 195C 225A 226C 235G 263G 315.1C 16189C 16192T 16223T 16278T 16292T	X2b				+																	
[28, 121]	73G 153G 195C 263G 315.1C 16189C 16193.1C 16223T 16278T 16294T	X2b																					
[41]	73G 263G 315.1C 16174T	D																					
[41]	146C 263G 315.1C 16142T 16325C	H	+																				
[41]	263G 315.1C 16188T	H	+	+					+	+					+	+		+				+	
[41]	263G 315.1C 16274A	H	+	+																			
[41]	195C 263G 310C 311T 315.1C 16311C	H11											+				+						
[41]	195C 263G 315.1C 16311C 16390A	H11					+						+										
[41]	195C 263G 315.1C 16293G 16311C	H11a	+	+	+	+				+			+	+		+	+	+	+	+	+	+	+
[41]	146C 189G 193G 263G 315.1C 16148T 16256T 16319A	H13a2c1																					
[41]	152C 263G 315.1C 16256T 16352C	H14a	+																				
[41]	263G 315.1C 326G 16048A 16261T 16270T	H1ba																					
[41]	146C 263G 315.1C 16129A	H1e											+										
[41]	248d 263G 315.1C 16311C	H1e1a4																					
[41]	146C 195C 263G 315.1C 16271C 16311C	H1n	+																				
[41]	263G 315.1C 16093C 16260T 16311C	H3v	+																				
[41]	195C 239C 263G 315.1C 16362C	H6					+																
[41]	93G 239C 263G 315.1C 16224C 16362C	H6																					
[41]	72C 152C 263G 315.1C 16298C	HV0					+			+													
[41]	152C 263G 315.1C 16221T	HV4a		+				+	+				+	+	+			+	+				
[41]	73G 263G 295T 315.1C 16063C 16069T 16126C 16342C	J																					
[41]	73G 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16261T	J		+		+			+	+													
[41]	73G 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16261T 16286T	J																					
[41]	73G 242T 263G 295T 16069T 16126C 16145A 16172C 16222T 16261T	J1b1a1																					
[41]	73G 185A 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16093C 16126C	J1c	+			+									+								

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Босанско-херцеговачка [2, 41, 56, 69]	Бугарска [18, 51]	Хрватска [7, 41, 56]	Македонска [56, 118]	Словенска [69, 119, 120]	Албанска [50, 56]	Грчка [49, 55]	Италијанска [1, 7, 12, 17, 23, 35, 38, 76, 79, 99, 108, 112]	Сардинијска [36]	Ситијанска [17]	Португалска [ 66, 87, 88, 94]	Шпанска [8, 20, 26, 37, 94]	Баскијска [3, 8, 19, 37, 94]	Мађарска [48]	Чешка [72, 77, 113]	Пољска [40, 70, 77]	Словачка [61, 71]	Аустријска [15, 85]	Немачка [6, 14, 33, 47, 64, 89, 93, 109]	Швајцарска [31]
[41]	73G 185A 263G 295T 315.1C 16126C	I1c																				
[41]	73G 263G 295T 16063C 16126C 16348T	I1c3f																				
[41]	73G 94A 150T 152C 189G 207A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16148T 16193T	J2b	+																			
[41]	146C 263G 315.1C 16069T 16126C 16193T 16319A	J2b1c1																				
[41]	73G 195C 263G 315.1C 16093C 16224C 16266T 16270T 16311C	K1a4a1a																				
[41]	73G 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C 16362C	K1a5a	+																			
[41]	73G 263G 315.1C 16129A 16224C 16301T 16311C	K2b1b	+	+		+															+	
[41]	73G 142C 199C 204C 263G 315.1C 16147A 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	N1a1a																				
[41]	73G 142C 199C 204C 263G 315.1C 16147A 16172C 16223T 16248T 16304C 16320T 16355T	N1a1a1a																				
[41]	73G 150T 263G 315.1C 16261T 16343G	U3																				
[41]	263G 310C 315.1C	U4a2a																				
[41]	73G 195C 263G 310C 315.1C 16126C	U4a2a																				
[41]	73G 263G 315.1C 16136C 16192T 16256T 16270T 16287T	U5a																				
[41]	73G 152C 263G 315.1C 16256T 16270T 16399G	U5a1a1	+				+		+						+		+	+	+			
[41]	73G 263G 315.1C 16192T 16256T 16260T 16270T 16291T 16399G	U5a1b1																				
[41]	73G 263G 315.1C 16114A 16192T 16256T 16270T 16294T	U5a2a					+							+				+				+
[41]	73G 189G 191C 192C 195C 204C 207A 263G 315.1C 16066G 16129A 16145A 16223T 16292T	W1h					+															
[56]	73G 241G 263G 315.1C 16093C 16172C 16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1																				
[56]	73G 146C 195C 263G 315.1C 16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	N1b																				
[56]	72C 263G 315.1C 16298C	V	+	+		+	+		+	+			+	+	+	+	+	+	+		+	+
[56]	73G 146C 195C 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C	K1a13	+	+						+			+	+								
[56]	72C 200G 263G 315.1C 16298C	V	+																			
[56]	73G 195C 263G 315.1C 16179T 16356C 16362C	U4c1a																				+
[56]	199C 263G 315.1C 16189C 16356C 16362C	H1b	+																			
[56]	72C 263G 315.1C 16184T 16298C	V1a2																				
[56]	73G 152C 182T 189G 195C 247A 263G 315.1C 315.1C 16126C 16189C 16223T 16264T 16270T 16274A 16278T 16293G 16311C 16362C	L1b																				
[56]	73G 152C 217C 263G 315.1C 16051G 16129C 16189C 16362C	U2e2a	+											+								
[56]	73G 185A 188G 228A 263G 315.1C 295T 16069T 16126C 16366T	J1c2*																				
[56]	73G 185A 263G 315.1C 295T 315.1C 16063C 16069T 16126C 16342C	J1c3*																				
[56]	73G 152C 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16189C 16294T	T1a1*			+																	
[56]	73G 119C 152C 189G 195C 204C 207A 263G 315.1C 16193T 16223T 16292T	W1c		+		+		+											+			
[117]	152C 199C 263G 315.1C	H													+							
[117]	152C 262T 263G 315.1C	H																+				
[117]	152C 263G 295T 315.1C	H				+																
[117]	195C 263G 315.1C 16060C 16131C 16304C	H																				
[117]	146C 195C 263G 315.1C 16092C 16213A 16256T 16293G 16311C	H																				
[117]	195C 263G 315.1C 16092C 16293G 16301T 16311C	H	+																			
[117]	263G 315.1C 16093C 16304C 16327T 16363G	H																				
[117]	73G 263G 315.1C 16162G 16209C 16248T	H																				
[117]	263G 315.1C 16166C 16304C	H	+																			
[117]	263G 315.1C 16183C 16189C 16266T	H																				
[117]	195C 215G 263G 315.1C 320T 324G 16209C 16278T 16293G 16311C	H																				
[117]	73G 152C 195C 263G 315.1C 16217C 16243C 16261T	H																				
[117]	146C 152C 237G 263G 315.1C 16221T 16260T	H																				
[117]	146C 263G 315.1C 16221T	H	+																			
[117]	263G 315.1C 16239T	H		+	+					+						+	+	+				+
[117]	73G 263G 315.1C 16269G 16304C	H																				
[117]	144A 146C 195C 263G 315.1C 16271C 16311C	H																				
[117]	315.1C 16291T	H																				
[117]	146C 263G 315.1C 16304C	H	+	+				+	+				+				+	+	+			+
[117]	263G 315.1C 16357d	H																				
[117]	73G 199C 204C 250C 263G 315.1C 16129A 16223T 16311C	I								+												
[117]	73G 185A 188G 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C	J	+	+	+		+		+	+			+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
[117]	73G 185A 188G 228A 263G 295T 315.1C 320T 16069T 16126C	J																				

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хаплогрупа	Босанско-херцеговачка [2, 41, 56, 69]	Бугарска [18, 51]	Хрватска [7, 41, 56]	Македонска [56, 118]	Словенска [69, 119, 120]	Албанска [50, 56]	Грчка [49, 55]	Италијанска [1, 7, 12, 17, 23, 35, 38, 76, 79, 99, 108, 112]	Сардинијска [36]	Ситилијанска [17]	Португалска [ 66, 87, 88, 94]	Шпанска [8, 20, 26, 37, 94]	Баскијска [3, 8, 19, 37, 94]	Мађарска [48]	Чешка [72, 77, 113]	Пољска [40, 70, 77]	Словачка [61, 71]	Аустријска [15, 85]	Немачка [6, 14, 33, 47, 64, 89, 93, 109]	Швајцарска [31]	
[117]	73G 94A 150T 152C 189G 207A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16176T 16193T 16292T	J																					
[117]	73G 146C 263G 315.1C 16071T 16224C 16311C	K																					
[117]	73G 263G 315.1C 16129A 16192T 16224C 16301T 16311C	K																					
[117]	73G 263G 315.1C 16224C 16311C	K	+	+		+	+		+	+			+	+	+		+	+	+		+	+	
[117]	73G 263G 315.1C 16126C 16181G 16294T	T								+		+										+	+
[117]	73G 195C 263G 315.1C 320T 328C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T																					
[117]	73G 152C 263G 315.1C 16126C 16270T 16294T 16304C	T																					
[117]	73G 242T 263G 295T 315.1C 16126C 16270T 16294T 16304C	T																					
[117]	73G 263G 315.1C 16126C 16294T 16296T 16304C 16352C	T																					
[117]	73G 263G 315.1C 16126C 16294T 16304C	T			+	+		+		+			+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
[117]	152C 217C 263G 315.1C 16129C 16183C 16189C	U2												+	+	+	+	+	+	+	+	+	
[117]	73G 152C 263G 315.1C 340T 16129C 16183C 16189C	U2																					
[117]	73G 195C 263G 315.1C 16051C 16179T 16356C 16362C	U4																					
[117]	73G 263G 315.1C 16192T 16256T 16270T 16291T	U5																					
[117]	73G 150T 243G 263G 315.1C 16065.1T 16144C 16189C 16270T	U5																					
[117]	73G 150T 263G 315.1C 16093C 16189C 16270T	U5	+						+	+				+			+	+	+		+	+	
[117]	263G 315.1C 16298C	V				+	+		+	+			+	+			+	+	+		+	+	
[117]	263G 315.1C 320T 16298C	V																					
[117]	73G 189G 194T 195C 204C 207A 263G 315.1C 16093C 16223T 16292T	W																					
[117]	73G 153G 195C 225A 226C 263G 315.1C 16184A 16189C 16223T 16278T	X																					
[117]	73G 199C 204C 263G 315.1C 16147G 16172C 16223T 16248T 16355T	N1a	+																				
[117]	73G 146C 263G 315.1C 16145A 16176G 16223T 16244A	N1b																					
[117]	73G 146C 210G 263G 315.1C 16071T 16086C 16172C 16187T 16189C 16217C 16223T	B4																					
[117]	73G 195C 263G 315.1C 320T 16129A 16182C 16183C 16189C 16234T	U8b1a1																					
[117]	73G 263G 315.1C 16174T 16207G 16358G 16362C	D4h1																					
[117]	73G 263G 315.1C 16174T 16358G	D4h1																					
[117]	73G 195C 263G 310C 16183G 16354T	U4a2a																					
		Величина узорка	415	885	66	222	631	166	373	1447	63	80	887	784	1011	210	357	1253	581	373	1229	154	
	Број дељених хаплотипова са обједињеним узорком српске популације (227 хаплотипова)		47	36	7	22	27	12	26	35	2	4	24	31	17	16	22	29	25	16	31	9	
	Процент дељених хаплотипова са српском популацијом		20,70	15,86	3,08	9,69	11,89	5,29	11,45	15,42	0,88	1,76	10,57	13,66	7,49	7,05	9,69	12,78	11,01	7,05	13,66	3,96	

Табела 8.7. Наставак

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(По)хаплогрупа	Европске популације											Региони Европе					Групе популација које припадају сродној језичкој породици		
			Руска [10, 40, 54, 70]	Украјинска [77]	Египћанска [107]	Француска [8, 32, 37, 97, 99, 100]	Холандска [22]	Енглеска [90]	Исландска [44]	Данска [63, 78]	Шведска [62, 110]	Финска [42]	Турска [18, 50, 75, 105]	Древни узорици [2, 3, 5, 7, 9, 10, 12, 19, 20, 25, 26, 28, 36, 37, 50, 54, 56]	Јужна Европа (N=12)	Средња Европа (N=7)	Источна Европа (N=3)	Западна Европа (N=3)		Северна Европа (N=4)	Јужнословенска група (N=5)
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16174T 16362C	D													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	152C 263G 315.1C	H	+	+		+	+	+		+	+		+	+	12	6	2	3	2	5	
[28, 121]	131C 152C 263G 315.1C	H													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16129A	H	+			+	+	+		+			+		6	7	1	3	2	3	
[28, 121]	153G 204C 263G 315.1C 16189C 16193.1C16193.2C	H				+	+	+		+			+		4	2	0	0	0	2	
[28, 121]	263G 315.1C	H	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	13	7	3	3	4	5	
[28, 121]	263G 315.1C 16311C	H/HV	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	12	7	2	2	4	5	
[28, 121]	199C 263G 315.1C	H							+	+					2	2	0	0	2	0	
[28, 121]	263G 315.1C 16209C	H						+	+	+	+	+			3	5	0	2	3	2	
[28, 121]	263G 315.1C 16293G	H	+			+	+	+		+	+		+		6	4	1	2	2	2	
[28, 121]	263G 315.1C 16362C	H				+	+	+							7	2	0	3	1	3	
[28, 121]	93G 263G 315.1C 16093C 16129A	H				+									0	0	0	1	0	0	
[28, 121]	188G 262T 263G 315.1C 16293C	H													0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	228A 263G 269T 315.1C 16189C 16193.1C	H													0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	263G 315.1C 16080G	H								+					2	1	0	0	1	2	
[28, 121]	262T 263G 315.1C 16293C	H										+			3	0	0	0	0	2	
[28, 121]	263G 315.1C 16162G 16368C	H													0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16189C 16193.1C	H						+		+	+				5	3	0	1	2	1	
[28, 121]	263G 315.1C 16093C	H	+	+	+	+			+	+	+		+	+	6	6	3	1	3	3	
[28, 121]	263G 315.1C 16184T	H	+					+							2	0	1	1	0	0	
[28, 121]	263G 315.1C 16189C	H	+					+		+	+		+	+	7	5	1	1	4	2	
[28, 121]	146C 153G 204C 263G 315.1C 16189C 16193.1C	H							+	+	+	+	+	+	2	0	0	0	0	2	
[28, 121]	263G 315.1C 16185T	H													2	0	0	0	0	0	
[28, 121]	93G 249d 263G 315.1C 16240G	H													1	0	0	0	0	1	
[28, 121]	263G 315.1C 16042A 16288C	H													1	1	0	0	0	1	
[28, 121]	153G 204C 263G 315.1C 16189C 16193.1C	H													4	2	0	0	0	2	
[28, 121]	153G 203A 204C 263G 315.1C 16189C 16193.1C 16255A	H													0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	195C 263G 315.1C 16051G 16312G	H													3	0	0	0	0	2	
[28, 121]	153G 263G 315.1C 16147T 16189C 16193.1C16193.2C	H													0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	16241G 16266T 16311C	H													0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	195C 263G 315.1C 16301T 16311C	H11											+		0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	195C 263G 315.1C 16311C	H11			+					+					4	2	1	0	1	2	
[28, 121]	146C 195C 263G 315.1C 16092C 16293G 16311C	H11a													2	0	0	0	0	1	
[28, 121]	195C 263G 315.1C 16287T	H12											+		4	1	0	0	0	2	
[28, 121]	199C 263G 315.1C 16153A 16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b													0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	263G 315.1C 16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b	+							+					3	5	1	0	2	2	
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16183C 16189C 16311C 16356C	H1b									+				0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	263G 267C 315.1C 16209C	H1o													1	0	0	0	0	1	
[28, 121]	263G 267C 315.1C 16188T 16209C	H1o													0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	146C 263G 315.1C 16354T	H2a1	+												5	2	1	0	1	5	
[28, 121]	263G 315.1C 16354T	H2a1	+							+	+				6	4	1	2	2	3	
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16311C	H2b	+			+	+						+		7	6	1	2	1	3	
[28, 121]	146C 263G 315.1C 16304C 16390A	H5													0	0	0	0	0	0	
[28, 121]	263G 315.1C 16304C	H5	+	+		+	+	+		+	+	+	+	+	10	7	2	3	3	4	
[28, 121]	263G 315.1C 16183C 16189C 16193.1C 16304C	H5													0	0	0	0	0	0	

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)Хаплогрупа	Руска [10, 40, 54, 70]	Украјинска [77]	Естонска [107]	Француска [8, 32, 37, 97, 99, 100]	Холандска [22]	Енглеска [90]	Исландска [44]	Данска [63, 78]	Шведска [62, 110]	Финска [42]	Турска [18, 50, 75, 105]	Древни узорци [2, 3, 5, 7, 9, 10, 12, 19, 20, 25, 26, 28, 36, 37, 50, 54, 56]	Јужна Европа (N=12)	Средња Европа (N=7)	Источна Европа (N=3)	Западна Европа (N=3)	Северна Европа (N=4)	Јужнословенска група (N=5)	
[28, 121]	263G 315.1C 16189C 16193.1C 16304C	H5													2	1	0	0	0	0	1
[28, 121]	143A 189G 226C 263G 315.1C 16294T 16304C	H5													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 334G 16166C 16304C	H5													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	95C 263G 315.1C 373G 16092C 16201T 16304C	H5													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	239C 263G 315.1C 16362C	H6	+	+		+	+	+		+	+	+	+	+	10	7	2	3	3	3	3
[28, 121]	152C 239C 263G 315.1C 16362C	H6	+			+				+					4	3	1	1	1	1	2
[28, 121]	114T 146C 195C 263G 315.1C 16288C 16362C	H8			+										1	0	1	0	0	0	1
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16168T	H9a	+			+							+		6	2	1	1	0	0	3
[28, 121]	72C 263G 315.1C 16298C 16311C	HV0					+				+			+	5	3	0	1	1	1	2
[28, 121]	72C 73G 152C 195C 263G 315.1C 16217C 16243C 16261T	HV2													1	0	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 199C 204C 250C 263G 315.1C 16129A 16148T 16223T	I5a													3	0	0	0	0	0	2
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16069T 16126C 16145A 16222T	J1b													1	0	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 242T 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	J1b1													4	4	0	0	0	0	3
[28, 121]	73G 146C 152C 263G 271T 295T 315.1C 16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	J1b2/1													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 185A 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C	J1c	+	+			+	+		+	+		+		9	7	2	2	2	2	3
[28, 121]	73G 185A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C	J1c	+				+	+	+	+			+		5	6	1	2	2	2	2
[28, 121]	73G 185A 189G 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16224C	J1c		+											0	0	1	0	0	0	0
[28, 121]	73G 185A 263G 295T 315.1C 16069T 16111T 16126C	J1c													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 185A 188G 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16366T	J1c2	+												7	2	1	0	0	0	4
[28, 121]	73G 150T 195C 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16231C	J2					+		+				+		0	0	0	1	1	1	0
[28, 121]	73G 150T 152C 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16193T	J2b													3	0	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16224C 16304C 16311C	K													2	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 204C 263G 315.1C 16224C 16311C	K	+												0	0	1	0	0	0	0
[28, 121]	73G 150T 249d 263G 315.1C 16224C 16311C	K													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C	K1a*				+			+		+				7	5	0	1	2	2	2
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C 16354T	K1a*	+												1	0	1	0	0	0	1
[28, 121]	73G 94A 263G 315.1C 16224C 16311C	K1b1c							+						4	0	0	0	1	1	3
[28, 121]	73G 146C 195C 263G 315.1C 16224C 16311C	K1b2		+	+	+	+	+		+	+	+			4	6	2	3	3	3	2
[28, 121]	73G 146C 195C 204C 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C	K1b2													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 146C 263G 315.1C 16224C 16311C	K2				+			+	+		+			4	1	0	1	3	3	0
[28, 121]	73G 143A 152C 195C 263G 315.1C 16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	L2a1k													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 152C 199C 204C 263G 315.1C 16147A 16172C 16223T 16248T 16320T 16355T	N1a	+		+				+		+				1	2	2	0	2	2	1
[28, 121]	73G 152C 199C 204C 263G 315.1C 16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	N1a													2	0	0	0	0	0	2
[28, 121]	73G 146C 263G 315.1C 16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	N1b													1	1	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 195C 245C 263G 272G 315.1C 16145A 16176A 16223T 16241G 16390A	N1b													3	0	0	0	0	0	1
[28, 121]	146C 152C 263G 315.1C 16126C 16248T 16355T 16362C	R0a1a													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 152C 263G 315.1C 16126C 16260T 16294T 16355T	T													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	T1													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T1													7	3	0	0	0	0	3
[28, 121]	73G 152C 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T1a	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	8	6	1	3	4	4	3
[28, 121]	73G 151T 263G 315.1C 16126C 16294T 16296T	T2													2	0	0	0	0	0	2
[28, 121]	73G 146C 151T 263G 315.1C 16093C 16126C 16294T 16296T 16304C	T2b													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16126C 16294T 16296T 16304C	T2b	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	9	7	3	3	4	4	3
[28, 121]	73G 263G 285T 315.1C 16129A 16179T 16182C 16183C 16189C 16249C 16274A	U1a													1	0	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 152C 217C 263G 315.1C 16051G 16129C 16182C 16183C 16189C 16362C	U2e													0	1	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 152C 217C 263G 315.1C 340T 16051G 16129C 16189C 16256T	U2e								+	+				2	1	0	0	0	2	1
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16189C 16343G 16390A	U3a													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16343G 16390A	U3a					+				+			+	5	3	0	1	1	1	2
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16201T 16293C 16356C	U4													0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 152C 185A 189G 195C 263G 315.1C 16356C	U4													3	1	0	0	0	0	3
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16356C 16362C	U4					+							+	5	1	0	1	0	0	3
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16356C	U4	+		+			+	+	+		+	+	+	8	5	2	1	3	3	3



Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Pol)Хаплогрупа	Руска [10, 40, 54, 70]	Украјинска [77]	Естонска [107]	Француска [8, 32, 37, 97, 99, 100]	Холандска [22]	Енглеска [90]	Исландска [44]	Данска [63, 78]	Шведска [62, 110]	Финска [42]	Турска [18, 50, 75, 105]	Древни узорци [2, 3, 5, 7, 9, 10, 12, 19, 20, 25, 26, 28, 36, 37, 50, 54, 56]	Јужна Европа (N=12)	Средња Европа (N=7)	Источна Европа (N=3)	Западна Европа (N=3)	Северна Европа (N=4)	Јужнословенска група (N=5)
[28, 121]	73G 143A 195C 263G 310C 16356C	U4a2													0	0	0	0	1	0
[28, 121]	73G 195C 263G 310C 16278T	U4a2													0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 310C 315d 16192T	U4a2													0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 310C 315d 316d 317d 16356C	U4a2											+		0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	U4c1												+	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16051G 16179T 16356C 16362C	U4c1												+	4	0	0	0	0	2
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16179T 16356C	U4c1	+		+	+				+				+	9	5	2	1	1	4
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	U5a													0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16192T 16256T 16270T	U5a	+	+	+		+			+	+	+		+	6	7	3	1	3	2
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16136C 16192T 16256T 16270T	U5a	+												0	2	1	0	0	0
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16256T 16270T 16399G	U5a1	+	+	+	+	+				+			+	10	5	3	2	1	3
[28, 121]	73G 146C 263G 315.1C 16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1													1	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 150T 204C 207A 235G 263G 315.1C 16192T 16270T	U5b													1	2	0	0	0	1
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16186T 16189C 16270T 16293G	U5b1b													1	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 150T 228A 263G 315.1C 16192T 16270T 16304C	U5b3								+					5	2	0	0	1	2
[28, 121]	73G 152C 263G 315.1C 16293G 16318T	U7													0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 146C 263G 282C 315.1C 16146G 16243C 16342C	U8a1													0	0	0	0	0	0
[28, 121]	72C 263G 294C 315.1C 16162G 16298C	V													1	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16234T 16298C	V													1	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 143A 189G 195C 204C 207A 263G 315.1C 16223T 16292T 16311C	W													2	0	0	0	0	2
[28, 121]	73G 189G 194T 195C 198C 204C 207A 210G 16172C 16223T 16231C 16292T	W3'5													0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 189G 194T 195C 199C 204C 207A 210G 263G 315.1C 16172C 16223T 16231C 16292T	W3'5		+									+		3	0	1	0	0	1
[28, 121]	73G 189G 194T 195C 204C 207A 263G 315.1C 16223T 16292T	W3'5	+											+	4	1	1	0	1	2
[28, 121]	73G 153G 195C 225A 226C 263G 315.1C 16189C 16223T 16278T	X2b	+						+	+				+	6	1	1	0	2	1
[28, 121]	73G 143A 189G 195C 225A 226C 235G 263G 315.1C 16189C 16192T 16223T 16278T 16292T	X2b													1	0	0	0	0	1
[28, 121]	73G 153G 195C 263G 315.1C 16189C 16193.1C 16223T 16278T 16294T	X2b													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 315.1C 16174T	D													0	0	0	0	0	0
[41]	146C 263G 315.1C 16142T 16325C	H													1	0	0	0	0	1
[41]	263G 315.1C 16188T	H		+											5	3	1	0	0	2
[41]	263G 315.1C 16274A	H													4	1	0	1	2	2
[41]	195C 263G 310C 311T 315.1C 16311C	H11								+		+	+		0	0	0	0	0	0
[41]	195C 263G 315.1C 16311C 16390A	H11													1	0	0	0	0	1
[41]	195C 263G 315.1C 16293G 16311C	H11a								+					7	7	1	1	1	4
[41]	146C 189G 193G 263G 315.1C 16148T 16256T 16319A	H13a2c1	+		+					+					0	0	1	0	0	0
[41]	152C 263G 315.1C 16256T 16352C	H14a													1	0	0	0	0	1
[41]	263G 315.1C 326G 16048A 16261T 16270T	H14a													0	0	0	0	0	0
[41]	146C 263G 315.1C 16129A	H1e													1	0	0	0	0	0
[41]	248d 263G 315.1C 16311C	H1e1a4													0	0	0	0	0	0
[41]	146C 195C 263G 315.1C 16271C 16311C	H1n													1	0	0	0	0	1
[41]	263G 315.1C 16093C 16260T 16311C	H3v													1	0	0	0	0	1
[41]	195C 239C 263G 315.1C 16362C	H6													1	0	0	0	0	1
[41]	93G 239C 263G 315.1C 16224C 16362C	H6													0	0	0	0	0	0
[41]	72C 152C 263G 315.1C 16298C	HV0													3	2	0	0	0	1
[41]	152C 263G 315.1C 16221T	HV4a											+		6	0	0	0	0	1
[41]	73G 263G 295T 315.1C 16063C 16069T 16126C 16342C	J													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16261T	J											+		5	0	0	0	0	2
[41]	73G 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16261T 16286T	J													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 242T 263G 295T 16069T 16126C 16145A 16172C 16222T 16261T	J1b1a1													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 185A 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16093C 16126C	J1c								+					3	0	0	0	1	2
[41]	73G 185A 263G 295T 315.1C 16126C	J1c													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 295T 16063C 16126C 16348T	J1c3f													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 94A 150T 152C 189G 207A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16148T 16193T	J2b													1	0	0	0	0	1

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Руска [10, 40, 54, 70]	Украјинска [77]	Естонска [107]	Француска [8, 32, 37, 97, 99, 100]	Холандска [22]	Енглеска [90]	Исландска [44]	Данска [63, 78]	Шведска [62, 110]	Финска [42]	Турска [18, 50, 75, 105]	Древни узорци [2, 3, 5, 7, 9, 10, 12, 19, 20, 25, 26, 28, 36, 37, 50, 54, 56]	Јужна Европа (N=12)	Средња Европа (N=7)	Источна Европа (N=3)	Западна Европа (N=3)	Северна Европа (N=4)	Јужнословенска Група (N=5)
[41]	146C 263G 315.1C 16069T 16126C 16193T 16319A	J2b1c1													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 195C 263G 315.1C 16093C 16224C 16266T 16270T 16311C	K1a4a1a													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C 16362C	K1a5a													1	1	0	0	0	1
[41]	73G 263G 315.1C 16129A 16224C 16301T 16311C	K2b1b													3	0	0	0	0	3
[41]	73G 142C 199C 204C 263G 315.1C 16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	N1a1a													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 142C 199C 204C 263G 315.1C 16147A 16172C 16223T 16248T 16304C 16320T 16355T	N1a1a1a													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 150T 263G 315.1C 16261T 16343G	U3													0	0	0	0	0	0
[41]	263G 310C 315.1C	U4a2a													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 195C 263G 310C 315.1C 16126C	U4a2a													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 315.1C 16136C 16192T 16256T 16270T 16287T	U5a													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 152C 263G 315.1C 16256T 16270T 16399G	U5a1a1	+	+	+						+		+		4	3	3	0	1	2
[41]	73G 263G 315.1C 16192T 16256T 16260T 16270T 16291T 16399G	U5a1b1													0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 315.1C 16114A 16192T 16256T 16270T 16294T	U5a2a	+		+	+				+	+	+	+		2	2	2	1	3	1
[41]	73G 189G 191C 192C 195C 204C 207A 263G 315.1C 16066G 16129A 16145A 16223T 16292T	W1h													1	0	0	0	0	1
[56]	73G 241G 263G 315.1C 16093C 16172C 16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1													0	0	0	0	0	0
[56]	73G 146C 195C 263G 315.1C 16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	N1b													0	0	0	0	0	0
[56]	72C 263G 315.1C 16298C	V	+	+		+	+	+	+	+	+	+	+		9	6	2	3	4	4
[56]	73G 146C 195C 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C	K1a13									+				5	0	0	0	1	2
[56]	72C 200G 263G 315.1C 16298C	V													1	1	0	0	0	1
[56]	73G 195C 263G 315.1C 16179T 16356C 16362C	U4c1a													0	0	0	0	0	0
[56]	199C 263G 315.1C 16189C 16356C 16362C	H1b													1	0	0	0	0	1
[56]	72C 263G 315.1C 16184T 16298C	V1a2													0	0	0	0	0	0
[56]	73G 152C 182T 189G 195C 247A 263G 315.1C 315.1C 16126C 16189C 16223T 16264T 16270T 16274A 16278T 16293G 16311C 16362C	L1b													0	0	0	0	0	0
[56]	73G 152C 217C 263G 315.1C 16051G 16129C 16189C 16362C	U2e2a													2	0	0	0	0	1
[56]	73G 185A 188G 228A 263G 315.1C 295T 16069T 16126C 16366T	J1c2*													0	0	0	0	0	0
[56]	73G 185A 263G 315.1C 295T 315.1C 16063C 16069T 16126C 16342C	J1c3*													0	0	0	0	0	0
[56]	73G 152C 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16189C 16294T	T1a1*													1	0	0	0	0	1
[56]	73G 119C 152C 189G 195C 204C 207A 263G 315.1C 16193T 16223T 16292T	W1c													3	1	0	0	0	2
[117]	152C 199C 263G 315.1C	H													1	1	0	0	0	0
[117]	152C 262T 263G 315.1C	H													0	0	0	0	0	0
[117]	152C 263G 295T 315.1C	H													1	0	0	0	0	1
[117]	195C 263G 315.1C 16060C 16131C 16304C	H													0	0	0	0	0	0
[117]	146C 195C 263G 315.1C 16092C 16213A 16256T 16293G 16311C	H													0	0	0	0	0	0
[117]	195C 263G 315.1C 16092C 16293G 16301T 16311C	H													1	0	0	0	0	1
[117]	263G 315.1C 16093C 16304C 16327T 16363G	H													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16162G 16209C 16248T	H													0	0	0	0	0	0
[117]	263G 315.1C 16166C 16304C	H													1	0	0	0	0	1
[117]	263G 315.1C 16183C 16189C 16266T	H													0	0	0	0	0	0
[117]	195C 215G 263G 315.1C 320T 324G 16209C 16278T 16293G 16311C	H													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 152C 195C 263G 315.1C 16217C 16243C 16261T	H													0	0	0	0	0	0
[117]	146C 152C 237G 263G 315.1C 16221T 16260T	H													0	0	0	0	0	0
[117]	146C 263G 315.1C 16221T	H													2	0	0	0	0	1
[117]	263G 315.1C 16239T	H													3	4	0	2	1	2
[117]	73G 263G 315.1C 16269G 16304C	H			+	+				+					0	0	0	0	0	0
[117]	144A 146C 195C 263G 315.1C 16271C 16311C	H													0	0	0	0	0	0
[117]	315.1C 16291T	H											+		0	0	0	0	0	0
[117]	146C 263G 315.1C 16304C	H	+												5	4	1	0	0	2
[117]	263G 315.1C 16357d	H													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 199C 204C 250C 263G 315.1C 16129A 16223T 16311C	I													2	0	0	0	0	0

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)Хаплогрупа	Руска [10, 40, 54, 70]	Украјинска [77]	Естонска [107]	Француска [8, 32, 37, 97, 99, 100]	Холандска [22]	Енглеска [90]	Исландска [44]	Данска [63, 78]	Шведска [62, 110]	Финска [42]	Турска [18, 50, 75, 105]	Древни узорци [2, 3, 5, 7, 9, 10, 12, 19, 20, 25, 26, 28, 36, 37, 50, 54, 56]	Јужна Европа (N=12)	Средња Европа (N=7)	Источна Европа (N=3)	Западна Европа (N=3)	Северна Европа (N=4)	Јужнословенска група (N=5)
[117]	73G 185A 188G 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C	J	+			+	+	+	+	+	+	+			9	6	1	2	4	4
[117]	73G 185A 188G 228A 263G 295T 315.1C 320T 16069T 16126C	J													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 94A 150T 152C 189G 207A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16176T 16193T 16292T	J													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 146C 263G 315.1C 16071T 16224C 16311C	K													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16129A 16192T 16224C 16301T 16311C	K													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16224C 16311C	K		+		+	+		+	+	+	+	+	+	9	5	1	2	4	4
[117]	73G 263G 315.1C 16126C 16181G 16294T	T													2	0	0	0	0	0
[117]	73G 195C 263G 315.1C 320T 328C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 152C 263G 315.1C 16126C 16270T 16294T 16304C	T													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 242T 263G 295T 315.1C 16126C 16270T 16294T 16304C	T													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16126C 16294T 16296T 16304C 16352C	T													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16126C 16294T 16304C	T	+				+			+			+	+	7	6	1	1	1	3
[117]	152C 217C 263G 315.1C 16129C 16183C 16189C	U2													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 152C 263G 315.1C 340T 16129C 16183C 16189C	U2													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 195C 263G 315.1C 16051C 16179T 16356C 16362C	U4													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16192T 16256T 16270T 16291T	U5													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 150T 243G 263G 315.1C 16065.1T 16144C 16189C 16270T	U5													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 150T 263G 315.1C 16093C 16189C 16270T	U5		+			+		+						4	4	1	1	1	1
[117]	263G 315.1C 16298C	V	+	+						+	+				6	4	2	0	2	2
[117]	263G 315.1C 320T 16298C	V													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 189G 194T 195C 204C 207A 263G 315.1C 16093C 16223T 16292T	W													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 153G 195C 225A 226C 263G 315.1C 16184A 16189C 16223T 16278T	X													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 199C 204C 263G 315.1C 16147G 16172C 16223T 16248T 16355T	N1a													1	0	0	0	0	1
[117]	73G 146C 263G 315.1C 16145A 16176G 16223T 16244A	N1b													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 146C 210G 263G 315.1C 16071T 16086C 16172C 16187T 16189C 16217C 16223T	B4													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 195C 263G 315.1C 320T 16129A 16182C 16183C 16189C 16234T	U8b1a1													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16174T 16207G 16358G 16362C	D4h1													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16174T 16358G	D4h1													0	0	0	0	0	0
[117]	73G 195C 263G 310C 16183G 16354T	U4a2a													0	0	0	0	0	0
		Величина узорка	480	159	114	236	680	100	338	2157	595	392	208	671	7347	4157	753	1016	3482	2536
	Број дељених хаплотипова са обједињеним узорком српске популације (227 хаплотипова)		23	13	10	13	17	8	12	24	18	12	17	14	139	101	87	80	90	133
	Процент дељених хаплотипова са српском популацијом		10,13	5,73	4,41	5,73	7,49	3,52	5,29	10,57	7,93	5,29	7,49	6,17	61,23	44,49	38,33	35,24	39,65	58,59

Табела 8.7. Наставак

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Под)хаплогрупа	Групе популација које припадају сродној језичкој породици					Популације различитих језичких афилијација		Полуострва јужне Европе		
			Западнословенска група (N=3)	Источнословенска група (N=2)	Германска група (N=7)	Романска група (N=6)	Угро-финска група (N=3)	Албанска и грчка (N=2)	Гурска (N=1)	Балканско полуострво (N=7)	Апенинско полуострво (N=1)	Пиринејско полуострво (N=3)
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16174T 16362C	D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	152C 263G 315.1C	H	3	2	6	6	1	1	1	6	1	3
[28, 121]	131C 152C 263G 315.1C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16129A	H	3	1	6	3	1	0	1	3	1	2
[28, 121]	153G 204C 263G 315.1C 16189C 16193.1C 16193.2C	H	0	0	2	1	0	1	0	3	1	0
[28, 121]	263G 315.1C	H	3	2	7	6	3	2	1	7	1	3
[28, 121]	263G 315.1C 16311C	H/HV	3	1	6	5	3	2	1	7	1	3
[28, 121]	199C 263G 315.1C	H	1	0	3	2	0	0	0	0	0	2
[28, 121]	263G 315.1C 16209C	H	3	0	6	1	1	0	0	2	0	1
[28, 121]	263G 315.1C 16293G	H	2	1	4	4	1	0	0	2	1	3
[28, 121]	263G 315.1C 16362C	H	0	0	4	3	1	1	0	4	0	3
[28, 121]	93G 263G 315.1C 16093C 16129A	H	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	188G 262T 263G 315.1C 16293C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	228A 263G 269T 315.1C 16189C 16193.1C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16080G	H	0	0	2	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	262T 263G 315.1C 16293C	H	0	0	0	0	0	1	1	3	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16162G 16368C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16189C 16193.1C	H	2	0	4	2	0	1	0	2	1	2
[28, 121]	263G 315.1C 16093C	H	2	2	5	4	2	0	0	3	1	2
[28, 121]	263G 315.1C 16184T	H	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0
[28, 121]	263G 315.1C 16189C	H	3	1	6	3	1	1	1	3	1	3
[28, 121]	146C 153G 204C 263G 315.1C 16189C 16193.1C	H	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16185T	H	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2
[28, 121]	93G 249d 263G 315.1C 16240G	H	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16042A 16288C	H	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	153G 204C 263G 315.1C 16189C 16193.1C	H	0	0	2	1	0	1	0	3	1	0
[28, 121]	153G 203A 204C 263G 315.1C 16189C 16193.1C 16255A	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	195C 263G 315.1C 16051G 16312G	H	0	0	0	0	0	1	0	3	0	0
[28, 121]	153G 263G 315.1C 16147T 16189C 16193.1C 16193.2C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	16241G 16266T 16311C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	195C 263G 315.1C 16301T 16311C	H11	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
[28, 121]	195C 263G 315.1C 16311C	H11	1	0	2	2	1	0	0	2	1	1
[28, 121]	146C 195C 263G 315.1C 16092C 16293G 16311C	H11a	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0
[28, 121]	195C 263G 315.1C 16287T	H12	0	0	0	0	1	2	1	4	0	0
[28, 121]	199C 263G 315.1C 16153A 16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16189C 16193.1C 16356C 16362C	H1b	2	1	4	1	1	0	0	2	1	0
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16183C 16189C 16311C 16356C	H1b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	263G 267C 315.1C 16209C	H1o	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	263G 267C 315.1C 16188T 16209C	H1o	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	146C 263G 315.1C 16354T	H2a1	2	1	1	0	0	0	0	5	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16354T	H2a1	3	1	4	3	0	0	1	3	1	2
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16311C	H2b	3	1	4	4	1	0	0	3	1	3
[28, 121]	146C 263G 315.1C 16304C 16390A	H5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16304C	H5	3	2	6	4	2	2	1	6	1	3
[28, 121]	263G 315.1C 16183C 16189C 16193.1C 16304C	H5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 16189C 16193.1C 16304C	H5	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0
[28, 121]	143A 189G 226C 263G 315.1C 16294T 16304C	H5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	263G 315.1C 334G 16166C 16304C	H5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Западнословенска група (N=3)	Источнословенска група (N=2)	Германска група (N=7)	Романска група (N=6)	Угро-финска група (N=3)	Албанска и грчка (N=2)	Гурска (N=1)	Балканско полуострво (N=7)	Апенинско полуострво (N=1)	Пиринејско полуострво (N=3)
[28, 121]	95C 263G 315.1C 373G 16092C 16201T 16304C	H5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	239C 263G 315.1C 16362C	H6	3	2	6	4	2	1	1	6	1	3
[28, 121]	152C 239C 263G 315.1C 16362C	H6	2	1	2	3	0	0	0	2	0	2
[28, 121]	114T 146C 195C 263G 315.1C 16288C 16362C	H8	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
[28, 121]	152C 263G 315.1C 16168T	H9a	1	1	1	3	0	1	1	4	1	1
[28, 121]	72C 73G 152C 195C 263G 315.1C 16217C 16243C 16261T	HV2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	72C 263G 315.1C 16298C 16311C	HV0	2	0	2	2	1	1	0	3	1	1
[28, 121]	73G 199C 204C 250C 263G 315.1C 16129A 16148T 16223T	I5a	0	0	0	1	0	0	0	2	1	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16069T 16126C 16145A 16222T	I1b	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 242T 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16145A 16172C 16261T	I1b1	2	0	1	0	1	1	0	4	0	0
[28, 121]	73G 146C 152C 263G 271T 295T 315.1C 16069T 16126C 16145A 16222T 16234T	I1b2/I	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 185A 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C	I1c	3	2	6	4	1	1	0	4	1	3
[28, 121]	73G 185A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C	I1c	2	1	6	3	1	0	1	2	1	2
[28, 121]	73G 185A 189G 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16224C	I1c	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 185A 263G 295T 315.1C 16069T 16111T 16126C	I1c	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 185A 188G 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16366T	I1c2	1	1	1	1	0	2	1	6	0	1
[28, 121]	73G 150T 195C 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16231C	I2	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0
[28, 121]	73G 150T 152C 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16193T	I2b	0	0	0	2	0	0	0	1	1	1
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16224C 16304C 16311C	K	0	0	0	2	0	0	0	0	1	0
[28, 121]	73G 204C 263G 315.1C 16224C 16311C	K	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 150T 249d 263G 315.1C 16224C 16311C	K	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C	K1a*	3	0	4	4	0	1	0	3	1	3
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C 16354T	K1a*	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 94A 263G 315.1C 16224C 16311C	K1b1c	0	0	1	1	0	0	0	3	1	0
[28, 121]	73G 146C 195C 263G 315.1C 16224C 16311C	K1b2	3	1	6	3	3	0	0	2	1	1
[28, 121]	73G 146C 195C 204C 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C	K1b2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 146C 263G 315.1C 16224C 16311C	K2	0	0	3	4	1	1	0	1	1	2
[28, 121]	73G 143A 152C 195C 263G 315.1C 16189C 16192T 16218T 16247G 16278T 16294T 16309G 16390A	L2a1k	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 152C 199C 204C 263G 315.1C 16147A 16172C 16223T 16248T 16320T 16355T	N1a	2	1	1	0	2	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 152C 199C 204C 263G 315.1C 16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	N1a	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	73G 146C 263G 315.1C 16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	N1b	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 195C 245C 263G 272G 315.1C 16145A 16176A 16223T 16241G 16390A	N1b	0	0	0	1	0	1	0	2	1	0
[28, 121]	146C 152C 263G 315.1C 16126C 16248T 16355T 16362C	R0a1a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 152C 263G 315.1C 16126C 16260T 16294T 16355T	T	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T 16298C	T1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T1	1	0	2	2	0	2	0	5	0	2
[28, 121]	73G 152C 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T1a	3	1	7	4	1	1	0	4	1	3
[28, 121]	73G 151T 263G 315.1C 16126C 16294T 16296T	T2	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	73G 146C 151T 263G 315.1C 16093C 16126C 16294T 16296T 16304C	T2b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16126C 16294T 16296T 16304C	T2b	3	2	7	4	3	2	1	5	1	3
[28, 121]	73G 263G 285T 315.1C 16129A 16179T 16182C 16183C 16189C 16249C 16274A	U1a	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 152C 217C 263G 315.1C 16051G 16129C 16182C 16183C 16189C 16362C	U2e	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 152C 217C 263G 315.1C 340T 16051G 16129C 16189C 16256T	U2e	1	0	2	1	0	0	0	1	0	1
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16189C 16343G 16390A	U3a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16343G 16390A	U3a	2	0	3	2	0	1	0	3	1	1
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16201T 16293C 16356C	U4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 152C 185A 189G 195C 263G 315.1C 16356C	U4	0	0	1	0	0	0	0	3	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16356C 16362C	U4	0	0	2	1	0	1	0	4	1	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16356C	U4	2	1	5	3	3	2	0	5	1	2
[28, 121]	73G 143A 195C 263G 310C 16356C	U4a2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 310C 16278T	U4a2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 310C 315d 16192T	U4a2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 310C 315d 316d 317d 16356C	U4a2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16051G 16179T 16239T 16356C 16362C	U4c1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16051G 16179T 16356C 16362C	U4c1	0	0	0	0	0	2	1	4	0	0

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Западнословенска група (N=3)	Источнословенска група (N=2)	Германска група (N=7)	Романска група (N=6)	Угро-финска група (N=3)	Албанска и грчка (N=2)	Гурска (N=1)	Балканско полуострво (N=7)	Апенинско полуострво (N=1)	Пиринејско полуострво (N=3)
[28, 121]	73G 195C 263G 315.1C 16179T 16356C	U4c1	3	1	3	4	1	1	0	5	1	3
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16136C 16192T 16256T 16270T 16311C	U5a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16192T 16256T 16270T	U5a	3	2	5	3	3	0	1	2	1	3
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16136C 16192T 16256T 16270T	U5a	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16256T 16270T 16399G	U5a1	2	2	4	5	2	2	1	5	1	3
[28, 121]	73G 146C 263G 315.1C 16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 150T 204C 207A 235G 263G 315.1C 16192T 16270T	U5b	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 150T 263G 315.1C 16186T 16189C 16270T 16293G	U5b1b	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 150T 228A 263G 315.1C 16192T 16270T 16304C	U5b3	0	0	2	3	1	0	0	2	1	2
[28, 121]	73G 152C 263G 315.1C 16293G 16318T	U7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 146C 263G 282C 315.1C 16146G 16243C 16342C	U8a1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	72C 263G 294C 315.1C 16162G 16298C	V	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 263G 315.1C 16234T 16298C	V	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 143A 189G 195C 204C 207A 263G 315.1C 16223T 16292T 16311C	W	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
[28, 121]	73G 189G 194T 195C 198C 204C 207A 210G 16172C 16223T 16231C 16292T	W3'5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[28, 121]	73G 189G 194T 195C 199C 204C 207A 210G 263G 315.1C 16172C 16223T 16231C 16292T	W3'5	0	1	0	0	0	2	1	3	0	0
[28, 121]	73G 189G 194T 195C 204C 207A 263G 315.1C 16223T 16292T	W3'5	0	1	2	1	0	1	0	3	0	1
[28, 121]	73G 153G 195C 225A 226C 263G 315.1C 16189C 16223T 16278T	X2b	1	1	2	4	0	0	0	1	1	3
[28, 121]	73G 143A 189G 195C 225A 226C 235G 263G 315.1C 16189C 16192T 16223T 16278T 16292T	X2b	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[28, 121]	73G 153G 195C 263G 315.1C 16189C 16193.1C 16223T 16278T 16294T	X2b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 315.1C 16174T	D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	146C 263G 315.1C 16142T 16325C	H	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[41]	263G 315.1C 16188T	H	1	1	0	1	1	1	0	3	1	1
[41]	263G 315.1C 16274A	H	1	0	1	3	1	0	1	2	1	1
[41]	195C 263G 310C 311T 315.1C 16311C	H11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	195C 263G 315.1C 16311C 16390A	H11	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[41]	195C 263G 315.1C 16293G 16311C	H11a	3	0	4	3	2	0	0	4	1	2
[41]	146C 189G 193G 263G 315.1C 16148T 16256T 16319A	H13a2c1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	152C 263G 315.1C 16256T 16352C	H14a	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[41]	263G 315.1C 326G 16048A 16261T 16270T	H1ba	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	146C 263G 315.1C 16129A	H1e	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
[41]	248d 263G 315.1C 16311C	H1e1a4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	146C 195C 263G 315.1C 16271C 16311C	H1n	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[41]	263G 315.1C 16093C 16260T 16311C	H3v	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[41]	195C 239C 263G 315.1C 16362C	H6	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[41]	93G 239C 263G 315.1C 16224C 16362C	H6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	72C 152C 263G 315.1C 16298C	HV0	2	0	0	1	0	0	0	1	1	1
[41]	152C 263G 315.1C 16221T	HV4a	0	0	0	2	0	2	1	3	0	3
[41]	73G 263G 295T 315.1C 16063C 16069T 16126C 16342C	J	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16261T	J	0	0	0	1	0	2	1	4	1	0
[41]	73G 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16261T 16286T	J	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 242T 263G 295T 16069T 16126C 16145A 16172C 16222T 16261T	J1b1a1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 185A 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16093C 16126C	J1c	0	0	1	1	0	0	0	2	0	1
[41]	73G 185A 263G 295T 315.1C 16126C	J1c	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 295T 16063C 16126C 16348T	J1c3f	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 94A 150T 152C 189G 207A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16148T 16193T	J2b	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[41]	146C 263G 315.1C 16069T 16126C 16193T 16319A	J2b1c1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 195C 263G 315.1C 16093C 16224C 16266T 16270T 16311C	K1a4a1a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C 16362C	K1a5a	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
[41]	73G 263G 315.1C 16129A 16224C 16301T 16311C	K2b1b	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0
[41]	73G 142C 199C 204C 263G 315.1C 16147G 16172C 16223T 16248T 16295T 16355T	N1a1a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 142C 199C 204C 263G 315.1C 16147A 16172C 16223T 16248T 16304C 16320T 16355T	N1a1a1a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 150T 263G 315.1C 16261T 16343G	U3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	263G 310C 315.1C	U4a2a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Западнословенска група (N=3)	Источнословенска група (N=2)	Германска група (N=7)	Романска група (N=6)	Угро-финска група (N=3)	Албанска и грчка (N=2)	Гурска (N=1)	Балканско полуострво (N=7)	Апенинско полуострво (N=1)	Пиринејско полуострво (N=3)
[41]	73G 195C 263G 310C 315.1C 16126C	U4a2a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 315.1C 16136C 16192T 16256T 16270T 16287T	U5a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 152C 263G 315.1C 16256T 16270T 16399G	U5a1a1	3	2	1	0	1	1	1	3	0	1
[41]	73G 263G 315.1C 16192T 16256T 16260T 16270T 16291T 16399G	U5a1b1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[41]	73G 263G 315.1C 16114A 16192T 16256T 16270T 16294T	U5a2a	1	1	3	2	2	0	1	1	0	1
[41]	73G 189G 191C 192C 195C 204C 207A 263G 315.1C 16066G 16129A 16145A 16223T 16292T	W1h	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[56]	73G 241G 263G 315.1C 16093C 16172C 16192T 16256T 16270T 16399G	U5a1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[56]	73G 146C 195C 263G 315.1C 16145A 16176G 16223T 16244A 16390A	N1b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[56]	72C 263G 315.1C 16298C	V	3	2	6	4	2	1	0	5	1	3
[56]	73G 146C 195C 263G 315.1C 16093C 16224C 16311C	K1a13	0	0	1	3	0	0	0	2	1	2
[56]	72C 200G 263G 315.1C 16298C	V	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
[56]	73G 195C 263G 315.1C 16179T 16356C 16362C	U4c1a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[56]	199C 263G 315.1C 16189C 16356C 16362C	H1b	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[56]	72C 263G 315.1C 16184T 16298C	V1a2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[56]	73G 152C 182T 189G 195C 247A 263G 315.1C 315.1C 16126C 16189C 16223T 16264T 16270T 16274A 16278T 16293G 16311C 16362C	L1b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[56]	73G 152C 217C 263G 315.1C 16051G 16129C 16189C 16362C	U2e2a	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1
[56]	73G 185A 188G 228A 263G 315.1C 295T 16069T 16126C 16366T	J1c2*	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[56]	73G 185A 263G 315.1C 295T 315.1C 16063C 16069T 16126C 16342C	J1c3*	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[56]	73G 152C 195C 263G 315.1C 16126C 16163G 16189C 16294T	T1a1*	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[56]	73G 119C 152C 189G 195C 204C 207A 263G 315.1C 16193T 16223T 16292T	W1c	1	0	0	0	0	1	0	3	0	0
[117]	152C 199C 263G 315.1C	H	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
[117]	152C 262T 263G 315.1C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	152C 263G 295T 315.1C	H	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[117]	195C 263G 315.1C 16060C 16131C 16304C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	146C 195C 263G 315.1C 16092C 16213A 16256T 16293G 16311C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	195C 263G 315.1C 16092C 16293G 16301T 16311C	H	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[117]	263G 315.1C 16093C 16304C 16327T 16363G	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16162G 16209C 16248T	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	263G 315.1C 16166C 16304C	H	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[117]	263G 315.1C 16183C 16189C 16266T	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	195C 215G 263G 315.1C 320T 324G 16209C 16278T 16293G 16311C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 152C 195C 263G 315.1C 16217C 16243C 16261T	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	146C 152C 237G 263G 315.1C 16221T 16260T	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	146C 263G 315.1C 16221T	H	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0
[117]	263G 315.1C 16239T	H	2	0	3	2	1	0	0	2	1	0
[117]	73G 263G 315.1C 16269G 16304C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	144A 146C 195C 263G 315.1C 16271C 16311C	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	315.1C 16291T	H	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
[117]	146C 263G 315.1C 16304C	H	3	1	1	1	0	2	0	4	0	1
[117]	263G 315.1C 16357d	H	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 199C 204C 250C 263G 315.1C 16129A 16223T 16311C	I	0	0	0	2	0	0	0	0	1	0
[117]	73G 185A 188G 228A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C	J	3	1	7	4	2	1	0	5	1	3
[117]	73G 185A 188G 228A 263G 295T 315.1C 320T 16069T 16126C	J	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 94A 150T 152C 189G 207A 263G 295T 315.1C 16069T 16126C 16176T 16193T 16292T	J	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 146C 263G 315.1C 16071T 16224C 16311C	K	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16129A 16192T 16224C 16301T 16311C	K	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16224C 16311C	K	3	1	5	4	1	1	1	5	1	3
[117]	73G 263G 315.1C 16126C 16181G 16294T	T	0	0	0	2	0	0	0	0	1	0
[117]	73G 195C 263G 315.1C 320T 328C 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T	T	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 152C 263G 315.1C 16126C 16270T 16294T 16304C	T	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 242T 263G 295T 315.1C 16126C 16270T 16294T 16304C	T	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16126C 16294T 16296T 16304C 16352C	T	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16126C 16294T 16304C	T	3	1	4	3	1	0	1	3	1	3
[117]	152C 217C 263G 315.1C 16129C 16183C 16189C	U2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 152C 263G 315.1C 340T 16129C 16183C 16189C	U2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Референца	Хаплотипови детектовани у српској популацији	(Пол)хаплогрупа	Западнословенска група (N=3)	Источнословенска група (N=2)	Германска група (N=7)	Романска група (N=6)	Угро-финска група (N=3)	Албанска и грчка (N=2)	Гурска (N=1)	Балканско полуострво (N=7)	Апенинско полуострво (N=1)	Пиринејско полуострво (N=3)
[117]	73G 195C 263G 315.1C 16051C 16179T 16356C 16362C	U4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16192T 16256T 16270T 16291T	U5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 150T 243G 263G 315.1C 16065.1T 16144C 16189C 16270T	U5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 150T 263G 315.1C 16093C 16189C 16270T	U5	3	1	3	2	0	1	0	2	1	1
[117]	263G 315.1C 16298C	V	3	2	3	3	0	1	0	3	1	2
[117]	263G 315.1C 320T 16298C	V	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 189G 194T 195C 204C 207A 263G 315.1C 16093C 16223T 16292T	W	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 153G 195C 225A 226C 263G 315.1C 16184A 16189C 16223T 16278T	X	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 199C 204C 263G 315.1C 16147G 16172C 16223T 16248T 16355T	N1a	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
[117]	73G 146C 263G 315.1C 16145A 16176G 16223T 16244A	N1b	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 146C 210G 263G 315.1C 16071T 16086C 16172C 16187T 16189C 16217C 16223T	B4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 195C 263G 315.1C 320T 16129A 16182C 16183C 16189C 16234T	U8b1a1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16174T 16207G 16358G 16362C	D4h1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 263G 315.1C 16174T 16358G	D4h1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[117]	73G 195C 263G 310C 16183G 16354T	U4a2a	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
		Величина узорка	2191	639	5472	3261	716	539	208	3075	1447	2682
	Број дељених хаплотипова са обједињеним узорком српске популације (227 хаплотипова)		92	86	100	102	81	85	74	134	92	95
	Процент дељених хаплотипова са српском популацијом		40,53	37,89	44,05	44,93	35,68	37,44	32,60	59,03	40,53	41,85

Обједињени списак референци из којих су коришћени подаци о савременим популацијама за израчунавање параметара генетичке разноврсности, процењивање степена генетичке диференцијације ( $F_{ST}$ ),  $AMOVA$ ,  $PCA$  и детекцију заједничких  $HVSI$  и  $HVSI/HVSI$  хаплотипова:

1. Achilli A, Olivieri A, Pala M, Metspalu E, Fornarino S, Battaglia V, Accetturo M, Kutuev I, Khusnutdinova E, Pennarun E et al. 2007. Mitochondrial DNA variation of modern Tuscans supports the near eastern origin of Etruscans. *Am J Hum Genet* 80(4):759-768. (ITA2=322)
2. Ahmic A, Pojskic N, Siljadzic E, Hadziselimovic R. 2013. A preliminary study of the Paleolithic and Neolithic contribution the European mtDNA flow in shaping the genetic structure of recent Bosnian population. *Eur Sci Jou* 9(36):539-550. (BOS=261)
3. Alfonso-Sanchez MA, Cardoso S, Martinez-Bouzas C, Pena JA, Herrera RJ, Castro A, Fernandez-Fernandez I, De Pancorbo MM. 2008. Mitochondrial DNA haplogroup diversity in Basques: A reassessment based on HVI and HVII polymorphisms. *Am J Hum Biol* 20(2):154-164. (BAS=55)
4. Alvarez L, Santos C, Ramos A, Pratdesaba R, Francalacci P, Aluja MP. 2010. Mitochondrial DNA Patterns in the Iberian Northern Plateau: Population Dynamics and Substructure of the Zamora Province. *Am J Phys Anthropol* 142(4):531-539. (ŠPA1=214)
5. Alvarez-Iglesias V, Mosquera-Miguel A, Cerezo M, Quintans B, Zarrabeitia MT, Cusco I, Lareu MV, Garcia O, Perez-Jurado L, Carracedo A et al. 2009. New Population and Phylogenetic Features of the Internal Variation within Mitochondrial DNA Macro-Haplogroup R0. *PLoS ONE* 4(4): e5112. (ŠPA1=518)
6. Baasner A, Schafer C, Junge A, Madea B. 1998. Polymorphic sites in human mitochondrial DNA control region sequences: population data and maternal inheritance. *Forensic Sci Int* 98(3):169-178. (NEM=50)
7. Babalini C, Martinez-Labarga C, Tolk HV, Kivisild T, Giampaolo R, Tarsi T, Contini I, Barac L, Janicijevic B, Klaric IM et al. 2005. The population history of the Croatian linguistic minority of Molise (southern Italy): a maternal view. *Eur J Hum Genet* 13(8):902-912. (HRV=41, ITA2=125, ITA3=74)
8. Behar DM, Harmant C, Manry J, van Oven M, Haak W, Martinez-Cruz B, Salaberria J, Oyharcabal B, Bauduer F, Comas D et al. 2012. The Basque Paradigm: Genetic Evidence of a Maternal Continuity in the Franco-Cantabrian Region since Pre-Neolithic Times. *Am J Hum Genet* 90(3):486-493. (BAS=599, FRA=160, ŠPA=145)
9. Belledi M, Poloni ES, Casalotti R, Conterio F, Mikerezi I, Tagliavini J, Excoffier L. 2000. Maternal and paternal lineages in Albania and the genetic structure of Indo-European populations. *Eur J Hum Genet* 8(7):480-486. (ALB=42)



10. Belyaeva O, Bermisheva M, Khrunin A, Slominsky P, Bebyakova N, Khusnutdinova E, Mikulich A, Limborska S. 2003. Mitochondrial DNA variations in Russian and Belorussian populations. *Hum Biol* 75(5):647-660. (RUS=159, BEL=92)
11. Bertranpetit J, Sala J, Calafell F, Underhill PA, Moral P, Comas D. 1995. Human mitochondrial DNA variation and the origin of Basques. *Ann Hum Genet* 59(Pt 1):63-81. (BAS=45)
12. Bini C, Ceccardi S, Luiselli D, Ferri G, Pelotti S, Colalongo C, Falconi M, Pappalardo G. 2003. Different informativeness of the three hypervariable mitochondrial DNA regions in the population of Bologna (Italy). *Forensic Sci Int* 135(1):48-52. (ITA1=100)
13. Bosch E, Calafell F, Gonzalez-Neira A, Flaiz C, Mateu E, Scheil HG, Huckenbeck W, Efremovska L, Mikerezi I, Xirotiris N et al. 2006. Paternal and maternal lineages in the Balkans show a homogeneous landscape over linguistic barriers, except for the isolated Aromuns. *Ann Hum Genet* 70:459-487. (GRK=25, MAK=37, RUM=105, VLA=175)
14. Brandstatter A, Klein R, Duftner N, Wiegand P, Parson W. 2006. Application of a quasi-median network analysis for the visualization of character conflicts to a population sample of mitochondrial DNA control region sequences from southern Germany (Ulm). *Int J Legal Med* 120(5):310-314. (NEM=100)
15. Brandstatter A, Niederstatter H, Pavlic M, Grubwieser P, Parson W. 2007. Generating population data for the EMPOP database- An overview of the mtDNA sequencing and data evaluation processes considering 273 Austrian control region sequences as example. *Forensic Sci Int* 166(2-3):164-175. (AUS=273)
16. Brehm A, Pereira L, Kivisild T, Amorim A. 2003. Mitochondrial portraits of the Madeira and Acores archipelagos witness different genetic pools of its settlers. *Hum Genet* 114(1):77-86. (POR=333)
17. Brisighelli F, Alvarez-Iglesias V, Fondevila M, Blanco-Verea A, Carracedo A, Pascali VL, Capelli C, Salas A. 2012. Uniparental Markers of Contemporary Italian Population Reveals Details on Its Pre-Roman Heritage. *PLoS ONE* 7(12): e50794. (ITA1=142, ITA2=100, ITA3=260, SIC=80)
18. Calafell F, Underhill P, Tolun A, Angelicheva D, Kalaydjieva L. 1996. From Asia to Europe: Mitochondrial DNA sequence variability in Bulgarians and Turks. *Ann Hum Genet* 60:35-49. (BUG=30, TUR=29)
19. Cardoso S, Alfonso-Sanchez MA, Valverde L, Odriozola A, Perez-Miranda AM, Pena JA, de Pancorbo MM. 2011. The Maternal Legacy of Basques in Northern Navarre: New Insights Into the Mitochondrial DNA Diversity of the Franco-Cantabrian Area. *Am J Phys Anthropol* 145(3):480-488. (BAS=110)
20. Cardoso S, Zarrabeitia MT, Valverde L, Odriozola A, Alfonso-Sanchez MA, de Pancorbo MM. 2010. Variability of the Entire Mitochondrial DNA Control Region in a Human Isolate from the Pas Valley (Northern Spain). *J Forensic Sci* 55(5):1196-1201. (ŠPA1=61)
21. Casas MJ, Hagelberg E, Fregel R, Larruga JM, González AM. 2006. Human mitochondrial DNA diversity in an archaeological site in al-Andalus: genetic impact of migrations from North Africa in medieval Spain. *Am J Phys Anthropol* 131(4):539-51. (ŠPA2=108)
22. Chaitanya L, van Oven M, Brauer S, Zimmermann B, Huber G, Xavier C, Parson W, de Knijff P, Kayser M. 2016. High-quality mtDNA control region sequences from 680 individuals sampled across the Netherlands to establish a national forensic mtDNA reference database. *Forensic Sci Int Genet* 21:158-167. (HOL=680)
23. Coia V, Boschi I, Trombetta F, Cavulli F, Montinaro F, Destro-Bisol G, Grimaldi S, Pedrotti A. 2012. Evidence of high genetic variation among linguistically diverse populations on a micro-geographic scale: a case study of the Italian Alps. *J Hum Genet* 57(4):254-260. (ITA1=392)
24. Comas D, Calafell F, Mateu E, PerezLezaun A, Bertranpetit J. 1996. Geographic variation in human mitochondrial DNA control region sequence: The population history of Turkey and its relationship to the European populations. *Mol Biol Evol* 13(8):1067-1077. (TUR=45)
25. CorteReal HBSM, Macaulay VA, Richards MB, Hariti G, Issad MS, CambonThomsen A, Papiha S, Bertranpetit J, Sykes BC. 1996. Genetic diversity in the Iberian Peninsula determined from mitochondrial sequence analysis. *Ann Hum Genet* 60:331-350. (BAS=61, POR=54, ŠPA=11, ŠPA1=45, ŠPA2=15)
26. Crespiello M, Luque JA, Paredes M, Fernandez R, Ramirez E, Valverde JL. 2000. Mitochondrial DNA sequences for 118 individuals from northeastern Spain. *Int J Legal Med* 114(1-2):130-132. (ŠPA1=118)
27. Cvjetan S, Tolk HV, Lauc LB, Colak I, Dordevic D, Efremovska L, Janicijevic B, Kvesic A, Klaric IM, Metspalu E et al. 2004. Frequencies of mtDNA haplogroups in southeastern Europe - Croats, Bosnians and Herzegovinians, Serbians, Macedonians and Macedonian Romani. *Collegium Antropol* 28(1):193-198. (MAK=146, SRB=117)
28. Davidovic S, Malyarchuk B, Aleksic JM, Derenko M, Topalovic V, Litvinov A, Stevanovic M, Kovacevic-Grujicic N. 2015. Mitochondrial DNA perspective of Serbian genetic diversity. *Am J Phys Anthropol* 156(3):449-465. (SRB=139)
29. Di Benedetto G, Erguven A, Stenico M, Castri L, Bertorelle G, Togan I, Barbujani G. 2001. DNA diversity and population admixture in Anatolia. *Am J Phys Anthropol* 115(2):144-156. (TUR=72)
30. Di Rienzo A, Wilson AC. 1991. Branching pattern in the evolutionary tree for human mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci USA* 88(5):1597-1601. (SAR=87)
31. Dimo-Simonin N, Grange F, Taroni F, Brandt-Casadevall C, Mangin P. 2000. Forensic evaluation of mtDNA in a population from south west Switzerland. *Int J Legal Med* 113(2):89-97. (ŠVA=154)

32. Dubut V, Chollet L, Murail P, Cartault F, Beraud-Colomb E, Serre M, Mogentale-Profizi N. 2004. mtDNA polymorphisms in five French groups: importance of regional sampling. *Eur J Hum Genet* 12(4):293-300. (FRA=210)
33. Eduardoff M, Huber G, Bayer B, Schmid D, Anslinger K, Gobel T, Zimmermann B, Schneider PM, Rock AW, Parson W. 2013. Mass spectrometric base composition profiling: Implications for forensic mtDNA databasing. *Forensic Sci Int-Gen* 7(6):587-592. (NEM=199)
34. Falchi A, Giovannoni L, Calo CM, Piras IS, Moral P, Paoli G, Vona G, Varesi L. 2006. Genetic history of some western Mediterranean human isolates through mtDNA HVR1 polymorphisms. *J Hum Genet* 51(1):9-14. (ITA2=61, COR=53, SAR=234, ŠPA2=66)
35. Francalacci P, Bertranpetit J, Calafell F, Underhill PA. 1996. Sequence diversity of the control region of mitochondrial DNA in tuscany and its implications for the peopling of Europe. *Am J Phys Anthropol* 100(4):443-460. (ITA2=49)
36. Fraumene C, Belle EMS, Castri L, Sanna S, Mancosu G, Cosso M, Marras F, Barbujani G, Pirastu M, Angius A. 2006. High resolution analysis and phylogenetic network construction using complete mtDNA sequences in Sardinian genetic isolates. *Mol Biol Evol* 23(11):2101-2111. (SAR=63)
37. Garcia O, Fregel R, Larruga JM, Alvarez V, Yurrebaso I, Cabrera VM, Gonzalez AM. 2011. Using mitochondrial DNA to test the hypothesis of a European post-glacial human recolonization from the Franco-Cantabrian refuge. *Heredity* 106(1):37-45. (BAS=230, ENG=9, FRA=33, NEM=11, ŠPA1=131)
38. Gomez-Carballa A, Pardo-Seco J, Amigo J, Martinon-Torres F, Salas A. 2015. Mitogenomes from The 1000 Genome Project reveal new Near Eastern features in present-day Tuscans. *PLoS ONE* 10(3):e0119242. (ITA2=110)
39. Gonzalez AM, Brehm A, Perez JA, Maca-Meyer N, Flores C, Cabrera VM. 2003. Mitochondrial DNA affinities at the Atlantic fringe of Europe. *Am J Phys Anthropol* 120(4):391-404. (POR1=84, POR2=78, POR3=137, ŠPA1=43)
40. Grzybowski T, Malyarchuk BA, Derenko MV, Perkova MA, Bednarek J, Wozniak M. 2007. Complex interactions of the Eastern and Western Slavic populations with other European groups as revealed by mitochondrial DNA analysis. *Forensic Sci Int-Gen* 1(2):141-147. (POL=413, RUS=157)
41. Harvey et al., NCBI GenBank. (BOS=165, HRV=61, SRB=55)
42. Hedman M, Brandstatter A, Pimenoff V, Sistonen P, Palo JU, Parson W, Sajantila A. 2007. Finnish mitochondrial DNA HVS-I and HVS-II population data. *Forensic Sci Int* 172(2-3):171-178. (FIN=200)
43. Helgason A, Hickey E, Goodacre S, Bosnes V, Stefansson K, Ward R, Sykes B. 2001. mtDNA and the islands of the north atlantic: Estimating the proportions of Norse and Gaelic ancestry. *Am J Hum Genet* 68(3):723-737. (ENG=141, NOR=323, ŠKO1=308, ŠKO2=892)
44. Helgason A, Siguroardottir S, Gulcher JR, Ward R, Stefansson K. 2000. mtDNA and the origin of the Icelanders: Deciphering signals of recent population history. *Am J Hum Genet* 66(3):999-1016. (ISL=394)
45. Hernandez CL, Reales G, Dugoujon JM, Novelletto A, Rodriguez JN, Cuesta P, Calderon R. 2014. Human maternal heritage in Andalusia (Spain): its composition reveals high internal complexity and distinctive influences of mtDNA haplogroups U6 and L in the western and eastern side of region. *BMC Genet* 15:11. (ŠPA2=279)
46. Hervella M, Izagirre N, Alonso S, Ioana M, Netea MG, de-la-Rua C. 2014. The Carpathian range represents a weak genetic barrier in South-East Europe. *BMC Genet* 15:56. (RUM=128)
47. Hofmann S, Jaksch M, Bezold R, Mertens S, Aholt S, Paprotta A, Gerbitz KD. 1997. Population genetics and disease susceptibility: characterization of central European haplogroups by mtDNA gene mutations, correlation with D loop variants and association with disease. *Hum Mol Genet* 6(11):1835-1846. (NEM=67)
48. Irwin J, Egyed B, Saunier J, Szamosi G, O'Callaghan J, Padar Z, Parsons TJ. 2007. Hungarian mtDNA population databases from Budapest and the Baranya county Roma. *Int J Legal Med* 121(5):377-383. (MAĐ=211)
49. Irwin J, Saunier J, Strauss K, Paintner C, Diegoli T, Sturk K, Kovatsi L, Brandstatter A, Cariolou MA, Parson W et al. 2008. Mitochondrial control region sequences from northern Greece and Greek Cypriots. *Int J Legal Med* 122(1):87-89. (GRK=319)
50. Jankova-Ajanovska R, Zimmermann B, Huber G, Rock AW, Bodner M, Jakovski Z, Janeska B, Duma A, Parson W. 2014. Mitochondrial DNA control region analysis of three ethnic groups in the Republic of Macedonia. *Forensic Sci Int Genet* 13:1-2. (ALB=148, TUR=150)
51. Karachanak S, Carossa V, Nesheva D, Olivieri A, Pala M, Kashani BH, Grugni V, Battaglia V, Achilli A, Yordanov Y et al. 2012. Bulgarians vs the other European populations: a mitochondrial DNA perspective. *Int J Legal Med* 126(4):497-503. (BUG=855)
52. Kasperavičiute D, Kucinskas V, Stoneking M. 2004. Y chromosome and mitochondrial DNA variation in Lithuanians. *Ann Hum Genet* 68:438-452. (LIT=180)
53. Kittles RA, Bergen AW, Urbanek M, Virkkunen M, Linnola M, Goldman D, Long JC. 1999. Autosomal, mitochondrial, and Y chromosome DNA variation in Finland: Evidence for a male-specific bottleneck. *Am J Phys Anthropol* 108(4):381-399. (FIN=74, ŠVE=28)

54. Kornienko et al., 2001 NCBI GenBank (RUS=124)
55. Kouvatsi A, Karaïskou N, Apostolidis A, Kirmizidis G. 2001. Mitochondrial DNA sequence variation in Greeks. *Hum Biol* 73(6):855-869. (GRK=54)
56. Kovacevic L, Tambets K, Ilumae AM, Kushniarevich A, Yunusbayev B, Solnik A, Bego T, Primorac D, Skaro V, Leskovac A et al. 2014. Standing at the Gateway to Europe - The Genetic Structure of Western Balkan Populations Based on Autosomal and Haploid Markers. *PLoS ONE* 9(8): e105090. (BOS=74, MAK=22, SRB=21, HRV=19, ALB=18)
57. Kushniarevich A, Sivitskaya L, Danilenko N, Novogrodskii T, Tsybovsky I, Kiseleva A, Kotova S, Chaubey G, Metspalu E, Sahakyan H et al. 2013. Uniparental Genetic Heritage of Belarusians: Encounter of Rare Middle Eastern Matrilineages with a Central European Mitochondrial DNA Pool. *PLoS ONE* 8(6): e66499. (BEL=267)
58. Lahermo P, Sajantila A, Sistonen P, Lukka M, Aula P, Peltonen L, Savontaus ML. 1996. The genetic relationship between the Finns and the Finnish Saami (Lapps): Analysis of nuclear DNA and mtDNA. *Am J Hum Genet* 58(6):1309-1322. (FIN=32)
59. Lappalainen T, Laitinen V, Salmela E, Andersen P, Huoponen K, Savontaus ML, Lahermo P. 2008. Migration waves to the Baltic Sea region. *Ann Hum Genet* 72:337-348. (EST=117, LET=114, LIT=163, ŠVE=307)
60. Larruga JM, Diez F, Pinto FM, Flores C, Gonzalez AM. 2001. Mitochondrial DNA characterisation of European isolates: The Maragatos from Spain. *Eur J Hum Genet* 9(9):708-716. (ŠPA1=110, ŠPA2=50)
61. Lehocky I, Baldovic M, Kadasi L, Metspalu E. 2008. A database of mitochondrial DNA hypervariable regions I and II sequences of individuals from Slovakia. *Forensic Sci Int Genet* 2(4):e53-59. (SLK=374)
62. Lembring M, van Oven M, Montelius M, Allen M. 2013. Mitochondrial DNA analysis of Swedish population samples. *Int J Legal Med* 127(6):1097-1099. (ŠVE=299)
63. Li ST, Besenbacher S, Li YR, Kristiansen K, Grarup N, Albrechtsen A, Sparso T, Korneliusen T, Hansen T, Wang J et al. 2014. Variation and association to diabetes in 2000 full mtDNA sequences mined from an exome study in a Danish population. *Eur J Hum Genet* 22(8):1040-5. (DAN=2000)
64. Lutz S, Weisser HJ, Heizmann J, Pollak S. 1998. Location and frequency of polymorphic positions in the mtDNA control region of individuals from Germany (vol 111, pg 67, 1998). *Int J Legal Med* 111(5):286-286. (NEM=200)
65. Maca-Meyer N, Sanchez-Velasco P, Flores C, Larruga JM, Gonzalez AM, Oterino A, Leyva-Cobian F. 2003. Y chromosome and mitochondrial DNA characterization of Pasiegos, a human isolate from Cantabria (Spain). *Ann Hum Genet* 67(Pt 4):329-339. (ŠPA1=242)
66. Mairal Q, Santos C, Silva M, Marques SL, Ramos A, Aluja MP, Amorim A, Prata MJ, Alvarez L. 2013. Linguistic isolates in Portugal: Insights from the mitochondrial DNA pattern. *Forensic Sci Int-Gen* 7(6):618-623. (POR1=121)
67. Malyarchuk B, Derenko M, Grzybowski T, Lunkina A, Czarny J, Rychkov S, Morozava I, Denisova G, Miscicka-Sliwka D. 2004. Differentiation of mitochondrial DNA and Y chromosomes in Russian populations. *Hum Biol* 76(6):877-900. (RUS=325)
68. Malyarchuk BA, Derenko MV. 2001. Mitochondrial DNA variability in Russians and Ukrainians: Implication to the origin of the Eastern Slavs. *Ann Hum Genet* 65:63-78. (RUS=50, UKR=18)
69. Malyarchuk BA, Grzybowski T, Derenko MV, Czarny J, Drobnic K, Miscicka-Sliwka D. 2003. Mitochondrial DNA variability in Bosnians and Slovenians. *Ann Hum Genet* 67:412-425. (BOS=144, SLO=104)
70. Malyarchuk BA, Grzybowski T, Derenko MV, Czarny J, Wozniak M, Miscicka-Sliwka D. 2002. Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians. *Ann Hum Genet* 66:261-283. (POL=436, RUS=201)
71. Malyarchuk BA, Perkova MA, Derenko MV, Vanecek T, Lazur J, Gomolcak P. 2008. Mitochondrial DNA variability in Slovaks, with application to the Roma origin. *Ann Hum Genet* 72(Pt 2):228-240. (SLK=207)
72. Malyarchuk BA, Vanecek T, Perkova MA, Derenko MV, Sip M. 2006. Mitochondrial DNA variability in the Czech population, with application to the ethnic history of slavs. *Hum Biol* 78(6):681-696. (ČEH=179)
73. McEvoy B, Richards M, Forster P, Bradley DG. 2004. The Longue duree of genetic ancestry: Multiple genetic marker systems and Celtic origins on the Atlantic facade of Europe. *Am J Hum Genet* 75(4):693-702. (IRS=200)
74. Meinila M, Finnilla S, Majamaa K. 2001. Evidence for mtDNA admixture between the Finns and the Saami. *Hum Hered* 52(3):160-170. (FIN=403)
75. Mergen H, Oner R, Oner C. 2004. Mitochondrial DNA sequence variation in the Anatolian peninsula (Turkey). *J Genet* 83(1):39-47. (TUR=75)
76. Messina F, Scorrano G, Labarga CM, Rolfo MF, Rickards O. 2010. Mitochondrial DNA variation in an isolated area of Central Italy. *Ann Hum Biol* 37(3):385-402. (ITA2=124)

77. Mielnik-Sikorska M, Daca P, Malyarchuk B, Derenko M, Skonieczna K, Perkova M, Dobosz T, Grzybowski T. 2013. The History of Slavs Inferred from Complete Mitochondrial Genome Sequences. *PLoS ONE* 8(1): e54360. (ČEH=85, POL=404, UKR=159)
78. Mikkelsen M, Sorensen E, Rasmussen EM, Morling N. 2010. Mitochondrial DNA HV1 and HV2 variation in Danes. *Forensic Sci Int-Gen* 4(4):E87-E88. (DAN=206)
79. Mogentale-Profizi N, Chollet L, Stevanovitch A, Dubut V, Poggi C, Pradie MP, Spadoni JL, Gilles A, Beraud-Colomb E. 2001. Mitochondrial DNA sequence diversity in two groups of Italian Veneto speakers from Veneto. *Ann Hum Genet* 65:153-166. (ITA1=68)
80. Morozova I, Evsyukov A, Kon'kov A, Grosheva A, Zhukova O, Rychkov S. 2012. Russian ethnic history inferred from mitochondrial DNA diversity. *Am J Phys Anthropol* 147(3):341-351. (RUS=431)
81. Opdal SH, Rognum TO, Vege A, Stave AK, Dupuy BM, Egeland T. 1998. Increased number of substitutions in the D-loop of mitochondrial DNA in the sudden infant death syndrome. *Acta Paediatr* 87(10):1039-1044. (NOR=216)
82. Orekhov V, Poltoraus A, Zhivotovsky LA, Spitsyn V, Ivanov P, Yankovsky N. 1999. Mitochondrial DNA sequence diversity in Russians. *FEBS Lett* 445(1):197-201. (RUS=103)
83. Ottoni C, Martinez-Labarga C, Vitelli L, Scano G, Fabrini E, Contini I, Biondi G, Rickards O. 2009. Human mitochondrial DNA variation in Southern Italy. *Ann Hum Biol* 36(6):785-811. (ITA3=187, SIC=154)
84. Pardinas AF, Roca A, Garcia-Vazquez E, Lopez B. 2012. Mitochondrial diversity patterns and the Magdalenian resettlement of Europe: new insights from the edge of the Franco-Cantabrian refuge. *J Hum Genet* 57(11):717-726. (ŠPA1=429)
85. Parson W, Parsons TJ, Scheithauer R, Holland MM. 1998. Population data for 101 Austrian Caucasian mitochondrial DNA d-loop sequences: Application of mtDNA sequence analysis to a forensic case. *Int J Legal Med* 111(3):124-132. (AUS=100)
86. Passarino G, Cavalleri GL, Lin AA, Cavalli-Sforza LL, Borresen-Dale AL, Underhill PA. 2002. Different genetic components in the Norwegian population revealed by the analysis of mtDNA and Y chromosome polymorphisms. *Eur J Hum Genet* 10(9):521-529. (NOR=74)
87. Pereira L, Prata MJ, Amorim A. 2000. Diversity of mtDNA lineages in Portugal: not a genetic edge of European variation. *Ann Hum Genet* 64:491-506. (POR1=100, POR2=82, POR3=59)
88. Pereira V, Gomes V, Amorim A, Gusmao L, Prata MJ. 2010. Genetic Characterization of Uniparental Lineages in Populations from Southwest Iberia with Past Malaria Endemicity. *Am J Hum Biol* 22(5):588-595. (POR3=285)
89. Pfeiffer H, Brinkmann B, Huhne J, Rolf B, Morris AA, Steighner R, Holland MM, Forster P. 1999. Expanding the forensic German mitochondrial DNA control region database: genetic diversity as a function of sample size and microgeography. *Int J Legal Med* 112(5):291-298. (NEM=100)
90. Piercy R, Sullivan KM, Benson N, Gill P. 1993. The application of mitochondrial DNA typing to the study of white Caucasian genetic identification. *Int J Legal Med* 106(2):85-90. (ENG=100)
91. Plaza S, Calafell F, Helal A, Bouzerna N, Lefranc G, Bertranpetit J, Comas D. 2003. Joining the pillars of hercules: mtDNA sequences show multidirectional gene flow in the western Mediterranean. *Ann Hum Genet* 67:312-328. (ŠPA1=46, ŠPA2=49)
92. Pliss L, Tambets K, Loogvali EL, Pronina N, Lazdins M, Krumina A, Baumanis V, Villems R. 2006. Mitochondrial DNA portrait of Latvians: Towards the understanding of the genetic structure of Baltic-speaking populations. *Ann Hum Genet* 70:439-458. (LET=299)
93. Poetsch M, Wittig H, Krause D, Lignitz E. 2003. Mitochondrial diversity of a northeast German population sample. *Forensic Sci Int* 137(2-3):125-132. (NEM=300)
94. Prieto L, Zimmermann B, Goios A, Rodriguez-Monge A, Paneto GG, Alves C, Alonso A, Fridman C, Cardoso S, Lima G et al. 2011. The GHEP-EMPOP collaboration on mtDNA population data-A new resource for forensic casework. *Forensic Sci Int-Gen* 5(2):146-151. (ŠPA=378, POR1=187, POR2=53, BAS=29)
95. Pshenichnov A, Balanovsky O, Utevska O, Metspalu E, Zaporozhchenko V, Agdzhoyan A, Churnosov M, Atramentova L, Balanovska E. 2013. Genetic Affinities of Ukrainians From the Maternal Perspective. *Am J Phys Anthropol* 152(4):543-550. (UKR=607)
96. Pult I, Sajantila A, Simanainen J, Georgiev O, Schaffner W, Paabo S. 1994. Mitochondrial DNA sequences from Switzerland reveal striking homogeneity of European populations. *Biol Chem Hoppe-Seyler* 375(12):837-840. (ŠVA=74)
97. Richard C, Pennarun E, Kivisild T, Tambets K, Tolk HV, Metspalu E, Reidla M, Chevalier S, Giraudet S, Lauc LB et al. 2007. An mtDNA perspective of French genetic variation. *Ann Hum Biol* 34(1):68-79. (FRA=868)
98. Richards M, CorteReal H, Forster P, Macaulay V, WilkinsonHerbots H, Demaine A, Papiha S, Hedges R, Bandelt HJ, Sykes B. 1996. Paleolithic and neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *Am J Hum Genet* 59(1):185-203. (DAN=33, ENG=69, FIN=29, NEM=156, ISL=14, POR=37, TUR=22, VEL=92)

99. Richards M, Macaulay V, Hickey E, Vega E, Sykes B, Guida V, Rengo C, Sellitto D, Cruciani F, Kivisild T et al. 2000. Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool. *Am J Hum Genet* 67(5):1251-1276. (BAS=50, BUG=111, COR=23, ČEH=83, DAN=5, ENG=23, EST=101, FRA=71, NEM=5, GRK=125, ITA2=48, IRS=101, NOR=16, POL=37, RUM=92, RUS=25, SAR=46, SIC=90, TUR=132)
100. Rousselet F, Mangin P. 1998. Mitochondrial DNA polymorphisms: A study of 50 French Caucasian individuals and application to forensic casework. *Int J Legal Med* 111(6):292-298. (FRA=50)
101. Sajantila A, Lahermo P, Anttinen T, Lukka M, Sistonen P, Savontaus ML, Aula P, Beckman L, Tranebjaerg L, Gedde-Dahl T et al. 1995. Genes and languages in Europe: an analysis of mitochondrial lineages. *Genome Res* 5(1):42-52. (EST=28, FIN=50, ISL=39)
102. Sajantila A, Salem AH, Savolainen P, Bauer K, Gierig C, Paabo S. 1996. Paternal and maternal DNA lineages reveal a bottleneck in the founding of the Finnish population. *Proc Natl Acad Sci USA* 93(21):12035-12039. (EST=20, ŠVE=32)
103. Salas A, Comas D, Lareu MV, Bertranpetit J, Carracedo A. 1998. MtDNA analysis of the Galician population: A genetic edge of European variation. *Eur J Hum Genet* 6(4):365-375. (ŠPA1=92)
104. Sarac J, Saric T, Augustin DH, Jeran N, Kovacevic L, Cvjetan S, Lewis AP, Metspalu E, Reidla M, Novokmet N et al. 2014. Maternal Genetic Heritage of Southeastern Europe Reveals a New Croatian Isolate and a Novel, Local Sub-Branching in the X2 Haplogroup. *Ann Hum Genet* 78(3):178-194. (BOS=369, HRV=488, SLO=97)
105. Schonberg A, Theunert C, Li MK, Stoneking M, Nasidze I. 2011. High-throughput sequencing of complete human mtDNA genomes from the Caucasus and West Asia: high diversity and demographic inferences. *Eur J Hum Genet* 19(9):988-994. (TUR=29)
106. Stenico M, Nigro L, Bertorelle G, Calafell F, Capitanio M, Corrain C, Barbujani G. 1996. High mitochondrial sequence diversity in linguistic isolates of the Alps. *Am J Hum Genet* 59(6):1363-1375. (ITA1=50)
107. Stoljarova M, King JL, Takahashi M, Aaspollu A, Budowle B. 2016. Whole mitochondrial genome genetic diversity in an Estonian population sample. *Int J Legal Med* 130(1):67-71. (EST=114)
108. Tagliabracci A, Turchi C, Buscemi L, Sassaroli C. 2001. Polymorphism of the mitochondrial DNA control region in Italians. *Int J Legal Med* 114(4-5):224-228. (ITA2=83)
109. Tetzlaff S, Brandstater A, Wegener R, Parson W, Weirich V. 2007. Mitochondrial DNA population data of HVS-I and HVS-II sequences from a northeast German sample. *Forensic Sci Int* 172(2-3):218-224. (NEM=213)
110. Tillmar AO, Coble MD, Wallerstrom T, Holmlund G. 2010. Homogeneity in mitochondrial DNA control region sequences in Swedish subpopulations. *Int J Legal Med* 124(2):91-98. (ŠVE=296)
111. Tomory G, Csanyi B, Bogacsi-Szabo E, Kalmar T, Czibula A, Csoz A, Priskin K, Mende B, Lango P, Downes CS et al. 2007. Comparison of maternal lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations. *Am J Phys Anthropol* 134(3):354-368. (MAĐ=123)
112. Turchi C, Buscemi L, Previdere C, Grignani P, Brandstatter A, Achilli A, Parson W, Tagliabracci A, Group G. 2008. Italian mitochondrial DNA database: results of a collaborative exercise and proficiency testing. *Int J Legal Med* 122(3):199-204. (ITA1=187, ITA2=208)
113. Vanecek T, Vorel F, Sip M. 2004. Mitochondrial DNA D-loop hypervariable regions: Czech population data. *Int J Legal Med* 118(1):14-18. (ČEH=93)
114. Varesi L, Memmi M, Cristofari MC, Mameli GE, Calo CM, Vona G. 2000. Mitochondrial control-region sequence variation in the Corsican population, France. *Am J Hum Biol* 12(3):339-351. (KOR=46)
115. Vidrova V, Tesarova M, Trefilova E, Honzik T, Magner M, Zeman J. 2008. Mitochondrial DNA Haplogroups in the Czech Population Compared to Other European Countries. *Hum Biol* 80(6):669-674. (ČEH=300)
116. Vona G, Ghiani ME, Calo CM, Vacca L, Memmi M, Varesi L. 2001. Mitochondrial DNA sequence analysis in Sicily. *Am J Hum Biol* 13(5):576-589. (SIC=49)
117. Zgonjanin D, Veselinovic I, Kubat M, Furac I, Antov M, Loncar E, Tasic M, Vukovic R, Omorjan R. 2010. Sequence polymorphism of the mitochondrial DNA control region in the population of Vojvodina Province, Serbia. *Legal Med* 12(2):104-107. (SRB=77)
118. Zimmermann B, Brandstatter A, Duftner N, Niederwieser D, Spiroski M, Arsov T, Parson W. 2007. Mitochondrial DNA control region population data from Macedonia. *Forensic Sci Int Genet* 1(3-4):e4-9. (MAK=200)
119. Zupanic Pajnic I, Balazic J, Komel R. 2004. Sequence polymorphism of the mitochondrial DNA control region in the Slovenian population. *Int J Legal Med* 118(1):1-4. (SLO=125)
120. Zupan A, Hauptman N, Glavac D. 2015. The maternal perspective for five Slovenian regions: The importance of regional sampling. *Ann Hum Biol*:1-10. (SLO=402)
121. Необјављени подаци (SRB=33)

Списак референци из којих су коришћени подаци о древним популацијама за детекцију заједничких *HVSI* и *HVSI/HVSI* хаплотипова:

1. Adler CJ. 2012. Ancient DNA Studies of Human Evolution [PhD]: University of Adelaide.
2. Allentoft ME, Sikora M, Sjogren KG, Rasmussen S, Rasmussen M, Stenderup J, Damgaard PB, Schroeder H, Ahlstrom T, Vinner L et al. 2015. Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522(7555):167-172.
3. Alt KW, Knipper C, Peters D, Muller W, Maurer AF, Kollig I, Nicklisch N, Muller C, Karimnia S, Brandt G et al. 2014. Lombards on the Move - An Integrative Study of the Migration Period Cemetery at Szolad, Hungary. *PLoS ONE* 9(11):e110793.
4. Alzualde A, Izagirre N, Alonso S, Alonso A, Albarran C, Azkarate A, and de la Rua C. 2006. Insights into the "isolation" of the Basques: mtDNA lineages from the historical site of Aldaieta (6th-7th centuries AD). *Am J Phys Anthropol* 130(3):394-404.
5. Benazzi S, Slon V, Talamo S, Negrino F, Peresani M, Bailey SE, Sawyer S, Panetta D, Vicino G, Starnini E et al. 2015. Archaeology. The makers of the Protoaurignacian and implications for Neandertal extinction. *Science* 348(6236):793-796.
6. Bennett CC, and Kaestle FA. 2010. Investigation of ancient DNA from Western Siberia and the Sargat culture. *Hum Biol* 82(2):143-156.
7. Bollongino R, Nehlich O, Richards MP, Orschiedt J, Thomas MG, Sell C, Fajkosova Z, Powell A, and Burger J. 2013. 2000 years of parallel societies in Stone Age Central Europe. *Science* 342(6157):479-481.
8. Bramanti B, Thomas MG, Haak W, Unterlaender M, Jores P, Tambets K, Antanaitis-Jacobs I, Haidle MN, Jankauskas R, Kind CJ et al. 2009. Genetic Discontinuity Between Local Hunter-Gatherers and Central Europe's First Farmers. *Science* 326(5949):137-140.
9. Brandt G, Haak W, Adler CJ, Roth C, Szecsenyi-Nagy A, Karimnia S, Moller-Rieker S, Meller H, Ganslmeier R, Friederich S et al. 2013. Ancient DNA Reveals Key Stages in the Formation of Central European Mitochondrial Genetic Diversity. *Science* 342(6155):257-261.
10. Brotherton P, Haak W, Templeton J, Brandt G, Soubrier J, Adler CJ, Richards SM, Sarkissian CD, Ganslmeier R, Friederich S et al. 2013. Neolithic mitochondrial haplogroup H genomes and the genetic origins of Europeans. *Nat Commun* 4:1764.
11. Cardos G, Stoian V, Miritoiu N, Comsa A, Kroll A, Voss S, and Rodewald A. 2004. Paleo-mtDNA analysis and population genetic aspects of old Thracian populations from South-East of Romania. *Rom J Leg Med* 12(4):239 – 246.
12. Carpenter ML, Buenrostro JD, Valdiosera C, Schroeder H, Allentoft ME, Sikora M, Rasmussen M, Gravel S, Guillen S, Nekhrizov G et al. 2013. Pulling out the 1%: Whole-Genome Capture for the Targeted Enrichment of Ancient DNA Sequencing Libraries. *Am J Hum Genet* 93(5):852-864.
13. Casas MJ, Hagelberg E, Fregel R, Larruga JM, and Gonzalez AM. 2006. Human mitochondrial DNA diversity in an archaeological site in al-Andalus: genetic impact of migrations from North Africa in medieval Spain. *Am J Phys Anthropol* 131(4):539-551.
14. Chekunova EM, Yartseva NV, Chekunov MK, and Mazurkevich AN. 2014. The first results of genetic typing of local population and ancient human bones in upper dvina region. In: Mazurkevich A, Polkovnikova M, and Dolbunova E, editors. *Archaeology of lake settlements IV-II mill BC: chronology of cultures, environment and paleoclimatic rhythms*. Saint-Petersburg. p 287-294.
15. Deguilloux MF, Soler L, Pemonge MH, Scarre C, Joussaume R, and Laporte L. 2011. News From the West: Ancient DNA From a French Megalithic Burial Chamber. *Am J Phys Anthropol* 144(1):108-118.
16. Di Benedetto G, Erguven A, Stenico M, Castri L, Bertorelle G, Togan I, and Barbujani G. 2001. DNA diversity and population admixture in Anatolia. *Am J Phys Anthropol* 115(2):144-156.
17. Fernandez E, Ortiz JE, Torres T, Perez-Perez A, Gamba C, Tirado M, Baeza C, Lopez-Parra AM, Turbon D, Anfruns J et al. 2008. Mitochondrial DNA genetic relationships at the ancient Neolithic site of Tell Halula. *ForSci Int: Genetics Supplement Series* 1 1(1):271-273.
18. Fernandez E, Perez-Perez A, Gamba C, Prats E, Cuesta P, Anfruns J, Molist M, Arroyo-Pardo E, and Turbon D. 2014. Ancient DNA analysis of 8000 B.C. near eastern farmers supports an early neolithic pioneer maritime colonization of Mainland Europe through Cyprus and the Aegean Islands. *PLoS Genet* 10(6):e1004401.
19. Fu Q, Mittnik A, Johnson PL, Bos K, Lari M, Bollongino R, Sun C, Giemsch L, Schmitz R, Burger J et al. 2013. A revised timescale for human evolution based on ancient mitochondrial genomes. *Curr Biol* 23(7):553-559.
20. Fu QM, Li H, Moorjani P, Jay F, Slepchenko SM, Bondarev AA, Johnson PLF, Aximu-Petri A, Prufer K, de Filippo C et al. 2014. Genome sequence of a 45,000-year-old modern human from western Siberia. *Nature* 514(7523): 445-449.

21. Gamba C, Fernandez E, Oliver A, Tirado M, Baeza C, Lopez-Parra AM, and Arroyo-Pardo E. 2008. Population genetics and DNA preservation in ancient human remains from Eastern Spain. *ForSci Int Genet: Genetics Supplement Series* 1:462–464.
22. Guba Z, Hadadi E, Major A, Furka T, Juhasz E, Koos J, Nagy K, and Zeke T. 2011. HVS-I polymorphism screening of ancient human mitochondrial DNA provides evidence for N9a discontinuity and East Asian haplogroups in the Neolithic Hungary. *J Hum Genet* 56(11):784-796.
23. Haak W, Balanovsky O, Sanchez JJ, Koshel S, Zaporozhchenko V, Adler CJ, Der Sarkissian CS, Brandt G, Schwarz C, Nicklisch N et al. 2010. Ancient DNA from European early neolithic farmers reveals their near eastern affinities. *PLoS Biol* 8(11):e1000536.
24. Haak W, Forster P, Bramanti B, Matsumura S, Brandt G, Tanzer M, Villems R, Renfrew C, Gronenborn D, Alt KW et al. 2005. Ancient DNA from the first European farmers in 7500-year-old Neolithic sites. *Science* 310(5750):1016-1018.
25. Haak W, Lazaridis I, Patterson N, Rohland N, Mallick S, Llamas B, Brandt G, Nordenfelt S, Harney E, Stewardson K et al. 2015. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522(7555):207-211.
26. Hervella M, Izagirre N, Alonso S, Fregel R, Alonso A, Cabrera VM, and de la Rúa C. 2012. Ancient DNA from Hunter-Gatherer and Farmer Groups from Northern Spain Supports a Random Dispersion Model for the Neolithic Expansion into Europe. *PLoS ONE* 7(4): e34417.
27. Hervella M, Izagirre N, Alonso S, Ioana M, Netea MG, and de-la-Rúa C. 2014. The Carpathian range represents a weak genetic barrier in South-East Europe. *BMC Genet* 15.
28. Hughey JR, Paschou P, Drineas P, Mastropaolo D, Lotakis DM, Navas PA, Michalodimitrakis M, Stamatoyannopoulos JA, and Stamatoyannopoulos G. 2013. A European population in Minoan Bronze Age Crete. *Nat Commun* 4(1861).
29. Juras A, Dabert M, Kushniarevich A, Malmstrom H, Raghavan M, Kosicki JZ, Metspalu E, Willerslev E, and Piontek J. 2014. Ancient DNA Reveals Matrilineal Continuity in Present-Day Poland over the Last Two Millennia. *PLoS ONE* 9(10):e110839.
30. Keyser C, Bouakaze C, Crubezy E, Nikolaev VG, Montagnon D, Reis T, and Ludes B. 2009. Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people. *Hum Genet* 126(3):395-410.
31. Knipser C, Meyer C, Jacobi F, Roth C, Fecher M, Stephan E, Schatz K, Hansen L, Posluschny A, Hoppner B et al. 2014. Social differentiation and land use at an Early Iron Age “princely seat”: bioarchaeological investigations at the Glauberg (Germany). *Jour Arch Sci* 41:818-835.
32. Krzewinska M, Bjornstad G, Skoglund P, Olason PI, Bill J, Gotherstrom A, and Hagelberg E. 2015. Mitochondrial DNA variation in the Viking age population of Norway. *Philos T R Soc B* 370(1660).
33. Kulikov EE, Buzhilova AP, and Poltarauk AB. 2004. Molecular genetic characteristics of medieval populations of the Russian North. *Russ J Genet* 40(1):1-9.
34. Lacan M, Keyser C, Ricaut FX, Brucato N, Duranthon F, Guilaine J, Crubezy E, and Ludes B. 2011. Ancient DNA reveals male diffusion through the Neolithic Mediterranean route. *P Natl Acad Sci USA* 108(24):9788-9791.
35. Lalueza-Fox C, Sampietro ML, Gilbert MTP, Castri L, Facchini F, Pettener D, and Bertranpetit J. 2004. Unravelling migrations in the steppe: mitochondrial DNA sequences from ancient Central Asians. *P Roy Soc B-Biol Sci* 271(1542):941-947.
36. Lazaridis I, Patterson N, Mittnik A, Renaud G, Mallick S, Kirsanow K, Sudmant PH, Schraiber JG, Castellano S, Lipson M et al. 2014. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature* 513(7518):409-413.
37. Lee E, Krause-Kyora B, Rinne C, Schutt R, Harder M, Muller J, von Wurmb-Schwark N, and Nebel A. 2014. Ancient DNA insights from the Middle Neolithic in Germany. *Archaeol Anthropol Sci* 6(2):199-204.
38. Lorkiewicz W, PLoSzaj T, Jedrychowska-Danska K, Zadzinska E, Strapagiel D, Haduch E, Szczepanek A, Grygiel R, and Witas HW. 2015. Between the Baltic and Danubian Worlds: The Genetic Affinities of a Middle Neolithic Population from Central Poland. *PLoS ONE* 10(2):e0118316.
39. Malmstrom H, Gilbert MTP, Thomas MG, Brandstrom M, Stora J, Molnar P, Andersen PK, Bendixen C, Holmlund G, Gotherstrom A et al. 2009. Ancient DNA Reveals Lack of Continuity between Neolithic Hunter-Gatherers and Contemporary Scandinavians. *Curr Biol* 19(20):1758-1762.
40. Malmstrom H, Linderholm A, Skoglund P, Stora J, Sjodin P, Gilbert MTP, Holmlund G, Willerslev E, Jakobsson M, Liden K et al. 2015. Ancient mitochondrial DNA from the northern fringe of the Neolithic farming expansion in Europe sheds light on the dispersion process. *Philos T R Soc B* 370(1660).
41. Mannino MA, Catalano G, Talamo S, Mannino G, Di Salvo R, Schimmenti V, Lalueza-Fox C, Messina A, Petruso D, Caramelli D et al. 2012. Origin and diet of the prehistoric hunter-gatherers on the mediterranean island of Favignana (Egadi Islands, Sicily). *PLoS ONE* 7(11):e49802.
42. Melchior L, Gilbert MTP, Kivisild T, Lynnerup N, and Dissingl J. 2008. Rare mtDNA haplogroups and genetic differences in rich and poor Danish iron-age villages. *Am J Phys Anthropol* 135(2):206-215.

43. Melchior L, Lynnerup N, Siegismund HR, Kivisild T, and Dissing J. 2010. Genetic Diversity among Ancient Nordic Populations. *PLoS ONE* 5(7):e11898.
44. Mooder KP, Schurr TG, Bamforth FJ, Bazahiski VI, and Savel'ev NA. 2006. Population affinities of Neolithic Siberians: A snapshot from prehistoric Lake Baikal. *Am J Phys Anthropol* 129(3):349-361.
45. Naumann E, Krzewinska M, Gotherstrom A, and Eriksson A. 2014. Slaves as burial gifts in Viking Age Norway? Evidence from stable isotope and ancient DNA analyses. *Jour Arch Sci* 41:533-540.
46. Nesheva DV, Karachanak-Yankova S, Lari M, Yordanov Y, Galabov A, Caramelli D, and Toncheva D. 2015. Mitochondrial DNA Suggests a Western Eurasian Origin for Ancient (Proto-)Bulgarians. *Hum Biol* 87(1):19-28.
47. Newton JR. 2011. Ancient Mitochondrial DNA From Pre-historic Southeastern Europe: The Resurgence of East Eurasian Haplogroups Provides Evidence of Interactions with South Siberians Across the Central Asian Steppe Belt. Allendale, MI, USA: Grand Valley State University. 88 p.
48. Nikitin A. 2011. Bioarchaeological Analysis of Bronze Age Human Remains from the Podillya Region of Ukraine. *Interdisciplinaria archaeologica* 2(1):9-14.
49. Nunez C, Baeta M, Cardoso S, Palencia-Madrid L, Garcia-Romero N, Llanos A, and de Pancorbo MM. 2016. Mitochondrial DNA Reveals the Trace of the Ancient Settlers of a Violently Devastated Late Bronze and Iron Ages Village. *PLoS ONE* 11(5):e0155342.
50. Olalde I, Schroeder H, Sandoval-Velasco M, Vinner L, Lobon I, Ramirez O, Civit S, Borja PG, Salazar-Garcia DC, Talamo S et al. 2015. A Common Genetic Origin for Early Farmers from Mediterranean Cardial and Central European LBK Cultures. *Mol Biol Evol* 32(12):3132-3142.
51. Raghavan M, Skoglund P, Graf KE, Metspalu M, Albrechtsen A, Moltke I, Rasmussen S, Stafford TW, Orlando L, Metspalu E et al. 2014. Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. *Nature* 505(7481):87-91.
52. Rivollat M, Mendisco F, Pemonge MH, Safi A, St-Marc D, Bremond A, Couture-Veschambre C, Rottier S, and Deguilloux MF. 2015. When the Waves of European Neolithization Met: First Paleogenetic Evidence from Early Farmers in the Southern Paris Basin. *PLoS ONE* 10(4):e0125521.
53. Sampietro ML, Lao O, Caramelli D, Lari M, Pou R, Marti M, Bertranpetit J, and Lalueza-Fox C. 2007. Palaeogenetic evidence supports a dual model of Neolithic spreading into Europe. *P Roy Soc B-Biol Sci* 274(1622):2161-2167.
54. Sanchez-Ouinto F, Schroeder H, Ramirez O, Avila-Arcos MC, Pybus M, Olalde I, Velazquez AMV, Marcos MEP, Encinas JMV, Bertranpetit J et al. 2012. Genomic Affinities of Two 7,000-Year-Old Iberian Hunter-Gatherers. *Curr Biol* 22(16):1494-1499.
55. Sarkissian CD, Balanovsky O, Brandt G, Khartanovich V, Buzhilova A, Koshel S, Zaporozhchenko V, Gronenborn D, Moiseyev V, Kolpakov E et al. 2013. Ancient DNA Reveals Prehistoric Gene-Flow from Siberia in the Complex Human Population History of North East Europe. *PLoS Genet* 9(2):e1003296.
56. Skoglund P, Malmstrom H, Raghavan M, Stora J, Hall P, Willerslev E, Gilbert MTP, Gotherstrom A, and Jakobsson M. 2012. Origins and Genetic Legacy of Neolithic Farmers and Hunter-Gatherers in Europe. *Science* 336(6080):466-469.
57. Szecsenyi-Nagy A, Brandt G, Haak W, Keerl V, Jakucs J, Moller-Rieker S, Kohler K, Mende BG, Oross K, Marton T et al. 2015. Tracing the genetic origin of Europe's first farmers reveals insights into their social organization. *P Roy Soc B-Biol Sci* 282(1805).
58. Tomory G, Csanyi B, Bogacsi-Szabo E, Kalmar T, Czibula A, Csosz A, Priskin K, Mende B, Lango P, Downes CS et al. 2007. Comparison of maternal lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations. *Am J Phys Anthropol* 134(3):354-368.
59. Topf AL, Gilbert MTP, Fleischer RC, and Hoelzel AR. 2007. Ancient human mtDNA genotypes from England reveal lost variation over the last millennium. *Biology Lett* 3(5):550-553.
60. Vai S, Ghirotto S, Pilli E, Tassi F, Lari M, Rizzi E, Matas-Lalueza L, Ramirez O, Lalueza-Fox C, Achilli A et al. 2015. Genealogical Relationships between Early Medieval and Modern Inhabitants of Piedmont. *PLoS ONE* 10(1):e0116801.
61. Wilde S, Timpson A, Kirsanow K, Kaiser E, Kayser M, Unterlander M, Hoffelder N, Potekhina ID, Schier W, Thomas MG et al. 2014. Direct evidence for positive selection of skin, hair, and eye pigmentation in Europeans during the last 5,000 y. *P Natl Acad Sci USA* 111(13):4832-4837.
62. Witas HW, PLoSzaj T, Jedrychowska-Danska K, Witas PJ, Maslowska A, Jerszynska B, Kozlowski T, and Osipowicz G. 2015. Hunting for the LCT-13910\*T Allele between the Middle Neolithic and the Middle Ages Suggests Its Absence in Dairying LBK People Entering the Kuyavia Region in the 8th Millennium BP. *PLoS ONE* 10(4):e0122384.



**Табела 8.8.** Списак комплетних секвенци мтДНК коришћених за реконструкцију филогенија одабраних митогенома детектованих у испитиваном узорку српске популације који припадају (под)хаплогрупама: *H5, H6, HV, L2a1k, D4j, N1b, U1, U2, U3, U4, U5, U7, U8* и *K1*.

Хаплогрупа	N	Порекло секвенце		
		Асс. No./ ознака узорка	Држава/регион/популација/археолошки локалитет	Референца
K1a13	19	KC878721 MC1519 JQ702193 JQ703526 JQ702796	Француска Француска Француска Француска Шпанија	<i>Costa et al., 2013.</i> <i>mtDNA Community</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i>
K1a13a	14			
K1a13a1	7	KM103655 KM103657 KM103653 KM103658 JQ706030 JN202723 KT698005	Босна и Херцеговина Хрватска Хрватска Хрватска Хрватска Хрватска Србија	<i>Kovacevic et al., 2014.</i> <i>Kovacevic et al., 2014.</i> <i>Kovacevic et al., 2014.</i> <i>Kovacevic et al., 2014.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i>
K1a13a2	2	JQ704548 MC3978	Шпанија Шпанија	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>mtDNA Community</i>
K1a13a3	2	AY339564 AY339563	Финска Финска	<i>Moilanen et al., 2003.</i> <i>Moilanen et al., 2003.</i>
Ka13a4	3	JQ702991 JQ705537 GU944475	Ирска НА САД	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i>
K1a2	46	JN647926 AY495254 NM065508 EF660927 KF723708 MC3351 JQ703309 KC911410 KT698036 KT698013 KC878713	Јерменија Европа Италија Италија Италија Италија НА Кашкаи (Иран) Русија Србија Турска	<i>Family Tree DNA</i> <i>Coble et al., 2004.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Gasparre et al., 2007.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>mtDNA Community</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Derenko et al., 2013.</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i> <i>Costa et al., 2013.</i>
K1a2a	22	KF161641 JQ705620 EU915473 KT749777 EU849002 JQ702031 JQ705354 JQ705646 JQ703026 Troc4 JQ703041 JQ705456 MC1780	Данска Немачка Италија Италија НА НА НА Пољска Шкотска Троц4 Уједињено Краљевство Уједињено Краљевство САД	<i>Li et al., 2014.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Pello et al., 2008.</i> <i>Coia et al., 2016.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Haak et al., 2015.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>mtDNA Community</i>
K1a2a1	5	JQ701856 MC3340 JQ702748 NA20522	НА НА Шкотска Тоскана	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>mtDNA Community</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Gomez Carbala et al., 2015.</i>
K1a2a2	6	MC2596 KF171123 AY339565 JQ703581 MC723	Финска Финска Финска НА САД	<i>mtDNA Community</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Moilanen et al., 2003.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>mtDNA Community</i>

древни

K1a2b	6	EU760854	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>mtDNA Community</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i>					
		NM041971	Француска						
		MC3078	Немачка						
		JQ704017	НА						
		JQ706001	НА						
K1a2c	7	GQ281051	НА	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>Haak et al., 2015.</i> <i>mtDNA Community</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>mtDNA Community</i>	древни				
		JQ705149	Финска						
		ROT3	<i>Rothenschirmbach</i> , Немачка						
		MC1359	НА						
		JQ703037	НА						
		JQ702306	НА						
		KC477768	Шведска						
MC3639	САД								
K1a4	283	KJ856742	Алтај (Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i> <i>Derenko et al., 2013.</i> <i>Costa et al., 2013.</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i> <i>Coble et al., 2004.</i> <i>Coble et al., 2004.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Coia et al., 2016.</i> <i>Coia et al., 2016.</i> <i>Coia et al., 2016.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Costa et al., 2013.</i> <i>Costa et al., 2013.</i> <i>Fichler et al., 2010.</i> <i>mtDNA Community</i> <i>Just et al., 2015.</i>					
		KC911418	Азербејџан						
		JX273272	Чеченија						
		KT698033	Чешка						
		AY495261	Европа						
		AY495263	Европа						
		EU130551	Италија						
		JQ702505	Италија						
		KT932091	Италија						
		KT749800	Италија						
		KT749812	Италија						
		KT749811	Италија						
		JQ703296	НА						
		JX273285	Румунија						
		JX273289	Сирија						
		FJ348212	Тиrol						
		MC1072	САД						
		KM101805	САД						
		K1a4a	184			JQ705100	Ашкеназ	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Costa et al., 2013.</i> <i>Costa et al., 2013.</i> <i>Costa et al., 2013.</i> <i>Costa et al., 2013.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Costa et al., 2013.</i> <i>mtDNA Community</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Costa et al., 2013.</i>	
						JQ702521	Немачка		
						JX273260	Ирак		
						JX273281	Кабардинска (Русија)		
						JX273280	Кабардинска (Русија)		
EU603401	НА								
JX273253	Палестина								
MC88	Сицилија								
JQ703493	Швајцарска								
KC878715	Турска								
K1a4a1	174			KF162673	Данска	<i>Li et al., 2014.</i> <i>Coble et al., 2004.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Allentoft et al., 2015.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Costa et al., 2009.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Just et al., 2015.</i>			
		AY495262	Европа						
		JQ705229	Енглеска						
		NM045846	Енглеска						
		JQ703704	Француска						
		EU616625	НА						
		JQ704109	НА						
		JQ705661	НА						
		JQ701835	НА						
		RISE154	Пољска (Уњетичка култура)						
		JQ705785	Португалија						
		KT698008	Србија						
		JQ705543	Шпанија						
		JQ702281	Шпанија						
		JQ704808	Шведска						
		FJ460525	Тунис						
		JQ704320	Уједињено Краљевство						
		KM101779	САД						
		K1a4a1a	84	JQ705556	Хрватска			<i>Behar et al., 2012.</i> <i>Raule et al., 2014.</i> <i>Raule et al., 2014.</i> <i>Raule et al., 2014.</i>	
				JX153374	Данска				
JX152839	Данска								
JX152846	Данска								

JX153933	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
KF161488	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161533	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161684	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161801	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161116	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF162733	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161295	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161491	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161531	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF162875	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
JX153646	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
KF161995	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161951	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF162058	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF162749	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
JX153525	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
JX153663	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
KF161092	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF162127	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161836	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF161920	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
KF162364	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
JX153167	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
KF161764	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
JX047544	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
JN089380	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
HQ907958	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
MC1418	Енглеска	<i>mtDNA Community</i>
JX153264	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
JX153211	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
JX153253	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
KP752420	Финска	<i>Family Tree DNA</i>
KR712273	Финска	<i>Family Tree DNA</i>
JX153257	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
KF451073	Француска	<i>Lippold et al., 2014.</i>
JQ703763	Француска	<i>Behar et al., 2012.</i>
KF723707	Немачка	<i>Family Tree DNA</i>
JQ705714	Мађарска	<i>Behar et al., 2012.</i>
MC205	Ирска	<i>mtDNA Community</i>
JQ703782	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
KT749782	Италија	<i>Coia et al., 2016.</i>
JQ702175	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
AY495265	НА	<i>Coble et al., 2004.</i>
JQ702213	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ702700	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ703007	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ702773	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ702811	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JN122621	НА	<i>Family Tree DNA</i>
JQ704873	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ703444	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ705980	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ705270	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
HM031133	НА	<i>Family Tree DNA</i>
JQ703685	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
EU328539	НА	<i>Family Tree DNA</i>
MC1046	НА	<i>mtDNA Community</i>
JQ702896	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
KJ801422	НА	<i>Lang et al., 2015.</i>
JQ701810	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ702238	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ703880	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ703168	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
GU122978	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
GU123015	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
JQ340869	Шкотска	<i>Family Tree DNA</i>
JN559854	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>
JQ702797	Шведска	<i>Behar et al., 2012.</i>

		MC1232	Швајцарска	<i>mtDNA Community</i>
		JQ703212	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>
		KP718061	САД	<i>Family Tree DNA</i>
		KM101914	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
		MC4884	САД	<i>mtDNA Community</i>
		GU361766	САД	<i>Family Tree DNA</i>
		KT700199	САД	<i>Family Tree DNA</i>
		KM101806	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
		KM101905	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
		GU371909	САД	<i>Family Tree DNA</i>
		MC1329	САД	<i>mtDNA Community</i>
K1a4a1b	13	MC124	Канада	<i>mtDNA Community</i>
		MC2837	Енглеска	<i>mtDNA Community</i>
		GU191795	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
		JQ702779	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ703407	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ703171	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
		EU677385	НА	<i>Family Tree DNA</i>
		GU971379	НА	<i>Family Tree DNA</i>
		JQ704948	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ702471	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		EF464682	НА	<i>Family Tree DNA</i>
		JQ702610	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		MC1444	САД	<i>mtDNA Community</i>
K1a4a1c	7	JF433953	Британија	<i>Family Tree DNA</i>
		JN258704	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
		JX153840	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
		MC821	Финска	<i>mtDNA Community</i>
		JQ705215	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
		EU692798	НА	<i>Family Tree DNA</i>
		KF703542	САД	<i>Family Tree DNA</i>
K1a4a1d	4	AY495266	Европа	<i>Coble et al., 2004.</i>
		JQ705404	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
		MC1892	НА	<i>mtDNA Community</i>
		JQ705558	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>
K1a4a1e	9	EU597496	Баскија	<i>Hartmann et al., 2009.</i>
		KJ446001	Баскија	<i>Zheng et al., 2014.</i>
		KF162102	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF162742	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		JQ704526	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ705838	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ705938	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		HM103359	НА	<i>Gomez-Duran et al., 2010.</i>
		JQ702341	Норвешка	<i>Behar et al., 2012.</i>
K1a4a1f	10	HQ336048	Британија	<i>Family Tree DNA</i>
		JX127147	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
		HQ843088	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
		MC1001	НА	<i>mtDNA Community</i>
		JQ705816	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ703548	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ702302	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ702760	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		KM101821	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
		MC4090	САД	<i>mtDNA Community</i>
Ka1a4a1g	3	JX048671	Канада	<i>Family Tree DNA</i>
		JQ704759	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ703807	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
K1a4a1h	4	KF161479	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161570	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		JQ701994	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JN001930	САД	<i>Family Tree DNA</i>
K1a4a1i	2			

K1a4b	K1a4a1j	5	KF417432 JQ702315	Енглеска НА	<i>Family Tree DNA Behar et al., 2012.</i>	
			JQ704770 MC4185 JQ702744 EU910091 JN086562	Пољска Шпанија Уједињено Краљевство САД САД	<i>Behar et al., 2012. mtDNA Community Behar et al., 2012. Family Tree DNA Family Tree DNA</i>	
		K1a4a1k	3	KF161586 KT749781 KT749790	Данска Италија Италија	<i>Li et al., 2014. Coia et al., 2016. Coia et al., 2016.</i>
		K1a4a1l	3	KT749779 KC878725 MC1489	Италија Италија Италија	<i>Coia et al., 2016. Costa et al., 2013. mtDNA Community</i>
		K1a4a1m	3	Snb09 Z144 Z273	Шпанија Шпанија Шпанија	<i>Ramos et al., 2013. Ramos et al., 2013. Ramos et al., 2013.</i>
		K1a4a1n	4	JX273251 JX273275 JQ704092 JQ704727	Чуваш (Русија) Чуваш (Русија) Немачка Ирска	<i>Costa et al., 2013. Costa et al., 2013. Behar et al., 2012. Behar et al., 2012.</i>
		K1a4a1o	2	JQ704078 MC3711	НА САД	<i>Behar et al., 2012. mtDNA Community</i>
			11	KT749814 EU675299 JX273287	Италија НА Сирија	<i>Coia et al., 2016. Family Tree DNA Costa et al., 2013.</i>
		Ka1a4b1	8	JN088539 KF451142 EU600366 KF451099 KJ445988 DQ301792 JX273284 JX273257	Јерменија Бедуин Друзи Друзи Друзи НА Палестина Румунија	<i>Family Tree DNA Lippold et al., 2014. Shlush et al., 2008. Lippold et al., 2014. Zheng et al., 2014. Behar et al., 2006. Costa et al., 2013. Costa et al., 2013.</i>
			9	DQ301809	НА	<i>Behar et al., 2006.</i>
	K1a4c1	8	HQ435872 HQ538515 JQ703523 JQ706020 KC911519 NA20530 KM101939 KM101937	Јерменија Јерменија Италија НА Иран Тоскана САД САД	<i>Family Tree DNA Family Tree DNA Behar et al., 2012. Behar et al., 2012. Derenko et al., 2013. Gomez Carbala et al., 2015. Just et al., 2015. Just et al., 2015.</i>	
	K1a4d	25	KF163019 KF162139 KF162073 JF710373 KF163021 KF162022 KF162714 JQ703085 JQ705775 EU714298 AY495255 AY495253 AY495259 JQ701838 EU926621 JQ704760	Данска Данска Данска Данска Данска Данска Данска Енглеска Енглеска Енглеска Европа Европа Европа Француска Немачка Немачка	<i>Li et al., 2014. Li et al., 2014. Li et al., 2014. Family Tree DNA Li et al., 2014. Li et al., 2014. Li et al., 2014. Behar et al., 2012. Behar et al., 2012. Family Tree DNA Coble et al., 2004. Coble et al., 2004. Coble et al., 2004. Behar et al., 2012. Family Tree DNA Behar et al., 2012.</i>	

			JQ703048	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704963	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ705629	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ703034	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ702076	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			NM565771	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			KT698000	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
			JQ703025	Швајцарска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KM101857	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
K1a4e		5	JQ704761	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ701973	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			MC415	НА	<i>mtDNA Community</i>
			JX294315	Уједињено Краљевство	<i>Family Tree DNA</i>
K1a4f		12	MC921	САД	<i>mtDNA Community</i>
			KF163000	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KC900995	Грчка	<i>Family Tree DNA</i>
			JX273279	Ирак	<i>Costa et al., 2013.</i>
			JX273277	Ирак	<i>Costa et al., 2013.</i>
			GU722601	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			KF451223	Палестина	<i>Lippold et al., 2014.</i>
			KF451261	Палестина	<i>Lippold et al., 2014.</i>
			JX273267	Турска	<i>Costa et al., 2013.</i>
	K1a4f1	4	JX153062	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JQ704764	Малта	<i>Behar et al., 2012.</i>
			EF177416	Португалија	<i>Pereira et al., 2007.</i>
			NA20828	Тоскана	<i>Gomez Carbala et al., 2015.</i>
K1a4g		2	EU219921	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ705656	Швајцарска	<i>Behar et al., 2012.</i>
K1a4h		4	JQ703361	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
	K1a4h1	3	KC911589	Јерменија	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			EU564851	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ702911	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
K1a4i		4	JX273270	Адигеја	<i>Costa et al., 2013.</i>
			KJ446006	Адигеја	<i>Zheng et al., 2014.</i>
			NM852890	Грузија	<i>Schonberg et al., 2011.</i>
			JX273269	Турска	<i>Costa et al., 2013.</i>
K1a4j		5	JX273271	Азербејџан	<i>Costa et al., 2013.</i>
	K1a4j	4	KC878714	Турска	<i>Costa et al., 2013.</i>
			KC911477	Јерменија	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			JX273292	Курди	<i>Costa et al., 2013.</i>
			JX273290	Курди	<i>Costa et al., 2013.</i>
K1a4k		2	JQ705162	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KT698025	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
K1a4l		2	KT634229	Бугарска	<i>Family Tree DNA</i>
			KT697997	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
K1a30		6			
	K1a30a	3	KC878710	Турска	<i>Costa et al., 2013.</i>
			KC878711	Турска	<i>Costa et al., 2013.</i>
			KM986530	Јемен	<i>Vyas et al., 2016.</i>
	K1a30b	3	JN202911	Француска	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ705751	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KT698015	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
K1b1c		19	EU600370	Друзи	<i>Shlush et al., 2008.</i>
			JX273293	Друзи	<i>Costa et al., 2013.</i>

			GU455378	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
			KC911572	Курди	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			JQ703003	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KT697998	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
			KT698029	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
			KT698027	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
			KC878717	Турска	<i>Costa et al., 2013.</i>
			KC878716	Турска	<i>Costa et al., 2013.</i>
			KP744017	САД	<i>Family Tree DNA</i>
	K1b1c1	3	KT698035	Пољска	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
			KT698037	Пољска	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
			KT698038	Словачка	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
	K1b1c2	3	JX152834	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JX153719	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			KF162621	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
	K1b1c3	2	DQ301810	Палестина	<i>Behar et al., 2006.</i>
			KC911594	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>
	K1b2a2	22	KF162900	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JQ705044	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ705736	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			MC1665	Ирска	<i>mtDNA Community</i>
			KJ856701	Хамниган (Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i>
			JQ702849	Пољска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KJ856823	Русија	<i>Derenko et al., 2014.</i>
			KT698004	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
			KC878718	Турска	<i>Costa et al., 2013.</i>
	K1b2a2a	6	JQ702636	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ702325	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			MC1733	Шведска	<i>mtDNA Community</i>
			KP419691	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>
			KT821555	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>
			EU849091	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>
	K1b2a2b	5	KJ856772	Бурјат (Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i>
			KJ856838	Русија	<i>Derenko et al., 2014.</i>
			KJ856840	Русија	<i>Derenko et al., 2014.</i>
			JQ774501	Русија	<i>Family Tree DNA</i>
			KJ856836	Русија	<i>Derenko et al., 2014.</i>
	K1b2a2c	2	KF163028	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			EU372659	НА	<i>Family Tree DNA</i>
U1a1c	U1a1c1	22	KM434265	САД	<i>Family Tree DNA</i>
		19	AY714038	Индија	<i>Palanichamy et al., 2004.</i>
			FJ748753	Тибет	<i>Ji et al., 2012.</i>
	U1a1c1a	2	JQ704034	Италија	<i>Behar et al., 2012.</i>
	U1a1c1b	2	NA20826	Тоскана	<i>Gomez Carbala et al., 2015.</i>
	U1a1c1c	5	KC911388	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			KC911365	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
	U1a1c1c1	3	JN872374	Италија	<i>Perli et al., 2012.</i>
			DQ523621	Сардинија	<i>Fraumene et al., 2006.</i>
			DQ523634	Сардинија	<i>Fraumene et al., 2006.</i>
	U1a1c1d	9	JX462732	Индија	<i>Khan et al., NCBI</i>
			KF451000	Пакистан	<i>Lippold et al., 2014.</i>
			KM047208	Пољска	<i>Skonieczna et al., 2015.</i>
	U1a1c1d1	2	KC911306	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			KC911527	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>

		U1a1c1d2	2	MC3198 AY714042	Индија Индија	<i>mtDNA Community Patanichamy et al., 2004.</i>	
		U1a1c1d3	2				
	U1a1c2		3	KC911457 KF451137	Азербејџан Бедуин	<i>Derenko et al., 2013. Lippold et al., 2014.</i>	
			3	KT698030 KT698016 JX153116	Србија Србија Грчка	<i>Davidovic et al., 2017. Davidovic et al., 2017. Raule et al., 2014.</i>	
	U2e1b1		18	KJ856731 KJ856725 JQ664543 KF161340 KF163041 KF162886 JQ705384 MC2793 JQ702663 JQ704773 KJ856798 JQ703917 KJ856830 KT698031 KJ856835	Белорусија Белорусија Хрватска Данска Данска Данска Финска НА НА НА Пољска Пољска Русија Србија Украјина	<i>Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2014. Fu et al., 2012. Li et al., 2014. Li et al., 2014. Behar et al., 2012. mtDNA Community Behar et al., 2012. Behar et al., 2012. Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2014. Davidovic et al., 2017. Derenko et al., 2014.</i>	
		U2e1b1a	3	KJ856817 KJ856812 KJ856833	Пољска Пољска Украјина	<i>Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2014.</i>	
		U2e2a1d	12	KJ856698 NM156683 NM156688 JQ701947 JQ702004 JQ701890 KJ856714 KJ856678 KJ856696 KJ856710 KJ856690 KT698006	Белорусија Индија Индија НА НА НА Русија Русија Русија Русија Русија Србија	<i>Derenko et al., 2014. Govindaraj et al., 2011. Govindaraj et al., 2011. Behar et al., 2012. Behar et al., 2012. Behar et al., 2012. Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2014. Davidovic et al., 2017.</i>	
U3a			82	HQ436348 HM852891 KT779172	Јерменија Грузија Либан	<i>Family Tree DNA Schonberg et al., 2011. Matisoo-Smith et al., 2016.</i>	
	U3a1		54	KJ856809 JX153939 KF162006 JX152854 KF162390 KF162263 SALZ3B KT779191 MC825 EU057183 JQ705387 HM625682 HQ404665 MC1883	Чешка Данска Данска Данска Данска Данска Salzmünde-Schiebzig, Немачка Либан Мексико НА НА НА Шпанија САД	<i>Derenko et al., 2014. Raule et al., 2014. Li et al., 2014. Raule et al., 2014. Li et al., 2014. Li et al., 2014. Haak et al., 2015. Matisoo-Smith et al., 2016. mtDNA Community Family Tree DNA Behar et al., 2012. Kloss-Brandstatter et al., 2010. Family Tree DNA mtDNA Community</i>	древни
		U3a1a	16	KF161897 KF162268 KF161357 JQ704950 MC838 JX153017	Данска Данска Данска Ирска Ирска Италија	<i>Li et al., 2014. Li et al., 2014. Li et al., 2014. Behar et al., 2012. mtDNA Community Raule et al., 2014.</i>	



			MC1112	Литванија	<i>mtDNA Community</i>
			JQ703990	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			MC2790	НА	<i>mtDNA Community</i>
			JQ705871	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JN203207	Пољска	<i>Family Tree DNA</i>
			KJ856806	Русија	<i>Derenko et al., 2014.</i>
			GU122986	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			KJ856754	Русија	<i>Derenko et al., 2014.</i>
			FJ968795	САД	<i>Family Tree DNA</i>
			MC4085	САД	<i>mtDNA Community</i>
U3a1b	3		JQ702681	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			MC146	НА	<i>mtDNA Community</i>
			JQ702677	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
U3a1c	14		KF162718	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JX154057	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			KF162675	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161178	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161165	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JQ703769	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			AF381982	Шпанија	<i>Maca-Meyer et al., 2001.</i>
U3a1c1	7		KF161553	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161262	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JX153689	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			HQ286323	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
			MC622	Ирска	<i>mtDNA Community</i>
			JQ705739	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704420	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
U3a1d	2		KT698026	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
			DQ156213	Шпанија	<i>Montiel-Sosa et al., 2005.</i>
U3a1e	5		KF162097	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162952	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161806	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JX154025	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JQ705014	Данска	<i>Behar et al., 2012.</i>
U3a2	12		MC1326	Енглеска	<i>mtDNA Community</i>
			MC2685	НА	<i>mtDNA Community</i>
			KC911305	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			JQ618033	САД	<i>Family Tree DNA</i>
U3a2a	8		KJ856832	Белорусија	<i>Derenko et al., 2014.</i>
			JX153094	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>
			FJ348224	НА	<i>Pichler et al., 2010.</i>
			KP726893	Русија	<i>Family Tree DNA</i>
U3a2a1	4		KC911314	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			KC911522	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			KC911568	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			AY882383	Јемен	<i>Achilli et al., 2005.</i>
U3a3	4		KT698017	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
U3a3a	3		NM852895	Грузија	<i>Schonberg et al., 2011.</i>
			JQ704440	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KC911491	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
U3a4	4		KT779163	Либан	<i>Matisoo-Smith et al., 2016.</i>
			KT779202	Либан	<i>Matisoo-Smith et al., 2016.</i>
			KT779189	Либан	<i>Matisoo-Smith et al., 2016.</i>
			KC911550	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
U3a5	3		KJ445942	Алжир	<i>Zheng et al., 2014.</i>
			KJ445941	Алжир	<i>Zheng et al., 2014.</i>
			KJ445940	Алжир	<i>Zheng et al., 2014.</i>

U3a6	2	KP184339 AF381983	Немачка Мароко	<i>Family Tree DNA Maca-Meyer et al., 2001.</i>
U4a2	104	NM453049 MC495 EU545430 KF161939 KF162727 MC1595 MC1012 JQ704052 JQ705609 NM852885 JX153114 DQ156209 KC911285 KJ856813 KC911382 KF451402 EU545453 EU545455	Аустрија Аустрија Белорусија Данска Данска Холандија Енглеска Естонија Финска Грузија Италија НА Иран Пољска Кашкаи (Иран) Русија Словачка Словачка	<i>Family Tree DNA mtDNA Community Malyarchuk et al., 2008. Li et al., 2014. Li et al., 2014. mtDNA Community mtDNA Community Behar et al., 2012. Behar et al., 2012. Schonberg et al., 2011. Raule et al., 2014. Montiel-Sosa et al., 2005. Derenko et al., 2013. Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2013. Lippold et al., 2014. Malyarchuk et al., 2008. Malyarchuk et al., 2008.</i>
U4a2a	35	KJ856727 KJ856718 KF162833 EST74 JX153621 AY882387 MC387 JQ702403 EF222249 JQ705907 KM047234 EU545450 EU545440 KM096779 EU545458 JQ705363	Алтај (Русија) Алтај (Русија) Данска Естонија Финска Италија Литванија Литванија НА НА Пољска Русија Русија Србија Словачка Шведска	<i>Derenko et al., 2014. Derenko et al., 2014. Li et al., 2014. Stoljarova et al., 2016. Raule et al., 2014. Achilli et al., 2005. mtDNA Community Behar et al., 2012. Malyarchuk et al., 2008. Behar et al., 2012. Skonieczna et al., 2015. Malyarchuk et al., 2008. Malyarchuk et al., 2008. Davidovic et al., 2015. Malyarchuk et al., 2008. Behar et al., 2012.</i>
U4a2a1	8	KJ445968 KF162134 EF222236 EF222250 EF222237 KM096774 JQ702094 MC438	Кина Данска Пољска Пољска Пољска Србија Шведска Шведска	<i>Zheng et al., 2014. Li et al., 2014. Malyarchuk et al., 2008. Malyarchuk et al., 2008. Malyarchuk et al., 2008. Davidovic et al., 2015. Behar et al., 2012. mtDNA Community</i>
U4a2a2	5	JQ705566 JX154043 JQ704321 EF222238 EU545461	Данска Данска Немачка НА Словачка	<i>Behar et al., 2012. Raule et al., 2014. Behar et al., 2012. Malyarchuk et al., 2008. Malyarchuk et al., 2008.</i>
U4a2a3	2	EF222239 EU545446	НА Русија	<i>Malyarchuk et al., 2008. Malyarchuk et al., 2008.</i>
U4a2a4	2	MC824 JQ702942	НА НА	<i>mtDNA Community Behar et al., 2012.</i>
U4a2a5	2	EU545425 KM047229	Чешка Пољска	<i>Malyarchuk et al., 2008. Skonieczna et al., 2015.</i>
U4a2b	13	MC184 KF162652 JX153535 AY339550 JQ705121	Аустрија Данска Данска Финска Немачка	<i>mtDNA Community Li et al., 2014. Raule et al., 2014. Moilanen et al., 2003. Behar et al., 2012.</i>

			MC2651	НА	<i>mtDNA Community</i>
			EF222241	Пољска	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			EF222240	Пољска	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			GU123033	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			MC48	Русија	<i>mtDNA Community</i>
			NA20512	Тоскана	<i>Gomez Carbala et al., 2015.</i>
			JQ703385	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JX239772	САД	<i>Family Tree DNA</i>
U4a2c		5			
	U4a2c1	3	EF222252	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			GU122975	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			EF222242	Украјина	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
	U4a2c2	2			
U4a2d		3	EU545464	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			KM096781	Србија	<i>Davidovic et al., 2015.</i>
			EU545421	Чешка	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			JQ705152	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
U4a2e		4	JQ702351	Шкотска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ702862	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704772	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			EU545442	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
U4a2f		4	EU545456	Словачка	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			KF162665	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JQ705828	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704811	Шпанија	<i>Behar et al., 2012.</i>
U4a2g		9	KM233203	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>
			JX154049	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			KF450863	Хазар	<i>Lippold et al., 2014.</i>
			JQ480650	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			KM047227	Пољска	<i>Skonieczna et al., 2015.</i>
			MC501	Русија	<i>mtDNA Community</i>
	U4a2g1	4			
			MC963	Финска	<i>mtDNA Community</i>
			KP691018	Русија	<i>Family Tree DNA</i>
			EU545434	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			KM096773	Србија	<i>Davidovic et al., 2015.</i>
U4a2h		7			
			KF161329	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			EF222235	НА	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			JX289843	САД	<i>Family Tree DNA</i>
	U4a2h1	4			
			JX152824	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JX153725	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			KF161509	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JQ702549	Холандија	<i>Behar et al., 2012.</i>
U4a2i		4			
			MC1371	НА	<i>mtDNA Community</i>
			JQ705655	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ701841	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KJ856818	Пољска	<i>Derenko et al., 2014.</i>
U4a2j		2			
			JQ705919	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KJ716337	Немачка	<i>Family Tree DNA</i>
U4b		103			
			KC911585	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			JQ705130	Португалија	<i>Behar et al., 2012.</i>
			EU545444	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			KT698001	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
U4b1		73			
	U4b1a	42			
		16			
	U4b1a1		HM044301	Исланд	<i>Family Tree DNA</i>
		15			
	U4b1a1a		JQ705255	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>

				JQ705865	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JQ703912	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				KT698014	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>	
				KJ856687	Украјина	<i>Derenko et al., 2014.</i>	
		U4b1a1a1	10	AY882388	Адигеја	<i>Achilli et al., 2005.</i>	
				KJ445953	Адигеја	<i>Zheng et al., 2014.</i>	
				ESP11	<i>Esperstedt</i> , Немачка	<i>Haak et al., 2015.</i>	древни
				EF660983	Италија	<i>Gasparre et al., 2007.</i>	
				KJ445952	Пакистан	<i>Zheng et al., 2014.</i>	
				KC911524	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>	
				KT698012	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>	
				FJ460530	Тунис	<i>Costa et al., 2009.</i>	
		U4b1a1a1a	2	JX152963	Грчка	<i>Raule et al., 2014.</i>	
				KT698019	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>	
U4b1a2			13	HM041972	Канада	<i>Family Tree DNA</i>	
				JQ702446	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
	U4b1a2a		6	EU545415	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>	
				JX153652	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
				KF162643	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
				KF163023	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
				EF660921	Италија	<i>Gasparre et al., 2007.</i>	
				JQ704098	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
	U4b1a2b		5	JX153376	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
				JQ701876	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				MC3772	HA	<i>mtDNA Community</i>	
				JQ701990	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				MC203	Норвешка	<i>mtDNA Community</i>	
U4b1a3			8	EU545419	Пољска	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>	
	U4b1a3a		7	KF161791	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
				KF162688	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
				EU571946	Мађарска	<i>Maasz et al., 2008.</i>	
				HM625699	HA	<i>Kloss-Brandstatter et al., 2010.</i>	
				KJ801420	HA	<i>Lang et al., 2015.</i>	
				FJ858802	САД	<i>Family Tree DNA</i>	
				MC2380	САД	<i>mtDNA Community</i>	
U4b1a4			5	KF450970	Калаш	<i>Lippold et al., 2014.</i>	
				KC911400	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>	
				FJ147313	Русија	<i>Sukernik et al., 2012.</i>	
				FJ147314	Русија	<i>Sukernik et al., 2012.</i>	
				FJ147316	Русија	<i>Sukernik et al., 2012.</i>	
U4b1b'b1b			31	FJ147315	Алтај (Русија)	<i>Sukernik et al., 2012.</i>	
U4b1b			30				
	U4b1b1		29	JN647925	Јерменија	<i>Family Tree DNA</i>	
				HM852897	Грузија	<i>Schonberg et al., 2011.</i>	
				HM852884	Грузија	<i>Schonberg et al., 2011.</i>	
				JQ705342	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JQ705560	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				GQ859272	HA	<i>Guillet et al., 2010.</i>	
				JQ704021	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JQ701911	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				KJ801419	HA	<i>Lang et al., 2015.</i>	
				KR105198	Шкотска	<i>Family Tree DNA</i>	
				EU545463	Словачка	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>	
	U4b1b1a		7	MC275	Канада	<i>mtDNA Community</i>	
				HM535647	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>	
				GU797476	Ирска	<i>Family Tree DNA</i>	
				MC4218	HA	<i>mtDNA Community</i>	
				JQ703886	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>	

				MC2193	Шкотска	<i>mtDNA Community</i>
				MC2234	САД	<i>mtDNA Community</i>
		U4b1b1b	4	JX153717	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				JQ704155	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ702864	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		U4b1b1c'c	6	KM101946	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
				KJ856738	Алтај (Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i>
				KJ856683	Русија	<i>Derenko et al., 2014.</i>
		U4b1b1c	3	KJ856794	Русија	<i>Derenko et al., 2014.</i>
				KC911460	Корасани	<i>Derenko et al., 2013.</i>
				GU123041	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		U4b1b1d	1	GU123039	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				JX153693	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
		U4b1b2	1	JQ704676	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
U4b2			11	KF450991	Буриш	<i>Lippold et al., 2014.</i>
				EU140898	НА	<i>Family Tree DNA</i>
	U4b2a		9	JQ701937	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ702783	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				KM101964	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
		U4b2a1	6	KF161555	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				GQ891957	САД	<i>Family Tree DNA</i>
		U4b2a1a	4	HQ190906	Немачка	<i>Family Tree DNA</i>
				EF452295	НА	<i>Family Tree DNA</i>
				GU365881	Северна Европа	<i>Family Tree DNA</i>
				HM856584	САД	<i>Family Tree DNA</i>
U4b3			13	KJ856783	Бурјат(Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i>
				JX152874	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				JX152951	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				KF161430	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				KF162145	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				JX152952	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				EST110	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>
				EST98	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>
				EU007874	Кчанги	<i>Ingman et al., 2007.</i>
				KT779185	Либан	<i>Matisoo-Smith et al., 2016.</i>
				KT779199	Либан	<i>Matisoo-Smith et al., 2016.</i>
				FJ147322	Сибир (Русија)	<i>Sukernik et al., 2012.</i>
				GU727823	САД	<i>Family Tree DNA</i>
U4b4			2	KF162547	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				JQ702211	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
U4c1			49	EU545465	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
				KJ856792	Чешка	<i>Derenko et al., 2014.</i>
				KF162508	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				KF162433	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				KF161496	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				JQ704326	Холандија	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ704993	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				EST24	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>
				FJ348178	Немачка	<i>Pichler et al., 2010.</i>
				HQ286589	Мађарска	<i>Family Tree DNA</i>
				JQ704121	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				MC3995	НА	<i>mtDNA Community</i>
				EU135973	НА	<i>Family Tree DNA</i>
				MC460	НА	<i>mtDNA Community</i>
				JQ704181	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				KC911375	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
				KC911396	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>

			KC911453	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>	
			HQ591466	Пољска	<i>Family Tree DNA</i>	
			KM047213	Пољска	<i>Skonieczna et al., 2015.</i>	
			EF222248	Пољска	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>	
			KP406603	Румунија	<i>Family Tree DNA</i>	
			MC4857	Румунија	<i>mtDNA Community</i>	
			JQ704661	Шкотска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			KT698023	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>	
			EU545462	Словачка	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>	
			JQ704675	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			GU471242	САД	<i>Family Tree DNA</i>	
			KM101758	САД	<i>Just et al., 2015.</i>	
			NM003577	САД	<i>Family Tree DNA</i>	
	U4c1a	3	JX153870	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			KF161599	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			KF162998	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
	U4c1b	5	JX153069	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			JX153455	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>	
		U4c1b1	3	KP733896	Бугарска	<i>Family Tree DNA</i>
			KT698011	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>	
			KT698007	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>	
	U4c1c	2	KF161305	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			KF161597	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
	U4c1d	3	JQ702777	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			MC230	Енглеска	<i>mtDNA Community</i>	
			JQ703900	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>	
	U4c1e	3	KF161794	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			KU552334	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>	
			KJ675742	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>	
	U4c1f	3	JX153153	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			KF161404	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			KF162738	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
U4d		38				
	U4d1	21	HQ167735	Холандија	<i>Family Tree DNA</i>	
			MC141	Литванија	<i>mtDNA Community</i>	
			MC527	НА	<i>mtDNA Community</i>	
			MC3092	Пољска	<i>mtDNA Community</i>	
	U4d1b	8	EST41	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>	
			EST92	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>	
			EST108	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>	
			MC3320	Немачка	<i>mtDNA Community</i>	
			MC3265	Пољска	<i>mtDNA Community</i>	
			EU545448	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>	
			EU545438	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>	
			GU122982	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>	
	U4d1a	9	GU123021	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>	
		U4d1a1	8	EST95	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>
			MC1106	Финска	<i>mtDNA Community</i>	
			AY339549	Финска	<i>Moilanen et al., 2003.</i>	
			JQ702267	Финска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			JQ702154	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			KF451413	Русија	<i>Lippold et al., 2014.</i>	
		U4d1a1a	2	JX153233	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JQ704741	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
	U4d2	13	EU007891	Монголија	<i>Ingman et al., 2007.</i>	
			KF451219	Палестина	<i>Lippold et al., 2014.</i>	

			GU122985	Татари са Волге (Русија)	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>	
			GU122988	Татари са Волге (Русија)	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>	
U4d2a		3	FJ230891	Нганасан (Русија)	<i>Volodko et al., 2008.</i>	
			KJ856788	Туванац (Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i>	
			KF148381	Јакут (Русија)	<i>Duggan et al., 2013.</i>	
U4d2b		6	EU545426	Чешка	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>	
			KJ856735	Хакас (Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i>	
			JQ655422	Пољска	<i>Family Tree DNA</i>	
			KJ856699	Русија	<i>Derenko et al., 2014.</i>	
			KJ445951	Русија	<i>Zheng et al., 2014.</i>	
			KT698009	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>	
U4d3		4	KF162695	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			JQ705926	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			GU244374	Шкотска	<i>Family Tree DNA</i>	
			GU727822	САД	<i>Family Tree DNA</i>	
	U5a1a1	148	GU296583	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>	
			KF161767	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			KF161166	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			MC2362	Енглеска	<i>mtDNA Community</i>	
			KJ868086	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>	
			EST52	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>	
			MC712	Немачка	<i>mtDNA Community</i>	
			MC1184	Немачка	<i>mtDNA Community</i>	
			EU523128	Немачка	<i>Family Tree DNA</i>	
			MC3290	Немачка	<i>mtDNA Community</i>	
			JQ702038	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			MC903	Немачка	<i>mtDNA Community</i>	
			JQ705617	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			MC902	Ирска	<i>mtDNA Community</i>	
			MC949	Ирска	<i>mtDNA Community</i>	
			KT364276	Италија	<i>Ancora et al., 2016.</i>	
			JQ704708	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			JQ705430	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			JQ702339	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			EU698951	НА	<i>Family Tree DNA</i>	
			JQ703614	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			JQ704915	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			JQ705132	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			KF451199	Палестина	<i>Lippold et al., 2014.</i>	
			EU597527	Палестина	<i>Hartmann et al., 2009.</i>	
			KJ446102	Палестина	<i>Zheng et al., 2014.</i>	
			MC3966	Румунија	<i>mtDNA Community</i>	
			JQ701869	Шпанија	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			NM852852	Турска	<i>Schonberg et al., 2011.</i>	
			JQ704930	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>	
			MC524	САД	<i>mtDNA Community</i>	
			MC2811	САД	<i>mtDNA Community</i>	
			KM101774	САД	<i>Just et al., 2015.</i>	
			SVP52	<i>Lopatin I</i> , Јамна култура, Русија	<i>Haak et al., 2015.</i>	древни
			SVP50	<i>Luzhki I</i> , Јамна култура, Русија	<i>Haak et al., 2015.</i>	древни
	U5a1a1a'b'h	48	JX153722	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			JX152792	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			JX153888	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			KF161673	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			JX153802	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			KF161162	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			JX153762	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			KF163045	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			JX153131	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			JX152809	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
			KF161903	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			KF161341	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
			EST56	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>	
			KC763424	Финска	<i>Soini et al., 2013.</i>	

			KC763419	Финска	<i>Soini et al., 2013.</i>
			KJ446101	Хазара	<i>Zheng et al., 2014.</i>
			KF450864	Хазара	<i>Lippold et al., 2014.</i>
			GU296636	Пољска	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			GU296573	Пољска	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			GU296601	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			GU296594	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			GU296595	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
	U5a1a1a	8	GU296581	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			JQ703906	Хрватска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			GU296564	Чешка	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			MC1285	Немачка	<i>mtDNA Community</i>
			JQ701834	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			MC1862	НА	<i>mtDNA Community</i>
			JQ702085	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			GU296558	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
	U5a1a1b	14	GU296652	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			KF161103	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162072	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162108	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161380	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162148	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162175	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JQ704725	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			GU206811	Финска	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ703937	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KM220890	Русија	<i>Family Tree DNA</i>
			KR809713	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>
			MC2703	Шведска	<i>mtDNA Community</i>
			NA20812	Тоскана	<i>Gomez Carbala et al., 2015.</i>
	U5a1a1h	4	KF162056	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JX153217	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			GQ368895	Пољска	<i>Family Tree DNA</i>
			KM378619	Русија	<i>Family Tree DNA</i>
	U5a1a1c	11	KF161545	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162861	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162395	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162003	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162704	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JQ702437	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704022	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704658	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ702696	Русија	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ702922	Шкотска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ703590	Словенија	<i>Behar et al., 2012.</i>
	U5a1a1d'd	28	JQ704920	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			HM852873	Турска	<i>Schonberg et al., 2011.</i>
	U5a1a1d	26	JX441882	Чешка	<i>Family Tree DNA</i>
			JX152822	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JX153912	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			KF161640	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			MC2766	Енглеска	<i>mtDNA Community</i>
			JQ701958	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			GU459066	Ирска	<i>Family Tree DNA</i>
			MC235	Ирска	<i>mtDNA Community</i>
			JQ704961	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ703297	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KR858869	Шкотска	<i>Family Tree DNA</i>
			GQ160809	Шкотска	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ705479	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>
	U5a1a1d1	13	KF161882	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JX154024	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>



		KF162217	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
		KF161993	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
		MC2205	Енглеска	<i>mtDNA Community</i>	
		JQ701866	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		JQ702809	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		JQ701903	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		KC257387	НА	<i>Sequeira et al., 2015.</i>	
		JQ704695	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		MC2989	Шведска	<i>mtDNA Community</i>	
		MC3322	САД	<i>mtDNA Community</i>	
		JQ705318	Велс	<i>Behar et al., 2012.</i>	
U5a1a1e	4	JQ705621	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		MC2510	НА	<i>mtDNA Community</i>	
		JQ704796	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		MC844	САД	<i>mtDNA Community</i>	
U5a1a1g	5	KP128017	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>	
		KT779182	Либан	<i>Matisoo-Smith et al., 2016.</i>	
		KT779180	Либан	<i>Matisoo-Smith et al., 2016.</i>	
		JQ705243	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		MC1472	Норвешка	<i>mtDNA Community</i>	
U5a1a1i	2	JQ582984	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>	
		JX153282	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>	
U5a1a1j	2	KT698022	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>	
		X93334	Шведска	<i>Arnason et al., 1996.</i>	
U5a1a1k	2	JQ701913	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		MC3212	САД	<i>mtDNA Community</i>	
U5a1a1l	2	KP735165	Чешка	<i>Family Tree DNA</i>	
		JQ703965	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
U5a1a1m	3	JQ705065	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		KC911503	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>	
		MC4018	Словачка	<i>mtDNA Community</i>	
U5a1a1n	2	DQ785296	НА	<i>Family Tree DNA</i>	
		JQ702078	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
U5a1a1o	2	JQ704823	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		KC911582	Калаи	<i>Derenko et al., 2013.</i>	
U5a1a1p	2	JQ702730	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		KM101910	САД	<i>Just et al., 2015.</i>	
U5a1a2a	29	HQ588904	Јерменија	<i>Family Tree DNA</i>	
		GU296557	Бурјат (Русија)	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>	
		JQ705855	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		MC569	Немачка	<i>mtDNA Community</i>	
		BZH12	<i>Benzingerode-Heimburg, Немачка</i>	<i>Haak et al., 2015.</i>	древни
		NM852836	Иран	<i>Schonberg et al., 2011.</i>	
		JQ702806	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		JQ703717	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		GU296620	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>	
		GU296623	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>	
		KF451396	Русија	<i>Lippold et al., 2014.</i>	
		GU123037	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>	
		KJ446097	Русија	<i>Zheng et al., 2014.</i>	
		KT698010	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>	
		JQ702871	Турска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
U5a1a2a1	10	JX153678	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>	
		KC175644	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>	
		KC862290	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>	
		JQ705849	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
		JQ702568	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	

		JQ703926	Полска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		KC602499	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>
		MC1657	Шведска	<i>mtDNA Community</i>
		KR349268	САД	<i>Family Tree DNA</i>
		MC1007	САД	<i>mtDNA Community</i>
	U5a1a2a2	4		
		KF161215	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161506	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161948	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		JQ704990	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
U5a2b		80		
		KU727896	Бугарска	<i>Family Tree DNA</i>
		GU296559	Бурјат (Русија)	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		KJ856766	Бурјат (Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i>
		KJ856782	Бурјат (Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i>
		KF161858	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161711	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		GU296577	Хамниган (Русија)	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		KT779196	Либан	<i>Matisoo-Smith et al., 2016.</i>
		MC173	НА	<i>mtDNA Community</i>
		KM047194	Полска	<i>Skonieczna et al., 2015.</i>
		FJ460552	Тунис	<i>Costa et al., 2009.</i>
		GU371930	Украјина	<i>Family Tree DNA</i>
	U5a2b1	40		
		GU296653	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		KF162973	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		MC4879	НА	<i>mtDNA Community</i>
		GU296549	Полска	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		GU296624	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		GU296632	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		GU296618	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		GU296593	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
	U5a2b1a	11		
		GU296651	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		KF161578	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		JX153861	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
		JX153363	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
		KP266547	Ирска	<i>Family Tree DNA</i>
		MC2704	Ирска	<i>mtDNA Community</i>
		KP877127	Италија	<i>Barcaccia et al., 2015.</i>
		MC2154	НА	<i>mtDNA Community</i>
		JQ705696	Полска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		GU296633	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		JQ655176	Сицилија	<i>Family Tree DNA</i>
	U5a2b1b	4		
		GU296560	Чешка	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		JQ704044	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
		GU296607	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		MC1245	Швајцарска	<i>mtDNA Community</i>
	U5a2b1c	4		
		KP726908	Чешка	<i>Family Tree DNA</i>
		GU296600	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		GU296629	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		KM101983	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
	U5a2b1d	3		
		GU296656	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		EST44	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>
		JQ703087	Грчка	<i>Behar et al., 2012.</i>
	U5a2b1e	3		
		GU296622	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
	U5a2b1e1	2		
		KT698028	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
		KT698003	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>
	U5a2b1f	3		
		KF161453	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		EST46	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>
		EF660930	Италија	<i>Gasparre et al., 2007.</i>
	U5a2b1g	2		
		GU296578	Белорусија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>

U5b1a	U5a2b1h	2	KF162779	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
		U5a2b2	6	JQ702746 KT900258	Немачка Португалија	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i>
	U5a2b2a		3	KP189245 KC246057 NA20765	Аустрија Италија Тоскана	<i>Family Tree DNA</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Gomez Carbala et al., 2015.</i>
		U5a2b2a1	2	JQ702184	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
	U5a2b3		7	GU296587 GU296646	Пољска Словачка	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i> <i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
		U5a2b3a	6	KC661077	НА	<i>Family Tree DNA</i>
	U5a2b3a1		2	KF161415 KF161321 JX153580 JQ702847	Данска Данска Финска НА	<i>Li et al., 2014.</i> <i>Li et al., 2014.</i> <i>Raule et al., 2014.</i> <i>Behar et al., 2012.</i>
		U5a2b4	8	JN899603 JQ702230	Енглеска Италија	<i>Family Tree DNA</i> <i>Behar et al., 2012.</i>
	U5a2b4a		4	KF162213 BENZ14 JQ702320 MC1480	Данска <i>Benzingerode, Немачка</i> НА САД	<i>Li et al., 2014.</i> <i>Haak et al., 2015.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>mtDNA Community</i>
		U5a2b5	3	JX153863 MC3216 JQ704895 KC146708	Данска НА НА НА	<i>Raule et al., 2014.</i> <i>mtDNA Community</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i>
	U5a2b6		2	EU597544 KJ446096 NA20760	Италија Италија Тоскана	<i>Hartmann et al., 2009.</i> <i>Zheng et al., 2014.</i> <i>Gomez Carbala et al., 2015.</i>
		U5a2b7	2	JQ702392 KT698021	НА Србија	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i>
	U5b1a1		9	JQ703987 JQ702917	НА НА	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>Behar et al., 2012.</i>
		U5b1a1	4	JN544933 FJ194437 KU534977 KC521455 JQ704875	Енглеска Француска <i>BerryAuBas, Француска</i> <i>Loschbour, Луксембург</i> НА	<i>Family Tree DNA</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Posth et al., 2016.</i> <i>Fu et al., 2013.</i> <i>Behar et al., 2012.</i>
	U5b1e'h		49	JQ703849 GU296590 KT698018 KT698024	Пољска Русија Србија Србија	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>Malyarchuk et al., 2010.</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i>
		U5b1e	38	GU296582 KJ446109 KU534978 H9Q675040 KT697999 NA20540	Белорусија Француска <i>Ranchot, Француска</i> НА Србија Тоскана	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i> <i>Zheng et al., 2014.</i> <i>Posth et al., 2016.</i> <i>Seoane et al., 2011.</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i> <i>Gomez Carbala et al., 2015.</i>
	U5b1e1		35	KT372902 Z087 JX677560	Енглеска Шпанија САД	<i>Family Tree DNA</i> <i>Ramos et al., 2013.</i> <i>Family Tree DNA</i>
				JX153868 KF161292 EST97	Данска Данска Естонија	<i>Raule et al., 2014.</i> <i>Li et al., 2014.</i> <i>Stoljarova et al., 2016.</i>

				JX153815	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				JX152975	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				JX153824	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				JX153826	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				JQ704302	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
				MC845	Немачка	<i>mtDNA Community</i>
				MC1456	Летонија	<i>mtDNA Community</i>
				KC257380	НА	<i>Sequeira et al., 2015.</i>
				JQ705267	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ705608	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				MC1481	НА	<i>mtDNA Community</i>
				JQ705742	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				MC1479	НА	<i>mtDNA Community</i>
				KJ446113	Палестина	<i>Zheng et al., 2014.</i>
				KF451218	Палестина	<i>Lippold et al., 2014.</i>
				KF451217	Палестина	<i>Lippold et al., 2014.</i>
				KJ446114	Палестина	<i>Zheng et al., 2014.</i>
				FJ493517	Русија	<i>Sukernik et al., 2012.</i>
				GU122991	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				GU296630	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				GU296647	Словачка	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				GU296645	Словачка	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				GU296639	Словачка	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				JQ705405	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>
				GU295665	САД	<i>Family Tree DNA</i>
				MC1765	САД	<i>mtDNA Community</i>
		U5b1e1a	6	FJ499497	Кримски Татар	<i>Family Tree DNA</i>
				GU296571	Чешка	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				GU296585	Пољска	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				GU296631	Русија	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				MC1799	Украјина	<i>mtDNA Community</i>
				MC1606	Украјина	<i>mtDNA Community</i>
		U5b1h	3	JQ705183	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ703755	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ704053	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		U5b1j	2	KT956911	Француска	<i>Family Tree DNA</i>
				KM101862	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
U5b3			80	GQ129146	Хрватска	<i>Pala et al., 2009.</i>
				GQ129144	Француска	<i>Pala et al., 2009.</i>
				GQ129148	Италија	<i>Pala et al., 2009.</i>
				GQ129147	Шпанија	<i>Pala et al., 2009.</i>
	U5b3a		29	AF346988	Италија	<i>Ingman et al., 2000.</i>
		U5b3a1	21	GQ129151	Сардинија	<i>Pala et al., 2009.</i>
				GQ129150	Сардинија	<i>Pala et al., 2009.</i>
				KJ446118	Сардинија	<i>Zheng et al., 2014.</i>
				DQ523664	Сардинија	<i>Fraumene et al., 2006.</i>
				DQ523658	Сардинија	<i>Fraumene et al., 2006.</i>
				DQ523655	Сардинија	<i>Fraumene et al., 2006.</i>
				DQ523624	Сардинија	<i>Fraumene et al., 2006.</i>
				DQ523628	Сардинија	<i>Fraumene et al., 2006.</i>
				GQ129153	Сардинија	<i>Pala et al., 2009.</i>
				GQ129152	Сардинија	<i>Pala et al., 2009.</i>
				GQ129155	Сардинија	<i>Pala et al., 2009.</i>
				GQ129154	Сардинија	<i>Pala et al., 2009.</i>
				EU597508	Сардинија	<i>Hartmann et al., 2009.</i>
				KF451190	Сардинија	<i>Lippold et al., 2014.</i>
				DQ523669	Сардинија	<i>Fraumene et al., 2006.</i>
				DQ523644	Сардинија	<i>Fraumene et al., 2006.</i>
				GQ129156	Сардинија	<i>Pala et al., 2009.</i>
				KJ446117	Сардинија	<i>Zheng et al., 2014.</i>
				GQ129149	Сардинија	<i>Pala et al., 2009.</i>
		U5b3a1b	2			

		GQ129157 GQ129158	Француска САД		<i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i>
	U5b3a2	8	JQ702792 EU926618 EST112 GQ129164 GQ129161 GQ129162 GQ129163 KM101745	Енглеска Енглеска Естонија Естонија Италија Италија САД САД	<i>Behar et al., 2012.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Stojarova et al., 2016.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Just et al., 2015.</i>
	U5b3b	12	GQ129168 JQ704971	Италија Шкотска	<i>Pala et al., 2009.</i> <i>Behar et al., 2012.</i>
	U5b3b1	6	GQ129167 GQ129165 KT445932 JQ702146 GQ129166 MC1675	Чешка Грчка Ирска НА Шпанија САД	<i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>mtDNA Community</i>
	U5b3b2	4	JX153697 GQ129169 EU130681 JQ703971	Данска Немачка НА НА	<i>Raule et al., 2014.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Behar et al., 2012.</i>
	U5b3c	3	GQ129172 GQ129170 GQ129171	Италија Сардинија Шпанија	<i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i>
	U5b3d	2	GQ129174 GQ129173	Ирак Шпанија	<i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i>
	U5b3e	7	GQ129178 JQ702295 KF162843 HQ658737 GQ129176 GQ129177 GQ129175	Бугарска Чешка Данска Холандија Немачка Пољска Уједињено Краљевство	<i>Pala et al., 2009.</i> <i>Behar et al., 2012.</i> <i>Li et al., 2014.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i>
	U5b3f	5	GQ129183 GQ129180 GQ129181 GQ129182 GQ129179	Италија Италија Италија Шпанија САД	<i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Pala et al., 2009.</i>
	U5b3g	5	MC22 JQ689453 GQ129143 KM101984 MC1408	Аустралија Ирска Италија САД САД	<i>mtDNA Community</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>Pala et al., 2009.</i> <i>Just et al., 2015.</i> <i>mtDNA Community</i>
	U5b3h	6	JX154014 KF161350 JX153636 JX153407 JN315868 MC320y	Данска Данска Данска Данска Немачка Немачка	<i>Raule et al., 2014.</i> <i>Li et al., 2014.</i> <i>Raule et al., 2014.</i> <i>Raule et al., 2014.</i> <i>Family Tree DNA</i> <i>mtDNA Community</i>
	U5b3i	2	GU296563 JQ705968	Чешка Енглеска	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i> <i>Behar et al., 2012.</i>
	U5b3j	2	GQ129145 KT698002	Босна и Херцеговина Србија	<i>Pala et al., 2009.</i> <i>Davidovic et al., 2017.</i>
	U5b3k	3	GQ129159 KT779174	Италија Либан	<i>Pala et al., 2009.</i> <i>Matisoo-Smith et al., 2016.</i>

U7b				36	GQ129160	Мароко	<i>Pala et al., 2009.</i>												
				KF161502	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>													
				JX152844	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>													
				KT359595	Немачка	<i>Family Tree DNA</i>													
				MC787	Немачка	<i>mtDNA Community</i>													
				GU213255	Индија	<i>Palanichamy et al., 2015.</i>													
				GU213256	Индија	<i>Palanichamy et al., 2015.</i>													
				GU213247	Индија	<i>Palanichamy et al., 2015.</i>													
				KR139750	Италија	<i>Family Tree DNA</i>													
				JQ705198	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>													
U7b1				9	AY882391	Пакистан	<i>Achilli et al., 2005.</i>												
					KC911278	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>												
					GU213236	Русија	<i>Palanichamy et al., 2015.</i>												
					KT698020	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>												
					GU213241	Словачка	<i>Palanichamy et al., 2015.</i>												
					AF382011	Шпанија	<i>Maca-Meyer et al., 2001.</i>												
					MC2242	САД	<i>mtDNA Community</i>												
					EU445686	Италија	<i>Brisigheli et al., 2009.</i>												
					EU445683	Италија	<i>Brisigheli et al., 2009.</i>												
					EU445687	Италија	<i>Brisigheli et al., 2009.</i>												
EU445690	Италија	<i>Brisigheli et al., 2009.</i>																	
U7b2				7	EU445691	Италија	<i>Brisigheli et al., 2009.</i>												
					EU445689	Италија	<i>Brisigheli et al., 2009.</i>												
					EU445684	Италија	<i>Brisigheli et al., 2009.</i>												
					EU445688	Италија	<i>Brisigheli et al., 2009.</i>												
					EU445685	Италија	<i>Brisigheli et al., 2009.</i>												
					JX153191	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>												
					GQ176284	Финска	<i>Family Tree DNA</i>												
					JX153172	Финска	<i>Raule et al., 2014.</i>												
					KC763409	Финска	<i>Soini et al., 2013.</i>												
					GU213258	Индија	<i>Palanichamy et al., 2015.</i>												
U7b3				2	MC3583	НА	<i>mtDNA Community</i>												
					JQ704100	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>												
					KF161517	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>												
					KF162984	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>												
					U7b4				2	GU213253	Индија	<i>Palanichamy et al., 2015.</i>							
										GU213244	Индија	<i>Palanichamy et al., 2015.</i>							
										U8a1a1a				8	U8a1a1a1				
															U8a1a1a1	2	HM765458	НА	<i>Zaragoza et al., 2010.</i>
															U8a1a1a2	2	JQ705281	Швајцарска	<i>Behar et al., 2012.</i>
															U8a1a1a3	4	KJ856801	Чешка	<i>Derenko et al., 2014.</i>
	4	KT698032	Србија	<i>Davidovic et al., 2017.</i>															
	4	DQ200803	Баскија	<i>Gonzalez et al., 2006.</i>															
	4	GU299344	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>															
	4	JQ704011	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>															
	4	JQ705819	Шведска	<i>Behar et al., 2012.</i>															
H5				373	HQ877768	Јерменија	<i>Family Tree DNA</i>												
					KX303593	Јерменија	<i>Family Tree DNA</i>												
					KU859399	Канада	<i>Family Tree DNA</i>												
					AF346974	Кримски Татар	<i>Ingman et al., 2000.</i>												
					EU600354	Друзи	<i>Shlush et al., 2008.</i>												
					AY495174	Европа	<i>Coble et al., 2004.</i>												
					AY495169	Европа	<i>Coble et al., 2004.</i>												
					GQ983091	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>												
					GQ983071	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>												
					GQ983077	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>												
GQ983102	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>																	
GQ983072	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>																	
GQ983100	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>																	
GQ983067	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>																	

H5a	231	HQ663853	Јевреј	<i>Family Tree DNA</i>
		KM096769	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
		FJ460545	Тунис	<i>Costa et al., 2009.</i>
		GQ983066	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
H5a1	168	GQ983068	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
		GQ983093	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
		GQ983060	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
		JQ324549	Баскија	<i>Behar et al., 2012.</i>
		KF162979	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF162809	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161912	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161630	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161208	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161874	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161633	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF162780	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF162317	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161871	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		JX153803	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
		H5a1a	21	JQ703269
JQ703577	Енглеска			<i>Behar et al., 2012.</i>
AY495168	Европа			<i>Coble et al., 2004.</i>
HQ850865	Француска			<i>Family Tree DNA</i>
JQ704146	Немачка			<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ703105	Немачка			<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ704225	Мађарска			<i>Behar et al., 2012.</i>
KP763836	Индија			<i>Palanichamy et al., 2015.</i>
GQ983081	Италија			<i>Santoro et al., 2010.</i>
GQ983059	Италија			<i>Santoro et al., 2010.</i>
GQ983104	Италија			<i>Santoro et al., 2010.</i>
HQ674629	Италија			<i>Family Tree DNA</i>
JQ704397	НА			<i>Behar et al., 2012.</i>
AY195747	НА			<i>Mishmar et la., 2003.</i>
JQ705762	НА			<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ705507	НА			<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ702892	НА			<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ702946	НА			<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ703152	НА			<i>Behar et al., 2012.</i>
KC911284	Иран			<i>Derenko et al., 2013.</i>
JX128058	Пољска			<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
JX128042	Пољска			<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
JX128063	Пољска			<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
JX128083	Русија			<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
JX128069	Русија			<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
KF451404	Русија			<i>Lippold et al., 2014.</i>
JQ702998	Шкотска			<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ704399	Шкотска			<i>Behar et al., 2012.</i>
KM096776	Србија			<i>Davidovic et., 2015.</i>
JQ703447	Уједињено Краљевство			<i>Behar et al., 2012.</i>
JQ703101	Уједињено Краљевство			<i>Behar et al., 2012.</i>
KM101762	САД			<i>Just et al., 2015.</i>
H5a1a	21	KF162446	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF162676	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		AF346975	Холандија	<i>Ingman et al., 2000.</i>
		JQ703302	Финска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		GQ983087	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
		KJ093758	НА	<i>Family Tree DNA</i>
		JQ705767	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JX128062	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
		JX128054	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
		JX128051	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
		JX128056	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
		JX128060	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
		HQ659693	Пољска	<i>Family Tree DNA</i>
		NM027912	Русија	<i>Family Tree DNA</i>
JX128084	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>		

H5a1b		4	JX128068	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			JX128074	Словачка	
H5a1c	H5a1c1	6	JX128072	Словачка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			KT381969	Украјина	
H5a1c2		1	KF267255	САД	<i>Family Tree DNA</i>
			GU123017	Татари са Волге (Русија)	
H5a1d		4	JQ704059	НА	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
			AY495167	Европа	
H5a1e		3	AY495176	Европа	<i>Coble et al., 2004.</i>
			JQ704442	Немачка	
H5a1f		5	JQ704059	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			HQ663878	Данска	
H5a1g	H5a1g1	16	JQ703643	Немачка	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ702653	НА	
H5a1h		3	JQ701949	Норвешка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ702412	Шведска	
H5a1i		4	JQ705790	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704332	Енглеска	
H5a1j		12	AY495171	Европа	<i>Coble et al., 2004.</i>
			GQ983089	Италија	
H5a1k		3	JQ705035	Шкотска	<i>Santoro et al., 2010.</i>
			JQ703620	Финска	
H5a1l		5	AY339431	Финска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			AY339432	Финска	
H5a1m		16	JQ704730	Чешка	<i>Moilanen et al., 2003.</i>
			JQ703738	НА	
H5a1n		16	JN646689	Пољска	<i>Moilanen et al., 2003.</i>
			JQ704347	Шкотска	
H5a1o		12	KM101891	САД	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JN008723	Енглеска	
H5a1p		12	EU294323	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			JX128071	Словачка	
H5a1q		12	KM101969	САД	<i>Family Tree DNA</i>
			KF162410	Данска	
H5a1r		3	KF161753	Данска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			KF161520	Данска	
H5a1s		4	JX153900	Данска	<i>Just et al., 2015.</i>
			JQ702128	Енглеска	
H5a1t		3	JQ704650	Енглеска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JQ702301	Енглеска	
H5a1u		12	HQ645111	Енглеска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JQ702317	Енглеска	
H5a1v		3	JQ704652	НА	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JQ703513	НА	
H5a1w		3	JQ704886	Норвешка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ702670	Литванија	
H5a1x		4	JQ702502	Русија	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ705241	Русија	
H5a1y		4	JX152949	Данска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JX152866	Данска	
H5a1z		12	JX128043	Пољска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JQ705787	НА	
H5a2a		12	JX153124	Данска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			KF161786	Данска	
H5a2b		12	KF163013	Данска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JX153885	Данска	
H5a2c		12	KP218948	Холандија	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JX153124	Данска	
H5a2d		12	KF161786	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			KF163013	Данска	
H5a2e		12	JX153885	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KP218948	Холандија	
H5a2f		12	JX153124	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161786	Данска	
H5a2g		12	KF163013	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JX153885	Данска	
H5a2h		12	KP218948	Холандија	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JX153124	Данска	
H5a2i		12	KF161786	Данска	<i>Loe 2014. Direct submission</i>
			KF163013	Данска	



			EU372627	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ702233	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704278	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KT981896	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ704060	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JX128089	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			HQ384190	Шпанија	<i>Gomez-Carballa et al., 2011.</i>
H5a1k	2		AY495170	Европа	<i>Coble et al., 2004.</i>
			GQ983064	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
H5a1m'n	11		KF161651	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF450876	Хазара	<i>Lippold et al., 2014.</i>
			GQ334692	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			JX128055	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			KT250597	Пољска	<i>Family Tree DNA</i>
			JX128053	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			JX128077	Словачка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
H5a1m	2		JQ705998	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ705412	Италија	<i>Behar et al., 2012.</i>
H5a1n	2		JQ704324	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			HM103356	НА	<i>Gomez-Duran et al., 2010.</i>
H5a1p'p	4		GQ983075	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
			GQ983084	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
			FJ966912	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			HQ677908	НА	<i>Family Tree DNA</i>
H5a1q	4		JX128066	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			JX128070	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			JQ704766	Шкотска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KM101785	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
H5a1r	4		KJ856779	Бурјат (Русија)	<i>Derenko et al., 2014.</i>
			KF162681	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161659	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JQ705315	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
H5a1s	4		KJ801428	НА	<i>Lang et al., 2015.</i>
			KJ801430	НА	<i>Lang et al., 2015.</i>
			KJ801431	НА	<i>Lang et al., 2015.</i>
			KJ801429	НА	<i>Lang et al., 2015.</i>
H5a1t	3		KJ446345	Алжир	<i>Zheng et al., 2014.</i>
			JQ324925	Баскија	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KF451718	Алжир	<i>Lippold et al., 2014.</i>
H5a1u	2		JQ704248	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			GQ983055	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
H5a1v	2		AY495166	Европа	<i>Coble et al., 2004.</i>
			JQ705971	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
H5a1w	2		JQ703236	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704012	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
H5a1x	2		KF161437	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JX153320	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JX153322	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
H5a1y	3		AY495165	Европа	<i>Coble et al., 2004.</i>
			EF418607	НА	<i>Family Tree DNA</i>
			KF806984	САД	<i>Family Tree DNA</i>
	24		JX128044	Белорусија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
			KF161606	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161928	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>

H5a2

				JX153160	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				KF161855	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				JQ704415	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ704148	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
				AY738952	Италија	<i>Achilli et al., 2005.</i>
				GQ983057	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
				JQ702151	Молдавија	<i>Behar et al., 2012.</i>
				KT807955	НА	<i>Family Tree DNA</i>
				JQ701941	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ701933	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JX128041	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
				JX128052	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
				KT897693	Португалија	<i>Family Tree DNA</i>
				KF055882	Ром	<i>Gomez-Carballa et al., 2013.</i>
				JX128080	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
				JX128088	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
				JX128082	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
				JX128078	Словачка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
				KM101802	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
	H5a2a		2	JQ705582	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JX128085	Украјина	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
H5a3			6	GQ983105	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
	H5a3a		3			
		H5a3a22	2			
				GQ983069	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
		H5a3a2	1			
				GQ983073	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
		H5a3a3	1			
	H5a3b		2	AY495175	Европа	<i>Coble et al., 2004.</i>
				JQ703824	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ703800	Шпанија	<i>Behar et al., 2012.</i>
H5a4			4			
	H5a4a		4			
		H5a4a1	4			
				EF660940	Италија	<i>Gasparre et al., 2007.</i>
				GQ983058	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
				GQ983092	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
		H5a4a1a	1			
				JQ702083	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
H5a5			3			
				JX153318	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				JQ702571	Грчка	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ703494	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
H5a6'6			11			
	H5a6		10	GQ983056	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
				KF162563	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				GQ983110	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
				GQ983096	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
				GQ983065	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
				JQ703846	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				KM101840	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
				KT250561	САД	<i>Family Tree DNA</i>
		H5a6a	2			
				JQ704237	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ702656	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
H5a7			8			
				JQ704150	Ашкеназ	<i>Behar et al., 2012.</i>
				KF161664	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				GQ983106	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
				JQ705438	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ701974	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ705863	Норвешка	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ704396	Русија	<i>Behar et al., 2012.</i>
				HQ384189	Шпанија	<i>Gomez-Carballa et al., 2011.</i>
H5a8			1			

H5b	H5a9		1	AU339430	Финска	<i>Moilanen et al., 2003.</i>	
			43	GQ983063	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>	
					JX128050	Чешка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
					JX152841	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
					KF162150	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
					JX153645	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
					AU738954	Италија	<i>Achilli et al., 2005.</i>
					GQ983070	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>
					JX153095	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>
					GU592043	НА	<i>Fendt et al., 2011.</i>
					GU592028	НА	<i>Fendt et al., 2011.</i>
					JQ705431	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
					JQ704885	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				KF451398	Русија	<i>Lippold et al., 2014.</i>	
				JX128086	Украјина	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>	
				HQ287894	САД	<i>Pope et al., 2011.</i>	
	H5b1		13	KF163003	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
				KF162713	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
				KF163051	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
				FJ794473	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>	
				JQ703921	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JQ705511	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JQ704308	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JQ704071	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JX128075	Словачка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>	
				JQ703150	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				KM101993	САД	<i>Just et al., 2015.</i>	
				KM101988	САД	<i>Just et al., 2015.</i>	
				JQ704238	Велс	<i>Behar et al., 2012.</i>	
	H5b2		8	JQ703241	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				HQ700378	Ирска	<i>Family Tree DNA</i>	
				JQ704863	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JQ703276	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				EU597579	Шкотска	<i>Hartmann et al., 2009.</i>	
				EU597568	Шкотска	<i>Hartmann et al., 2009.</i>	
				KM101921	САД	<i>Just et al., 2015.</i>	
	H5b3		3	JQ702345	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				EU915472	НА	<i>Pello et al., 2008.</i>	
				JX128045	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>	
	H5b4		2	GQ983088	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>	
				JF795326	Румунија	<i>Family Tree DNA</i>	
	H5b5		2	JX128046	Чешка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>	
				JX153042	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>	
	H5c	H5c1	1				
		H5c1a	1				
	H5d		1	AU339404	Финска	<i>Moilanen et al., 2003.</i>	
	H5e		12	GQ983076	Италија	<i>Santoro et al., 2010.</i>	
						JQ324661	Баскија
	H5e1		11	KF830849	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>	
						KM096780	Србија
		H5e1a	7	EU677750	Немачка	<i>Family Tree DNA</i>	
				JQ704706	Грчка	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JQ705453	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JX128059	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>	
		H5e1a1	3	KF161669	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>	
				JX128081	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>	

	H5e1b	2	JX128091	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
H5f		4	HM636849 GQ983082	САД Италија	<i>Family Tree DNA Santoro et al., 2010.</i>
			GQ983074 GQ983099 GQ983095 GQ983080	Италија Италија Италија Италија	<i>Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010.</i>
H5g		2	HQ661100 JQ704716	САД НА	<i>Family Tree DNA Behar et al., 2012.</i>
H5h		2	JQ703405 JQ704341	НА НА	<i>Behar et al., 2012. Behar et al., 2012.</i>
H5j		2	JQ704386 JQ324861	Немачка Француска	<i>Behar et al., 2012. Behar et al., 2012. a</i>
H5k		4	AY495173 HQ864470 HQ677712 KM101843	Европа Ирска САД САД	<i>Coble et al., 2004. Family Tree DNA Family Tree DNA Just et al., 2015.</i>
H5m		6	KX363874 JQ702895 KC911464 KM096763 JX128073 JQ702583	Јерменија Италија Иран Србија Словачка Турска	<i>Family Tree DNA Behar et al., 2012. Derenko et al., 2013. Davidovic et., 2015. Mielnik-Sikorska et al., 2013. Behar et al., 2012.</i>
H5n		4	KX398131 GQ983079 GQ983109 KU310655	Јерменија Италија Италија НА	<i>Family Tree DNA Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010. Family Tree DNA</i>
H5p		2	EF420250 AY495172	НА Европа	<i>Family Tree DNA Coble et al., 2004.</i>
H5r's't		26	FJ236978	Јордан	<i>Emaffa et al., 2009.</i>
	H5r	14	GQ983085 GQ983086 GQ983094 GQ983083 GQ983107 GU592039 GU592024 HM625680	Италија Италија Италија Италија Италија НА НА НА	<i>Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010. Fendi et al., 2011. Fendi et al., 2011. Kloss-Brandstatter et al., 2010.</i>
	H5r1	3	GQ983103 FJ384434 FJ384433	Италија НА НА	<i>Santoro et al., 2010. Fendi et al., 2011. Fendi et al., 2011.</i>
	H5r2	3	GQ983061 GQ983097 GQ983062	Италија Италија Италија	<i>Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010. Santoro et al., 2010.</i>
	H5s	8	JX153428 JQ703266 JQ703110 GQ983108 JQ703547 KJ801441 JQ704272 JQ703389	Данска Енглеска Ирска Италија НА НА НА НА	<i>Raule et al., 2014. Behar et al., 2012. Behar et al., 2012. Santoro et al., 2010. Behar et al., 2012. Lang et al., 2015. Behar et al., 2012. Behar et al., 2012.</i>
	H5t	3	GQ983098 HQ661871	Италија Прусија (Немачка)	<i>Santoro et al., 2010. Family Tree DNA</i>

H6a	H5u	13	JX847584	Прусија (Немачка)	<i>Family Tree DNA</i>		
			KX351867 EF661003	Јерменија Италија	<i>Family Tree DNA</i> <i>Gasparre et al., 2007.</i>		
	H5u1	11	KF162223	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>		
			KF161695	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>		
			KF162250	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>		
			KF161579	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>		
			KF162530	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>		
			KF162090	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>		
			JX153503	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>		
			JX152852	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>		
			JX153965	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>		
			JX128067	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>		
			JX128090	Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>		
	H5v'v	4	JX153021	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>		
			AY738953	Италија	<i>Achilli et al., 2005.</i>		
	H5v	2	JX153984	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>		
			EF660986	Италија	<i>Gasparre et al., 2007.</i>		
	H6a1	189	HM765475	НА	<i>Zaragoza et al., 2010.</i>		
			EU600329	НА	<i>Shlush et al., 2008.</i>		
	H6a1a	178	81	JQ324601	Баскија	<i>Behar et al., 2012.</i>	
				JQ324845	Баскија	<i>Behar et al., 2012.</i>	
	H6a1a1	4	AM263177	KF500032	Бугарска	<i>Family Tree DNA</i>	
				JX307105	Чешка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>	
KP735164				Чешка	<i>Family Tree DNA</i>		
JQ704489				Холандија	<i>Behar et al., 2012.</i>		
FJ713600				Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>		
JQ704145				Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ704390				Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ324891				Француска	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ324623				Француска	<i>Behar et al., 2012. a</i>		
JQ704296				Француска	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ704393				Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ704417				Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ704479				Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ702822				Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ705402				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ703271				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ702418				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ704614				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ702318				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ704339				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ704299				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ705325				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ705088				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ702506				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ704304				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ702214				НА	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ703103				Норвешка	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ703161				Пољска	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JQ705206				Пољска	<i>Behar et al., 2012.</i>		
JX307104				Русија	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>		
KM096766				Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>		
KM096765				Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>		
JX307109				Словачка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>		
JX307100				Словачка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>		
GU004258				Шпанија	<i>Family Tree DNA</i>		
JX297138				Шпанија	<i>Cardoso et la., 2013.</i>		
JQ702212				Швајцарска	<i>Behar et al., 2012.</i>		
HQ658736				САД	<i>Family Tree DNA</i>		
H6a1a1a				4	AM263177	Северна Осетија	<i>Roostalu et al., 2007.</i>

	H6a1a1a		2	JQ701925	Уједињени Арапски Емирати	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ702509	Ашкеназ	<i>Behar et al., 2012.</i>
	H6a1a2		10	EF556185	НА	<i>Behar et al., 2008.</i>
		H6a1a2a	7	KF161626	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				JQ703432	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ704333	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ702107	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ704608	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ702319	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				KX378680	Норвешка	<i>Family Tree DNA</i>
	H6a1a2b		3			
		H6a1a2b1	3	JQ703345	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ701963	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ702265	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
	H6a1a3		5	HQ730608	Ашкеназ	<i>Family Tree DNA</i>
				JQ703028	Финска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ704127	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ705730	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		H6a1a3a	1			
	H6a1a4		6	JQ703205	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				NM124476	НА	<i>Family Tree DNA</i>
				JQ703813	Норвешка	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ703507	Норвешка	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ704472	Пољска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				GU123020	Татари са Волге (Русија)	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
				GU123006	Татари са Волге (Русија)	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
	H6a1a5		5	NM015668	Ашкеназ	<i>Family Tree DNA</i>
				NM019517	НА	<i>Family Tree DNA</i>
				HQ405756	Русија	<i>Family Tree DNA</i>
				JQ703061	Русија	<i>Behar et al., 2012.</i>
				GU390313	Словачка	<i>Family Tree DNA</i>
	H6a1a6		2	JQ704195	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ702189	Пољска	<i>Behar et al., 2012.</i>
	H6a1a7		2	JQ324811	Баскија	<i>Behar et al., 2012. a</i>
				JQ324730	Баскија	<i>Behar et al., 2012. a</i>
	H6a1a8		2			
		H6a1a8a	2	JQ705660	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ704469	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
	H6a1a9		3	JX153292	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				JQ704380	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ705440	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
	H6a1a10		2	JQ702606	Италија	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JX297423	Шведска	<i>Family Tree DNA</i>
H6a1b			97	KF451107	Друзи	<i>Lippold et al., 2014.</i>
				JQ704592	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ705603	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				JQ701955	Палестина	<i>Behar et al., 2012.</i>
				KJ856780	Шор	<i>Derenko et al., 2014.</i>
				JQ701979	Украјина	<i>Behar et al., 2012.</i>
	H6a1b1		1	EF556178	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
	H6a1b2		38	KF161744	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				KF162796	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				KF161831	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
				KF162225	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>

		KF162490	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		JQ702708	Данска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		KX378682	Финска	<i>Family Tree DNA</i>
		JQ703732	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704621	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		EU919746	Ирска	<i>Family Tree DNA</i>
		JQ705873	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704910	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ702475	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ703622	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704474	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704653	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ705551	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ702090	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704367	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ702465	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704495	Шкотска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704167	Шпанија	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704453	Шведска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ703404	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>
		KM101886	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
		GQ168843	САД	<i>Family Tree DNA</i>
		KX520708	САД	<i>Family Tree DNA</i>
H6a1b2a	2	JQ704376	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		HQ658481	Енглеска	<i>Family Tree DNA</i>
H6a1b2b	1	JQ703391	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
H6a1b2c	1	JQ704239	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
H6a1b2d	3	JQ324676	Баскија	<i>Behar et al., 2012. a</i>
		JQ324762	Баскија	<i>Behar et al., 2012. a</i>
		EU154342	НА	<i>Family Tree DNA</i>
H6a1b2e	4	JX153784	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
		KF162659	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF162860	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		JQ705659	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
H6a1b3	29	JX307108	Чешка	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
		KF162080	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161516	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161927	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF162241	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		KF161914	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
		JX152864	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
		JX153891	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
		JX153692	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
		JQ704651	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704546	Литванија	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ702000	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ705188	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JX307103	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
		JX307102	Пољска	<i>Mielnik-Sikorska et al., 2013.</i>
		JQ705858	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704512	Украјина	<i>Behar et al., 2012.</i>
		KM101826	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
		KM101853	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
H6a1b3a	8	JQ702830	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
		EU256375	НА	<i>Family Tree DNA</i>
		JQ704793	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ702725	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704543	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ702813	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>
		JQ704116	Уједињено Краљевство	<i>Behar et al., 2012.</i>
		KT984277	САД	<i>Family Tree DNA</i>
H6a1b3b	2			

			HQ659687	HA	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ704476	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>
	H6a1b4	23	KF162995	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161958	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162613	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF161828	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162610	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			JX153390	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JX153490	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JX152939	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JX153507	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JX153709	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JQ703314	Холандија	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704270	Енглеска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ702385	Француска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704458	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ705719	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704889	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704174	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			AU738955	Италија	<i>Achilli et al., 2004.</i>
			JQ763435	Норвешка	<i>Family Tree DNA</i>
			JQ702330	Русија	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ703321	Шведска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KM101782	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
			KM101723	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
	H6a2	9	JX153502	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JQ324541	Француска	<i>Behar et al., 2012. a</i>
			JQ703232	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ705592	HA	<i>Behar et al., 2012.</i>
			JQ704515	Португалија	<i>Behar et al., 2012.</i>
	H6a2a	2	JQ704208	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KM101873	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
	H6a2b	2	KM096770	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
			KM096761	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
	HV2a2	6	KM096764	Белорусија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
			AU713986	Индија	<i>Palanichamy et al., 2004.</i>
			KP340159	Италија	<i>De Fanti et al., 2015.</i>
			KP340158	Италија	<i>De Fanti et al., 2015.</i>
			KC911452	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			KM096777	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
	HV10	5	JQ705743	Чешка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			NM008695	Мађарска	<i>Family Tree DNA</i>
			EF222245	Пољска	<i>Malyarchuk et al., 2008.</i>
			KM096775	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
			JQ704217	Словенија	<i>Behar et al., 2012.</i>
	HV16	15	JQ704124	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KC911384	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			KC911609	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			KC911308	Кашкаи (Иран)	<i>Derenko et al., 2013.</i>
			HQ658354	Шкотска	<i>Family Tree DNA</i>
	HV16a	10	KF162178	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			KF162484	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			EST12	Естонија	<i>Stoljarova et al., 2016.</i>
			JQ702536	Немачка	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KM096767	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
			KM096768	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
			KM096772	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
			KJ801463	САД	<i>Lang et al., 2015.</i>
			KJ801462	САД	<i>Lang et al., 2015.</i>
			KM101797	САД	<i>Just et al., 2015.</i>
	D4j8	9			



			FJ951550	Баргут (Русија)	<i>Derenko et al., 2010.</i>	
			FJ951542	Баргут (Русија)	<i>Derenko et al., 2010.</i>	
			FJ951456	Бурјат (Русија)	<i>Derenko et al., 2010.</i>	
			FJ951485	Бурјат (Русија)	<i>Derenko et al., 2010.</i>	
			EU482337	Бурјат (Русија)	<i>Volodko et al., 2008.</i>	
			JF824819	Кина	<i>Liu et al., 2012.</i>	
			JF824912	Кина	<i>Liu et al., 2012.</i>	
			EU007871	Казахстан	<i>Ingman et al., 2007.</i>	
			KM096771	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>	
L2a1k			7			
	L2a1k1		4			
		L2a1k1a	3	EU200763	Словачка	<i>Malyarchuk et al., 2008. b</i>
				KX083678	Бугарска	<i>Family Tree DNA</i>
				EU200760	Чешка	<i>Malyarchuk et al., 2008. b</i>
				KM096762	Србија	<i>Davidovic et., 2015.</i>
	L2a1k2		3			
				KT819247	Мароко	<i>Hernandez et al., 2015.</i>
				KT819253	Мароко	<i>Hernandez et al., 2015.</i>
				KT819254	Мароко	<i>Hernandez et al., 2015.</i>
N1b1a			66			
				HQ286324	Јерменија	<i>Family Tree DNA</i>
				JX153745	Данска	<i>Raule et al., 2014.</i>
				AF381999	Јордан	<i>Maca-Meyer et al., 2001.</i>
				JQ245753	Блиски Исток	<i>Fernandes et al., 2012.</i>
				JQ245800	Мароко	<i>Fernandes et al., 2012.</i>
				MC580	НА	<i>mtDNA Community</i>
				JQ705744	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				MC1962	НА	<i>mtDNA Community</i>
				JQ245727	Северна Осетија	<i>Fernandes et al., 2012.</i>
				KC911348	Иран	<i>Derenko et al., 2013.</i>
				51_Sb	Србија	<i>прејутна студија</i>
				KM986518	Јемен	<i>Vyas et al., 2016.</i>
	N1b1a1		2			
				EU742152	Јеврејска	<i>Feder et al., 2008.</i>
				EU742151	Јеврејска	<i>Feder et al., 2008.</i>
	N1b1a2		19			
				JQ245725	Арабија	<i>Fernandes et al., 2012.</i>
				HQ435319	Јерменија	<i>Family Tree DNA</i>
				HM852768	Јерменија	<i>Schonberg et al., 2011.</i>
				HM852901	Грузија	<i>Schonberg et al., 2011.</i>
				JQ705186	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				EF661011	Италија	<i>Gasparre et al., 2007.</i>
				EU742153	Јеврејска	<i>Feder et al., 2008.</i>
				MC4183	НА	<i>mtDNA Community</i>
				MC2794	НА	<i>mtDNA Community</i>
				JQ705268	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
				MC2316	НА	<i>mtDNA Community</i>
				Z213	Шпанија	<i>Ramos et al., 2013.</i>
				MC1636	САД	<i>mtDNA Community</i>
				KM986618	Јемен	<i>Vyas et al., 2016.</i>
	N1b1a2a		2			
				HQ315687	Јерменија	<i>Family Tree DNA</i>
				JQ705552	НА	<i>Behar et al., 2012.</i>
	N1b1a2b		3			
				MC339	НА	<i>mtDNA Community</i>
				JQ704068	Пољска	<i>Behar et al., 2012.</i>
				FJ493516	Русија	<i>Sukernik et al., 2012.</i>
	N1b1a3		6			
				KF451097	Друзи	<i>Lippold et al., 2014.</i>
				AY195756	Грузија	<i>Mishmar et la., 2003.</i>
				EU742148	Јеврејска	<i>Feder et al., 2008.</i>
				JQ245803	Мароко	<i>Fernandes et al., 2012.</i>
				KM245141	Мароко	<i>Fregel et al., 2015.</i>
				HM765456	НА	<i>Zaragoza et al., 2010.</i>
	N1b1a44		6			
				JQ245764	Италија	<i>Fernandes et al., 2012.</i>
				EU742150	Јеврејска	<i>Feder et al., 2008.</i>
	N1b1a4		4			

	N1b1a4a	3	HM236190	Италија	<i>Family Tree DNA</i>
			JX153074	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>
			EF660993	Италија	<i>Gasparre et al., 2007.</i>
			EU742149	Јеврејска	<i>Feder et al., 2008.</i>
	N1b1a5	7	KF162763	Данска	<i>Li et al., 2014.</i>
			MC1501	Ирска	<i>mtDNA Community</i>
			JQ701805	Ирска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			MC3457	Литванија	<i>mtDNA Community</i>
			KU529303	Русија	<i>Family Tree DNA</i>
			MC1698	САД	<i>mtDNA Community</i>
			GU122992	Татари са Волге (Русија)	<i>Malyarchuk et al., 2010.</i>
	N1b1a6	3	JQ702718	Аустрија/Мађарска	<i>Behar et al., 2012.</i>
			KF451112	Друзи	<i>Lippold et al., 2014.</i>
			JQ245756	Турска	<i>Fernandes et al., 2012.</i>
	N1b1a78	11			
			143_Sb	Србија	<i>тренирна студија</i>
	N1b1a7	5	JF265069	Јерменија	<i>Family Tree DNA</i>
			HQ384201	Шпанија	<i>Gomez-Carballa et al., 2011.</i>
			KJ742714	Шпанија	<i>Lopez-Gallardo et al., 2014.</i>
			KM986552	Јемен	<i>Vyas et al., 2016.</i>
			KM986548	Јемен	<i>Vyas et al., 2016.</i>
	N1b1a8	5	JQ245742	Бугарска	<i>Fernandes et al., 2012.</i>
	N1b1a8a	2	FJ460561	Тунис	<i>Costa et al., 2009.</i>
			JQ702973	Ирак	<i>Behar et al., 2012.</i>
	N1b1a8b	2	JX153036	Италија	<i>Raule et al., 2014.</i>
			JQ245774	Турска	<i>Fernandes et al., 2012.</i>

HA - непознато; N- број комплетних митогенома

### Референце:

- Achilli A, Rengo C, Magri C, Battaglia V, Olivieri A, Scozzari R, Cruciani F, Zeviani M, Briem E, Carelli V et al. 2004. The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *Am J Hum Genet* 75(5):910-8.
- Achilli A, Rengo C, Battaglia V, Pala M, Olivieri A, Fornarino S, Magri C, Scozzari R, Babudri N, Santachiara-Benerecetti AS et al. 2005. Saami and Berbers - An unexpected mitochondrial DNA link. *Am J Hum Genet* 76(5):883-886.
- Allentoft ME, Sikora M, Sjogren KG, Rasmussen S, Rasmussen M, Stenderup J, Damgaard PB, Schroeder H, Ahlstrom T, Vinner L et al. 2015. Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522(7555):167-172.
- Ancora M, Orsini M, Colosimo A, Marcacci M, Russo V, De Santo M, D'Aurora M, Stuppia L, Barboni B, Camma C et al. 2016. Complete sequence of human mitochondrial DNA obtained by combining multiple displacement amplification and next-generation sequencing on a single oocyte. *Mitochondrial DNA A DNA Mapp Seq Anal* 28(2):180-181.
- Arnason U, Xu XF, and Gullberg A. 1996. Comparison between the complete mitochondrial DNA sequences of Homo and the common chimpanzee based on nonchimeric sequences. *J Mol Evol* 42(2):145-152.
- Barcaccia G, Galla G, Achilli A, Olivieri A, and Torroni A. 2015. Uncovering the sources of DNA found on the Turin Shroud. *Sci Rep* 5:14484.
- Behar DM, Metspalu E, Kivisild T, Achilli A, Hadid Y, Tzur S, Pereira L, Amorim A, Quintana-Murci L, Majamaa K et al. 2006. The matrilineal ancestry of Ashkenazi Jewry: portrait of a recent founder event. *Am J Hum Genet* 78(3):487-497.
- Behar DM, Metspalu E, Kivisild T, Rosset S, Tzur S, Hadid Y, Yudkovsky G, Rosengarten D, Pereira L, Amorim A et al. 2008. Counting the founders: the matrilineal genetic ancestry of the Jewish Diaspora. *PLoS ONE* 3(4):e2062.
- Behar DM, Harmant C, Manry J, van Oven M, Haak W, Martinez-Cruz B, Salaberria J, Oyharçabal B, Bauduer F, Comas D et al. 2012a. The Basque paradigm: genetic evidence of a maternal continuity in the Franco-Cantabrian region since pre-Neolithic times. *Am J Hum Genet* 90(3):486-93.

Behar DM, van Oven M, Rosset S, Metspalu M, Loogvali EL, Silva NM, Kivisild T, Torroni A, and Villems R. 2012b. A "Copernican" Reassessment of the Human Mitochondrial DNA Tree from Its Root. *Am J Hum Genet* 90(4):675-684.

Brisighelli F, Capelli C, Alvarez-Iglesias V, Onofri V, Paoli G, Tofanelli S, Carracedo A, Pascali VL, and Salas A. 2009. The Etruscan timeline: a recent Anatolian connection. *Eur J Hum Genet* 17(5):693-696.

Cardoso S, Valverde L, Alfonso-Sánchez MA, Palencia-Madrid L, Elcoroaristizabal X, Algorta J, Catarino S, Arteta D, Herrera RJ, Zarrabeitia MT et al. 2013. The expanded mtDNA phylogeny of the Franco-Cantabrian region upholds the pre-neolithic genetic substrate of Basques. *PLoS ONE* 8(7):e67835.

Coble MD, Just RS, O'Callaghan JE, Letmanyi IH, Peterson CT, Irwin JA, and Parsons TJ. 2004. Single nucleotide polymorphisms over the entire mtDNA genome that increase the power of forensic testing in Caucasians. *Int J Legal Med* 118(3):137-146.

Coia V, Cipollini G, Anagnostou P, Maixner F, Battaglia C, Brisighelli F, Gomez-Carballa A, Destro Bisol G, Salas A, and Zink A. 2016. Whole mitochondrial DNA sequencing in Alpine populations and the genetic history of the Neolithic Tyrolean Iceman. *Sci Rep* 6:18932.

Costa MD, Cherni L, Fernandes V, Freitas F, el Gaaied ABA, and Pereira L. 2009. Data from complete mtDNA sequencing of Tunisian centenarians: Testing haplogroup association and the "golden mean" to longevity. *Mech Ageing Dev* 130(4):222-226.

Costa MD, Pereira JB, Pala M, Fernandes V, Olivieri A, Achilli A, Perego UA, Rychkov S, Naumova O, Hatina J et al. 2013. A substantial prehistoric European ancestry amongst Ashkenazi maternal lineages. *Nat Commun* 4:2543

Davidovic S, Malyarchuk B, Aleksic JM, Derenko M, Topalovic V, Litvinov A, Stevanovic M, and Kovacevic-Grujicic N. 2015. Mitochondrial DNA Perspective of Serbian Genetic Diversity. *Am J Phys Anthropol* 156(3):449-465.

Davidovic S, Malyarchuk B, Aleksic J, Derenko M, Topalovic V, Litvinov A, Skonieczna K, Rogalla U, Grzybowski T, Stevanovic M et al. 2017. Mitochondrial super-haplogroup U diversity in Serbians. *Ann Hum Biol* Jan 31:1-38

De Fanti S, Barbieri C, Sarno S, Sevini F, Vianello D, Tamm E, Metspalu E, van Oven M, Hübner A, Sazzini M et al. 2015. Fine Dissection of Human Mitochondrial DNA Haplogroup HV Lineages Reveals Paleolithic Signatures from European Glacial Refugia. *PLoS ONE* 10(12):e0144391.

Derenko M, Malyarchuk B, Grzybowski T, Denisova G, Rogalla U, Perkova M, Dambueva I, Zakharov I. 2010. Origin and post-glacial dispersal of mitochondrial DNA haplogroups C and D in northern Asia. *PLoS ONE* 5(12):e15214.

Derenko M, Malyarchuk B, Bahmanimehr A, Denisova G, Perkova M, Farjadian S, and Yepiskoposyan L. 2013. Complete mitochondrial DNA diversity in Iranians. *PLoS ONE* 8(11):e80673.

Derenko M, Malyarchuk B, Denisova G, Perkova M, Litvinov A, Grzybowski T, Dambueva I, Skonieczna K, Rogalla U, Tsybovsky I et al. 2014. Western Eurasian ancestry in modern Siberians based on mitogenomic data. *BMC Evol Biol* 14:217.

Duggan AT, Whitten M, Wiebe V, Crawford M, Butthof A, Spitsyn V, Makarov S, Novgorodov I, Osakovsky V, and Pakendorf B. 2013. Investigating the prehistory of Tungusic peoples of Siberia and the Amur-Ussuri region with complete mtDNA genome sequences and Y-chromosomal markers. *PLoS ONE* 8(12):e83570.

Ennafaa H, Cabrera VM, Abu-Amero KK, González AM, Amor MB, Bouhaha R, Dzimir N, Elgaaied AB, Larruga JM. 2009. Mitochondrial DNA haplogroup H structure in North Africa. *BMC Genet* 10:8. *Family Tree DNA - Genealogy by Genetics*

Feder J, Blech I, Ovadia O, Amar S, Wainstein J, Raz I, Dadon S, Arking DE, Glaser B, Mishmar D. 2008. Differences in mtDNA haplogroup distribution among 3 Jewish populations alter susceptibility to T2DM complications. *BMC Genomics* 9:198.

Fendt L, Niederstätter H, Huber G, Zelger B, Dünser M, Seifarth C, Röck A, Schäfer G, Klocker H, Parson W. 2011. Accumulation of mutations over the entire mitochondrial genome of breast cancer cells obtained by tissue microdissection. *Breast Cancer Res Treat* 128(2):327-36.

Fernandes V, Alshamali F, Alves M, Costa MD, Pereira JB, Silva NM, Cherni L, Harich N, Cerny V, Soares P et al. 2012. The Arabian cradle: mitochondrial relicts of the first steps along the southern route out of Africa. *Am J Hum Genet* 90(2):347-55.

Fraumene C, Belle EMS, Castri L, Sanna S, Mancosu G, Cosso M, Marras F, Barbuiani G, Pirastu M, and Angius A. 2006. High resolution analysis and phylogenetic network construction using complete mtDNA sequences in Sardinian genetic isolates. *Mol Biol Evol* 23(11):2101-2111.

Fregel R, Cabrera V, Larruga JM, Abu-Amero KK, González AM. 2015. Carriers of Mitochondrial DNA Macrohaplogroup N Lineages Reached Australia around 50,000 Years Ago following a Northern Asian Route. *PLoS ONE* 10(6):e0129839.

Fu Q, Mittnik A, Johnson PL, Bos K, Lari M, Bollongino R, Sun C, Giemisch L, Schmitz R, Burger J et al. 2013. A revised timescale for human evolution based on ancient mitochondrial genomes. *Curr Biol* 23(7):553-559.

Fu QM, Rudan P, Paabo S, and Krause J. 2012. Complete Mitochondrial Genomes Reveal Neolithic Expansion into Europe. *PLoS ONE* 7(3):e32473.

Gasparre G, Porcelli AM, Bonora E, Pennisi LF, Toller M, Iommarini L, Ghelli A, Moretti M, Betts CM, Martinelli GN et al. 2007. Disruptive mitochondrial DNA mutations in complex I subunits are markers of oncocytic phenotype in thyroid tumors. *P Natl Acad Sci USA* 104(21):9001-9006.

Gomez-Carballa A, Pardo-Seco J, Amigo J, Martinon-Torres F, and Salas A. 2015. Mitogenomes from The 1000 Genome Project reveal new Near Eastern features in present-day Tuscans. *PLoS ONE* 10(3):e0119242.

Gomez-Duran A, Pacheu-Grau D, Lopez-Gallardo E, Diez-Sanchez C, Montoya J, Lopez-Perez MJ, and Ruiz-Pesini E. 2010. Unmasking the causes of multifactorial disorders: OXPHOS differences between mitochondrial haplogroups. *Hum Mol Genet* 19(17):3343-3353.

Gonzalez AM, Garcia O, Larruga JM, and Cabrera VM. 2006. The mitochondrial lineage U8a reveals a Paleolithic settlement in the Basque country. *BMC Genomics* 7:124.

Govindaraj P, Khan NA, Gopalakrishna P, Chandra RV, Vanniarajan A, Reddy AA, Singh S, Kumaresan R, Srinivas G, Singh L et al. 2011. Mitochondrial dysfunction and genetic heterogeneity in chronic periodontitis. *Mitochondrion* 11(3):504-512.

Guillet V, Chevrollier A, Cassereau J, Letournel F, Gueguen N, Richard L, Desquiret V, Verny C, Procaccio V, Amati-Bonneau P et al. 2010. Ethambutol-induced optic neuropathy linked to OPA1 mutation and mitochondrial toxicity. *Mitochondrion* 10(2):115-124.

Haak W, Lazaridis I, Patterson N, Rohland N, Mallick S, Llamas B, Brandt G, Nordenfelt S, Harney E, Stewardson K et al. 2015. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522(7555):207-211.

Hartmann A, Thieme M, Nanduri LK, Stempf T, Moehle C, Kivisild T, and Oefner PJ. 2009. Validation of Microarray-Based Resequencing of 93 Worldwide Mitochondrial Genomes. *Hum Mutat* 30(1):115-122.

Ingman M, and Gyllensten U. 2007. Rate variation between mitochondrial domains and adaptive evolution in humans. *Hum Mol Genet* 16(19):2281-2287.

Ingman M, Kaessmann H, Paabo S, and Gyllensten U. 2000. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature* 408(6813):708-713.

Ji FY, Sharpley MS, Derbeneva O, Alves LS, Qian P, Wang YL, Chalkia D, Lvova M, Xu JC, Yao W et al. 2012. Mitochondrial DNA variant associated with Leber hereditary optic neuropathy and high-altitude Tibetans. *P Natl Acad Sci USA* 109(19):7391-7396.

Just RS, Scheible MK, Fast SA, Sturk-Andreaggi K, Rock AW, Bush JM, Higginbotham JL, Peck MA, Ring JD, Huber GE et al. 2015. Full mtGenome reference data: development and characterization of 588 forensic-quality haplotypes representing three U.S. populations. *Forensic Sci Int Genet* 14:141-155.

Khan N, Govindaraj P, and Thangaraj K. 2012. NCBI GenBank.

Kloss-Brandstatter A, Schafer G, Erhart G, Huttenhofer A, Coassin S, Seifarth C, Summerer M, Bektic J, Klocker H, and Kronenberg F. 2010. Somatic mutations throughout the entire mitochondrial genome are associated with elevated PSA levels in prostate cancer patients. *Am J Hum Genet* 87(6):802-812.

Kovacevic L, Tambets K, Ilumae AM, Kushniarevich A, Yunusbayev B, Solnik A, Bego T, Primorac D, Skaro V, Leskovac A et al. 2014. Standing at the Gateway to Europe - The Genetic Structure of Western Balkan Populations Based on Autosomal and Haploid Markers. *PLoS ONE* 9(8):e105090.

Lang M, Vocke CD, Merino MJ, Schmidt LS, and Linehan WM. 2015. Mitochondrial DNA mutations distinguish bilateral multifocal renal oncocytomas from familial Birt-Hogg-Dube tumors. *Mod Pathol* 28(11):1458-1469.

Li ST, Besenbacher S, Li YR, Kristiansen K, Grarup N, Albrechtsen A, Sparso T, Korneliussen T, Hansen T, Wang J et al. 2014. Variation and association to diabetes in 2000 full mtDNA sequences mined from an exome study in a Danish population. *Eur J Hum Genet* 22(8):1040-1045.

Lippold S, Xu H, Ko A, Li M, Renaud G, Butthof A, Schroder R, and Stoneking M. 2014. Human paternal and maternal demographic histories: insights from high-resolution Y chromosome and mtDNA sequences. *Investig Genet* 5:13.

Liu J, Wang LD, Sun YB, Li EM, Xu LY, Zhang YP, Yao YG, Kong QP. 2012. Deciphering the signature of selective constraints on cancerous mitochondrial genome. *Mol Biol Evol* 29(4):1255-61.

Lopez-Gallardo E, Emperador S, Solano A, Llobet L, Martín-Navarro A, López-Pérez MJ, Briones P, Pineda M, Artuch R, Barraquer E et al. 2014. Expanding the clinical phenotypes of MT-ATP6 mutations. *Hum Mol Genet* 23(23):6191-200.

Maasz A, Komlosi K, Hadzsiev K, Szabo Z, Willems PJ, Gerlinger I, Kosztolanyi G, Mehes K, and Melegh B. 2008. Phenotypic variants of the deafness-associated mitochondrial DNA A7445G mutation. *Curr Med Chem* 15(13):1257-1262.

Maca-Meyer N, Gonzalez AM, Larruga JM, Flores C, and Cabrera VM. 2001. Major genomic mitochondrial lineages delineate early human expansions. *BMC Genet* 2:13.

Malyarchuk B, Derenko M, Denisova G, and Kravtsova O. 2010a. Mitogenomic diversity in Tatars from the Volga-Ural region of Russia. *Mol Biol Evol* 27(10):2220-2226.

Malyarchuk B, Derenko M, Grzybowski T, Perkova M, Rogalla U, Vanecek T, and Tsybovsky I. 2010b. The peopling of Europe from the mitochondrial haplogroup U5 perspective. *PLoS ONE* 5(4):e10285.

Malyarchuk B, Grzybowski T, Derenko M, Perkova M, Vanecek T, Lazur J, Gomolcak P, and Tsybovsky I. 2008a. Mitochondrial DNA phylogeny in eastern and western Slavs. *Mol Biol Evol* 25(8):1651-1658.

Malyarchuk B, Derenko M, Perkova M, Grzybowski T, Vanecek T, Lazur J. 2008b. Reconstructing the phylogeny of African mitochondrial DNA lineages in Slavs. *Eur J Hum Genet* 16(9):1091-1096.

Matisoo-Smith EA, Gosling AL, Boocock J, Kardailsky O, Kurumilian Y, Roudesli-Chebbi S, Badre L, Morel JP, Sebai LL, and Zalloua PA. 2016. A European Mitochondrial Haplotype Identified in Ancient Phoenician Remains from Carthage, North Africa. *PLoS ONE* 11(5):e0155046.

Moilanen JS, Finnila S, and Majamaa K. 2003. Lineage-specific selection in human mtDNA: lack of polymorphisms in a segment of MTND5 gene in haplogroup J. *Mol Biol Evol* 20(12):2132-2142.

Montiel-Sosa F, Ruiz-Pesini E, Enriquez JA, Marcuello A, Diez-Sanchez C, Montoya J, Wallace DC, and Lopez-Perez MJ. 2006. Differences of sperm motility in mitochondrial DNA haplogroup U sublineages. *Gene* 368:21-27.

mtDNA Community.

Pala M, Achilli A, Olivieri A, Kashani BH, Perego UA, Sanna D, Metspalu E, Tambets K, Tamm E, Accetturo M et al. 2009. Mitochondrial Haplogroup U5b3: A Distant Echo of the Epipaleolithic in Italy and the Legacy of the Early Sardinians. *Am J Hum Genet* 84(6):814-821.

Palanichamy MG, Mitra B, Zhang CL, Debnath M, Li GM, Wang HW, Agrawal S, Chaudhuri TK, and Zhang YP. 2015. West Eurasian mtDNA lineages in India: an insight into the spread of the Dravidian language and the origins of the caste system. *Hum Genet* 134(6):637-647.

Palanichamy MG, Sun C, Agrawal S, Bandelt HJ, Kong QP, Khan F, Wang CY, Chaudhuri TK, Palla V, and Zhang YP. 2004. Phylogeny of mitochondrial DNA macrohaplogroup N in India, based on complete sequencing: Implications for the peopling of South Asia. *Am J Hum Genet* 75(6):966-978.

Pello R, Martin MA, Carelli V, Nijtmans LG, Achilli A, Pala M, Torroni A, Gomez-Duran A, Ruiz-Pesini E, Martinuzzi A et al. 2008. Mitochondrial DNA background modulates the assembly kinetics of OXPHOS complexes in a cellular model of mitochondrial disease. *Hum Mol Genet* 17(24):4001-4011.

Pereira L, Goncalves J, Franco-Duarte R, Silva J, Rocha T, Arnold C, Richards M, and Macaulay V. 2007. No evidence for an mtDNA role in sperm motility: Data from complete sequencing of asthenozoospermic males. *Mol Biol Evol* 24(3):868-874.

Perli E, Giordano C, Tuppen HAL, Montopoli M, Montanari A, Orlandi M, Pisano A, Catanzaro D, Caparrotta L, Musumeci B et al. 2012. Isoleucyl-tRNA synthetase levels modulate the penetrance of a homoplasmic m.4277T > C mitochondrial tRNA(Ile) mutation causing hypertrophic cardiomyopathy. *Hum Mol Genet* 21(1):85-100.

Pichler I, Fuchsberger C, Platzer C, Caliskan M, Marroni F, Pramstaller PP, and Ober C. 2010. Drawing the history of the Hutterite population on a genetic landscape: inference from Y-chromosome and mtDNA genotypes. *Eur J Hum Genet* 18(4):463-470.

Pope AM, Carr SM, Smith KN, Marshall HD. 2011. Mitogenomic and microsatellite variation in descendants of the founder population of Newfoundland: high genetic diversity in an historically isolated population. *Genome* 54(2):110-9.

Posth C, Renaud G, Mittnik A, Drucker DG, Rougier H, Cupillard C, Valentin F, Thevenet C, Furtwangler A, Wissing C et al. 2016. Pleistocene Mitochondrial Genomes Suggest a Single Major Dispersal of Non-Africans and a Late Glacial Population Turnover in Europe. *Curr Biol* 26(6):827-833.

Ramos A, Santos C, Mateiu L, Gonzalez MD, Alvarez L, Azevedo L, Amorim A, and Aluja MP. 2013. Frequency and Pattern of Heteroplasmy in the Complete Human Mitochondrial Genome. *PLoS ONE* 8(10).

Raule N, Sevini F, Li S, Barbieri A, Tallaro F, Lomartire L, Vianello D, Montesanto A, Moilanen JS, Bezrukov V et al. 2014. The co-occurrence of mtDNA mutations on different oxidative phosphorylation subunits, not detected by haplogroup analysis, affects human longevity and is population specific. *Aging cell* 13(3):401-407.

Roostalu U, Kutuev I, Loogväli EL, Metspalu E, Tambets K, Reidla M, Khusnutdinova EK, Usanga E, Kivisild T, Villems R. 2007. Origin and expansion of haplogroup H, the dominant human mitochondrial DNA lineage in West Eurasia: the Near Eastern and Caucasian perspective. *Mol Biol Evol* 24(2):436-48.

Santoro A, Balbi V, Balducci E, Pirazzini C, Rosini F, Tavano F, Achilli A, Siviero P, Minicuci N, Bellavista E et al. 2010. Evidence for sub-haplogroup h5 of mitochondrial DNA as a risk factor for late onset Alzheimer's disease. *PLoS ONE* 5(8):e12037.

Schonberg A, Theunert C, Li MK, Stoneking M, and Nasidze I. 2011. High-throughput sequencing of complete human mtDNA genomes from the Caucasus and West Asia: high diversity and demographic inferences. *Eur J Hum Genet* 19(9):988-994.

Seoane M, Mosquera-Miguel A, Gonzalez T, Fraga M, Salas A, and Costoya JA. 2011. The Mitochondrial Genome Is a "Genetic Sanctuary" during the Oncogenic Process. PLoS ONE 6(8):e23327.

Sequeira A, Rollins B, Magnan C, van Oven M, Baldi P, Myers RM, Barchas JD, Schatzberg AF, Watson SJ, Akil H et al. 2015. Mitochondrial mutations in subjects with psychiatric disorders. PLoS ONE 10(5):e0127280.

Shlush LI, Behar DM, Yudkovsky G, Templeton A, Hadid Y, Basis F, Hammer M, Itzkovitz S, and Skorecki K. 2008. The Druze: a population genetic refugium of the Near East. PLoS ONE 3(5):e2105.

Skonieczna K, Malyarchuk B, Jawien A, Marszalek A, Banaszkiwicz Z, Jarmocik P, Borcz M, Bala P, and Grzybowski T. 2015. Heteroplasmic substitutions in the entire mitochondrial genomes of human colon cells detected by ultra-deep 454 sequencing. Forensic Sci Int-Gen 15:16-20.

Soini HK, Moilanen JS, Vilmi-Kerala T, Finnila S, and Majamaa K. 2013. Mitochondrial DNA variant m.15218A > G in Finnish epilepsy patients who have maternal relatives with epilepsy, sensorineural hearing impairment or diabetes mellitus. BMC Med Genet 14:73.

Stoljarova M, King JL, Takahashi M, Aaspollu A, and Budowle B. 2016. Whole mitochondrial genome genetic diversity in an Estonian population sample. Int J Legal Med 130(1):67-71.

Sukernik RI, Volodko NV, Mazunin IO, Eltsov NP, Dryomov SV, and Starikovskaya EB. 2012. Mitochondrial genome diversity in the tubalar, even, and ulchi: Contribution to prehistory of native siberians and their affinities to native americans. Am J Phys Anthropol 148(1):123-138.

Volodko NV, Starikovskaya EB, Mazunin IO, Eltsov NP, Naidenko PV, Wallace DC, and Sukernik RI. 2008. Mitochondrial genome diversity in arctic Siberians, with particular reference to the evolutionary history of Beringia and Pleistocenic peopling of the Americas. Am J Hum Genet 82(5):1084-1100.

Vyas DN, Kitchen A, Miro-Herrans AT, Pearson LN, Al-Meerri A, and Mulligan CJ. 2016. Bayesian analyses of Yemeni mitochondrial genomes suggest multiple migration events with Africa and Western Eurasia. Am J Phys Anthropol 159(3):382-393.

Zaragoza MV, Fass J, Diegoli M, Lin DW, and Arbustini E. 2010. Mitochondrial DNA Variant Discovery and Evaluation in Human Cardiomyopathies through Next-Generation Sequencing. PLoS ONE 5(8):e12295.

Zheng H, Qin Z, Jin L, and Jin L. 2014. NCBI GenBank.

**Табела 8.9.** Матрица  $F_{ST}$  вредности парова 20 одабраних популација добијена анализом варијабилности секвенце *HVS-I* региона (позиције 16090-16365). Матрица  $F_{ST}$  вредности парова популација је приказана испод дијагонале, док је матрица  $p$  вредности за одговарајуће  $F_{ST}$  вредности приказана изнад дијагонале.

	SRB	SLO	HRV	BOS	MAK	BUG	UKR	BEL	RUS	ĀEH	POL	SLK	ALB	GRK	MAD	TUR	RUM	ITA	AUS	NEM
SRB		0.14414	0.34234	0.74775	0.14414	0.16216	0.21622	0.01802	0.02703	0.03604	0.00000	0.01802	0.99099	0.07207	0.04505	0.00000	0.00901	0.00000	0.04505	0.06306
SLO	0.00140		0.14414	0.00901	0.10811	0.11712	0.50450	0.00000	0.42342	0.05405	0.16216	0.00000	0.99099	0.00000	0.50450	0.00000	0.03604	0.01802	0.09009	0.34234
HRV	0.00017	0.00099		0.51351	0.01802	0.00000	0.45946	0.00000	0.27928	0.02703	0.00000	0.00000	0.99099	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00901
BOS	-0.00069	0.00166	-0.00001		0.00901	0.00000	0.10811	0.00000	0.00901	0.01802	0.00000	0.00000	0.99099	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00901
MAK	0.00130	0.00182	0.00319	0.00371		0.73874	0.13514	0.00000	0.03604	0.04505	0.01802	0.09009	0.99099	0.09910	0.03604	0.00901	0.34234	0.00901	0.09009	0.03604
BUG	0.00063	0.00092	0.00263	0.00241	-0.00064		0.13514	0.00000	0.00000	0.08108	0.00000	0.03604	0.99099	0.12613	0.01802	0.00000	0.06306	0.00000	0.03604	0.01802
UKR	0.00082	-0.00054	-0.00007	0.00146	0.00170	0.00120		0.55856	0.91892	0.09009	0.18919	0.00000	0.99099	0.01802	0.23423	0.00000	0.02703	0.00901	0.02703	0.10811
BEL	0.00232	0.00362	0.00272	0.00338	0.00362	0.00290	-0.00026		0.05405	0.16216	0.00901	0.02703	0.99099	0.00000	0.01802	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000
RUS	0.00185	0.00016	0.00037	0.00215	0.00235	0.00217	-0.00164	0.00149		0.18018	0.06306	0.04505	0.99099	0.00000	0.05405	0.00000	0.01802	0.00901	0.01802	0.00901
ĀEH	0.00233	0.00264	0.00255	0.00407	0.00286	0.00158	0.00179	0.00169	0.00156		0.14414	0.58559	0.99099	0.05405	0.45045	0.00901	0.21622	0.14414	0.17117	0.09009
POL	0.00279	0.00105	0.00210	0.00305	0.00271	0.00221	0.00104	0.00226	0.00144	0.00117		0.14414	0.99099	0.00000	0.07207	0.00000	0.05405	0.00000	0.00000	0.09009
SLK	0.00294	0.00395	0.00255	0.00345	0.00219	0.00213	0.00397	0.00231	0.00286	-0.00064	0.00124		0.99099	0.03604	0.01802	0.00901	0.11712	0.03604	0.00000	0.02703
ALB	-0.05494	-0.03683	-0.05140	-0.05255	-0.04105	-0.04384	-0.04590	-0.04446	-0.05285	-0.05398	-0.04500	-0.05044		0.99099	0.99099	0.99099	0.99099	0.99099	0.99099	0.99099
GRK	0.00124	0.00365	0.00403	0.00334	0.00103	0.00055	0.00315	0.00412	0.00373	0.00240	0.00433	0.00220	-0.05686		0.00000	0.00901	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000
MAD	0.00178	-0.00008	0.00239	0.00243	0.00300	0.00134	0.00037	0.00256	0.00129	0.00015	0.00114	0.00327	-0.03570	0.00277		0.00000	0.00000	0.06306	0.04505	0.15315
TUR	0.00558	0.00878	0.00790	0.00788	0.00341	0.00446	0.00655	0.00586	0.00756	0.00372	0.00768	0.00420	-0.05052	0.00227	0.00621		0.01802	0.00000	0.00000	0.00000
RUM	0.00614	0.00463	0.00677	0.00932	0.00062	0.00307	0.00557	0.00780	0.00621	0.00272	0.00370	0.00347	-0.03854	0.00523	0.00632	0.00875		0.11712	0.09009	0.04505
ITA	0.00699	0.00433	0.00681	0.00877	0.00340	0.00339	0.00438	0.00691	0.00425	0.00129	0.00415	0.00342	-0.03819	0.00336	0.00235	0.00403	0.00316		0.01802	0.00000
AUS	0.00184	0.00128	0.00322	0.00457	0.00145	0.00119	0.00263	0.00666	0.00274	0.00124	0.00344	0.00405	-0.05430	0.00263	0.00222	0.00818	0.00262	0.00274		0.05405
NEM	0.00139	0.00034	0.00146	0.00214	0.00217	0.00084	0.00116	0.00288	0.00180	0.00090	0.00100	0.00209	-0.03951	0.00285	0.00079	0.00739	0.00376	0.00330	0.00120	

Зеленом бојом обележене су статистички значајне  $F_{ST}$  вредности ( $p < 0.05$ ). Ознаке популација су као на Слици 4.2.

**Табела 8.10.** Матрица  $F_{ST}$  вредности парова 35 европских популација добијена анализом варијабилности секвенци *HVS-I* и *HVS-II* региона (позиције 16024-16365; 72-340). Матрица  $F_{ST}$  вредности парова популација је приказана испод дијагонале, док је матрица  $p$  вредности за одговарајуће  $F_{ST}$  вредности приказана изнад дијагонале.

	SRB	BOS	HRV	SLO	MAK	BUG	RUS	UKR	SLK	ЇEH	POL	GRK	ALB	TUR	MAD	ITA1	ITA2	ITA3	SAR	SIC	FRA
SRB		0.58559	0.17117	0.00000	0.27027	0.00000	0.01802	0.15315	0.03604	0.01802	0.00901	0.02703	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
BOS	-0.00036		0.18018	0.00000	0.00901	0.00000	0.01802	0.09910	0.02703	0.00901	0.00000	0.01802	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000
HRV	0.00188	0.00227		0.01802	0.13514	0.02703	0.02703	0.36937	0.07207	0.04505	0.03604	0.02703	0.00000	0.17117	0.02703	0.04505	0.01802	0.00000	0.00901	0.06306	0.03604
SLO	0.00269	0.00228	0.00476		0.00901	0.00000	0.09009	0.35135	0.08108	0.24324	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.20721	0.01802	0.00000	0.00901	0.00901	0.00000	0.00000
MAK	0.00050	0.00303	0.00376	0.00275		0.00000	0.01802	0.04505	0.02703	0.00901	0.05405	0.36937	0.00000	0.00000	0.03604	0.00000	0.00901	0.00901	0.00000	0.00901	0.00000
BUG	0.00449	0.00525	0.00602	0.00475	0.00331		0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
RUS	0.00233	0.00196	0.00516	0.00059	0.00278	0.00529			0.05405	0.01802	0.01802	0.00000	0.00000	0.00901	0.17117	0.00901	0.04505	0.00000	0.00000	0.00901	0.02703
UKR	0.00152	0.00140	0.00104	0.00011	0.00236	0.00348	-0.00158		0.45946	0.27027	0.45946	0.09910	0.00000	0.10811	0.25225	0.09910	0.17117	0.00000	0.00000	0.00901	0.10811
SLK	0.00135	0.00105	0.00351	0.00075	0.00203	0.00431	0.00086	-0.00022				0.00901	0.00000	0.00000	0.09910	0.00901	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
ЇEH	0.00294	0.00246	0.00455	0.00025	0.00290	0.00365	0.00150	0.00083	0.00040		0.01802	0.05405	0.00000	0.00000	0.74775	0.08108	0.00901	0.29730	0.00901	0.00000	0.00000
POL	0.00212	0.00228	0.00459	0.00120	0.00123	0.00427	0.00080	-0.00003	0.00011	0.00133		0.00000	0.00000	0.00000	0.01802	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
GRK	0.00156	0.00203	0.00421	0.00214	0.00013	0.00325	0.00283	0.00151	0.00206	0.00148	0.00202		0.00000	0.00000	0.17117	0.00901	0.02703	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000
ALB	0.01135	0.01463	0.01816	0.01840	0.00811	0.01580	0.01700	0.01745	0.01585	0.01828	0.01523	0.01196		0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
TUR	0.00334	0.00536	0.00240	0.00491	0.00408	0.00627	0.00484	0.00188	0.00379	0.00480	0.00380	0.00398	0.01485		0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
MAD	0.00404	0.00398	0.00631	0.00092	0.00296	0.00450	0.00128	0.00059	0.00089	-0.00081	0.00144	0.00117	0.01741	0.00430		0.02703	0.06306	0.43243	0.00901	0.00901	0.00901
ITA1	0.00395	0.00310	0.00416	0.00163	0.00471	0.00522	0.00210	0.00171	0.00191	0.00124	0.00354	0.00294	0.02291	0.00684	0.00171		0.00901	0.00000	0.00901	0.00901	0.00901
ITA2	0.00287	0.00322	0.00377	0.00192	0.00212	0.00337	0.00132	0.00074	0.00140	0.00174	0.00156	0.00107	0.01715	0.00466	0.00156	0.00130		0.00000	0.02703	0.00901	0.00901
ITA3	0.00772	0.00821	0.00875	0.00312	0.00608	0.00746	0.00572	0.00433	0.00535	0.00063	0.00510	0.00383	0.02088	0.00847	-0.00011	0.00490	0.00602		0.00000	0.00000	0.00000
SAR	0.01322	0.01403	0.00680	0.01169	0.01330	0.01455	0.01103	0.01022	0.00972	0.01100	0.01074	0.01269	0.02866	0.01533	0.01090	0.00997	0.00831	0.01308		0.00000	0.00901
SIC	0.00896	0.01071	0.00550	0.00790	0.00482	0.00943	0.00842	0.00612	0.00746	0.00849	0.00843	0.00518	0.01897	0.01036	0.00733	0.00787	0.00766	0.00933	0.01437		0.00901
FRA	0.00486	0.00572	0.00596	0.00374	0.00522	0.00723	0.00255	0.00218	0.00300	0.00451	0.00306	0.00463	0.02264	0.00848	0.00532	0.00343	0.00254	0.00970	0.00775	0.00770	
ЅPA	0.00609	0.00510	0.00694	0.00536	0.00687	0.00805	0.00390	0.00367	0.00391	0.00614	0.00453	0.00489	0.02213	0.01105	0.00649	0.00425	0.00267	0.01188	0.00656	0.01149	0.00120
POR1	0.00370	0.00337	0.00455	0.00307	0.00405	0.00642	0.00202	0.00048	0.00213	0.00266	0.00307	0.00264	0.01836	0.00780	0.00224	0.00259	0.00169	0.00712	0.00826	0.00628	0.00209
POR2	0.00206	0.00127	0.00383	-0.00045	0.00004	0.00319	0.00059	-0.00197	0.00013	-0.00019	0.00006	-0.00030	0.01473	0.00674	-0.00115	0.00015	-0.00108	0.00243	0.00889	0.00224	-0.00133
POR3	0.00513	0.00493	0.00677	0.00435	0.00328	0.00550	0.00389	0.00293	0.00319	0.00381	0.00391	0.00307	0.01224	0.00768	0.00343	0.00500	0.00337	0.00575	0.00747	0.00438	0.00347
ЅVA	0.00399	0.00365	0.00501	0.00135	0.00440	0.00543	0.00263	0.00298	0.00221	-0.00063	0.00276	0.00254	0.02078	0.00621	-0.00092	0.00113	0.00199	0.00097	0.01037	0.01160	0.00657
AUS	0.00281	0.00329	0.00633	0.00051	0.00176	0.00424	0.00157	0.00192	0.00143	0.00019	0.00136	0.00151	0.01926	0.00460	0.00140	0.00158	0.00127	0.00367	0.01286	0.01014	0.00316
NEM	0.00231	0.00125	0.00373	0.00059	0.00249	0.00371	0.00088	-0.00027	0.00041	0.00074	0.00057	0.00187	0.01734	0.00471	0.00066	0.00148	0.00070	0.00474	0.01153	0.00886	0.00325
DAN	0.00475	0.00537	0.00430	0.00498	0.00813	0.00939	0.00629	0.00480	0.00509	0.00449	0.00563	0.00671	0.02429	0.00513	0.00648	0.00669	0.00659	0.00964	0.01605	0.01380	0.00863
ENG	0.00223	0.00126	0.00036	0.00335	0.00386	0.00512	0.00331	0.00304	0.00131	0.00088	0.00387	0.00132	0.01706	0.00586	0.00290	0.00161	0.00127	0.00641	0.00690	0.00798	0.00517
HOL	0.00514	0.00501	0.00698	0.00246	0.00509	0.00689	0.00472	0.00420	0.00368	0.00228	0.00459	0.00439	0.02240	0.00815	0.00318	0.00275	0.00421	0.00495	0.01323	0.00825	0.00737
ЅVE	0.00184	0.00203	0.00446	0.00146	0.00135	0.00405	0.00112	0.00044	0.00073	0.00160	0.00123	0.00119	0.01713	0.00499	0.00253	0.00208	0.00106	0.00593	0.01074	0.00782	0.00274
EST	0.00134	0.00279	0.00396	0.00248	0.00219	0.00260	0.00245	0.00177	-0.00016	0.00213	0.00112	0.00367	0.01158	0.00275	-0.00251	0.00386	0.00286	0.00608	0.01027	0.00782	0.00544
FIN	0.01530	0.01725	0.01775	0.01412	0.01314	0.01636	0.01254	0.01172	0.01160	0.01527	0.01065	0.01584	0.02899	0.01800	0.01646	0.01736	0.01371	0.01940	0.01517	0.01845	0.00736
BAS	0.01878	0.01680	0.01746	0.01449	0.02100	0.02026	0.01291	0.01237	0.01280	0.01555	0.01318	0.01745	0.04303	0.02230	0.01723	0.01481	0.01333	0.02177	0.01265	0.02235	0.00624

Зеленом бојом обележене су статистички значајне  $F_{ST}$  вредности ( $p < 0.05$ ). Ознаке популација су као на Слици 4.4.

Табела 8.10. Наставак

	SPA	POR1	POR2	POR3	ŠVA	AUS	NEM	DAN	ENG	HOL	ŠVE	EST	FIN	BAS
SRB	0.00000	0.00000	0.06306	0.00000	0.03604	0.00000	0.00000	0.00000	0.09910	0.00000	0.01802	0.10811	0.00000	0.00000
BOS	0.00000	0.00000	0.15315	0.00000	0.02703	0.00000	0.01802	0.00000	0.18018	0.00000	0.00000	0.04505	0.00000	0.00000
HRV	0.00901	0.02703	0.09009	0.01802	0.04505	0.02703	0.08108	0.02703	0.37838	0.02703	0.04505	0.03604	0.00000	0.00000
SLO	0.00000	0.00000	0.55856	0.00000	0.09910	0.18919	0.09009	0.00000	0.06306	0.00000	0.00901	0.03604	0.00000	0.00000
MAK	0.00000	0.00000	0.40541	0.01802	0.00000	0.02703	0.01802	0.00000	0.07207	0.00000	0.10811	0.09910	0.00000	0.00000
BUG	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.03604	0.00000	0.00000
RUS	0.00000	0.01802	0.25225	0.00000	0.03604	0.00000	0.06306	0.00000	0.03604	0.00000	0.04505	0.04505	0.00000	0.00000
UKR	0.00000	0.23423	0.83784	0.01802	0.02703	0.03604	0.59459	0.00000	0.09009	0.00901	0.28829	0.18919	0.00000	0.00000
SLK	0.00000	0.00000	0.36937	0.00000	0.04505	0.01802	0.15315	0.00000	0.27928	0.00000	0.10811	0.45946	0.00000	0.00000
ČEH	0.00000	0.00000	0.49550	0.00000	0.63964	0.30631	0.05405	0.00000	0.22523	0.00901	0.06306	0.08108	0.00000	0.00000
POL	0.00000	0.00000	0.37838	0.00000	0.00901	0.00901	0.02703	0.00000	0.04505	0.00000	0.00000	0.23423	0.00000	0.00000
GRK	0.00000	0.01802	0.53153	0.00000	0.04505	0.00901	0.00000	0.00000	0.22523	0.00000	0.03604	0.02703	0.00000	0.00000
ALB	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
TUR	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.06306	0.00000	0.00000
MAD	0.00000	0.00901	0.73874	0.00901	0.63063	0.06306	0.20721	0.00000	0.09910	0.00000	0.03604	0.09910	0.00000	0.00000
ITA1	0.00000	0.00901	0.35135	0.00000	0.20721	0.00901	0.00000	0.18919	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
ITA2	0.00000	0.00901	0.81081	0.00000	0.02703	0.03604	0.04505	0.00000	0.15315	0.00000	0.00000	0.02703	0.00000	0.00000
ITA3	0.00000	0.00000	0.02703	0.00000	0.18018	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000
SAR	0.03604	0.02703	0.02703	0.01802	0.00901	0.00000	0.01802	0.00000	0.04505	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000
SIC	0.00000	0.01802	0.19820	0.03604	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.02703	0.00000	0.00000	0.01802	0.00000	0.00000
FRA	0.00000	0.00000	0.80180	0.00000	0.00901	0.00901	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00901	0.00901	0.00000	0.00000
ŠPA	0.00000	0.00000	0.91892	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.15315	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
POR1	0.00112	0.00000	0.40541	0.00000	0.57658	0.46847	0.51351	0.00000	0.55856	0.08108	0.74775	0.04505	0.00000	0.00000
POR2	0.00081	-0.00164	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.07207	0.00000	0.00000	0.02703	0.00000	0.00000
POR3	0.00377	0.00232	0.00022	0.00000	0.00000	0.23423	0.19820	0.00000	0.16216	0.10811	0.01802	0.09009	0.00000	0.00000
ŠVA	0.00731	0.00366	-0.00084	0.00603	0.00000	0.00000	0.02703	0.00000	0.03604	0.01802	0.19820	0.06306	0.00000	0.00000
AUS	0.00584	0.00439	0.00021	0.00440	0.01014	0.00000	0.00000	0.00000	0.14414	0.00000	0.02703	0.05405	0.00000	0.00000
NEM	0.00416	0.00257	-0.00016	0.00456	0.00072	0.00110	0.00000	0.00000	0.01802	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
DAN	0.00922	0.00748	0.00486	0.00998	0.00618	0.00582	0.00542	0.00000	0.00000	0.07207	0.31532	0.06306	0.00000	0.00000
ENG	0.00259	0.00195	-0.00022	0.00283	0.00170	0.00310	0.00156	0.00556	0.00000	0.00000	0.00000	0.01802	0.00000	0.00000
HOL	0.00933	0.00658	0.00163	0.00718	0.00153	0.00235	0.00281	0.00762	0.00255	0.00000	0.00000	0.19820	0.00000	0.00000
ŠVE	0.00396	0.00279	-0.00112	0.00295	0.00305	0.00046	0.00080	0.00588	0.00071	0.00235	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
EST	0.00793	0.00600	0.00443	0.00282	0.00436	0.00268	0.00197	0.00697	0.00438	0.00426	0.00172	0.00000	0.00000	0.00000
FIN	0.01164	0.01334	0.01014	0.00857	0.02039	0.01322	0.01506	0.01878	0.01628	0.02000	0.01043	0.01126	0.00000	0.00000
BAS	0.00664	0.01025	0.01100	0.01554	0.01861	0.01656	0.01342	0.01813	0.01343	0.01976	0.01455	0.02080	0.01724	0.00000

Табела 8.11. Корелације између географских положаја (географске дужине – енгл. *longitude* и географске ширине – енгл. *latitude*) анализираних популација и њихових координата на осам вишефакторских анализа (*PC* за *PCA*, *DIM* за *MDS*); *p* вредности за добијене коефицијенте корелација приказане су изнад дијагонала табела а), б), в) и г).а) Коефицијенти корелације географских положаја популација са њиховим координатама на главним компонентама (*PC*) приказаним на Сликама 4.2 и 4.3.

	Lat	Long	PC 1	PC 2	PC 3	PC 4	PC 5	PC 6	PC 7	PC 8	PC 9	PC 10	PC 11	PC 12	PC 13	PC 14	PC 15	PC 16	PC 17	PC 18	PC 19
Lat	1		0.01782	0.39220	0.00179	0.18709	0.37556	0.12904	0.38180	0.36149	0.35453	0.38245	0.14628	0.26651	0.17274	0.45813	0.18400	0.48260	0.21612	0.23634	0.44260
Long	0.10251	1	0.03876	0.41666	0.02045	0.03973	0.44961	0.02730	0.45190	0.36913	0.49525	0.42627	0.28287	0.43360	0.41505	0.04288	0.36675	0.22707	0.19720	0.43749	0.41299
PC 1	-0.47196	0.40373	1																		
PC 2	0.06532	-0.05026	0.00000	1																	
PC 3	0.61949	0.46077	0.00000	-0.00001	1																
PC 4	-0.21000	0.40132	0.00000	-0.00001	0.00000	1															
PC 5	-0.07569	0.03026	0.00000	0.00000	0.00001	0.00000	1														
PC 6	0.26540	0.43606	0.00000	0.00001	-0.00001	-0.00001	0.00001	1													
PC 7	-0.07179	-0.02888	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1												
PC 8	0.08457	0.07973	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1											
PC 9	-0.08900	0.00285	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1										
PC 10	0.07138	-0.04440	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00001	0.00000	1									
PC 11	-0.24760	-0.13662	0.00000	0.00000	0.00000	-0.00001	0.00000	0.00001	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1								
PC 12	-0.14816	0.03995	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1							
PC 13	0.22262	-0.05125	0.00000	0.00001	0.00000	0.00000	0.00001	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00001	1						
PC 14	-0.02512	0.39386	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1					
PC 15	-0.21268	-0.08124	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	-0.00001	-0.00001	1				
PC 16	-0.01043	0.17747	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1			
PC 17	-0.18605	0.20145	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	-0.00001	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	-0.00001	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1	
PC 18	-0.17037	0.03759	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	-0.00001	0.00000	0.00000	-0.00001	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	-0.00001	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1
PC 19	0.03450	-0.05251	0.00000	0.00000	0.00000	0.00001	0.00001	0.00000	-0.00001	0.00000	0.00001	0.00001	0.00000	-0.00001	0.00000	0.00000	-0.00001	0.00000	0.00000	-0.00001	1



Табела 8.11. Наставак

б) Коэффициенти корелације географских положаја популација са њиховим координатама на главним компонентама (PC) приказаним на Слици 4.4.

	Lat	Long	PC 1	PC 2	PC 3	PC 4	PC 5	PC 6	PC 7	PC 8	PC 9	PC 10	PC 11	PC 12	PC 13	PC 14	PC 15	PC 16	PC 17	PC 18
Lat	1		0,00018	0,00004	0,21274	0,47628	0,03303	0,34790	0,23242	0,02013	0,11376	0,16331	0,12423	0,49371	0,41635	0,43993	0,40000	0,29390	0,27808	0,30429
Long	0,11335	1	0,00073	0,00027	0,00034	0,10092	0,41122	0,14103	0,47243	0,29051	0,23928	0,18813	0,43716	0,22483	0,21335	0,41725	0,42120	0,17062	0,38753	0,36817
PC 1	-0,49385	-0,44676	1																	
PC 2	-0,54153	0,48128	0,00000	1																
PC 3	0,11773	0,47350	0,00000	0,00000	1															
PC 4	0,00882	0,18752	0,00000	0,00000	0,00000	1														
PC 5	-0,26748	-0,03326	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	1													
PC 6	-0,05792	-0,15846	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	1												
PC 7	0,10803	-0,01025	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	1											
PC 8	0,29717	-0,08168	-0,03195	0,01864	-0,01442	0,02033	-0,02577	-0,01417	-0,00311	1										
PC 9	0,17747	0,10476	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00001	0,00001	0,00000	0,02862	1									
PC 10	-0,14465	-0,13061	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	-0,00001	0,00000	-0,02204	0,00000	1								
PC 11	0,16984	0,02344	-0,00001	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	-0,01507	0,00001	0,00000	1							
PC 12	-0,00234	-0,11172	-0,05150	-0,04989	-0,00980	0,00580	-0,07950	0,03475	-0,09402	-0,12323	0,03852	0,06855	0,03520	1						
PC 13	-0,03131	-0,11743	0,00000	0,00000	0,00000	-0,00001	-0,00001	0,00000	0,00000	0,03071	0,00000	0,00000	0,00000	0,01121	1					
PC 14	0,02240	-0,03097	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	-0,04705	0,00000	0,00000	0,00000	0,09574	0,00000	1				
PC 15	-0,03754	-0,02947	0,00000	-0,00001	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	-0,02992	0,00000	0,00000	0,00000	0,06349	0,00000	0,00000	1			
PC 16	-0,08022	-0,14039	-0,00001	0,00000	0,00000	0,00000	-0,00001	0,00000	0,00000	-0,01640	0,00000	0,00000	0,00000	0,10729	0,00000	0,00000	0,00000	1		
PC 17	-0,08708	0,04234	0,00000	0,00001	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00001	-0,01800	0,00000	0,00000	0,00000	-0,10363	0,00000	0,00000	-0,00001	0,00000	1	
PC 18	0,07581	-0,04989	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	-0,00001	0,02899	0,00000	0,00000	0,00000	0,10022	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00001	1
PC 19	-0,01681	-0,03308	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00001	-0,00001	-0,02430	0,00000	-0,00001	0,00000	-0,27963	0,00000	-0,00001	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	-0,00001
PC 20	0,14612	-0,10670	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00431	-0,00001	0,00000	0,00000	-0,03193	0,00000	0,00000	0,00000	0,00001	0,00000	0,00000
PC 21	-0,04783	0,07844	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,01755	0,00000	0,00000	0,00000	0,04555	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
PC 22	-0,03077	-0,05663	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	-0,02663	0,00000	0,00000	0,00000	-0,04958	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
PC 23	0,00954	0,05918	-0,00203	-0,03512	0,02657	0,01890	0,00924	0,01126	0,00133	-0,04676	-0,02156	0,01781	-0,01165	0,10389	0,02437	0,06054	-0,01604	0,01638	0,05597	0,00154

	PC 19	PC 20	PC 21	PC 22	PC 23
Lat	0,45487	0,16084	0,37342	0,41778	0,47435
Long	0,41169	0,23521	0,29808	0,35111	0,34474
PC 1					
PC 2					
PC 3					
PC 4					
PC 5					
PC 6					
PC 7					
PC 8					
PC 9					
PC 10					
PC 11					
PC 12					
PC 13					
PC 14					
PC 15					
PC 16					
PC 17					
PC 18					
PC 19	1				
PC 20	0,00000	1			
PC 21	0,00000	0,00000	1		
PC 22	0,00000	0,00000	0,00000	1	
PC 23	0,02940	-0,00914	-0,01438	0,11448	1

в) Коэффициенти корелације географских положаја популација са њиховим координатама на првој (DIM1) и другој (DIM2) димензији приказаним на Слици 4.6.

	Lat	Long	DIM1	DIM2
Lat	1		0,00132	0,02203
Long	0,10251	1	0,49918	0,10250
DIM1	-0,63463	-0,00049	1	
DIM2	0,45456	-0,29606	0,00000	1

г) Коэффициенти корелације географских положаја популација са њиховим координатама на првој (DIM1) и другој (DIM2) димензији приказаним на Слици 4.8.

	Lat	Long	DIM1	DIM2
Lat	1		0,03385	0,32458
Long	0,09551	1	0,00653	0,32458
DIM 1	0,33240	0,44085	1	
DIM 2	0,08506	0,15117	0,00000	1

**Табела 8.12.** Параметри генетичке разноврсности (под)хаплогрупа које су заступљене са малим учесталостима у европским популацијама ("ретке хаплогрупе") добијени на основу анализе варијабилности секвенци *HVS-I* (16024-16365) и *HVS-I/HVS-II* региона (16024-16365; 72-340)

Ознаке региона: БИ - Блиски исток, АФ - Африка, СрЕ - средња Европа, ПП - Пиринејско полуострво, БП - Балканско полуострво, ЗЕ - западна Европа, АЗ – Азија без Блиског истока, АП - Апенинско полуострво, ИЕ - источна Европа, СЕ - северна Европа

(Под)хаплогрупа	R0a									
	HVS I					HVS I/HVS II				
Регион	N	Hp	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$	N	Hp	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$
БП	28	12	0.8651 ± 0.0466	0.007866 ± 0.004722	2.965608 ± 1.598842	23	14	0.9249 ± 0.0360	0.006902 ± 0.003936	4.458498 ± 2.280168
АП	33	20	0.9545 ± 0.0217	0.008058 ± 0.004790	3.037879 ± 1.623748	21	18	0.9810 ± 0.0225	0.006472 ± 0.003739	4.180952 ± 2.163759
ПП	17	6	0.7132 ± 0.1081	0.003199 ± 0.002401	1.205882 ± 0.808804	12	7	0.8788 ± 0.0751	0.004034 ± 0.002611	2.606061 ± 1.497973
ИЕ	2	2	1.0000 ± 0.5000	0.005305 ± 0.006497	2.000000 ± 1.732051	/	/	/	/	/
СрЕ	10	5	0.6667 ± 0.1633	0.006602 ± 0.004393	2.488889 ± 1.464281	8	5	0.7857 ± 0.1508	0.005860 ± 0.003756	3.785714 ± 2.130117
ЗЕ	7	6	0.9524 ± 0.0955	0.006568 ± 0.004605	2.476190 ± 1.515724	4	4	1.0000 ± 0.1768	0.005418 ± 0.004143	3.500000 ± 2.241144
БИ	155	69	0.9478 ± 0.0097	0.006839 ± 0.004081	2.578215 ± 1.390001	150	92	0.9743 ± 0.0075	0.006181 ± 0.003440	3.992841 ± 2.007890
АФ	49	17	0.8946 ± 0.0232	0.005747 ± 0.003598	2.166667 ± 1.222315	49	26	0.9422 ± 0.0189	0.005729 ± 0.003269	3.700660 ± 1.902629
АЗ	13	4	0.4231 ± 0.1645	0.001836 ± 0.001668	0.692308 ± 0.559502	13	4	0.4231 ± 0.1645	0.001746 ± 0.001362	1.128205 ± 0.782760

(Под)хаплогрупа	N1a									
	HVS I					HVS I/HVS II				
Регион	N	Hp	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$	N	Hp	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$
БП	43	11	0.8538 ± 0.0288	0.007150 ± 0.004306	2.695460 ± 1.461876	27	14	0.9373 ± 0.0230	0.007312 ± 0.004112	4.723647 ± 2.385299
АП	13	11	0.9615 ± 0.0496	0.017003 ± 0.009681	6.410256 ± 3.247045	13	11	0.9615 ± 0.0496	0.015956 ± 0.008758	10.307692 ± 5.033146
ПП	6	5	0.9333 ± 0.1217	0.011494 ± 0.007633	4.333333 ± 2.492210	1	1	1.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000	0.000000 ± 0.000000
ИЕ	40	16	0.7487 ± 0.0736	0.007638 ± 0.004556	2.879487 ± 1.546030	16	10	0.8667 ± 0.0793	0.011791 ± 0.006503	7.616667 ± 3.750655
СрЕ	26	12	0.8892 ± 0.0378	0.008357 ± 0.004982	3.150769 ± 1.685830	16	11	0.9250 ± 0.0504	0.009469 ± 0.005326	6.116667 ± 3.071635
ЗЕ	9	6	0.9167 ± 0.0725	0.006189 ± 0.004223	2.333333 ± 1.403433	2	2	1.0000 ± 0.5000	0.004644 ± 0.005362	3.000000 ± 2.449490
СЕ	24	12	0.8768 ± 0.0547	0.011600 ± 0.006619	4.373188 ± 2.238465	18	10	0.8954 ± 0.0504	0.009126 ± 0.005112	5.895425 ± 2.952900
БИ	79	43	0.9653 ± 0.0099	0.013917 ± 0.007536	5.246673 ± 2.563623	52	36	0.9789 ± 0.0090	0.013154 ± 0.006860	8.497738 ± 3.993813
АФ	27	10	0.8148 ± 0.0650	0.005093 ± 0.003329	1.920228 ± 1.126979	15	11	0.9524 ± 0.0403	0.008580 ± 0.004898	5.542857 ± 2.822049
АЗ	59	21	0.8819 ± 0.0285	0.011325 ± 0.006314	4.269433 ± 2.146231	11	10	0.9818 ± 0.0463	0.014917 ± 0.008362	9.636364 ± 4.788219

(Под)хаплогрупа	N1b									
	HVS I					HVS I/HVS II				
Регион	N	Hp	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$	N	Hp	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$
БП	25	13	0.9167 ± 0.0331	0.006384 ± 0.003996	2.406667 ± 1.351972	19	13	0.9415 ± 0.0375	0.007333 ± 0.004193	4.736842 ± 2.424042
АП	44	21	0.7918 ± 0.0638	0.006872 ± 0.004166	2.590909 ± 1.414635	36	18	0.8222 ± 0.0626	0.005912 ± 0.003384	3.819048 ± 1.966950
ПП	26	7	0.8123 ± 0.0473	0.003354 ± 0.002432	1.264615 ± 0.823068	18	10	0.9085 ± 0.0489	0.007153 ± 0.004116	4.620915 ± 2.377946
ИЕ	29	11	0.7931 ± 0.0573	0.007115 ± 0.004340	2.682266 ± 1.469910	5	2	0.6000 ± 0.1753	0.001858 ± 0.001644	1.200000 ± 0.908496
СрЕ	19	12	0.8713 ± 0.0725	0.009090 ± 0.005431	3.426901 ± 1.832069	18	12	0.8954 ± 0.0653	0.007103 ± 0.004091	4.588235 ± 2.363175
ЗЕ	10	4	0.7778 ± 0.0907	0.003242 ± 0.002537	1.222222 ± 0.845690	6	4	0.8000 ± 0.1721	0.004334 ± 0.003065	2.800000 ± 1.714643
СЕ	7	6	0.9524 ± 0.0955	0.010105 ± 0.006617	3.809524 ± 2.177817	3	3	1.0000 ± 0.2722	0.003612 ± 0.003313	2.333333 ± 1.715938
БИ	86	40	0.9409 ± 0.0138	0.005796 ± 0.003590	2.185226 ± 1.221680	70	41	0.9557 ± 0.0133	0.004674 ± 0.002735	3.019462 ± 1.593871
АФ	10	6	0.8889 ± 0.0754	0.005953 ± 0.004040	2.244444 ± 1.346793	6	5	0.9333 ± 0.1217	0.005779 ± 0.003913	3.733333 ± 2.188861

(Под)хаплогрупа	I1									
	HVS I					HVS I/HVS II				
Регион	N	Hp	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$	N	Hp	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$
БП	71	30	0.8958 ± 0.0253	0.007881 ± 0.004623	2.971026 ± 1.572275	32	17	0.9456 ± 0.0199	0.006170 ± 0.003524	3.985887 ± 2.046813
АП	31	16	0.9075 ± 0.0357	0.005488 ± 0.003512	2.068817 ± 1.190130	19	12	0.9181 ± 0.0468	0.006020 ± 0.003531	3.888889 ± 2.041320
ПП	55	20	0.8593 ± 0.0363	0.006930 ± 0.004175	2.612795 ± 1.418973	28	13	0.8386 ± 0.0639	0.005135 ± 0.003027	3.317460 ± 1.756467
ИЕ	94	31	0.8865 ± 0.0237	0.005632 ± 0.003506	2.123313 ± 1.193111	16	9	0.7667 ± 0.1134	0.003470 ± 0.002257	2.241667 ± 1.301856
СрЕ	64	29	0.8730 ± 0.0375	0.005701 ± 0.003558	2.149306 ± 1.209686	57	34	0.9336 ± 0.0257	0.005083 ± 0.002944	3.283835 ± 1.714787
ЗЕ	105	32	0.8474 ± 0.0241	0.005215 ± 0.003296	1.966117 ± 1.121878	25	22	0.9900 ± 0.0142	0.005789 ± 0.003368	3.740000 ± 1.952340
СЕ	120	27	0.8536 ± 0.0198	0.006238 ± 0.003795	2.351821 ± 1.292200	91	43	0.9419 ± 0.0150	0.006395 ± 0.003559	4.131380 ± 2.075455
БИ	33	18	0.9261 ± 0.0317	0.009766 ± 0.005635	3.681818 ± 1.910306	26	15	0.9477 ± 0.0238	0.006883 ± 0.003905	4.446154 ± 2.264740
АЗ	1	1	1.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000	0.000000 ± 0.000000	1	1	1.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000	0.000000 ± 0.000000

Табела 8.12. Наставак

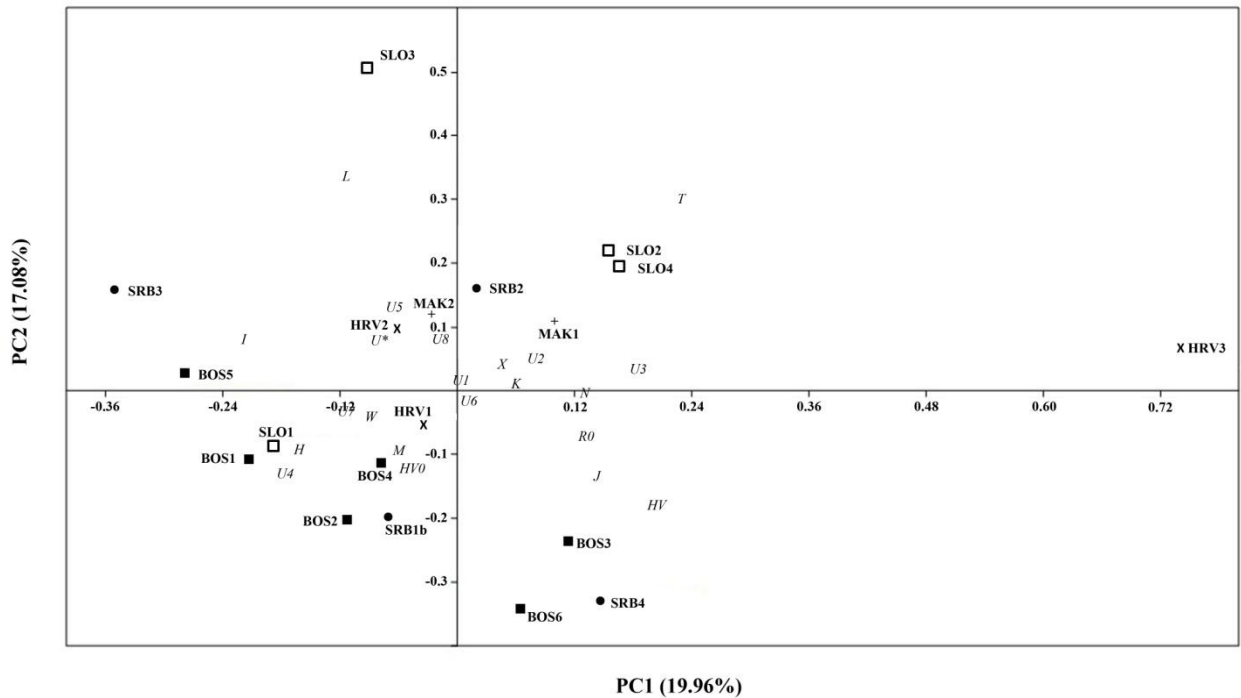
(Под)хаплогрупа	I5									
	HVS1			HVS1/HVSII						
Регион	N	H <sub>p</sub>	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$	N	H <sub>p</sub>	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$
БП	42	17	0.8990 ± 0.0284	0.007625 ± 0.004543	2.874564 ± 1.542289	22	13	0.9481 ± 0.0251	0.006380 ± 0.003684	4.121212 ± 2.132860
АП	41	17	0.9000 ± 0.0293	0.007621 ± 0.004544	2.873171 ± 1.542425	21	17	0.9524 ± 0.0399	0.005160 ± 0.003079	3.333333 ± 1.781798
ПП	26	12	0.8431 ± 0.0638	0.004881 ± 0.003225	1.840000 ± 1.091460	9	7	0.9444 ± 0.0702	0.004042 ± 0.002701	2.611111 ± 1.538136
ИЕ	12	7	0.8939 ± 0.0627	0.004984 ± 0.003443	1.878788 ± 1.152906	1	1	1.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000	0.000000 ± 0.000000
СрЕ	23	14	0.9486 ± 0.0264	0.008345 ± 0.005003	3.146245 ± 1.691095	18	14	0.9739 ± 0.0253	0.007831 ± 0.004459	5.058824 ± 2.575719
ЗЕ	60	15	0.7028 ± 0.0577	0.002915 ± 0.002149	1.098870 ± 0.730518	6	6	1.0000 ± 0.0962	0.008669 ± 0.005596	5.600000 ± 3.130495
СЕ	25	8	0.7433 ± 0.0683	0.004704 ± 0.003140	1.773333 ± 1.062117	9	6	0.8889 ± 0.0910	0.005762 ± 0.003640	3.722222 ± 2.072435
БИ	29	14	0.8670 ± 0.0528	0.007566 ± 0.004565	2.852217 ± 1.546290	27	13	0.8547 ± 0.0602	0.005482 ± 0.003204	3.541311 ± 1.858604
АФ	3	1	1.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000	0.000000 ± 0.000000	3	3	1.0000 ± 0.2722	0.002064 ± 0.002121	1.333333 ± 1.098339

(Под)хаплогрупа	W									
	HVS1			HVS1/HVSII						
Регион	N	H <sub>p</sub>	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$	N	H <sub>p</sub>	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$
БП	142	44	0.9298 ± 0.0098	0.006919 ± 0.004123	2.608531 ± 1.404021	81	50	0.9679 ± 0.0095	0.009233 ± 0.004930	5.964506 ± 2.874377
АП	75	39	0.9557 ± 0.0125	0.007611 ± 0.004487	2.869189 ± 1.526437	54	43	0.9888 ± 0.0065	0.008760 ± 0.004733	5.658980 ± 2.756158
ПП	83	17	0.8930 ± 0.0180	0.005292 ± 0.003342	1.995004 ± 1.137162	37	24	0.9580 ± 0.0217	0.005629 ± 0.003243	3.636637 ± 1.884977
ИЕ	102	37	0.8546 ± 0.0255	0.005518 ± 0.003447	2.080373 ± 1.173155	28	24	0.9868 ± 0.0141	0.007011 ± 0.003957	4.529101 ± 2.296203
СрЕ	137	62	0.9455 ± 0.0113	0.007414 ± 0.004364	2.794976 ± 1.486259	108	78	0.9894 ± 0.0037	0.008193 ± 0.004416	5.292489 ± 2.576206
ЗЕ	82	35	0.8479 ± 0.0355	0.004736 ± 0.003066	1.785607 ± 1.043224	41	32	0.9841 ± 0.0101	0.005854 ± 0.003344	3.781707 ± 1.944816
СЕ	143	29	0.5959 ± 0.0484	0.002669 ± 0.002000	1.006205 ± 0.681018	119	44	0.8526 ± 0.0282	0.003715 ± 0.002251	2.399943 ± 1.313558
БИ	69	35	0.9395 ± 0.0162	0.007770 ± 0.004571	2.929241 ± 1.554395	62	43	0.9762 ± 0.0095	0.007712 ± 0.004216	4.982020 ± 2.455774
АФ	2	2	1.0000 ± 0.5000	0.002653 ± 0.003751	1.000000 ± 1.000000	2	2	1.0000 ± 0.5000	0.001548 ± 0.002189	1.000000 ± 1.000000
АЗ	29	20	0.9089 ± 0.0489	0.007376 ± 0.004471	2.780788 ± 1.514210	29	26	0.9926 ± 0.0111	0.008537 ± 0.004704	5.514778 ± 2.730318

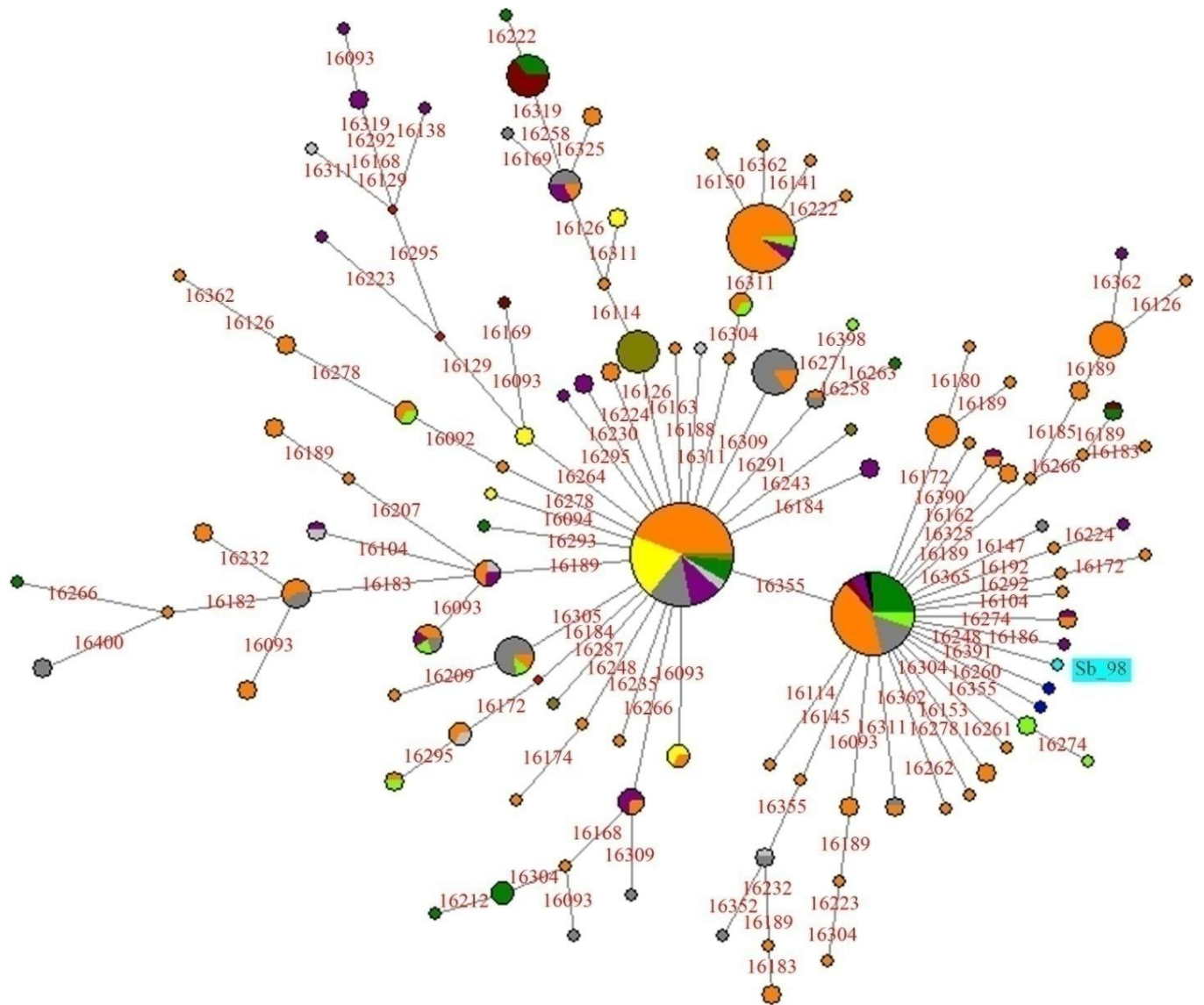
(Под)хаплогрупа	X2b									
	HVS1			HVS1/HVSII						
Регион	N	H <sub>p</sub>	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$	N	H <sub>p</sub>	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$
БП	73	40	0.9422 ± 0.0194	0.008304 ± 0.004827	3.130518 ± 1.641936	44	35	0.9863 ± 0.0089	0.009761 ± 0.005241	6.295983 ± 3.044618
АП	68	32	0.9144 ± 0.0258	0.005963 ± 0.003684	2.248025 ± 1.252823	41	33	0.9866 ± 0.0095	0.008253 ± 0.004516	5.323171 ± 2.622707
ПП	64	22	0.8021 ± 0.0411	0.003980 ± 0.002695	1.500496 ± 0.916470	40	24	0.9603 ± 0.0162	0.005542 ± 0.003193	3.574359 ± 1.854202
ИЕ	27	18	0.9316 ± 0.0389	0.009733 ± 0.005660	3.669516 ± 1.915882	3	3	1.0000 ± 0.2722	0.004134 ± 0.003711	2.666667 ± 1.918994
СрЕ	37	21	0.9369 ± 0.0259	0.006237 ± 0.003868	2.351351 ± 1.312311	33	27	0.9811 ± 0.0145	0.006181 ± 0.003527	3.986742 ± 2.045533
ЗЕ	52	17	0.7489 ± 0.0593	0.003467 ± 0.002442	1.306938 ± 0.829733	25	14	0.9233 ± 0.0354	0.004672 ± 0.002810	3.013333 ± 1.626224
СЕ	35	14	0.8185 ± 0.0519	0.003999 ± 0.002741	1.507563 ± 0.929664	31	19	0.9118 ± 0.0424	0.005131 ± 0.003015	3.309677 ± 1.747806
БИ	29	17	0.9089 ± 0.0379	0.006324 ± 0.003943	2.384236 ± 1.335491	19	14	0.9474 ± 0.0379	0.006383 ± 0.003715	4.116959 ± 2.144405
АФ	3	3	1.0000 ± 0.2722	0.005305 ± 0.005002	2.000000 ± 1.511858	3	3	1.0000 ± 0.2722	0.010336 ± 0.008369	6.666667 ± 4.327835

(Под)хаплогрупа	HV2									
	HVS1			HVS1/HVSII						
Регион	N	H <sub>p</sub>	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$	N	H <sub>p</sub>	H	$\hat{\pi}_n$	$\pi$
БП	12	7	0.8333 ± 0.1002	0.006953 ± 0.004495	2.621212 ± 1.505110	7	6	0.9524 ± 0.0955	0.008698 ± 0.005441	5.619048 ± 3.068340
АП	6	3	0.7333 ± 0.1552	0.003714 ± 0.003032	1.400000 ± 0.989949	5	5	1.0000 ± 0.1265	0.008050 ± 0.005476	5.200000 ± 3.026066
ИЕ	4	4	1.0000 ± 0.1768	0.007958 ± 0.006221	3.000000 ± 1.963961	1	1	1.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000	0.000000 ± 0.000000
СрЕ	1	1	1.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000	0.000000 ± 0.000000	1	1	1.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000	0.000000 ± 0.000000
СЕ	1	1	1.0000 ± 0.5000	0.007958 ± 0.009189	3.000000 ± 2.449490	1	1	1.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000	0.000000 ± 0.000000
БИ	17	12	0.9191 ± 0.0571	0.008270 ± 0.005049	3.117647 ± 1.700772	17	15	0.9779 ± 0.0313	0.009777 ± 0.005460	6.316176 ± 3.151574
АЗ	3	3	1.0000 ± 0.2722	0.005305 ± 0.005002	2.000000 ± 1.511858	3	3	1.0000 ± 0.2722	0.007224 ± 0.006037	4.666667 ± 3.126944

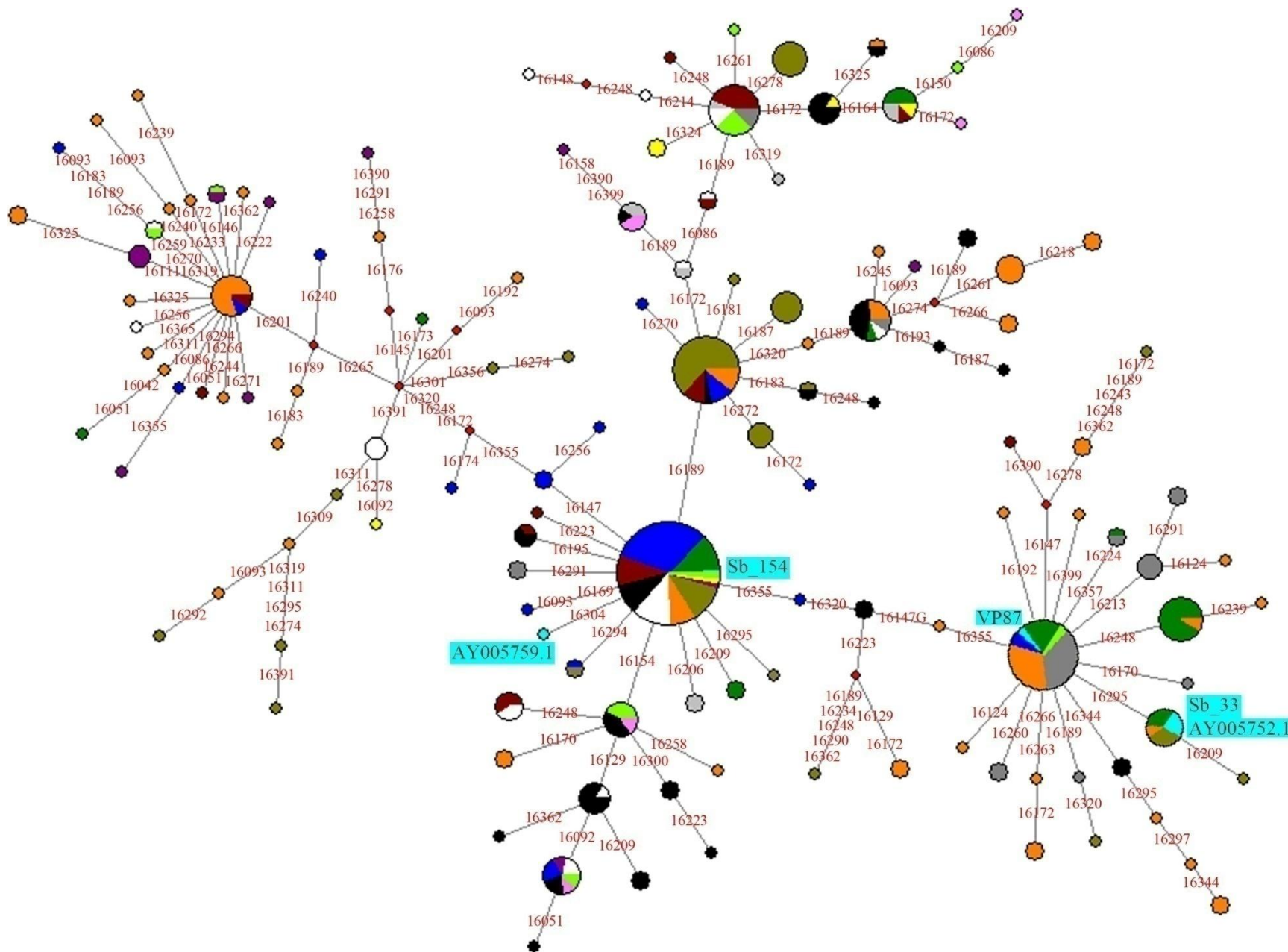
Легенда:  
 N - број јединки, H<sub>p</sub> - број хаплотипова, H - разноврсност хаплотипова,  $\hat{\pi}_n$  - нуклеотидна разноврсност,  $\pi$  - средњи број разлика између парова хаплотипова



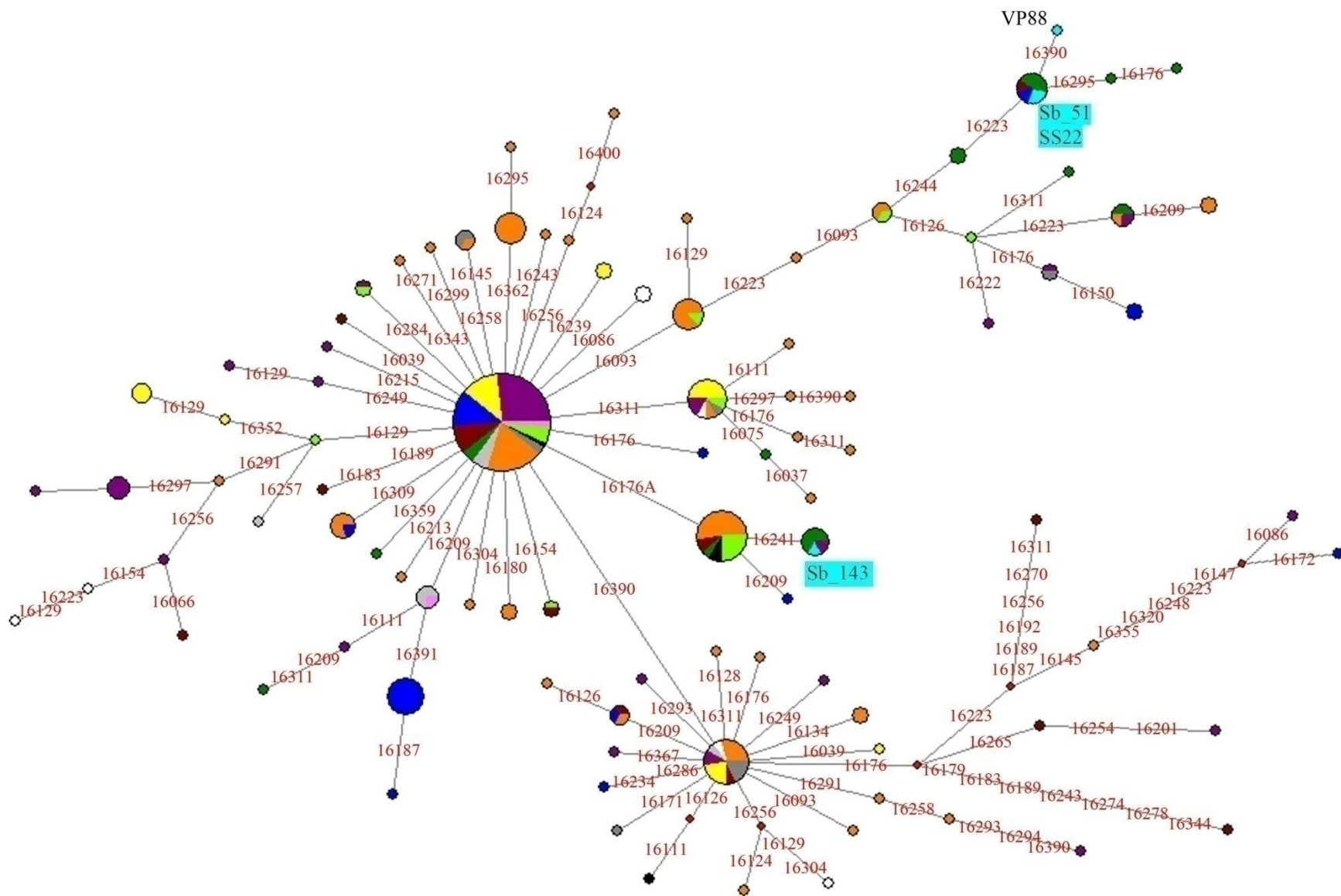
**Слика 8.1.** Анализа главних компоненти базирана на учесталости мтДНК (под)хаплогрупа код субпопулација пет јужнословенских популација. Допринос сваке од (под)хаплогрупа на расподелу дуж прве и друге главне компоненте (*PC1* и *PC2*) приказан је сивим *italic* словима. Ознаке популација су као и на Слици 4.1.



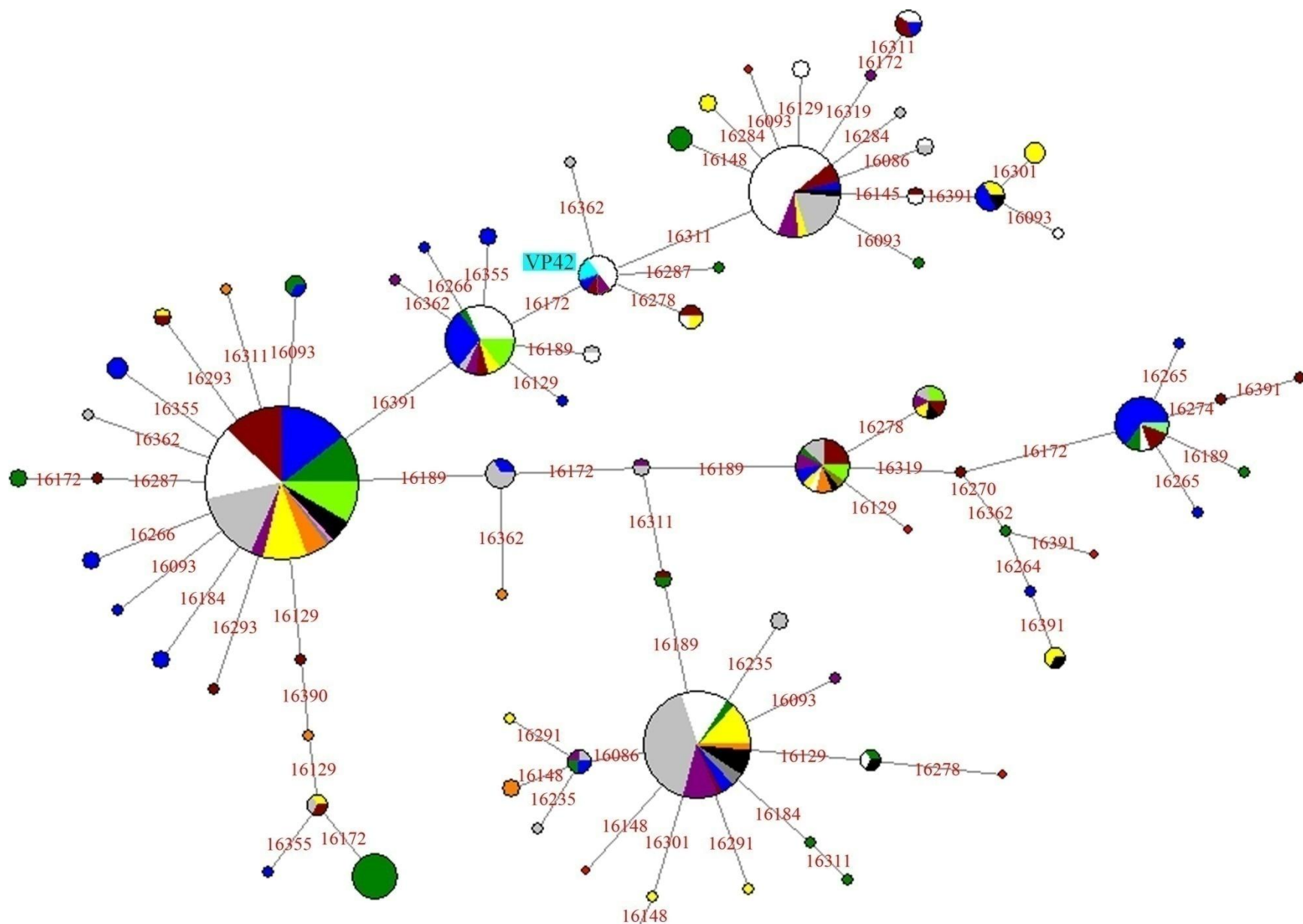
**Слика 8.2.** Хаплотип мрежа подхаплогрупе *R0a*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона код 334 јединке на основу чега је детектовано 108 хаплотипова. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележен је хаплотип детектован у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.



Слика 8.3. Хаплотип мрежа подхаплогрупе *N1a*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона код 395 јединки на основу чега је детектовано 129 хаплотипова. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Сlici 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији.

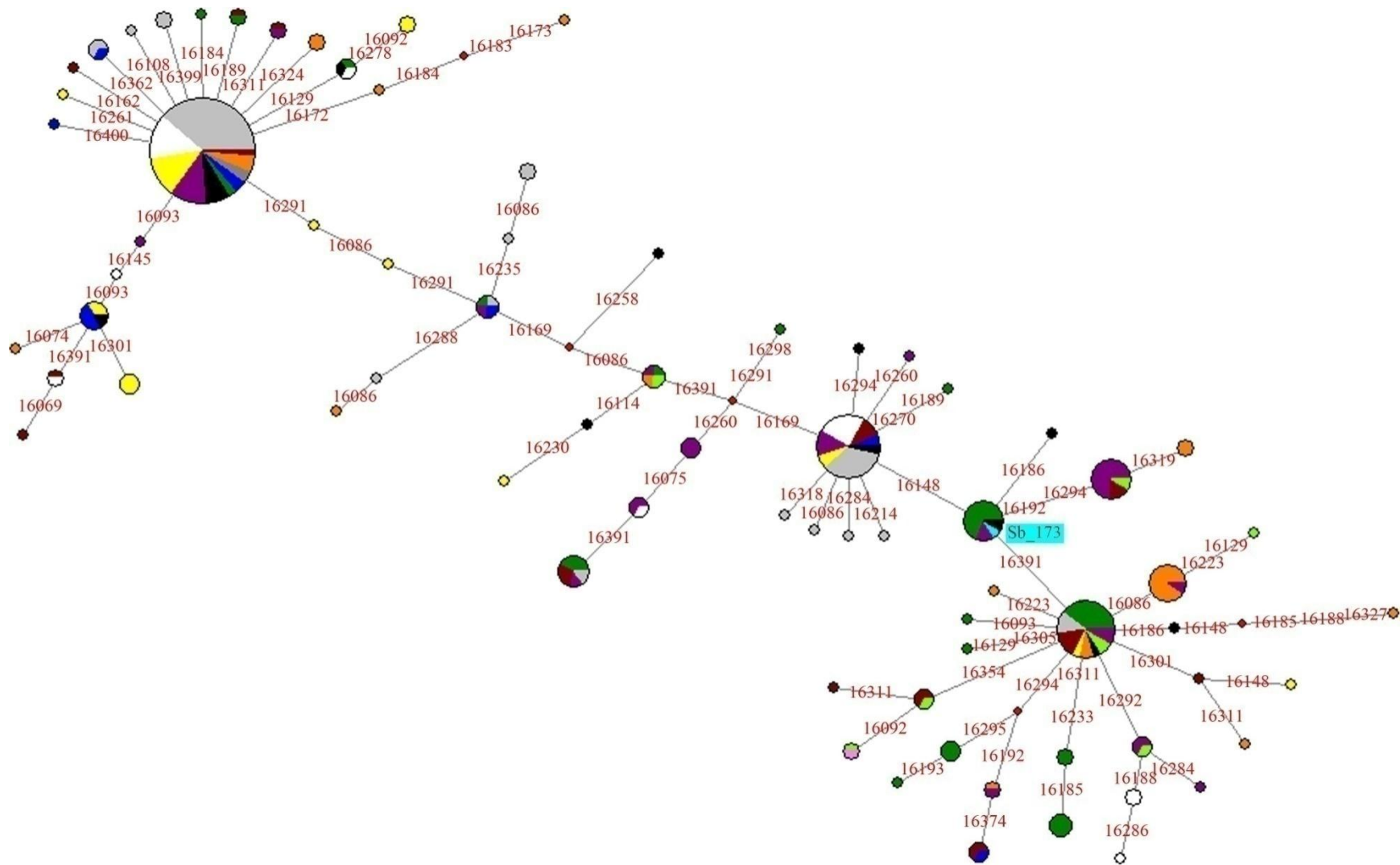


**Слика 8.4.** Хаплотип мрежа подхаплогрупе *N1b*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона код 278 јединки на основу чега су детектована 93 хаплотипа. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

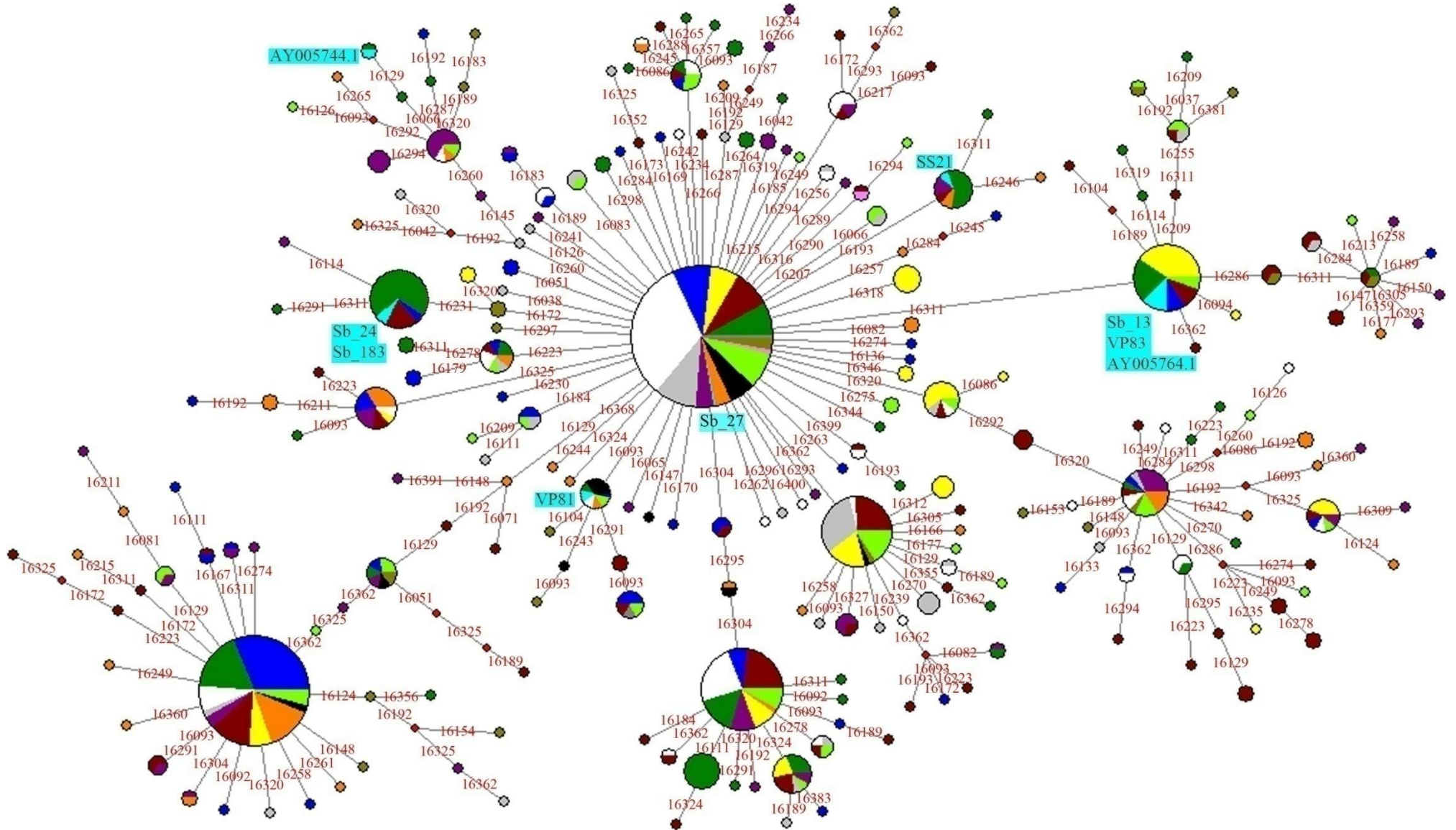


Слика 8.5. Хаплотип мрежа подхаплогрупе II. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона код 632 јединке на основу чега је детектован 141 хаплотип. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Сlici 4.14. Светло плавом бојом обележен је хаплотип детектован у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

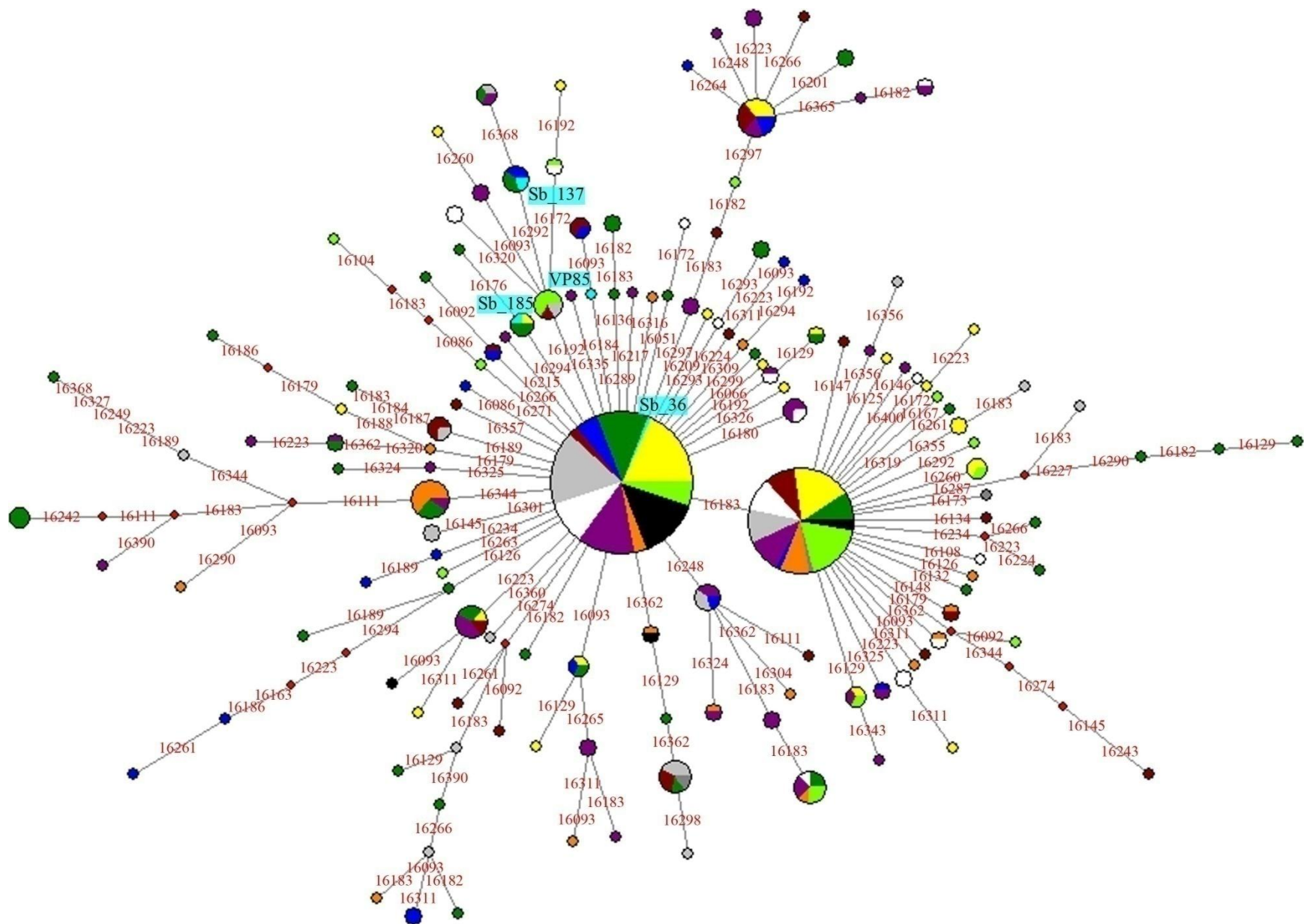


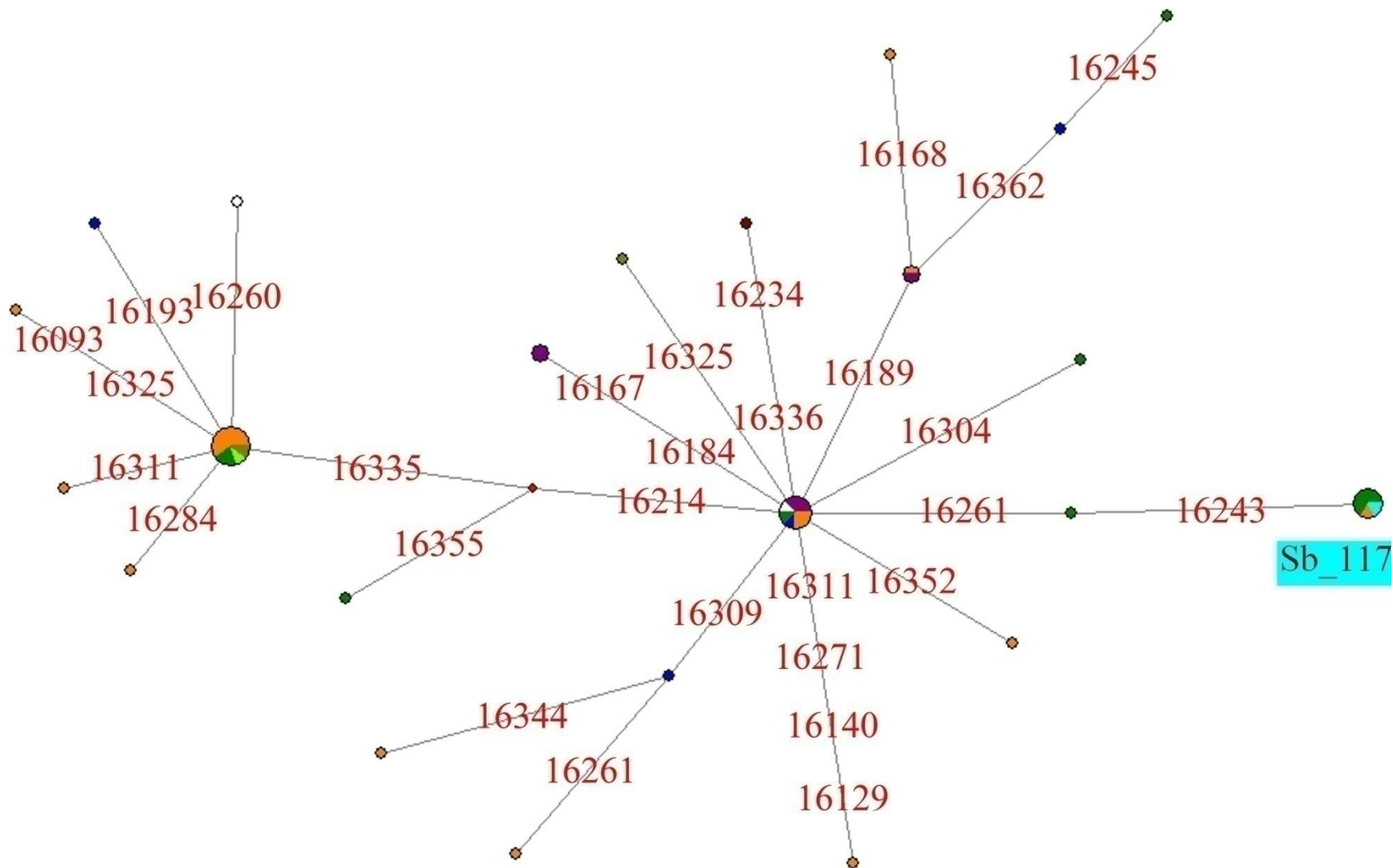


**Слика 8.6.** Хаплотип мрежа подхаплогрупе *I5*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона код 287 јединки на основу чега су детектована 73 хаплотипа. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележен је хаплотип детектован у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

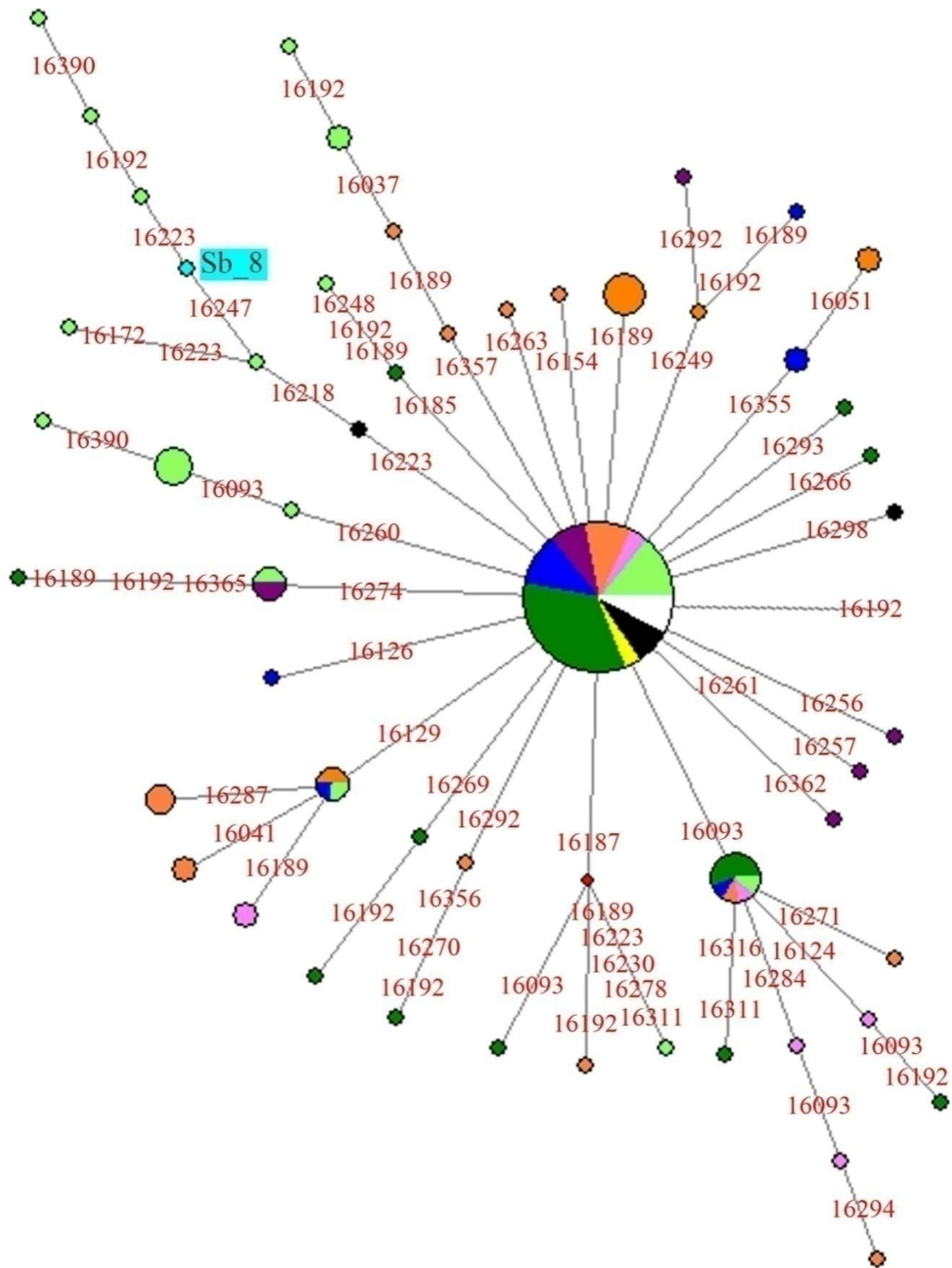


Слика 8.7. Хаплотип мрежа подхаплогрупе W. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона код 969 јединки на основу чега је детектовано 227 хаплотипова. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележени су хаплотипови детектовани у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.

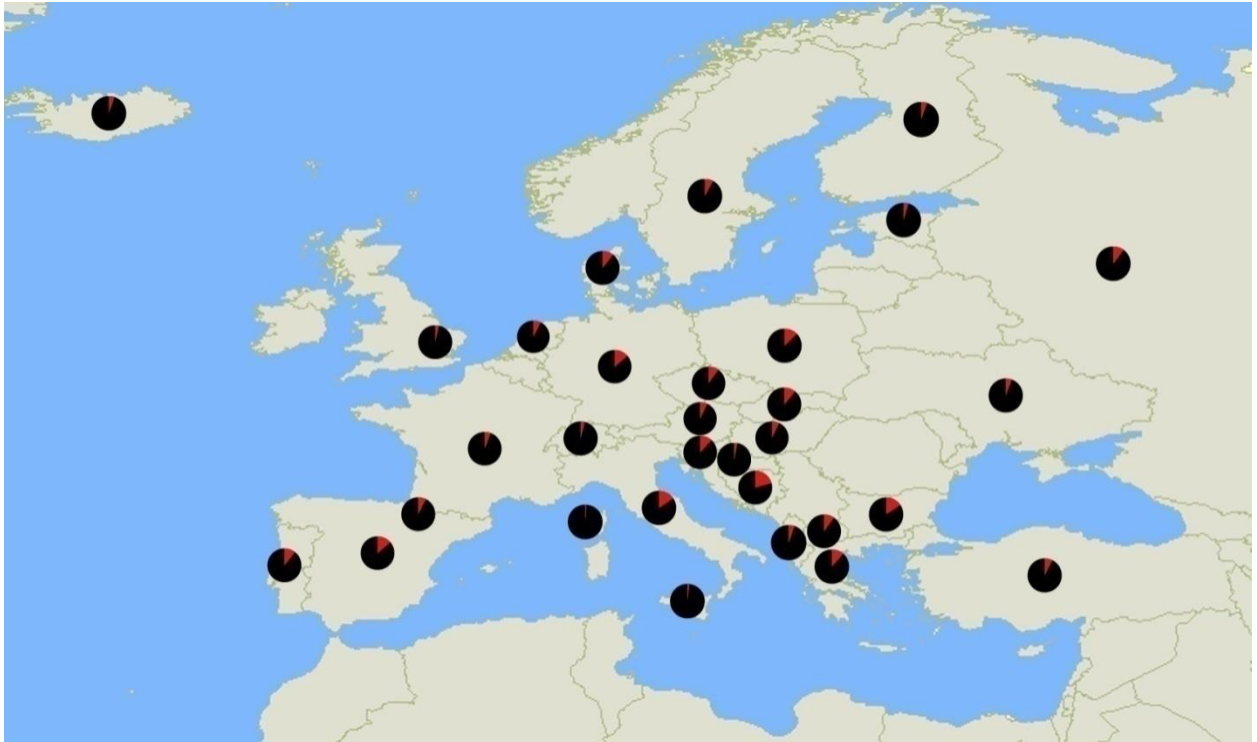




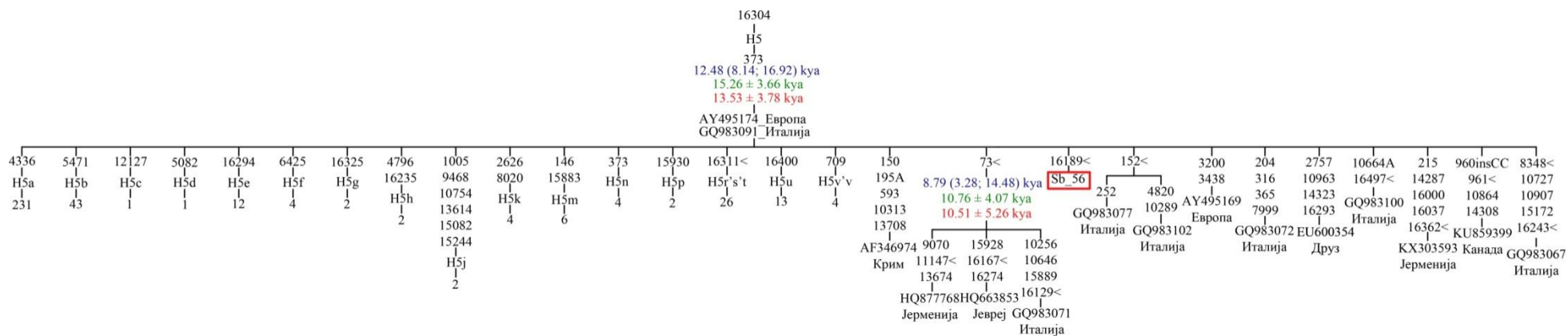
**Слика 8.9.** Хаплотип мрежа подхаплогрупе *HV2*. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* региона код 46 јединки на основу чега су детектована 23 хаплотипа. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.14. Светло плавом бојом обележен је хаплотип детектован у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.



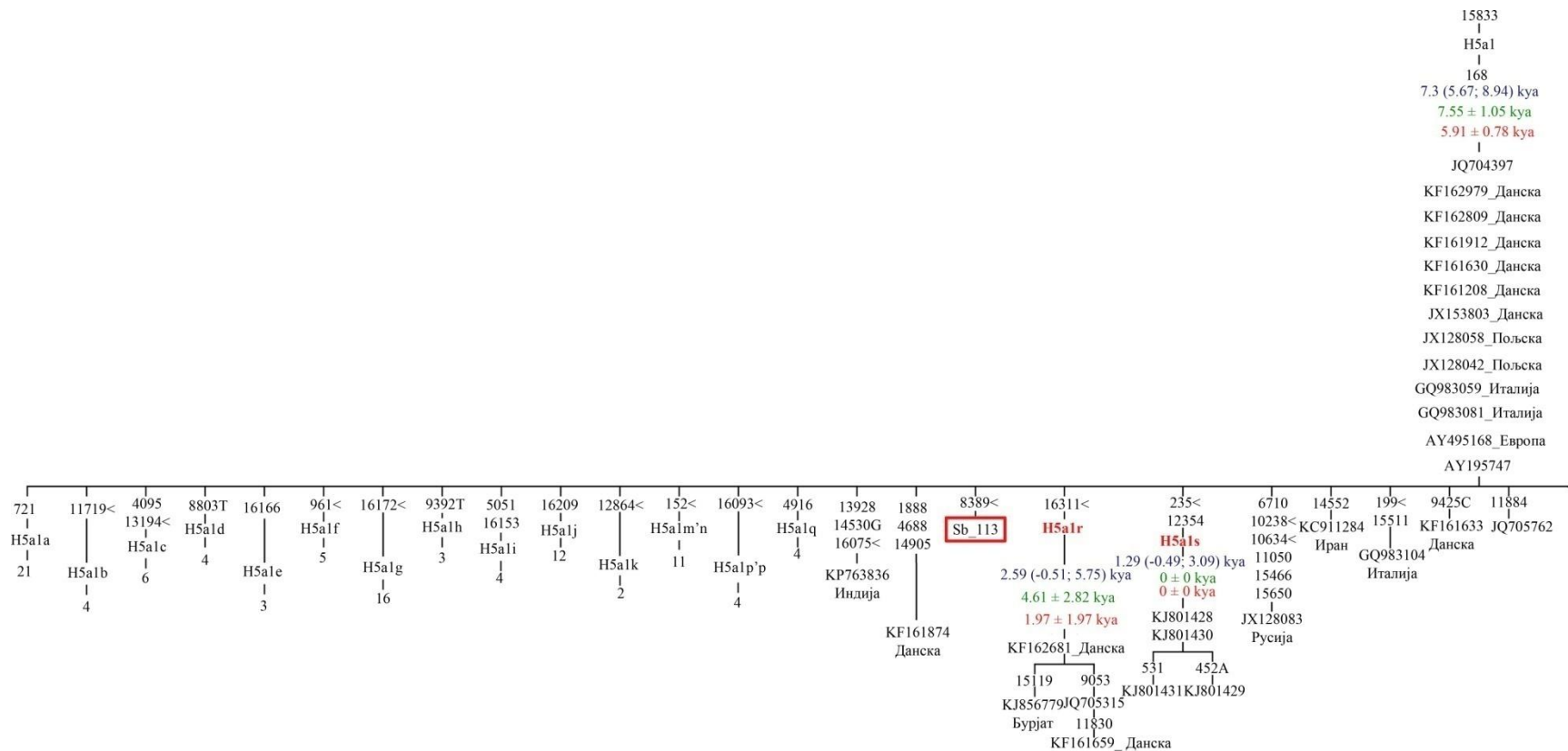
**Слика 8.10.** Део хаплотип мреже подхаплогрупе *L2a1*, на којој је приказана подхаплогрупа *L2a1k1* и део мреже који је дефинисан транзицијом на позицији 16192. *L2a1k1* грана је дефинисана полиморфизмом на позицији 16218. Мрежа је реконструисана на основу варијабилности секвенце *HVS-I* код 1238 јединки на основу чега је детектовано 450 хаплотипова. Географско порекло хаплотипова приказано је у легенди на Слици 4.22. Светло плавом бојом обележен је хаплотип детектован у српској популацији. Хипотетички предачки хаплотипови који нису детектовани у популацији обележени су малим црвеним квадратима.



**Слика 8.11.** Заступљеност хаплотипова дефинисаних на основу варијабилности секвенци *HVS-I/HVS-II* региона који су заједнички за српску и остале европске популације. У сваком кругу црвеном бојом означена је заступљеност хаплотипова који су заједнички за српску и одговарајућу европску популацију. Процентуалне заступљености хаплотипова који су заједнички за српску и друге европске популације дате су у Табели 8.7 (Прилог).

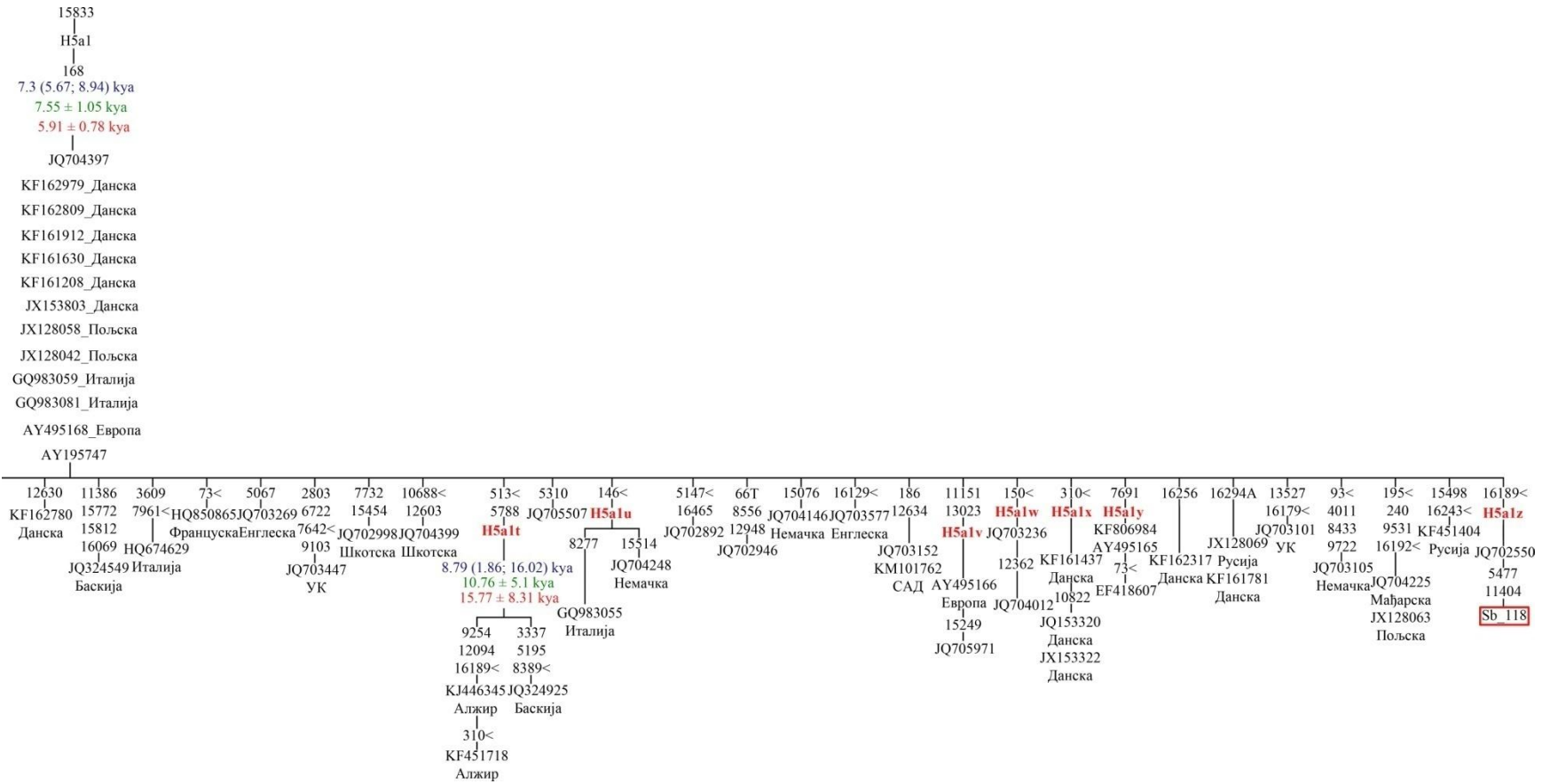


**Слика 8.12.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *H5* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, *ins* обележава инсерцију. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце су представљени у Табели 8.8 (Прилог).

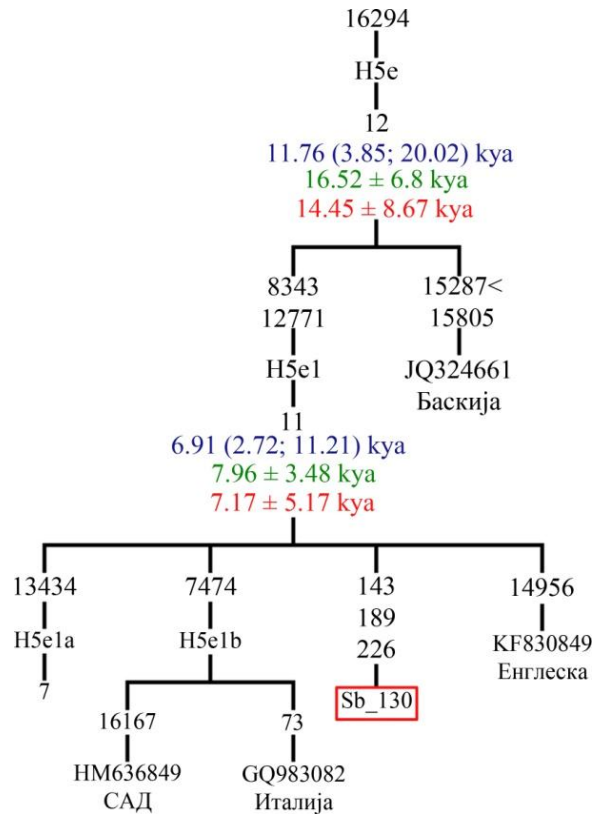


**Слика 8.13.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *H5a1* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*кya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце су представљени у Табели 8.8 (Прилог).

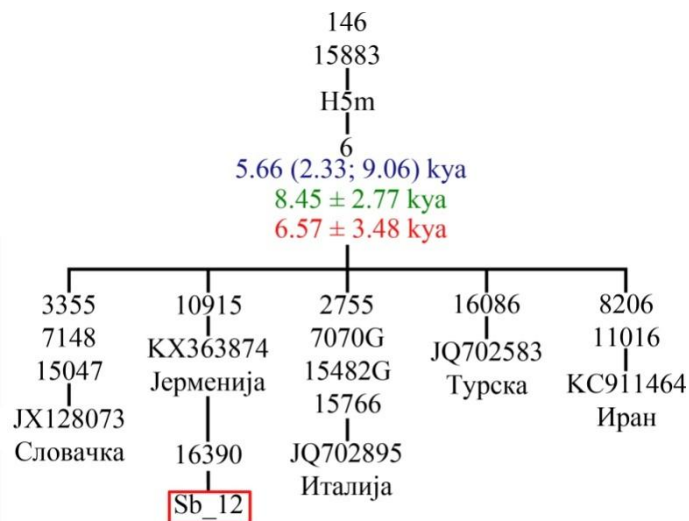




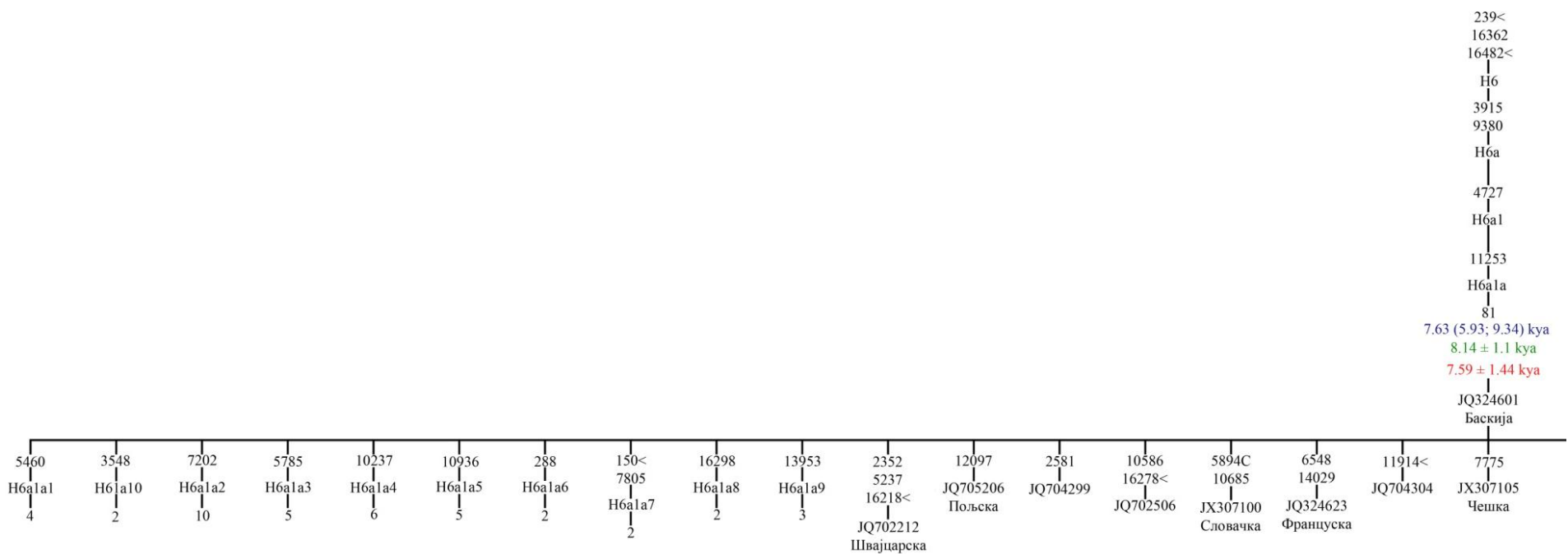
Слика 8.13. Наставак



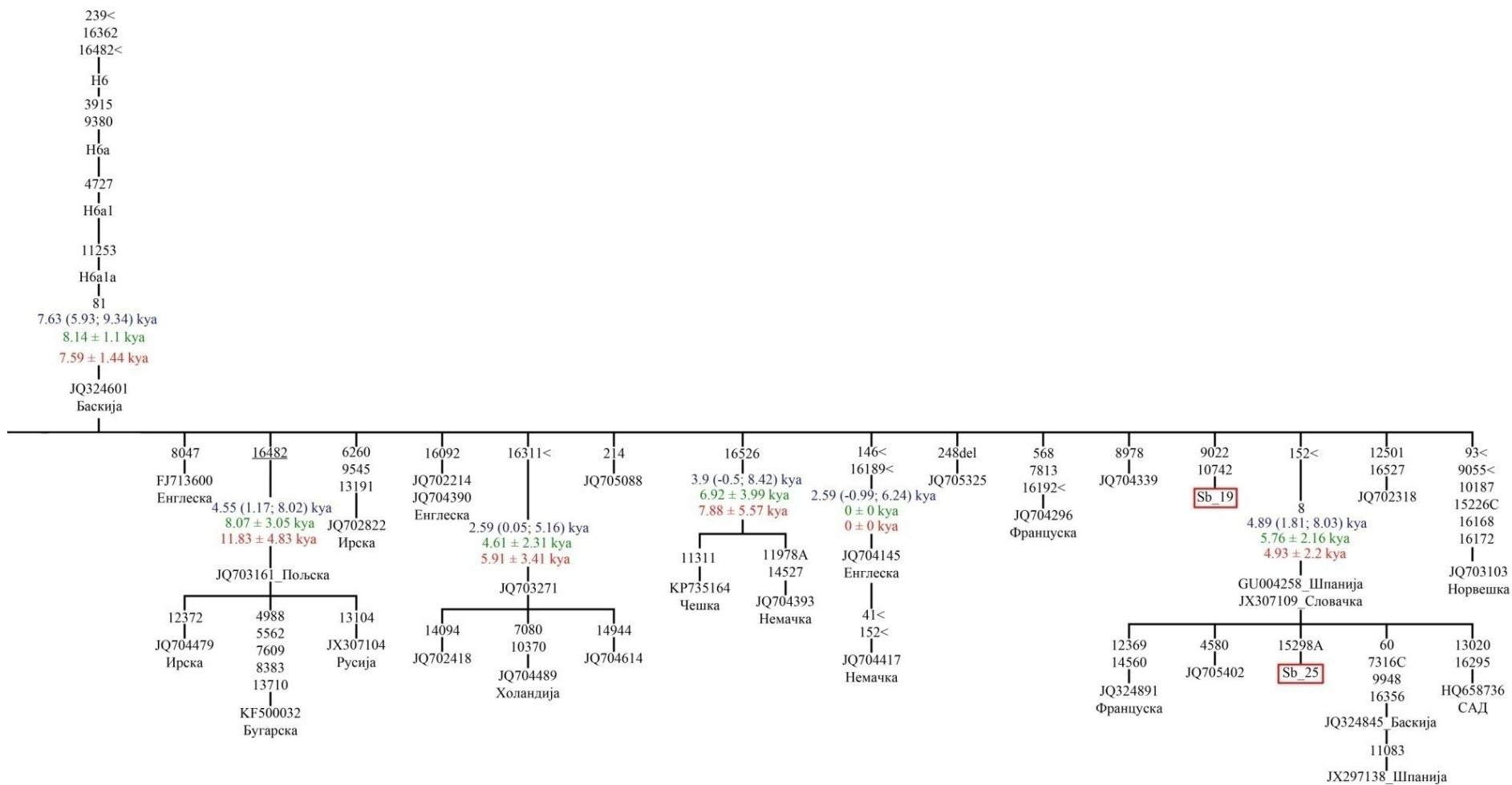
**Слика 8.14.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *H5e* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позицију са рекурентном мутацијом. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Број који се налази испод подхаплогрупе *H5e1a* означава број комплетних *H5e1a* митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце су представљени у Табели 8.8 (Прилог).



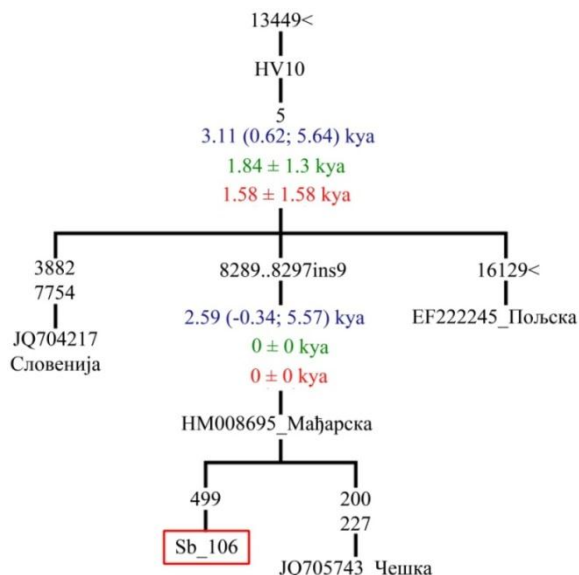
**Слика 8.15.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *H5m* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, позиције са трансверзијом обележене су суфиксом. Процене времена настанка подхаплогрупе *H5m* у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



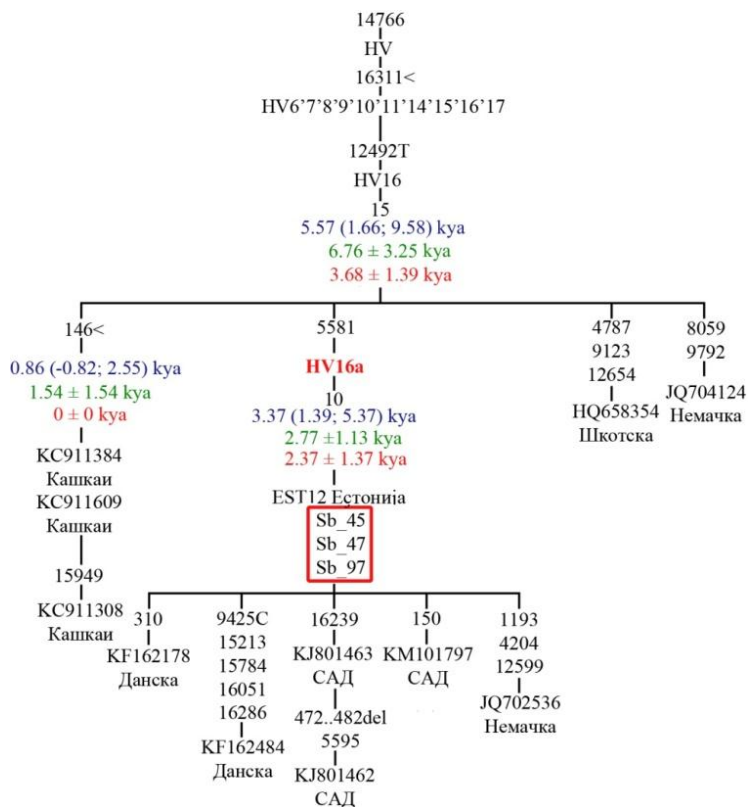
**Слика 8.16.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *H6a1a* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиција са повратном мутацијом је подвучена, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, *del* обележава делеције. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце су представљени у Табели 8.8 (Прилог).



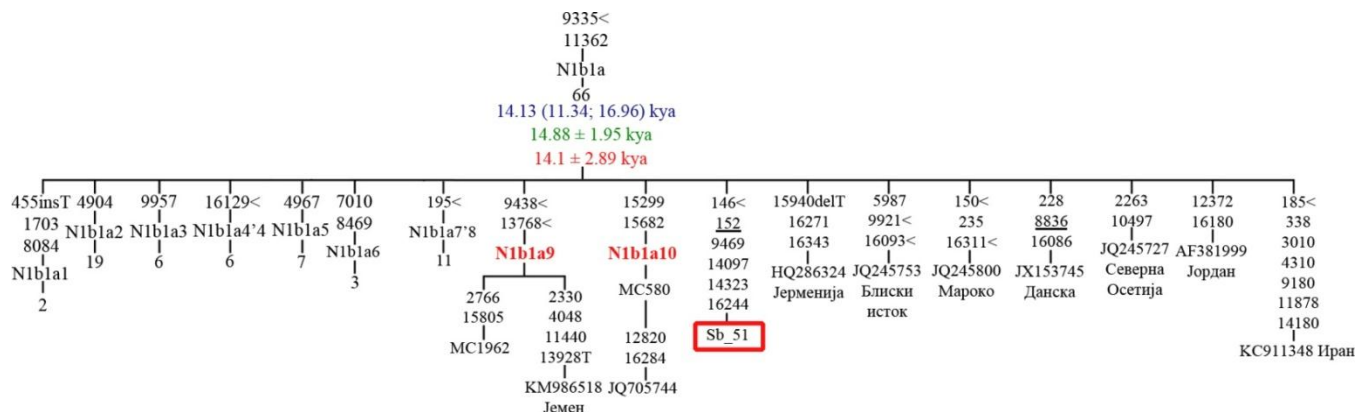
Слика 8.16. Наставак



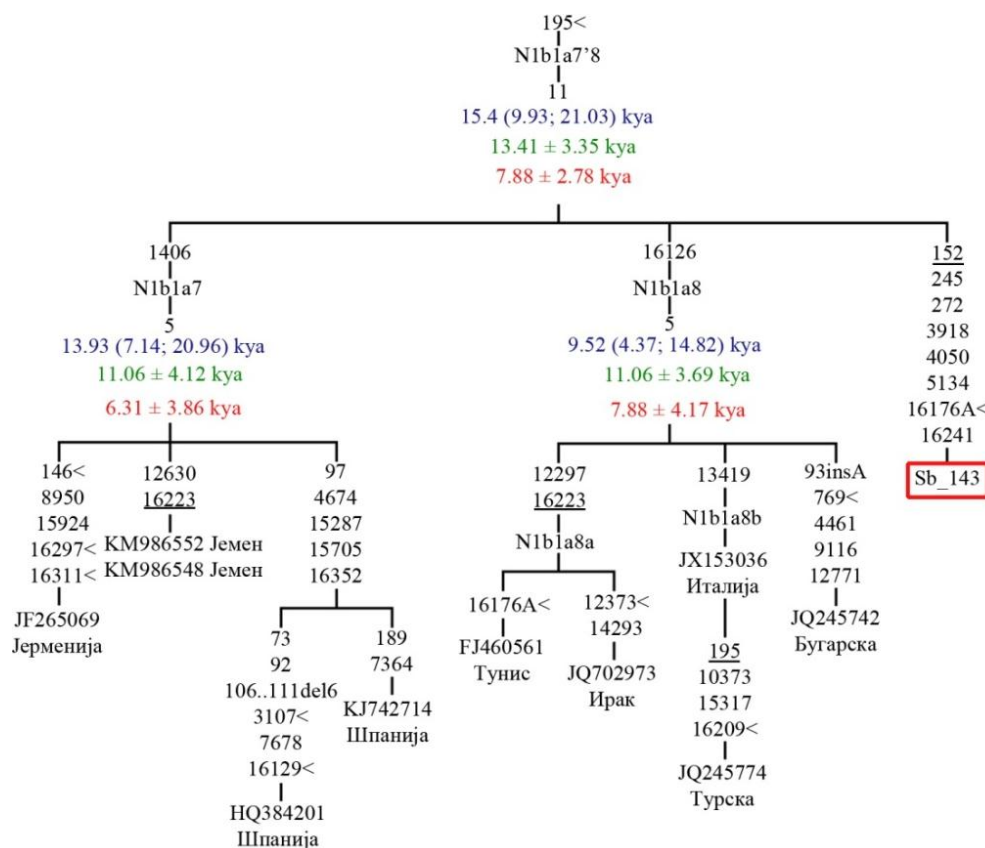
**Слика 8.17.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *HV10* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, *ins* обележава инсерције. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



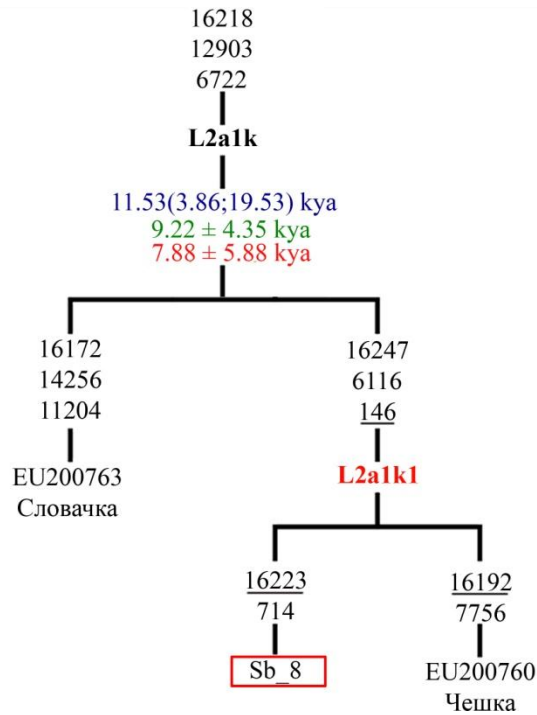
**Слика 8.18.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *HV16* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, *del* обележава делеције, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, новедефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



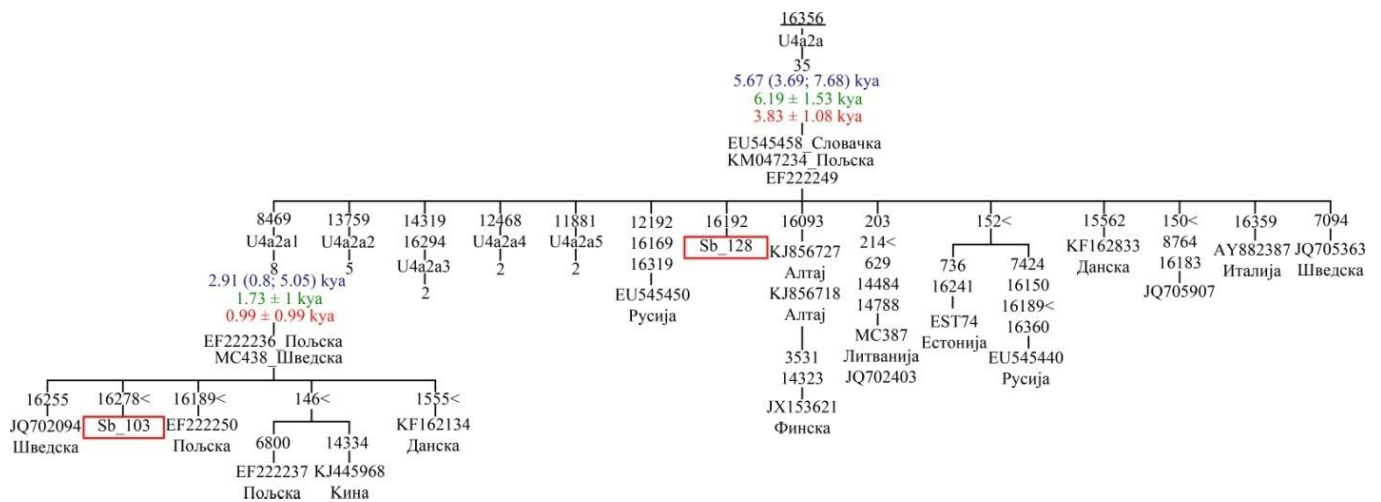
**Слика 8.19.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *N1b1a* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиција са трансверзијом обележена је суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *ins* обележава инсерције, *del* обележава делеције, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупе *N1b1a* у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце су представљени у Табели 8.8 (Прилог).



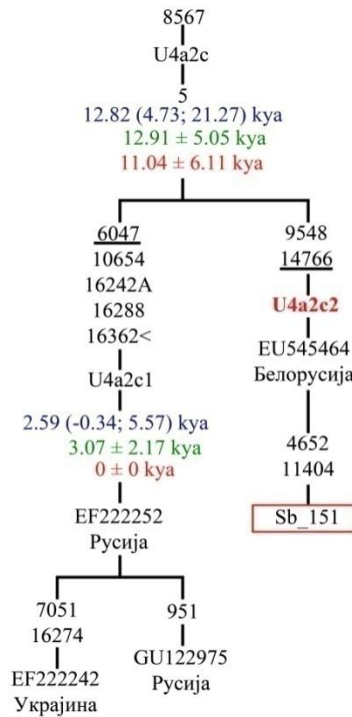
**Слика 8.20.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *N1b1a7'8* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *ins* обележава инсерције, *del* обележава делеције. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



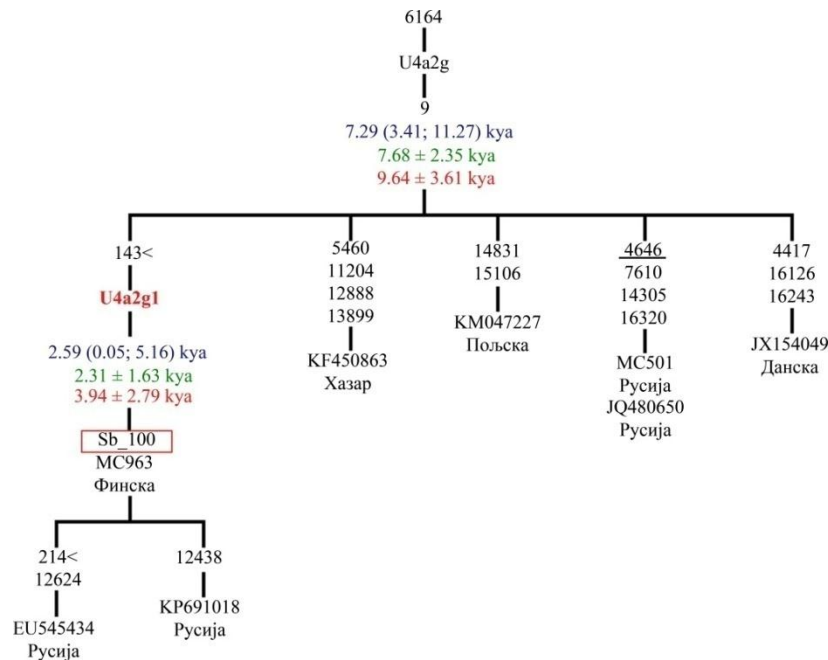
**Слика 8.21.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *L2a1k* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, позиције са повратним мутацијама су подвучене. Процене времена настанка подхаплогрупе *L2a1k* у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



**Слика 8.22.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U4a2a* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиција са повратном мутацијом је подвучена. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).



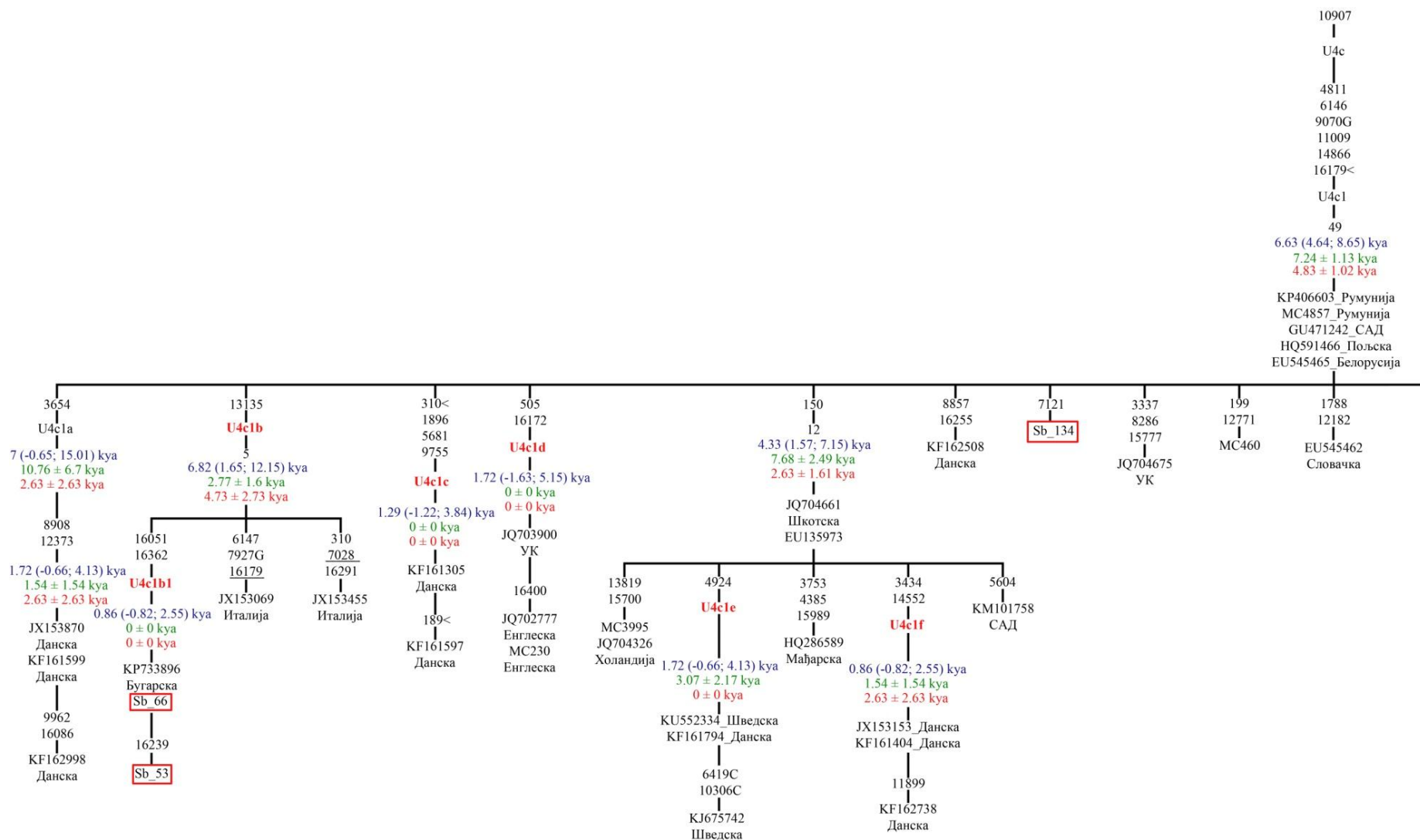
**Слика 8.23.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U4a2c* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позицију са рекурентном мутацијом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, позиција са трансверзијом обележена је суфиксом, новедефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



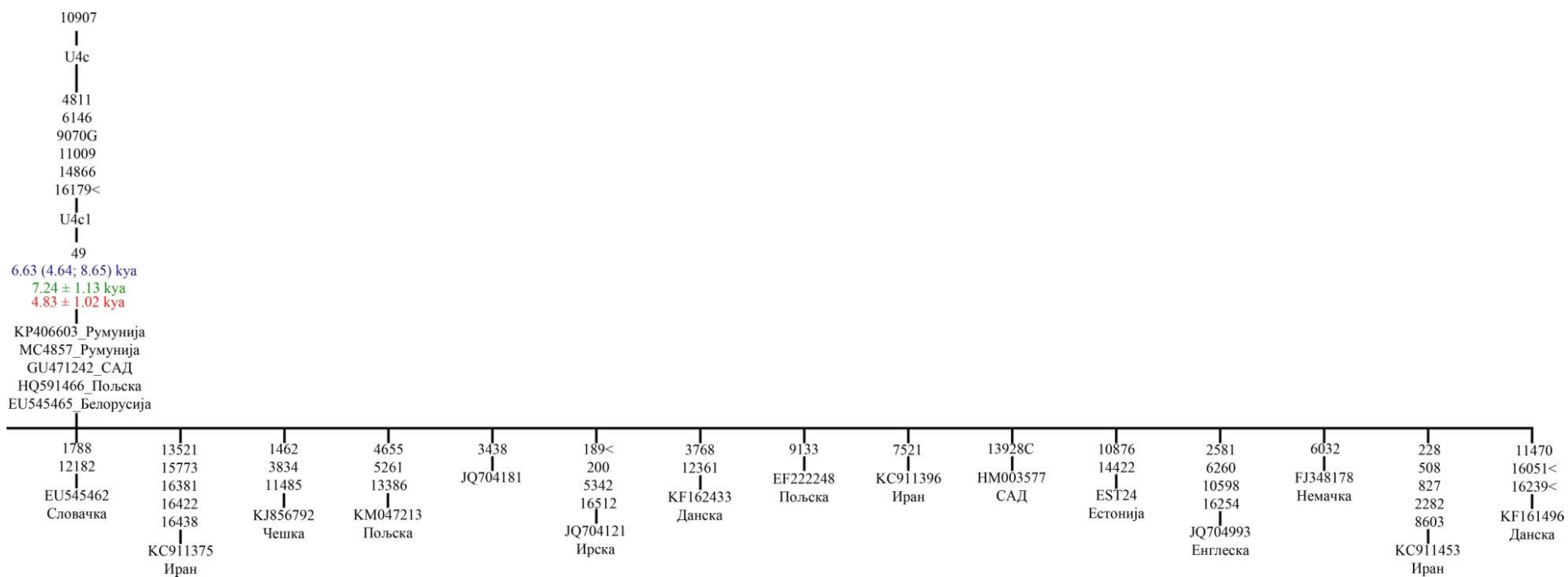
**Слика 8.24.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U4a2g* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиција са повратном мутацијом је подвучена, новедефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



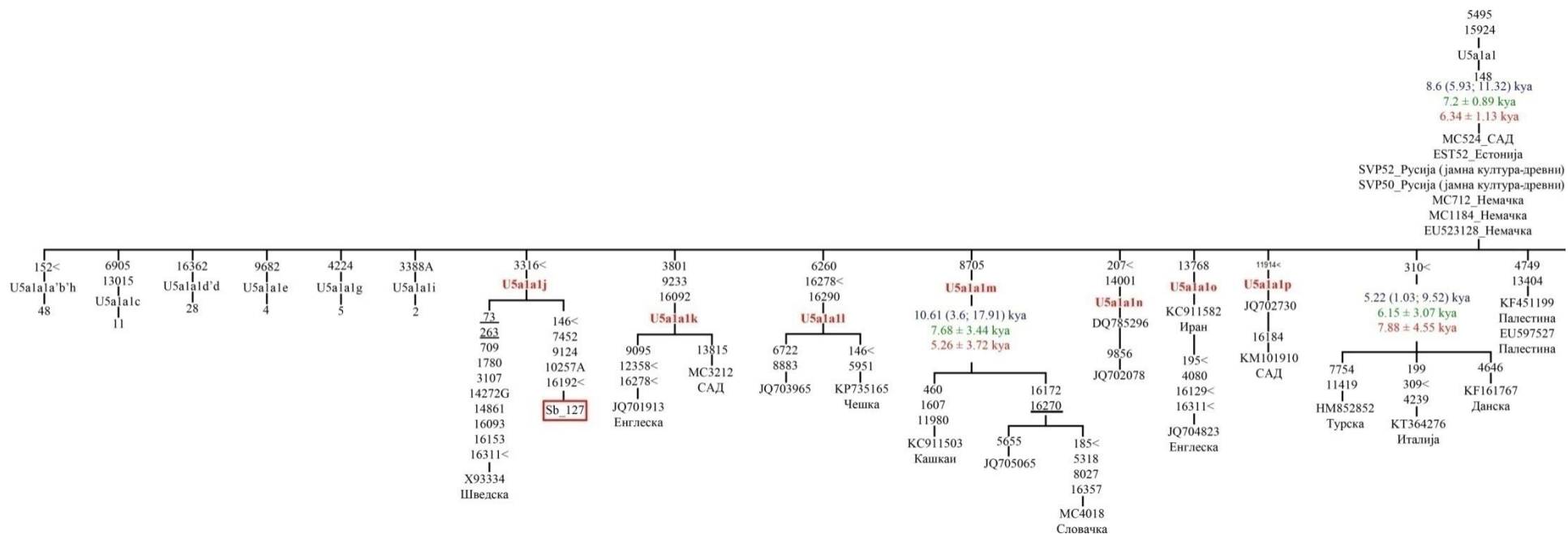




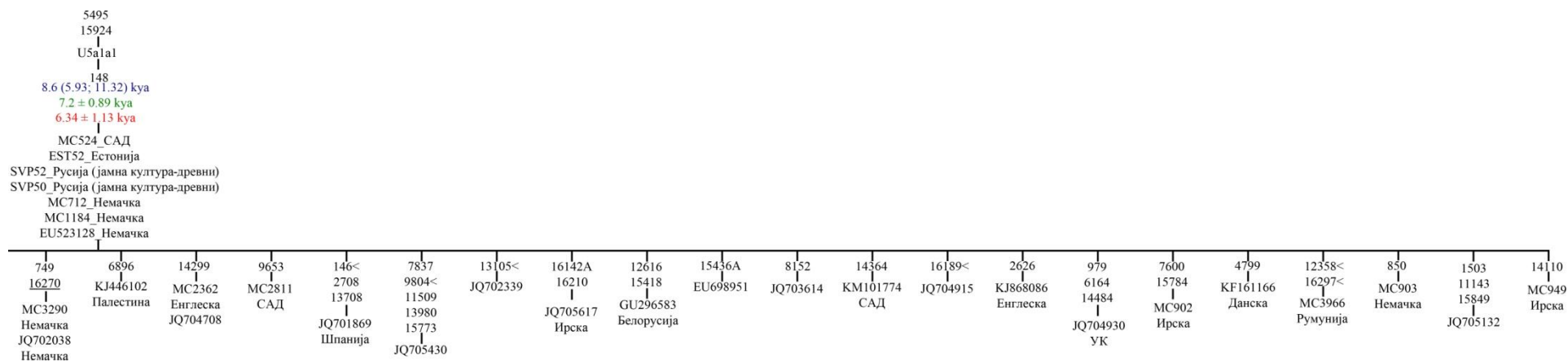
**Слика 8.26.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U4c1* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, позиције са повратном мутацијом су подвучене, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).



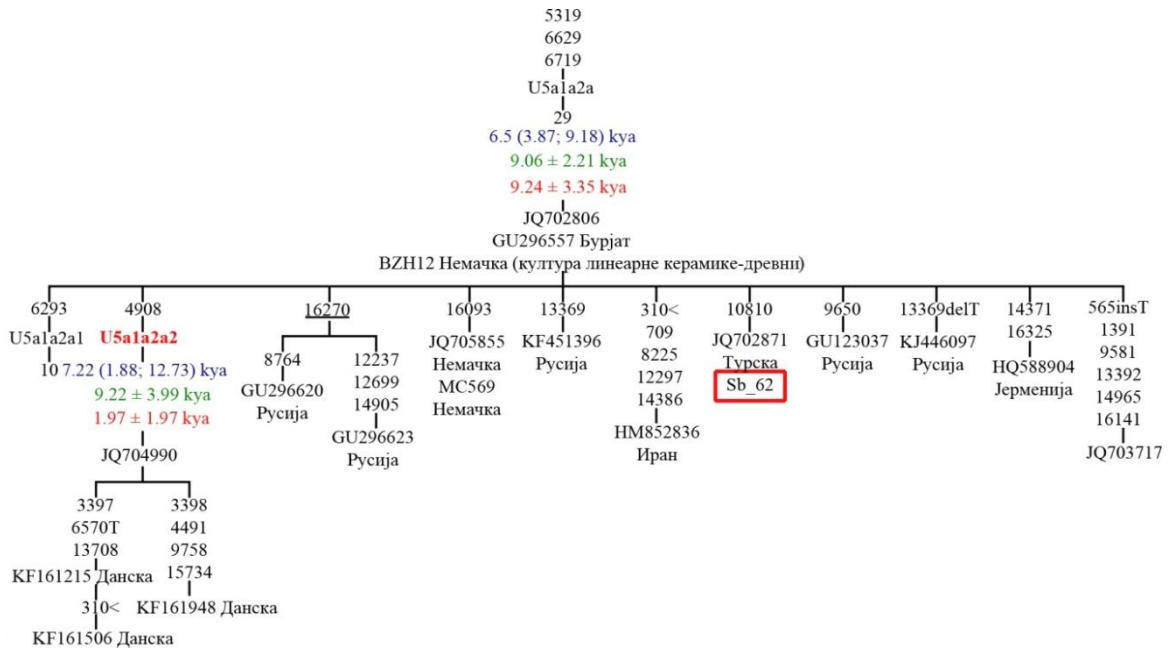
Слика 8.26. Наставак



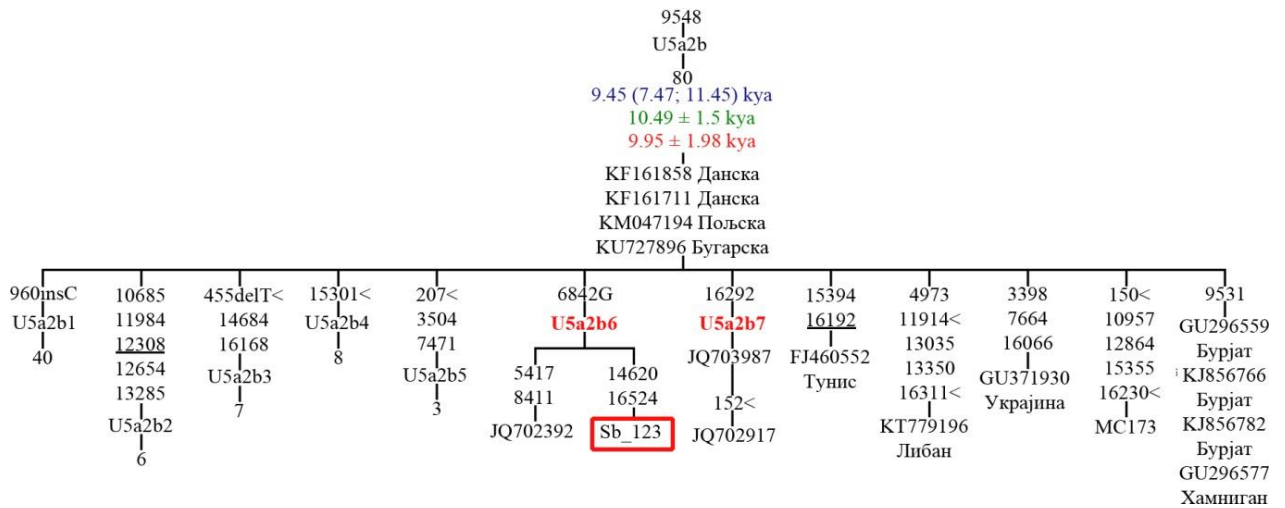
**Слика 8.27.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U5a1a1* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са повратним мутацијама су подвучене, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*кya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).



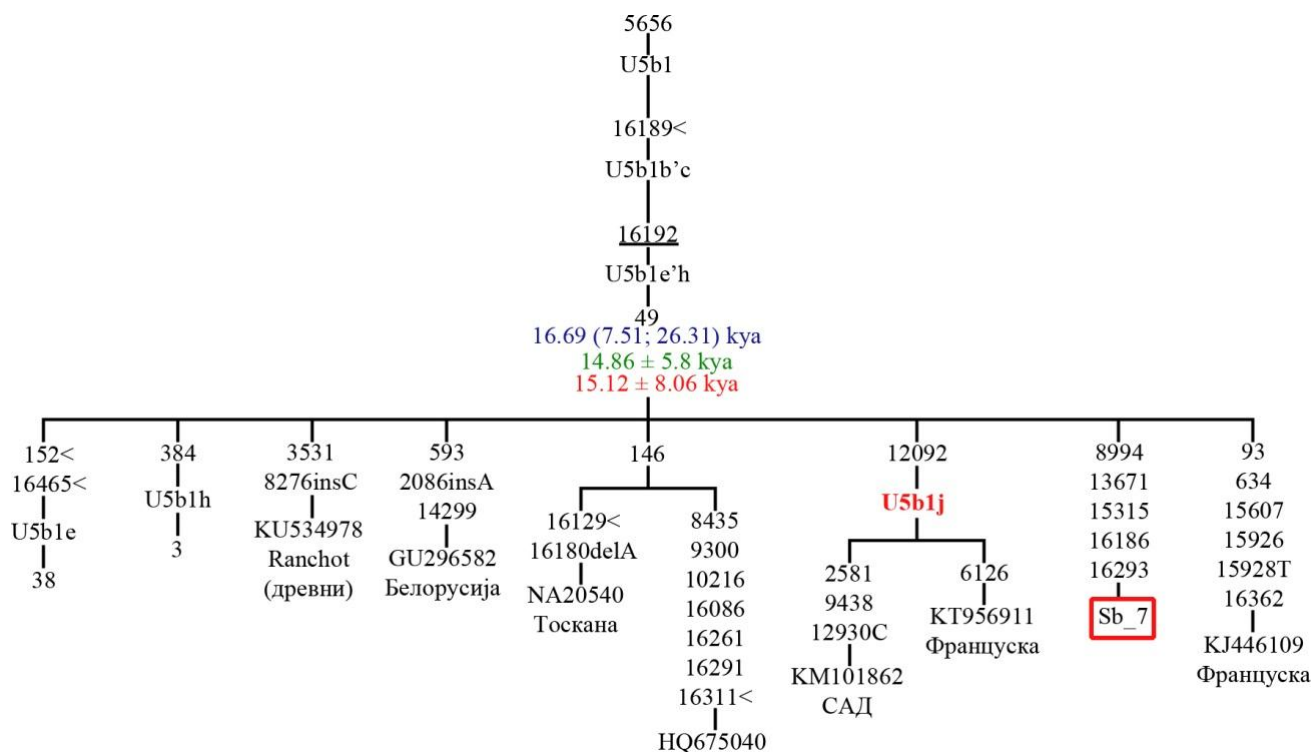
Слика 8.27. Наставак



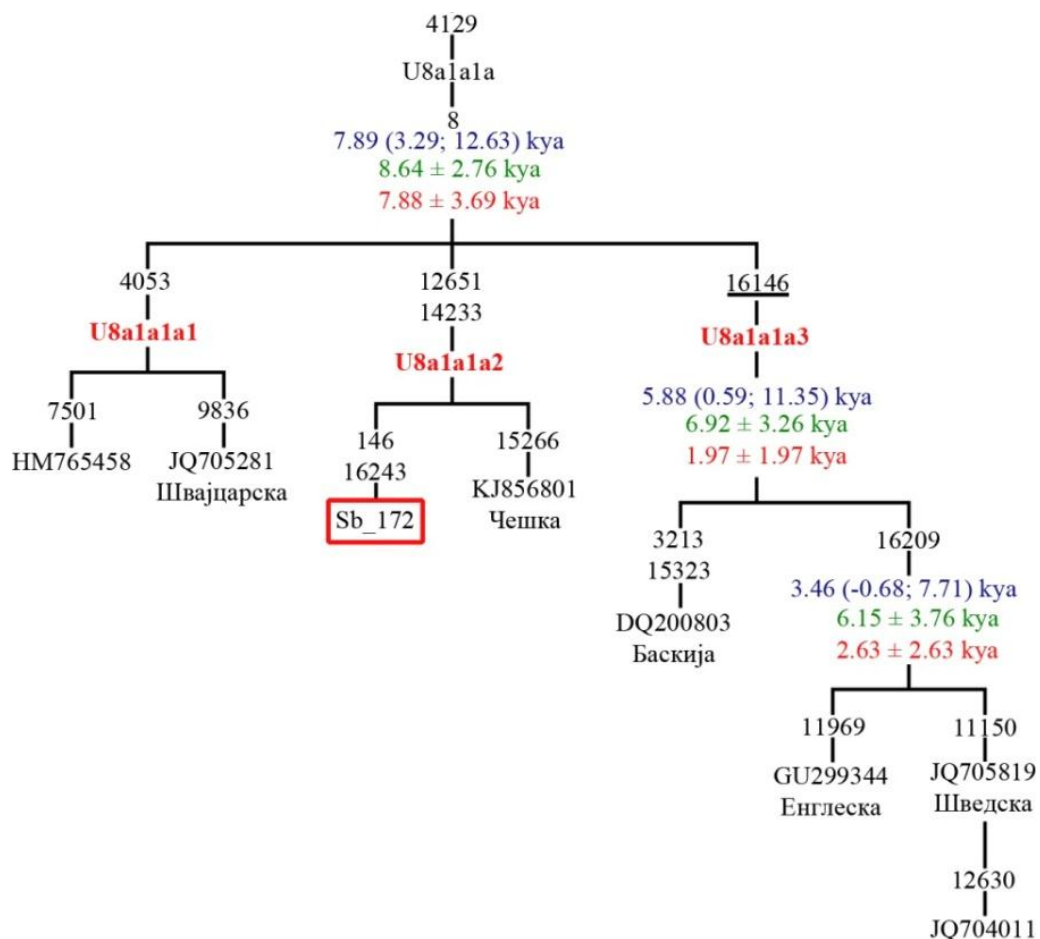
**Слика 8.28.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U5a1a2a* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиција са повратном мутацијом је подвучена, *ins* обележава инсерције, *del* обележава делеције, новедефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).



**Слика 8.29.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U5a2b* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиција са трансверзијом обележена је суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *ins* обележава инсерције, *del* обележава делеције, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупе *U5a2b* у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).

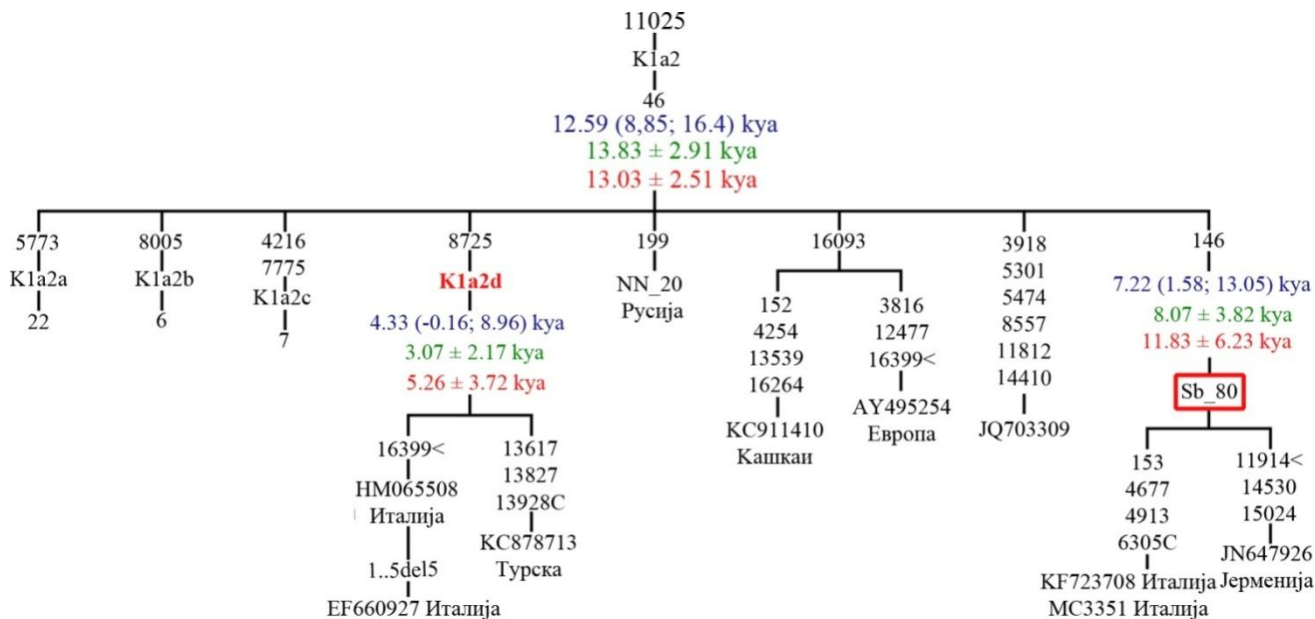


**Слика 8.30.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U5b1e'h* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијом обележене су суфиксом, позиција са повратном мутацијом је подвучена, *ins* обележава инсерције, *del* обележава делеције, новедефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупе *U5b1e'h* у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).

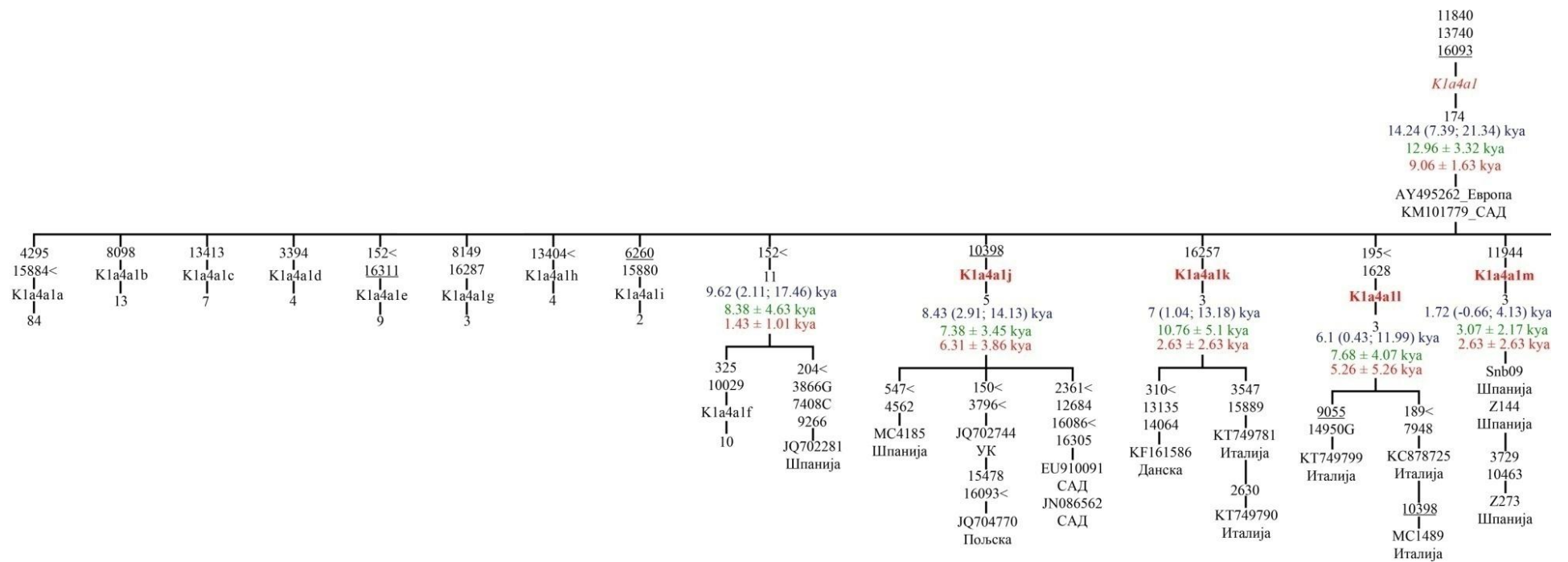


**Слика 8.31.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U8a1a1a* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, позиција са повратном мутацијом је подвучена, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).

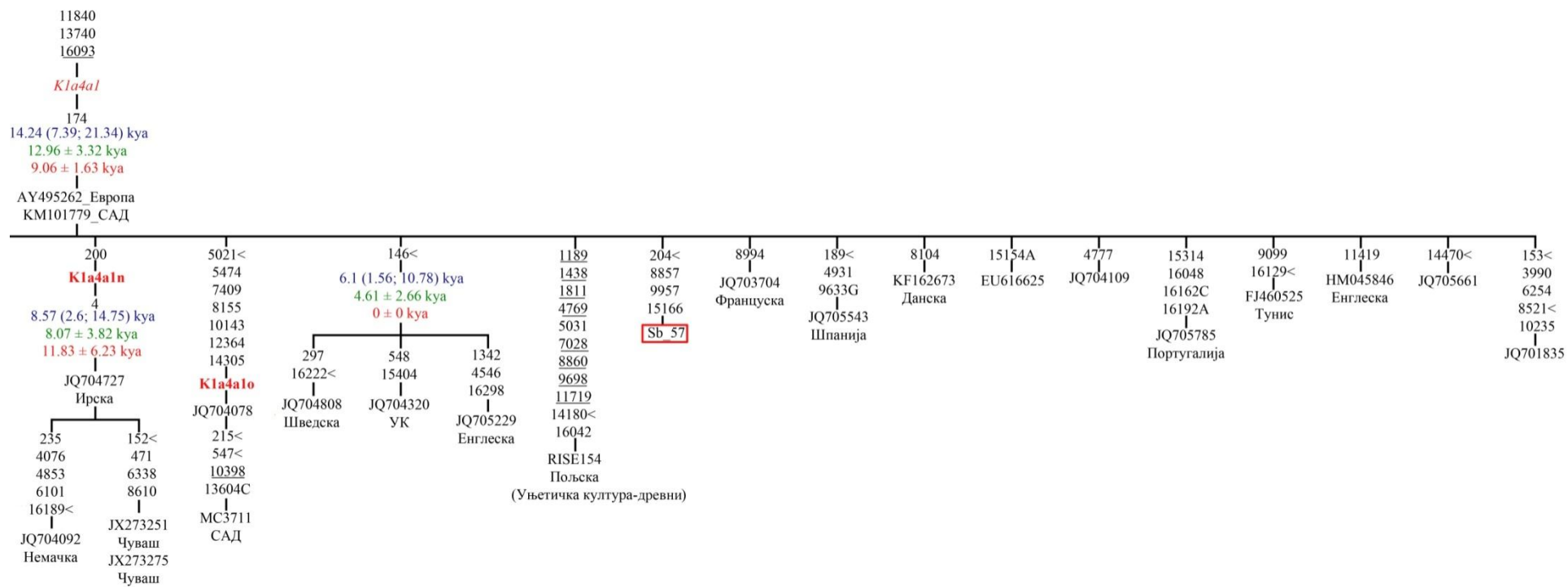




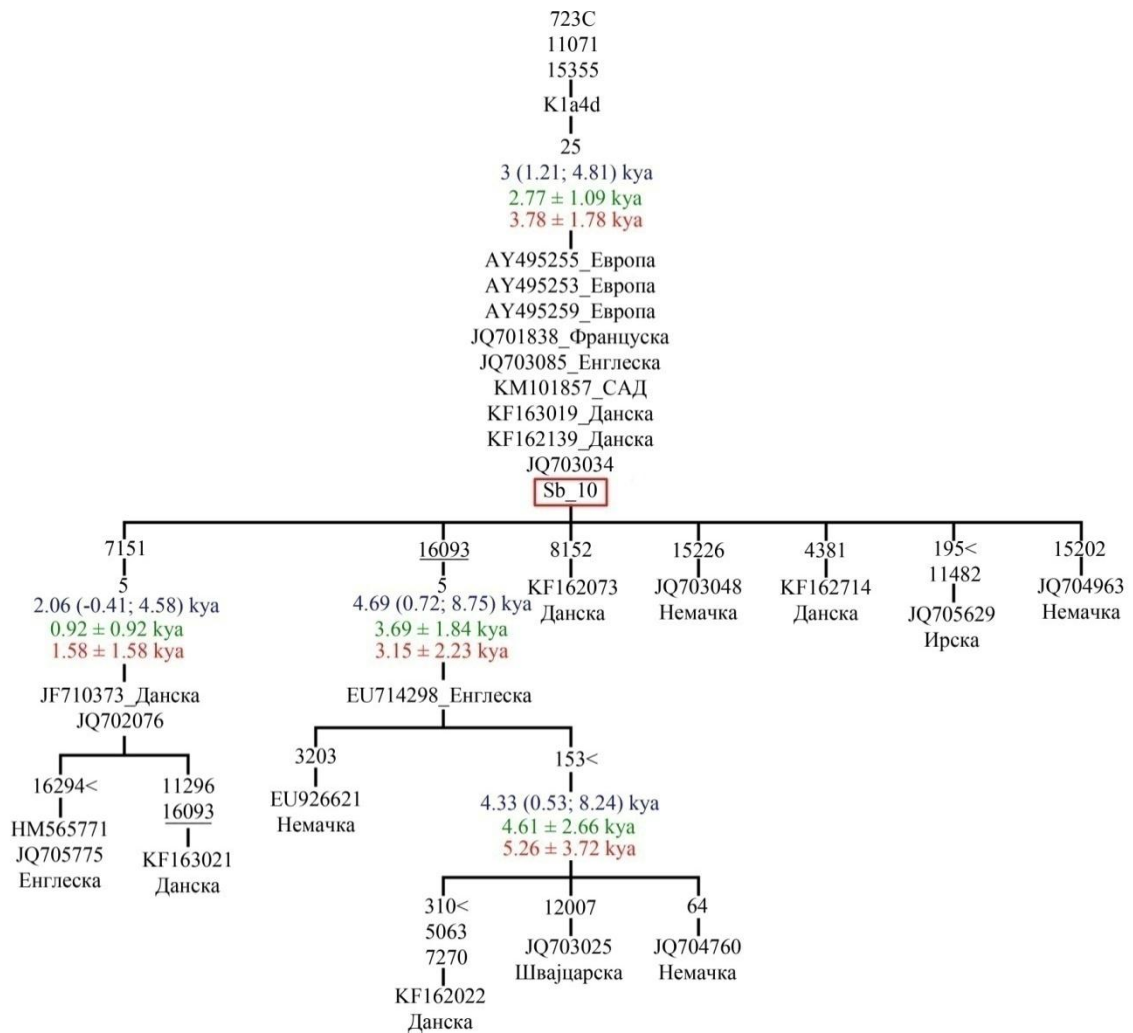
**Слика 8.32.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *K1a2* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, *del* обележава делеције, новодефинисана подхаплогрупа представљена је црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).



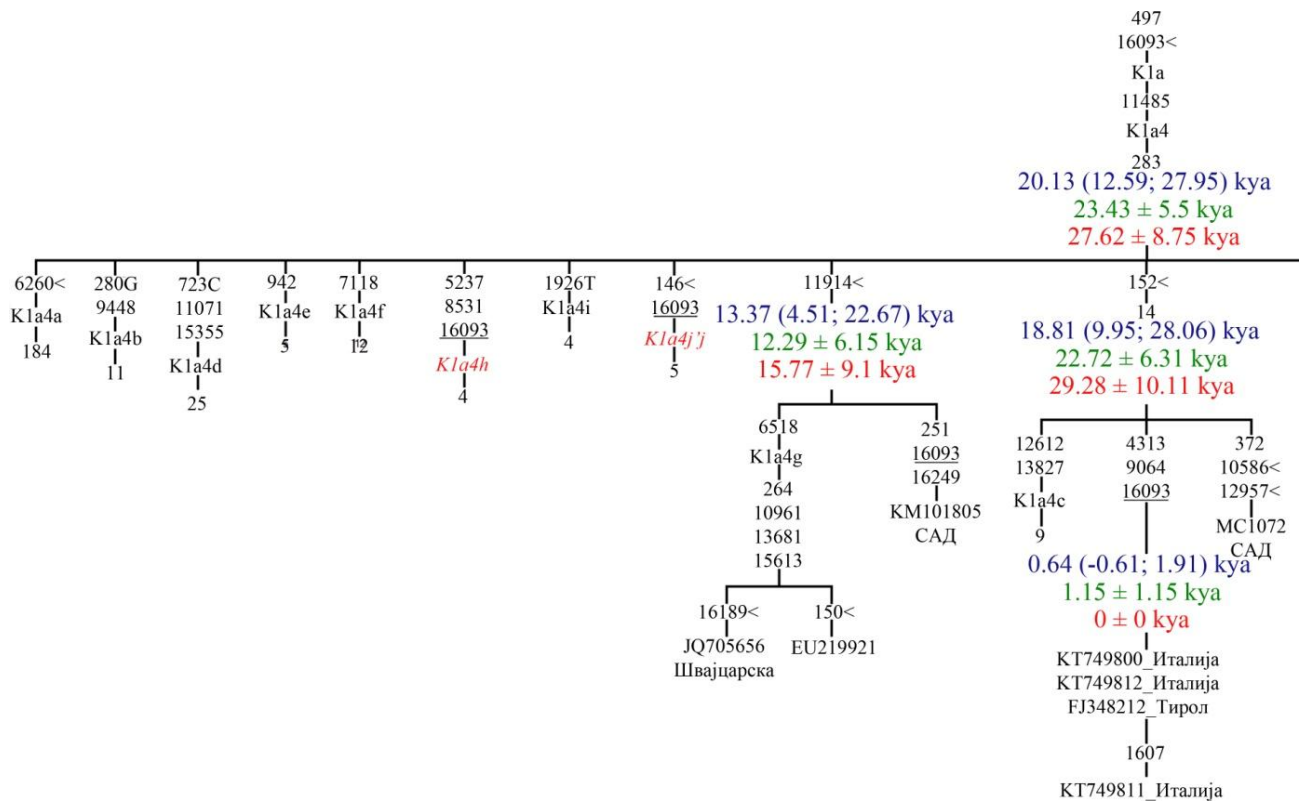
**Слика 8.33.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *K1a4a1* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, редефинисана подхаплогрупа је у *italic* форми и обележена црвеном бојом, новодефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).



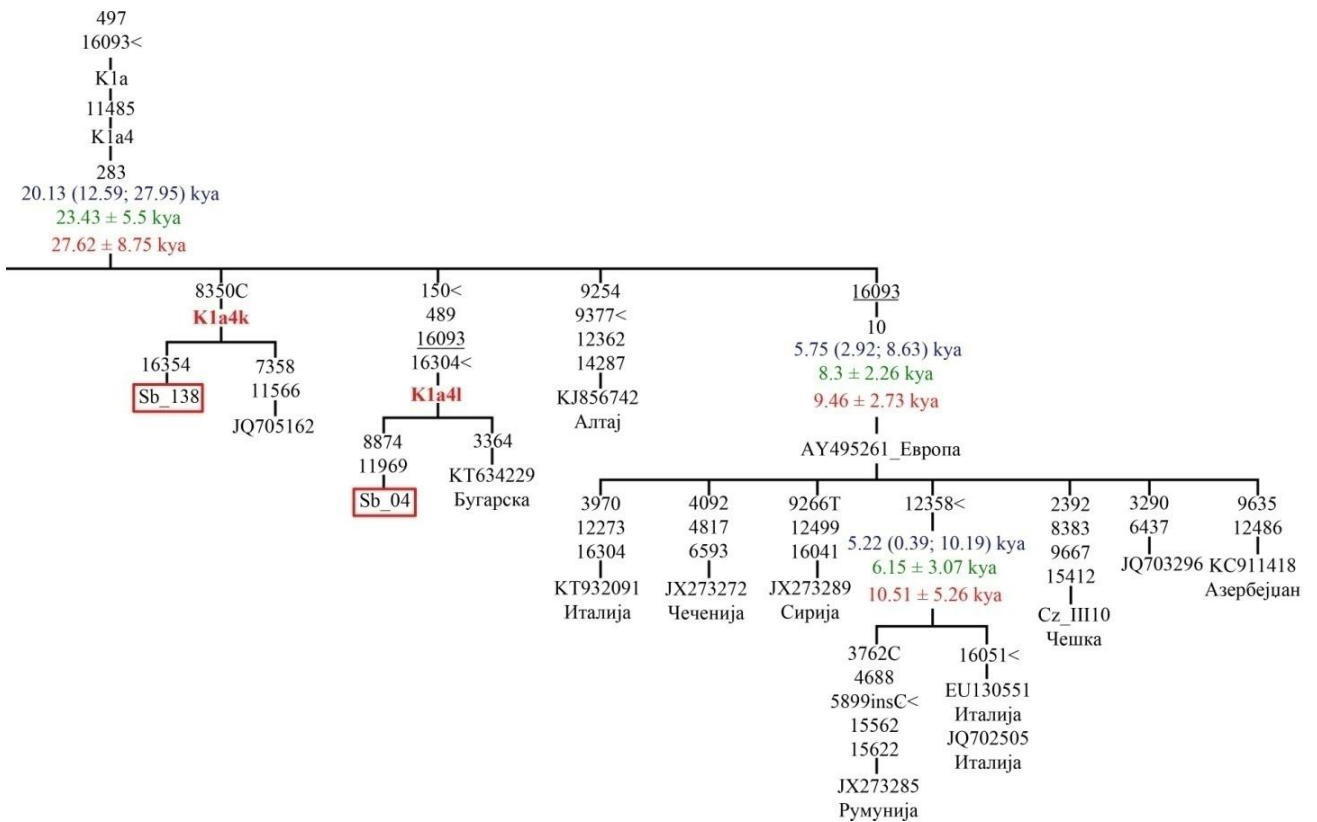
Слика 8.33. Наставак



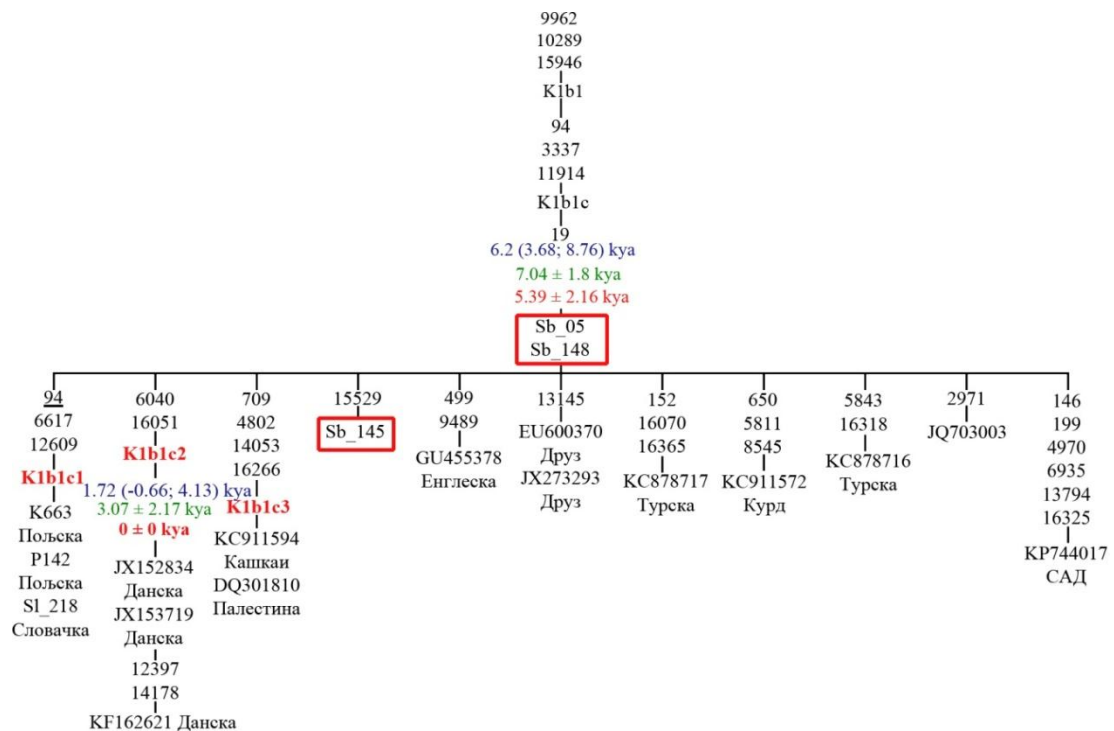
**Слика 8.34.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *K1a4d* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, < обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиција са трансверзијом обележена је суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



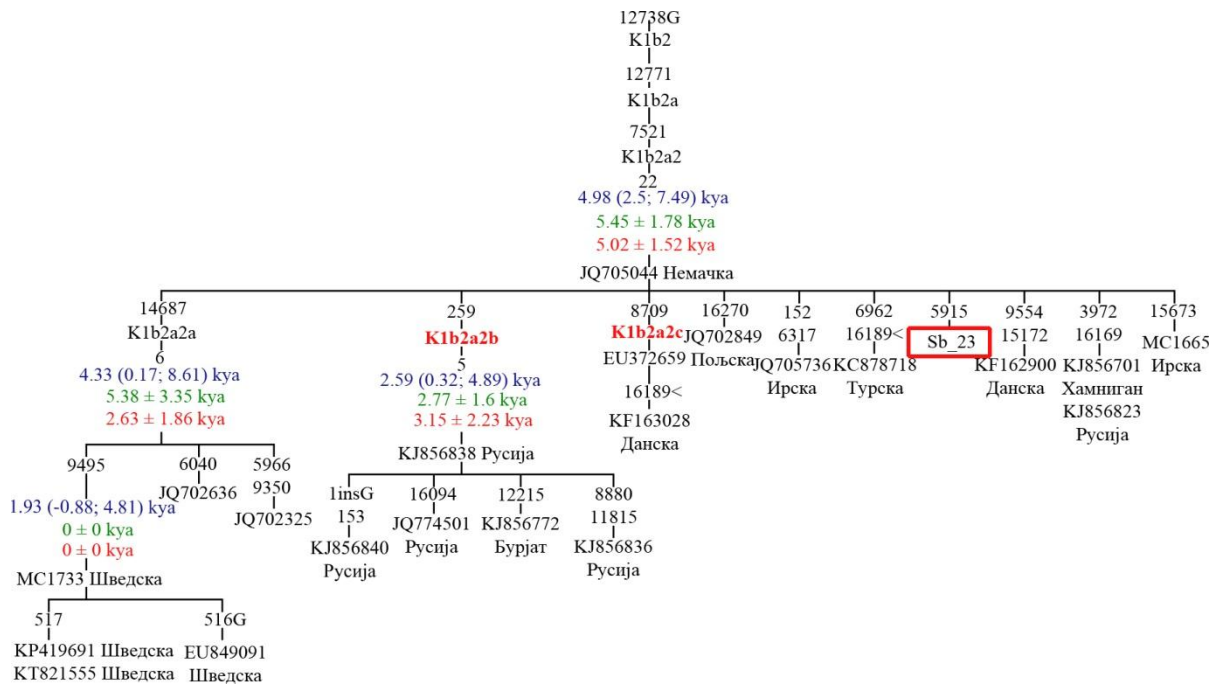
**Слика 8.35.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *K1a4* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *ins* обележава инсерцију, редефинисане подхаплогрупе су у *italic* форми и обележене црвеном бојом, новодефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).



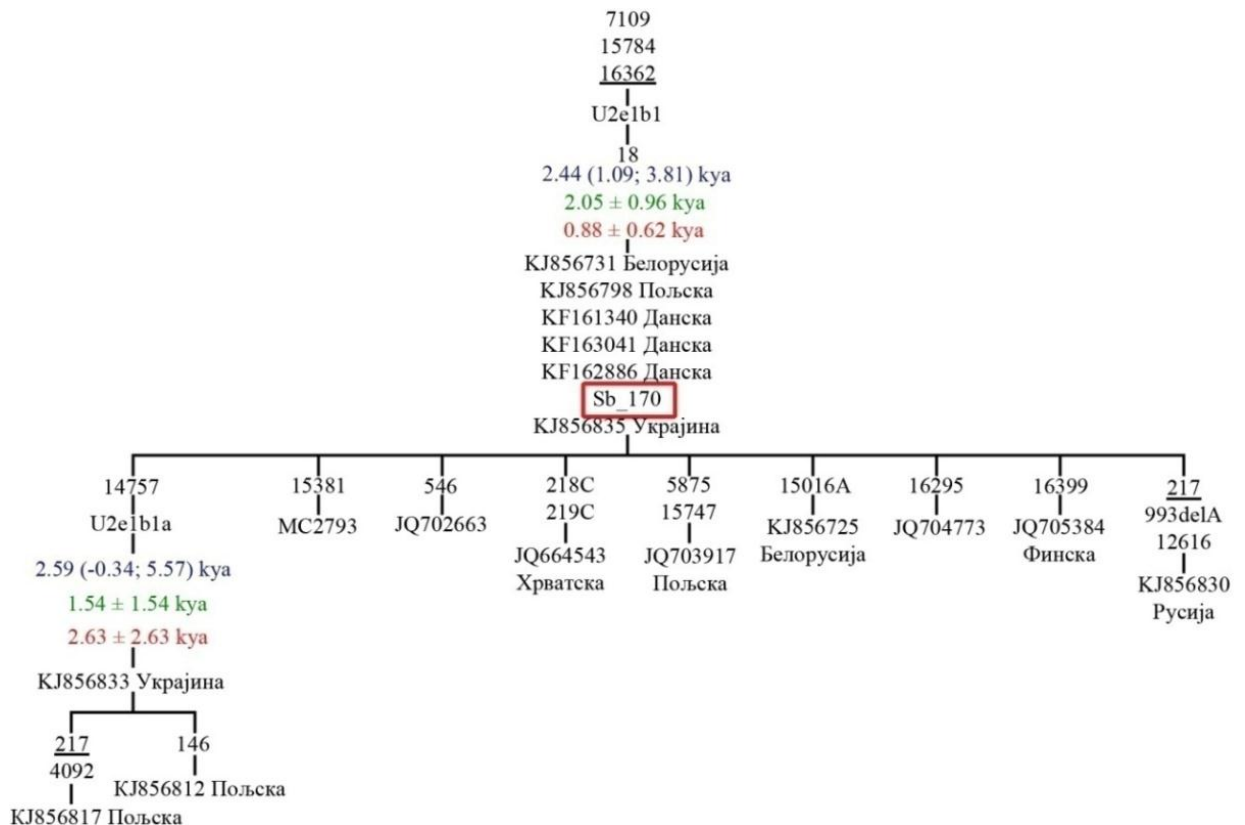
Слика 8.35. Наставак



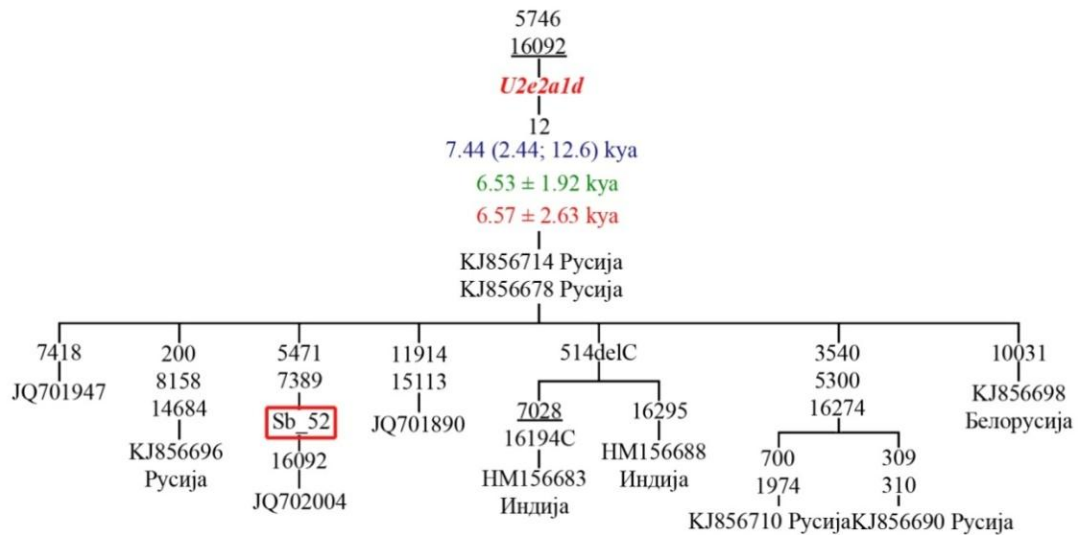
Слика 8.36. Филогенетско стабло подхаплогрупе *K1b1c* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотипови пореклом из српске популације уоквирени су црвеном бојом, позиција са повратном мутацијом је подвучена, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогену), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



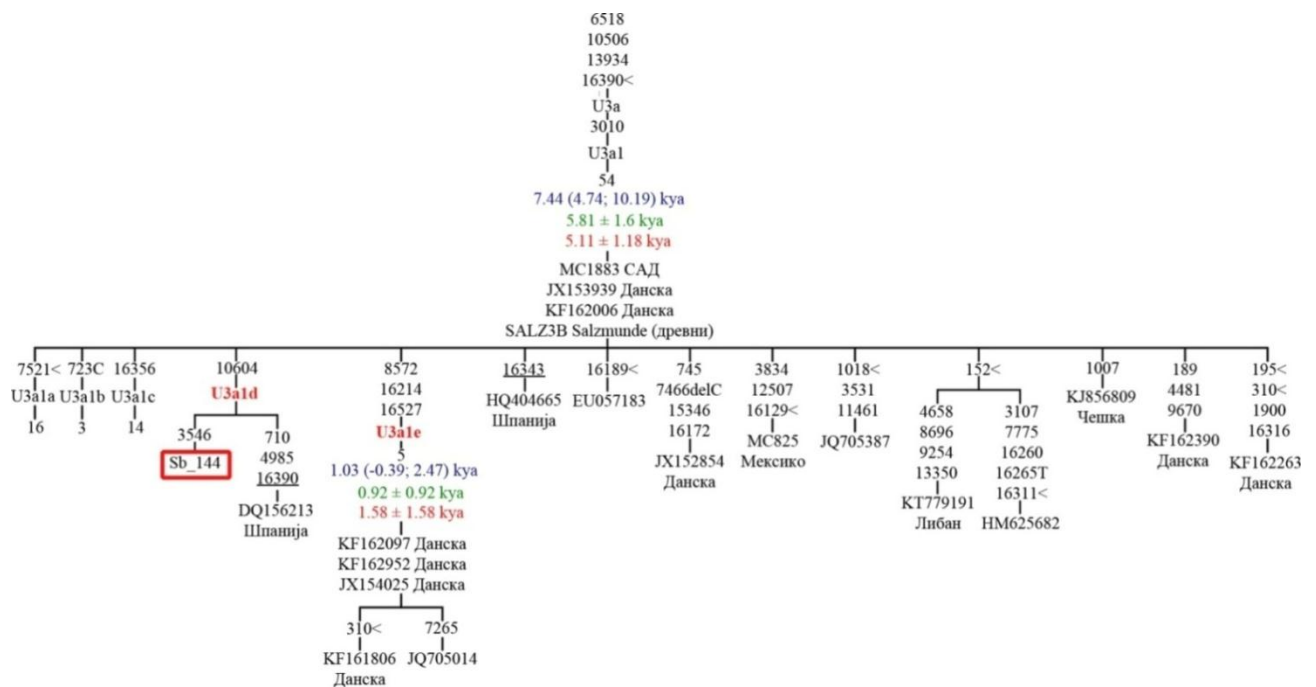
**Слика 8.37.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *K1b2a2* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, *ins* обележава инсерције, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



**Слика 8.38.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U2e1b1* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, позиције са трансверзијама обележене су суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *del* обележава делеције. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



**Слика 8.39.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U2e2a1d* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, позиција са трансверзијом обележена је суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *del* обележава делеције, редефинисана подхаплогрупа је у *italic* форми и обележена црвеном бојом. Процене времена настанка подхаплогрупе *U2e2a1d* у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена).



**Слика 8.40.** Филогенетско стабло подхаплогрупе *U3a1* базирано на комплетним митогеномским секвенцама. Хаплотип пореклом из српске популације уоквирен је црвеном бојом, <обележава позиције са рекурентним мутацијама, позиција са трансверзијом обележена је суфиксом, позиције са повратним мутацијама су подвучене, *del* обележава делеције, новедефинисане подхаплогрупе представљене су црвеним подебљаним словима. Процене времена настанка подхаплогрупа у хиљадама година (*kya*) приказане су плавом (стопа замена у комплетном митогеному), зеленом (стопа замена у кодирајућем региону) и црвеном бојом (стопа синонимних замена). Бројеви који се налазе испод назива појединих подхаплогрупа означавају број комплетних митогенома коришћених у анализи. Списак комплетних митогеномских секвенци које су коришћене у филогенетској анализи, њихови приступни бројеви, порекло и референце представљени су у Табели 8.8 (Прилог).



## Биографија

Слободан Б. Давидовић је рођен 08.09.1986. године у Београду. Дипломирао је 2010. године на Биолошком факултету Универзитета у Београду, студијска група Биологија, смер Примењена генетика са општим успехом 9.09. Експериментални део дипломског рада урадио је у Лабораторији за хуману молекуларну генетику Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство Универзитета у Београду. Докторске студије уписао је 2010. године на Биолошком факултету Универзитета у Београду, студијски програм Молекуларна биологија, смер Молекуларна биологија еукариота. Запослен је, 2011. године, у Лабораторији за хуману молекуларну генетику Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство Универзитета у Београду. Звање истраживач сарадник стекао је 2013. године. До сада је објавио седам научних радова у часописима од међународног значаја, а резултате свог рада представио је кроз 21 конгресно саопштење.

Прилог 1.

## Изјава о ауторству

Потписани-а Слободан Б. Давидовић

број индекса M3007/2010

### Изјављујем

да је докторска дисертација под насловом

Анализа варијабилности митохондријске ДНК становника Републике Србије са  
популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта

- резултат сопственог истраживачког рада,
- да предложена дисертација у целини ни у деловима није била предложена за добијање било које дипломе према студијским програмима других високошколских установа,
- да су резултати коректно наведени и
- да нисам кршио/ла ауторска права и користио интелектуалну својину других лица.

**Потпис докторанда**

У Београду, \_\_07.06.2018.

\_\_\_\_\_

Прилог 2.

## Изјава о истоветности штампане и електронске верзије докторског рада

Име и презиме аутора Слободан Б. Давидовић

Број индекса M3007/2010

Студијски програм Молекуларна биологија, Молекуларна биологија еукариота

Наслов рада Анализа варијабилности митохондријске ДНК становника Републике Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта

Ментор др Наташа Ковачевић-Грујичић и академик Милена Стевановић

Потписани/а Слободан Б. Давидовић

Изјављујем да је штампана верзија мог докторског рада истоветна електронској верзији коју сам предао/ла за објављивање на порталу **Дигиталног репозиторијума Универзитета у Београду**.

Дозвољавам да се објаве моји лични подаци везани за добијање академског звања доктора наука, као што су име и презиме, година и место рођења и датум одбране рада.

Ови лични подаци могу се објавити на мрежним страницама дигиталне библиотеке, у електронском каталогу и у публикацијама Универзитета у Београду.

**Потпис докторанда**

У Београду, 07.06.2018.

\_\_\_\_\_

Прилог 3.

## Изјава о коришћењу

Овлашћујем Универзитетску библиотеку „Светозар Марковић“ да у Дигитални репозиторијум Универзитета у Београду унесе моју докторску дисертацију под насловом:

Анализа варијабилности митохондријске ДНК становника Републике Србије са популационо генетичког, филогенетског и филогеографског аспекта

која је моје ауторско дело.

Дисертацију са свим прилозима предао/ла сам у електронском формату погодном за трајно архивирање.

Моју докторску дисертацију похрањену у Дигитални репозиторијум Универзитета у Београду могу да користе сви који поштују одредбе садржане у одабраном типу лиценце Креативне заједнице (Creative Commons) за коју сам се одлучио/ла.

1. Ауторство

2. Ауторство - некомерцијално

3. Ауторство – некомерцијално – без прераде

4. Ауторство – некомерцијално – делити под истим условима

5. Ауторство – без прераде

6. Ауторство – делити под истим условима

(Молимо да заокружите само једну од шест понуђених лиценци, кратак опис лиценци дат је на полеђини листа).

**Потпис докторанда**

У Београду, 07.06.2018.

\_\_\_\_\_

1. Ауторство - Дозвољавање умножавања, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце, чак и у комерцијалне сврхе. Ово је најслободнија од свих лиценци.

2. Ауторство – некомерцијално. Дозвољавање умножавања, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела.

3. Ауторство - некомерцијално – без прераде. Дозвољавање умножавања, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, без промена, преобликовања или употребе дела у свом делу, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела. У односу на све остале лиценце, овом лиценцом се ограничава највећи обим права коришћења дела.

4. Ауторство - некомерцијално – делити под истим условима. Дозвољавање умножавања, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце и ако се прерада дистрибуира под истом или сличном лиценцом. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела и прерада.

5. Ауторство – без прераде. Дозвољавање умножавања, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, без промена, преобликовања или употребе дела у свом делу, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца дозвољава комерцијалну употребу дела.

6. Ауторство - делити под истим условима. Дозвољавање умножавања, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце и ако се прерада дистрибуира под истом или сличном лиценцом. Ова лиценца дозвољава комерцијалну употребу дела и прерада. Слична је софтверским лиценцама, односно лиценцама отвореног кода.