

Monica Abreu-Głowacka, Czesław Żaba, Małgorzata Koralewska-Kordel, Eliza Michalak, Zygmunt Przybylski

Badania populacji Wielkopolski w zakresie 17 markerów Y-STRs oraz 8 Y-SNPs

Polish population data for 17 Y-STRs and 8 Y-SNPs markers

Z Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
p.o. Kierownik: dr hab. med. C. Żaba

Celem pracy było określenie zróżnicowania genetycznego populacji Wielkopolski w zakresie 17 loci Y-STR i 8 loci Y-SNP oraz porównanie z populacją polską i innymi wybranymi populacjami. Badano 201 niespokrewnionych mężczyzn z regionu województwa wielkopolskiego. Uzyskano 184 pojedyncze haplotypy w zakresie 17 Y-STR, co dało siłę dyskryminacji 0.96. Najczęściej występujący haplotyp, Ht-50 zaobserwowano w 3 próbach, natomiast 7 różnych haplotypów zauważono podwójnie w analizowanej populacji. Tę samą grupę badawczą poddano analizie z wykorzystaniem 8 markerów Y-SNPs. Uzyskano 40 różnych haplotypów z siłą dyskryminacji wynoszącą 0.20. Najczęściej występujący haplotyp zaobserwowano u 38 mężczyzn. Uzyskane haplotypy zostały przypisane do 4 następujących haplogrup: K=19%, IJ=7%, R1a1=59% i R1b=15%. Wartość wskaźnika polimorfizmu genomowego dla badanych loci Y-SNP/Y-STR wyniosła 0,9883.

The aim of our study was to establish the genetic differentiation of the population of the province of Wielkopolska (Greater Poland) for 17 Y-STRs and 8 Y-SNPs and comparison of the Polish population with other selected populations. The investigations included 201 unrelated male inhabitants of the Greater Poland region. We found 184 unique haplotypes for 17 Y-STR. The haplotype discrimination capacity was 0.96. The most frequent haplotype Ht-50 was found in 3 samples and 7 haplotypes observed twice. Further, the same samples were analyzed with Y-8 SNPs markers. We obtained 40 haplotypes. The haplotype discrimination capacity was 0.20. The most frequent haplotype was presented

in 38 samples. A total of 4 different haplogroups were established. Haplogroup K=19%, IJ=7%, R1a1=59% and R1b=15%. The HD value of Y-SNPs/Y-STRs was 0.9883.

Słowa kluczowe:

Y-STR, Y-SNP, genetyka populacyjna, haplogrupy

Key words:

Y-STR, Y-SNP, population genetics, haplogroups

WSTĘP

Rozwój genetyki molekularnej w ostatnich 20 latach pozwolił na rozszerzenie zakresu badań genetycznych z użyciem markerów na chromosomie Y w medycynie sądowej [1].

Markery na chromosomie Y o charakterystyce haplotypów (grupa pojedynczych alleli umieszczonych w różnych miejscach chromosomu, które są wspólnie przekazywane z jednego pokolenia na drugie, np. jak SNPs), mają istotne znaczenie w badaniach populacyjnych [2]. Podstawową grupę markerów niezbędnych do badań populacyjnych zlokalizować można wzdłuż całego chromosomu Y.

Polimorfizm pojedynczego nukleotydu to utrwalone punktowe zmiany w sekwencji DNA, powstające w wyniku transycji lub transwersji [3]. Analiza markerów SNPs na chromosomie Y dostarcza ważnej informacji genetyczno-sądowej w sytuacjach, kiedy badamy DNA w stanie degradacji lub kiedy analizujemy mieszaninę DNA kobiety i mężczyzny, gdzie ilość DNA kobiety jest dużo większa od ilości DNA mężczyzny [4].

Międzynarodowa grupa naukowców z Michaëlem Hammerem z Uniwersytetu w Arizonie na czele uporządkowała listę haplogrup chromosomu Y w Konsorcjum Chromosomu Y (ang. Y Chromosome Consortium, YCC), która opublikowała w lutym 2002 roku w czasopiśmie *Genome Research* [5]. Uporządkowane haplogrupy pozwoliły na stworzenie drzewa genealogicznego chromosomu Y, w którym zostało opisanych ponad 250 białelicznych markerów oraz 153 różne haplogrupy. Zostało ono zaktualizowane w sierpniu 2003 roku przez Marka Joblinga i Chrisa Tylera Smitha oraz w 2008 roku przez naukowców z Uniwersytetów w Arizonie i Stanfordzie [6].

CEL PRACY

Celem pracy było określenie zróżnicowania genetycznego populacji wielkopolski w zakresie 17 loci Y-STR i 8 loci Y-SNPs oraz porównanie z populacją polską i innymi wybranymi populacjami.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły wymazy z jamy ustnej pobrane od 201 niespokrewnionych mężczyzn z regionu województwa wielkopolskiego. DNA genomowe wyizolowano z użyciem zestawu QIAamp® DNA Micro firmy Qiagen. Materiał genetyczny po

izolacji oczyszczono i zagęszczono na kolumnkach filtracyjnych Amicon Ultra 30k (Millipore, USA). Do pomiaru stężenia DNA wykorzystano Nanodrop spectrophotometer ND-1000 v3.10 (Nanodrop Technologies, Inc, USA). Zgodę na badania wydała Komisja Bioetyczna przy Uniwersytecie Medycznym w Poznaniu o numerach: 371/11 i 140/13.

Do badań polimorfizmu DNA wykorzystano zestaw AmpFLSTRyfiler (Applied Biosystems, USA). Amplifikację wykonano zgodnie z zaleceniami producenta, dodając od 0,5 do 1 ng matrycowego DNA. Produkty amplifikacji rozdzielano przy pomocy elektroforezy kapilarnej przy użyciu analizatora genetycznego 310 ABI Prism (Applied Biosystems, USA) oraz analizowano za pomocą programu GeneMapper ID v 3.2.1.

Test LightSNiP zamówiono w firmie TIB® Molbiol (Berlin, Niemcy). Test zawiera Y-SNPs oraz sondy hybrydujące typu Simple® Probe. Działanie sondy oparte jest na zjawisku FRET (Fluorescence Resonant Energy Transfer) czyli przeniesieniu energii z jednego fluorochromu na drugi. Markery Y-SNPs zostały wybrane na podstawie literatury [7, 8] tak, aby obejmowały haplogrupy od A-R uznane przez Konsorcjum Chromosomu Y (Y-chromosome Consortium YCC) [9].

Reakcję amplifikacji przeprowadzono zgodnie z zaleceniami producenta (TIB® Molbiol). Skład mieszaniny reakcyjnej: 5.2µl H₂O PCR grade; 0.5µl

Tabela 1. Informacja dotycząca wybranych Y-SNPs, miejsce polimorficzne oraz długość ampliconu.

Table 1. Information about the Y-SNPs, the nucleotide polymorphism and amplicon size.

Loci SNP SNP loci	Marker Marker	Haplogrupa Haplogroup	Mutacja Mutation	PCR długość ampliconu PCR amplicon length	Referencje References
rs2032665	M213	F	T>C	41 bp	Underhill et al. 2001
rs17315821	P123	IJ	T>C	60 bp	Karafet et al. 2008
rs17306671	P125	IJ	T>A	52 bp	
rs2032604	M172	J2	T>G	61 bp	Underhill et al. 2001
rs3900	M9	K	C>G	91 bp	
rs34442126	M46	N1c1	T>C	112 bp	Zerjal et al. 1997
rs2534636	SRY 1532.2	R1a1	C>T	71 bp	Hammer et al. 1998
rs17222279	M467	R1b	G>A	77 bp	Sims et al. 2007

Reagent Mix (LightSNiP); 1.0 μ l FastStart DNA Master Hyprobe (Roche® Diagnostics); 0.8 μ l MgCl₂ (25mM); 2.5 μ l DNA. Parametry reakcji: denaturacja 95°C przez 10 min – 1 cykl; amplifikacja 95°C przez 10 s, 60°C przez 10 s (pojedynczo), 72°C przez 15 s – 50 cykli; topnienie 95°C przez 20 s, 40°C przez 20 s, 85°C przez 0 s (0.2°C/s – ciągłe) – 1 cykl; chłodzenie: 40°C przez 30 s. Reakcję PCR w czasie rzeczywistym przeprowadzono w aparacie LightCycler 2.0 (Roche® Diagnostics).

Częstość występowania poszczególnych alleli w populacji obliczono prostą metodą liczenia wariantów genowych. Współczynnik zróżnicowania genowego/haplotypowego (GD) obliczono na podstawie wzoru $GD = 1 - \sum p_i^2$, gdzie p_i = częstość i-tego allelu/haplotypu [10]. Siłę dyskryminacji (DC) obliczono stosując formułę: $DC = H/N$, gdzie H oznacza całkowitą liczbę haplotypów, a N jest

równe całkowitej liczbie badanych [10]. Analizę zmienności molekularnej (AMOVA) wykonano z zastosowaniem oprogramowania Arlequin ver. 3.5. [11]. Otrzymane haplotypy Y-STR zostały porównane z haplotypami z dziewięciu populacji umieszczonych w bazie YHRD [12].

WYNIKI I DYSKUSJA

Wśród analizowanych 201 prób zaobserwowano 184 różne haplotypy w zakresie markerów Y-STR (91,5%). Najczęstszym występującym haplotypem był Ht-50, który zaobserwowano w 3 próbach (1,5%). W 14 próbach zaobserwowano 7 haplotypów (7%). Całkowita zmienność haplotypowa dla badanych Y-STR wyniosła $0,9470 \pm 0,0035$, a siła dyskryminacji 0,96.

Tabela II. Uzyskane haplotypy, ich częstości występowania w zakresie 17 Y-STR oraz haplogrupy dla populacji Wielkopolski.

Table II. 17 Y-STR haplotypes for the Greater Poland population, haplogroups and frequency.

Lp.	DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS385	DYS438	DYS439	DYS437	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4	Final marker Y-SNP	n	Frequency
ID01	15	14	30	23	11	14	13	11,13	11	10	14	19	13	16	21	12	K-M9	1	0.005
ID02	15	14	29	23	11	14	14	11,13	10	10	14	19	13	17	22	12	IJ-P125	1	0.005
ID03	15	14	30	23	11	15	14	11,11	10	10	14	19	13	17	21	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID04	15	14	29	23	10	13	14	11,13	10	11	14	19	13	17	23	12	R1b-M467	1	0.005
ID05	14	12	28	22	10	11	13	13,15	10	11	16	20	14	16	21	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID06	14	12	28	22	10	11	13	13,15	10	11	14	20	14	15	21	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID07	15	13	29	23	11	14	14	11,14	10	10	14	19	14	17	21	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID08	14	12	28	22	10	11	13	13,14	10	14	15	20	14	15	21	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID09	17	13	30	24	11	11	13	10,14	10	14	15	20	14	20	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID10	14	12	28	22	10	12	13	13,14	10	11	16	20	14	16	21	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID11	14	12	28	22	10	11	13	14,14	10	11	16	20	14	19	21	10	R1b-M467	1	0.005
ID12	14	12	29	23	10	11	13	13,14	10	11	16	20	14	15	21	11	IJ-P123	1	0.005
ID13	14	15	31	22	10	12	13	14,14	10	11	16	20	14	15	22	11	IJ-P125	1	0.005

Lp.	DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS385	DYS438	DYS439	DYS437	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4	Final marker Y-SNP	n	Frequency
ID14	14	12	28	23	10	11	13	14,14	10	11	16	20	14	15	22	11	R1b-M467	1	0.005
ID15	14	14	30	23	10	14	14	11,13	10	10	14	19	14	18	22	11	IJ-P125	1	0.005
ID16	14	13	30	24	10	11	12	13,18	10	11	14	21	14	18	21	11	R1b-M467	1	0.005
ID17	14	12	28	22	11	12	13	14,14	10	11	16	20	14	15	21	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID18	16	12	28	24	12	11	14	14,17	10	11	15	22	14	16	21	10	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID19	14	13	29	23	11	14	14	11,13	10	10	14	19	14	18	21	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID20	15	13	28	23	11	10	14	11,14	10	10	14	19	14	18	21	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID21	16	13	29	23	10	11	13	14,15	10	13	15	20	15	15	21	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID22	14	13	28	22	10	11	13	13,14	10	11	16	20	15	15	21	10	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID23	16	13	31	24	11	11	13	14,15	10	13	15	19	15	18	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID24	15	13	30	22	10	10	14	16,16	9	11	15	21	15	16	21	11	R1a1-SRY1532.2	2	0.010
ID25	17	13	30	24	11	11	13	14,15	10	13	15	19	15	17	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID26	16	13	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	15	14	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID27	17	13	30	24	10	11	13	10,14	11	10	14	20	15	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID28	17	13	30	25	10	11	13	10,13	11	11	14	20	15	16	23	12	R1b-M467	1	0.005
ID29	15	12	30	22	10	11	13	14,14	10	12	16	20	15	17	21	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID30	17	13	31	24	10	11	13	15,15	10	12	15	20	15	17	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID31	14	13	28	23	11	13	13	11,14	12	11	15	19	15	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID32	13	13	30	22	10	15	13	14,17	11	12	14	19	15	17	22	10	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID33	16	13	32	24	10	11	13	14,16	10	13	15	21	15	16	23	11	K-M9	1	0.005
ID34	14	12	28	23	10	11	13	13,14	10	12	16	20	15	16	22	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID35	15	12	29	23	10	11	13	14,14	10	11	16	20	15	15	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID36	16	14	32	24	10	11	13	14,15	10	13	15	20	15	17	23	11	K-M9	1	0.005
ID37	14	14	29	23	11	14	12	11,14	12	13	15	19	15	17	23	13	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID38	15	13	31	25	10	11	13	11,15	11	11	14	20	15	15	23	13	R1b-M467	1	0.005
ID39	14	13	30	22	10	11	12	13,18	9	11	14	21	15	15	21	11	R1b-M467	1	0.005
ID40	17	13	29	25	10	9	13	10,14	11	10	14	19	15	17	22	12	R1b-M467	1	0.005

Lp.	DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS385	DYS438	DYS439	DYS437	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4	Final marker Y-SNP	n	Frequency
ID41	14	13	30	24	10	13	13	17,19	11	11	15	20	15	15	20	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID42	15	14	31	24	11	11	13	11,15	11	10	14	20	15	15	24	13	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID43	16	13	31	24	10	11	13	14,16	10	12	15	20	15	17	25	11	K-M9	1	0.005
ID44	16	13	31	24	10	11	13	14,15	10	12	15	20	15	17	24	11	R1b-M467	1	0.005
ID45	15	13	30	24	11	11	13	14,15	10	13	15	20	15	17	24	11	K-M9	1	0.005
ID46	17	14	31	25	11	11	13	10,13	11	10	14	20	15	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID47	15	13	30	23	10	12	14	14,15	10	11	14	20	15	15	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID48	17	13	30	27	11	11	13	11,15	11	10	14	20	15	17	24	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID49	14	13	29	24	10	13	12	10,14	12	13	15	19	15	15	23	13	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID50	15	13	31	24	10	11	13	14,15	10	12	15	20	15	17	24	11	R1a1-SRY1532.2	3	0.015
ID51	14	13	29	22	10	11	13	13,14	10	11	16	20	15	15	25	10	K-M9	1	0.005
ID52	16	14	32	23	11	11	13	14,15	10	12	15	20	15	16	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID53	15	13	29	24	10	13	13	12,14	12	13	15	18	15	15	24	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID54	16	13	31	24	11	11	13	14,16	10	12	15	20	15	16	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID55	15	13	30	24	10	13	13	15,17	11	12	15	19	15	17	24	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID56	17	13	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	15	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID57	18	13	29	24	11	11	14	14,15	10	13	15	20	15	18	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID58	15	13	25	25	11	11	13	11,14	11	11	14	20	15	15	23	13	R1b-M467	1	0.005
ID59	15	13	30	25	11	11	13	11,14	11	10	14	20	16	15	24	12	R1b-M467	1	0.005
ID60	16	13	31	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	16	23	12	K-M9	1	0.005
ID61	16	13	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	15	24	13	IJ-P125	1	0.005
ID62	16	13	30	24	10	10	13	11,14	11	9	14	20	16	14	23	13	IJ-P123	1	0.005
ID63	15	13	27	25	11	11	13	11,14	11	10	14	21	16	15	23	13	K-M9	1	0.005
ID64	15	13	30	25	10	11	13	11,14	11	11	14	20	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID65	16	14	30	24	11	11	13	11,14	11	10	14	20	16	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID66	16	13	30	24	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	17	22	12	K-M9	1	0.005
ID67	17	13	30	25	10	11	13	10,15	12	10	14	20	16	15	23	12	K-M9	1	0.005

Lp.	DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS385	DYS438	DYS439	DYS437	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4	Final marker Y-SNP	n	Frequency
ID68	14	13	29	23	11	13	13	11,14	12	12	15	19	16	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID69	16	13	31	25	10	10	13	10,14	11	10	14	20	16	16	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID70	16	13	29	25	10	11	13	11,12	11	11	14	20	16	15	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID71	16	13	30	25	10	11	13	11,14	11	10	14	20	16	15	23	11	R1b-M467	1	0.005
ID72	17	14	31	25	10	11	13	10,14	11	10	14	21	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID73	17	13	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	21	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID74	17	13	29	25	11	11	13	11,14	11	11	14	20	16	16	23	13	K-M9	2	0.010
ID75	15	12	28	23	10	11	13	14,14	10	11	16	20	16	15	22	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID76	17	13	30	25	10	11	13	10,15	11	10	14	20	16	17	23	12	R1b-M467	1	0.005
ID77	15	13	30	25	11	11	13	11,14	11	10	14	21	16	15	23	13	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID78	17	13	32	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID79	18	13	30	25	10	11	13	10,11	11	10	14	20	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID80	14	14	30	24	11	13	13	11,14	13	13	15	19	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID81	17	13	31	24	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	16	21	12	K-M9	1	0.005
ID82	17	13	30	25	10	11	13	10,14	11	11	14	20	16	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID83	16	14	30	26	10	11	13	11,14	11	11	14	20	16	16	23	12	K-M9	1	0.005
ID84	17	14	32	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	2	0.010
ID85	17	13	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	17	24	13	IJ-P123	1	0.005
ID86	13	13	30	24	10	11	13	10,14	11	11	14	20	16	16	21	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID87	14	13	28	23	11	13	14	11,14	12	11	15	19	16	17	23	11	K-M9	1	0.005
ID88	14	13	29	24	11	13	13	11,14	12	13	15	19	16	16	23	12	K-M9	1	0.005
ID89	15	13	29	25	10	11	13	11,14	11	11	14	20	16	16	23	11	K-M9	1	0.005
ID90	16	13	30	25	10	11	13	11,14	11	10	14	20	16	15	23	13	R1b-M467	1	0.005
ID91	14	13	29	25	10	13	13	16,18	11	10	14	20	16	17	21	10	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID92	16	13	30	25	11	11	13	11,14	11	11	14	20	16	16	22	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID93	16	13	30	25	11	11	13	11,14	11	10	14	20	16	15	23	13	R1a1-SRY1532.2	2	0.010
ID94	17	12	29	25	10	11	13	10,13	11	10	14	20	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005

Lp.	DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS385	DYS438	DYS439	DYS437	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4	Final marker Y-SNP	n	Frequency
ID95	17	13	30	25	11	11	13	10,14	11	10	14	21	16	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID96	17	13	30	24	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID97	16	14	31	25	10	11	13	11,14	11	10	14	20	16	17	23	13	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID98	15	13	29	25	10	11	13	11,15	12	11	14	20	16	15	23	13	K-M9	1	0.005
ID99	16	12	29	25	10	11	13	11,14	11	10	14	20	16	14	22	10	IJ-P123	1	0.005
ID100	16	13	32	25	10	11	13	11,15	11	11	14	20	16	15	24	12	R1b-M467	1	0.005
ID101	15	13	31	25	10	11	13	10,14	11	11	14	20	16	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID102	14	13	29	24	11	13	13	11,15	12	12	15	19	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID103	14	12	27	24	10	14	12	14,14	12	13	15	19	16	17	22	9	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID104	17	13	29	25	10	11	13	11,13	11	11	14	20	16	15	23	13	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID105	15	12	29	25	11	11	13	12,14	12	11	14	20	16	17	24	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID106	14	13	29	23	11	14	14	11,15	12	12	15	19	16	17	24	12	K-M9	1	0.005
ID107	17	13	30	25	10	11	11	10,11	11	10	14	20	16	16	23	12	R1b-M467	1	0.005
ID108	17	13	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	16	22	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID109	17	13	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	16	23	12	N/A	1	0.005
ID110	17	14	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	17	24	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID111	14	13	29	24	10	14	12	11,14	12	12	15	19	16	17	23	12	K-M9	1	0.005
ID112	17	13	32	25	10	11	13	11,15	11	11	14	20	16	16	23	12	K-M9	1	0.005
ID113	16	13	30	26	10	11	14	10,14	11	10	14	20	16	16	23	12	K-M9	1	0.005
ID114	17	13	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	2	0.010
ID115	14	13	29	23	11	13	13	12,14	12	12	15	19	16	17	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID116	14	12	29	23	10	11	13	14,14	10	12	16	20	16	15	22	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID117	14	13	29	23	11	13	13	11,14	12	12	15	19	16	18	22	12	R1b-M467	1	0.005
ID118	15	12	28	23	10	11	13	14,14	10	11	16	21	16	15	21	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID119	17	13	29	25	10	11	12	10,14	11	11	14	20	16	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID120	16	13	26	25	11	11	14	11,14	11	10	14	20	16	15	23	12	R1b-M467	1	0.005
ID121	17	13	30	25	10	11	13	10,14	11	10	14	20	16	16	24	12	R1b-M467	1	0.005

Lp.	DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS385	DYS438	DYS439	DYS437	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4	Final marker Y-SNP	n	Frequency
ID122	17	14	30	26	10	11	13	10,14	11	11	14	20	16	17	23	12	R1b-M467	1	0.005
ID123	14	13	30	23	10	13	13	12,14	12	13	14	19	17	17	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID124	15	13	29	26	11	11	13	11,14	11	14	14	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID125	15	13	29	25	10	11	13	11,14	11	12	11	20	17	16	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID126	16	13	31	25	10	11	14	11,14	11	11	11	20	17	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID127	16	13	29	25	10	11	13	11,14	11	12	11	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID128	13	14	31	26	11	11	13	16,18	10	11	10	20	17	16	21	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID129	17	13	30	25	10	11	13	10,14	11	11	11	20	17	16	23	12	K-M9	1	0.005
ID130	16	12	28	25	10	11	13	11,14	11	11	11	20	17	16	23	12	IJ-P123	1	0.005
ID131	16	13	29	25	10	11	13	11,14	11	13	11	20	17	16	23	12	IJ-P123	1	0.005
ID132	14	13	30	24	11	13	12	11,13	12	12	12	19	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID133	16	13	28	25	10	11	13	11,14	11	11	11	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID134	15	13	29	26	10	11	13	11,14	11	11	11	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	2	0.010
ID135	16	13	30	23	11	11	13	11,12	11	11	11	20	17	16	23	13	IJ-P125	1	0.005
ID136	16	14	30	25	10	11	13	11,14	11	12	11	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID137	17	13	30	25	11	11	13	11,14	11	10	11	20	17	15	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID138	16	13	30	25	10	11	13	11,15	11	11	11	20	17	15	24	13	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID139	16	13	29	25	10	11	13	11,14	11	11	11	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID140	16	13	30	25	10	11	13	11,14	11	12	11	20	17	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID141	16	13	29	25	10	11	13	11,15	11	11	11	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID142	16	13	30	25	10	11	12	11,14	11	11	11	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID143	16	13	30	25	10	11	12	11,14	11	10	11	21	17	15	23	13	K-M9	1	0.005
ID144	14	13	30	24	11	13	13	11,14	12	12	12	19	17	17	23	11	K-M9	1	0.005
ID145	17	13	30	25	10	11	13	10,13	11	10	11	20	17	16	24	12	R1b-M467	2	0.010
ID146	16	13	30	26	10	11	13	11,15	12	10	12	20	17	16	23	13	R1b-M467	1	0.005
ID147	15	14	30	25	10	11	13	11,14	11	10	11	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID148	16	13	29	25	10	11	13	11,11	11	11	11	20	18	15	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005

Lp.	DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS385	DYS438	DYS439	DYS437	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4	Final marker Y-SNP	n	Frequency
ID149	15	13	29	25	10	11	13	10,15	11	11	11	20	18	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID150	16	13	30	25	10	11	13	11,11	12	10	12	20	18	15	23	12	K-M9	1	0.005
ID151	15	14	30	24	10	11	13	11,15	11	11	11	20	18	15	23	13	K-M9	1	0.005
ID152	16	13	30	25	11	11	13	11,14	11	10	11	20	18	15	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID153	15	13	29	24	11	12	14	15,16	10	11	10	20	14	15	21	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID154	14	12	28	22	11	11	13	13,14	10	11	10	20	14	15	22	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID155	17	12	28	24	10	11	13	15,16	10	13	10	20	15	15	22	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID156	16	13	30	25	11	11	13	11,15	11	10	14	20	16	15	24	13	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID157	14	14	30	23	11	13	13	12,12	12	12	15	18	15	18	25	12	K-M9	1	0.005
ID158	16	13	31	24	11	11	13	14,16	10	12	15	20	15	17	21	11	K-M9	1	0.005
ID159	17	13	25	25	10	11	13	10,13	11	10	14	20	16	15	23	12	R1b-M467	1	0.005
ID160	16	13	30	25	10	11	13	12,14	11	11	14	20	16	15	23	13	R1b-M467	1	0.005
ID161	15	12	29	23	10	11	13	14,14	10	11	16	20	15	15	21	11	R1b-M467	1	0.005
ID162	15	14	31	23	11	14	14	11,13	10	10	14	19	13	17	22	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID163	16	13	30	25	10	11	13	10,14	11	11	14	20	16	18	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID164	15	13	25	25	10	12	13	11,14	11	11	14	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID165	15	13	30	23	11	14	14	11,14	10	10	14	19	14	17	22	12	R1b-M467	1	0.005
ID166	14	13	29	24	10	13	13	9,11	12	11	16	18	15	17	23	11	R1b-M467	1	0.005
ID167	16	13	30	25	11	11	13	11,15	11	10	14	20	15	15	24	13	R1b-M467	1	0.005
ID168	14	14	30	24	11	13	13	11,13	12	12	15	19	15	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID169	14	13	29	23	11	13	13	11,13	12	12	15	19	17	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID170	16	13	32	24	11	11	13	14,16	10	13	15	20	15	17	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID171	16	13	30	25	10	11	13	10,10	11	10	14	20	16	17	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID172	14	13	30	24	10	13	13	11,14	12	11	14	19	16	16	25	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID173	15	13	30	26	10	11	13	11,14	11	10	14	20	15	18	25	12	K-M9	1	0.005
ID174	14	13	29	25	11	13	13	11,14	12	12	15	19	17	17	23	11	IJ-P125	1	0.005
ID175	15	13	29	23	11	14	14	11,14	10	11	14	19	14	16	22	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005

Lp.	DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS385	DYS438	DYS439	DYS437	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4	Final marker Y-SNP	n	Frequency
ID176	16	13	29	25	10	11	13	12,12	11	11	14	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID177	17	13	25	25	10	11	13	11,11	11	11	14	20	16	15	23	13	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID178	14	13	28	24	11	11	12	10,14	12	12	15	19	16	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID179	14	12	28	23	12	13	13	11,14	12	11	15	19	15	18	23	12	K-M9	1	0.005
ID180	16	13	30	24	11	11	13	11,13	12	11	14	20	16	15	23	12	K-M9	1	0.005
ID181	17	13	30	25	11	11	13	11,13	11	11	14	20	15	16	23	13	K-M9	1	0.005
ID182	16	13	29	25	10	11	13	11,14	11	11	14	20	17	16	23	12	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID183	16	13	29	25	10	11	13	11,14	11	12	14	20	17	16	23	12	IJ-P125	1	0.005
ID184	14	13	28	23	11	10	13	11,13	12	12	15	19	17	17	23	11	K-M9	1	0.005
ID185	17	13	29	24	10	14	13	10,11	11	10	14	20	16	16	22	12	K-M9	1	0.005
ID186	15	13	29	23	11	14	14	11,14	10	10	14	19	14	16	22	12	K-M9	1	0.005
ID187	15	13	30	25	11	10	13	11,15	11	10	14	20	15	15	23	12	K-M9	1	0.005
ID188	15	13	28	24	11	11	13	12,14	12	10	14	20	16	17	24	12	K-M9	1	0.005
ID189	14	13	30	24	11	13	13	11,15	12	13	15	20	16	16	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID190	14	14	30	24	11	13	13	14,16	9	12	14	20	15	18	22	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID191	13	13	31	25	10	11	13	14,19	11	10	14	20	16	17	23	11	R1a1-SRY1532.2	1	0.005
ID192	14	13	29	24	10	11	13	11,14	11	10	14	20	15	16	23	11	R1b-M467	1	0.005

Wartość zmienności genowej pośród loci Y-STR wahała się w zakresie od 0,3102 (DYS393) do 0,8641 (DYS385).

W wyniku analizy polimorfizmu Y-SNP w grupie 201 niespokrewnionych mężczyzn uzyskano 40 różnych haplotypów. Najczęściej pojawiający się haplotyp Ht-1, zaobserwowano w 38 próbach (19%). Następnymi w kolejności najczęstszymi haplotypami były: Ht-2 (11%), Ht-3 (7%), Ht-4-5 (5,5%), Ht-6 (4,5%), Ht-7 (3,5%), Ht-8-11 (3%), Ht-12-14 (2,5%), Ht-15-17 (2%), Ht-18-21 (1,5%), Ht-22-28 (1%) i Ht-29-40 (0,5%). W pozostałych 12 próbach otrzymano różne haplotypy (0,5%).

Najbardziej polimorficznymi markerami Y-SNPs okazały się: P123, SRY1532.2, P125 i M9, odpowiednio z wartościami GD: 0.4830, 0.4376, 0.4237 i 0.4100. Najmniej polimorficzne okazały się markery M46 i M17.

Zmienność haplotypowa badanych markerów Y-SNPs wyniosła $0,9360 \pm 0,0035$, a siła dyskryminacji 0,20. Średnia wartość GD wyniosła 0.2927, porównywalna do wartości GD jednego markera Y-STR dla populacji Wielkopolski w tym przypadku (DYS393 (0.3102) (tabela V). Analiza 8 Y-SNPs pozwoliła na przypisanie badanych mężczyzn do 4 różnych haplogrup: większość z nich należy do haplogrupy R1a1-SRY 1532.2

Tabela III. Częstość alleliczna dla poszczególnych loci Y-STR w populacji Wielkopolski.
Table III. Allele frequencies at 17 Y-STRs in the Greater Poland population.

Allele	DYS 456	DYS 389I	DYS 390	DYS 389II	DYS 458	DYS 19	DYS 393	DYS 391	DYS 439	DYS 635	DYS 392	YGATA H4	DYS 437	DYS 438	DYS 448	Geno- type	DYS 385
8																9,11	0.005
9									0.005		0.010	0.010		0.015		10	0.005
10								0.645	0.355		0.035	0.050		0.270		10,11	0.015
11							0.005	0.345	0.355		0.715	0.250		0.545		10,13	0.030
12		0.120					0.055	0.010	0.170		0.030	0.550		0.165		10,14	0.170
13	0.025	0.745				0.020	0.820		0.090		0.130	0.140		0.005		10,15	0.015
14	0.105	0.130			0.015	0.235	0.120		0.025		0.070		0.675			11	0.020
15	0.270	0.005			0.265	0.225							0.240			11,12	0.010
16	0.405				0.340	0.290							0.085			11,13	0.065
17	0.170				0.310	0.225										11,14	0.290
18	0.025		0.005		0.050	0.005									0.015	11,15	0.080
19			0.000		0.005										0.200	12	0.010
20			0.000		0.005					0.010					0.720	12,14	0.030
21			0.000							0.140					0.060	13,14	0.035
22			0.075							0.115					0.005	13,15	0.010
23			0.185							0.600						13,18	0.010
24			0.245							0.110						14	0.055
25			0.445	0.020						0.025						14,15	0.060
26			0.040	0.005												14,16	0.030
27			0.005	0.015												14,17	0.010
28				0.125												14,19	0.005
29				0.260												15	0.005
30				0.415												15,16	0.005
31				0.115												15,17	0.005
32				0.045												16	0.010
33																16,18	0.010
																17,19	0.005
GD	0.7509	0.4137	0.7008	0.7294	0.7747	0.8503	0.3102	0.4649	0.7101	0.5944	0.4647	0.6747	0.4796	0.6027	0.4378		0.8641

GD: Współczynnik różnicowania genowego/haplotypowego

GD: Gene/Haplotype diversity

Tabela IV. Haplotypy oraz ich częstości występowania w populacji Wielkopolski z zastosowaniem 8 markerów Y-SNPs.

Table IV. Haplotypes and frequencies obtained by the using 8 Y-SNPs in the Greater Poland population.

Ht	n	Frequency	M213	P123	P125	M172	M9	M46	SRY 1532.2	M467
1	38	0.1890	C	T	T	T	G	T	T	G
2	22	0.1094	C	T	T	T	G	T	C	G
3	14	0.0696	T	T	T	T	G	T	T	G
4	11	0.0547	C	C	A	T	C	T	T	G
5	11	0.0547	C	C	T	T	C	T	T	G
6	9	0.0447	C	T	T	T	C	T	T	G
7	7	0.0348	C	C	A	T	G	T	T	G
8	6	0.0298	C	T	A	T	G	T	T	G
9	6	0.0298	C	C	A	T	C	T	C	G
10	6	0.0298	C	C	T	T	C	T	C	A
11	6	0.0298	T	T	T	T	G	T	C	G
12	5	0.0248	C	C	T	T	G	T	T	G
13	5	0.0248	C	T	A	T	G	T	C	G
14	5	0.0248	T	T	A	T	G	T	T	G
15	4	0.0199	C	C	T	T	C	T	T	A
16	4	0.0199	C	C	T	T	C	T	C	G
17	4	0.0199	C	T	A	T	G	T	T	A
18	3	0.0149	T	T	T	T	C	T	T	G
19	3	0.0149	C	C	A	T	G	T	C	G
20	3	0.0149	T	C	T	T	C	T	T	G
21	3	0.0149	T	C	T	T	C	T	C	G
22	2	0.0099	C	C	A	T	G	T	T	A
23	2	0.0099	C	T	T	T	C	T	T	A
24	2	0.0099	C	T	A	T	C	T	T	G
25	2	0.0099	C	C	T	T	G	T	T	A
26	2	0.0099	C	T	A	T	C	T	C	G
27	2	0.0099	C	C	T	T	G	T	C	G
28	2	0.0099	T	C	A	T	G	T	T	G
29	1	0.0049	T	C	T	T	G	T	T	G
30	1	0.0049	C	C	A	T	G	T	C	A
31	1	0.0049	C	T	T	T	G	T	T	A
32	1	0.0049	T	C	A	T	G	T	T	A
33	1	0.0049	C	T	T	T	G	T	T	G
34	1	0.0049	T	C	A	T	G	T	C	A
35	1	0.0049	T	T	A	T	C	T	T	A
36	1	0.0049	C	T	A	T	G	T	C	A
37	1	0.0049	T	T	T	T	G	T	T	A
38	1	0.0049	T	C	A	T	G	T	C	G
39	1	0.0049	T	T	T	T	C	T	C	G
40	1	0.0049	C	T	T	T	C	T	C	A

Tabela V. Wskaźnik częstości allelicznej uzyskany z zastosowaniem 8 Y-SNPs w populacji Wielkopolski.

Table V. Frequencies of the alleles and haplotype diversity/discrimination indices by using of 8 Y-SNPs in the Greater Poland population.

Variation ID	Mutation		Frequency		GD = $1 - \sum p_i^2$	Average value GD
rs34442126	T	C	1.0000	0.0000	0.0000	0.2927
rs3900	C	G	0.3433	0.6567	0.4100	
rs17222279	G	A	0.8606	0.1394	0.2400	
rs2032604	T	G	1.0000	0.0000	0.0000	
rs17315821	T	C	0.5920	0.4080	0.4830	
rs17306671	T	A	0.6916	0.3084	0.4237	
rs2534636	C	T	0.3234	0.6766	0.4376	
rs2032665	T	C	0.2238	0.7762	0.3475	

Tabela VI. Powtarzające się haplotypy Y-STR (Ht), uzyskane haplotypy w zakresie markerów Y-SNPs oraz ich częstości występowania w populacji województwa wielkopolskiego.

Table VI. The repeated Y-STR haplotypes (Ht); the haplotypes obtained by using the markers Y-SNPs and their frequencies in the population of the Greater Poland region.

Próby z identycznym Haplotypem (Ht) Y-STR Samples with identical Y-STR haplotype (Ht) in the population of the Greater Poland region	M213	P123	P125	M172	M9	M46	SRY1532.2	M467	Częstość występowania haplotypu Y-SNPs w populacji Wielkopolski The frequency of Y-SNPs haplotype in the population of the Greater Poland region
Ht24	T	T	A	T	G	T	T	G	0.0248
Ht191	C	C	A	T	G	T	T	G	0.0348
Ht58	T	T	T	T	G	T	T	G	0.0696
Ht112	C	C	T	T	C	T	C	A	0.0298
Ht76	T	T	T	T	C	T	T	G	0.0149
Ht117	C	T	A	T	G	T	C	G	0.0248
Ht86	C	C	T	T	C	T	T	G	0.0547
Ht99	C	T	T	T	G	T	T	G	0.1890
Ht95	C	C	A	T	C	T	T	G	0.0547
Ht158	T	C	A	T	G	T	T	G	0.0099
Ht128	C	C	T	T	C	T	T	A	0.0199
Ht138	C	C	T	T	G	T	C	G	0.0099
Ht150	C	C	T	T	C	T	C	G	0.0199
Ht151	T	C	T	T	C	T	C	G	0.0149
Ht50	C	T	T	T	G	T	C	G	0.1094
Ht54	C	C	T	T	C	T	T	G	0.0547
Ht56	C	T	T	T	G	T	T	G	0.1890

Tabela VII. Analiza AMOVA bazująca na porównaniu wartości par odległości genetycznych Φ_{st} między populacjami wschodniej i południowej Chorwacji, Litwy, Ukrainy, Rosji oraz Polski.

Table VII. AMOVA pairwise distances based on Φ_{st} values between the East and South Croatian, Lithuania, Ukraine, Russian and Polish populations.

Population → ↓	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1. East Croatia, [Croatian] YA003594	////	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2. Lithuania, [Lithuanian] YA003255	0.1912	////	-	+	+	-	-	-	-	-	-
3. Lviv, Ukraine [Ukrainian] YA003134	0.0445	0.1037	////	+	+	-	+	-	-	-	-
4. Rjasan, Russian Federation [Russian] YA003178	0.1050	0.0356	0.0237	////	+++	-	+++	+++	+++	+++	+++
5. Smolensk, Russian Federation [Russian] YA003179	0.1237	0.0168	0.0319	0.0004	////	-	+++	+++	+++	+++	+++
6. South Croatia, [Croatian] YA003596	0.0030	0.2332	0.0688	0.1517	0.1706	////	-	-	-	-	-
7. Southern Poland [Polish] YA003463	0.1125	0.0515	0.0221	-0.0007	0.0023	0.1425	////	-	+	+	++
8. Sverdlovsk, Russian Federation [Russian] YA003578	0.1134	0.0203	0.0370	-0.0002	-0.0006	0.1422	0.0124	////	-	-	-
9. Warsaw, Poland [Polish] YA003034	0.1432	0.0676	0.0338	0.0081	0.0073	0.1722	0.0038	0.0268	////	+++	++
10. Wrocław, Poland [Polish] YA002967	0.1541	0.0644	0.0405	0.0144	0.0069	0.1821	0.0058	0.0278	-0.0001	////	++
11. Poznań, Poland [Polish] YA003801	0.1641	0.0498	0.0527	0.0152	0.0094	0.2024	0.0160	0.0282	0.0106	0.0109	////

Powyżej przekątnej podano nieistotne wartości F_{st} (P). Znak „-” oznacza wartości $P > 0.05$, znak „+” oznacza wartości $0.05 > P > 0.005$, znak „++” oznacza wartości $0.005 > P > 0.001$, znak „+++” oznacza wartości $P < 0.001$.

Above the diagonal, non-significant values of F_{st} (P) are given. The “-” character denotes the value $P > 0.05$, the “+” character denotes the value $0.05 > P > 0.005$; the “++” sign denotes the value $0.005 > P > 0.001$; the “+++” sign denotes the value $P < 0.001$.

($n=119$; 59%), następnie do haplogrupy K-M9 ($n=38$; 19%), R1b1-M467 ($n=30$; 14%) oraz do haplogrupy IJ-P123, P125 ($n=8$; 4%, $n=6$; 3%) (tabela II).

Zwrócono uwagę, że mężczyźni z tym samym haplotypem Y-STR (tabela II) różnią się haplotypami Y-SNPs. Wyniki te zostały przedstawione w tabeli VI. Prace na ten temat wskazują, że mężczyźni z identycznym haplotypem w zakresie markerów Y-STR mogą posiadać różne haplotypy Y-SNPs [13].

Uzyskane haplotypy Y-STR w populacji Wielkopolski porównano z innymi populacjami Polski, Chorwacji, Ukrainy, Litwy i Rosji przy pomocy programu zmienności molekularnej – AMOVA dostępnemu na stronie internetowej www.yhrd.com, bazującemu na porównaniu par odległości genetycznych F_{st} . Wyniki analizy filogenetycznej sugerują, że populacje z Polski i Rosji są blisko spokrewnione z populacją z Wielkopolski: Smoleńsk $F_{st} = 0,0094$, Warszawa $F_{st} = 0,0106$, Wrocław $F_{st} = 0,0109$ i południowa Polska $F_{st} = 0,0160$.

PIŚMIENNICTWO

1. Chakraborty R., Stivers D. N., Su B., Zhong Y., Budowle B.: The utility of short tandem repeat loci beyond human identification: Implications for development of new DNA typing systems, *Electrophoresis*. 1999, 20: 1682-1696.
2. Mathias N., Bayes M., Tyler-Smith C.: Highly informative compound haplotypes for the human Y-chromosome, *Human Molecular Genetics*. 1994, 3: 115.
3. Bąbol-Pokora K., Prośniak A., Jacewicz R., Berent J.: Baza 500 alleli SNP w populacji centralnej Polski, *Arch. Med. Sąd. Kryminol.* 2008, 58: 27-31.
4. Lareu M. V., Ruiz-Ponte C.: Genotyping SNPs with the LightCycler. *Methods in Molecular Biology. Forensic DNA Typing Protocols*. 2005, vol. 297.
5. Butler J. M.: Recent Developments in Y-Short Tandem Repeat and Y-Single Nucleotide Polymorphism Analysis, *Forensic Science Review*. 2003, vol. 15, n°2.
6. www.ycc.biosci.arizona.edu
7. Lareu M. V., Ruiz-Ponte C.: Genotyping SNPs with the LightCycler. *DNA Typing Protocols Methods in Molecular Biology™*, Totowa, New Jersey, USA, Human Press. 2005, 297: 127-139.
8. Vallone P. M., Butler J. M.: Y-SNP typing of U.S. African American and Caucasian samples using allele-specific hybridization and primer extension, *Journal of Forensic Science*. 2004, 49(4): 723-732.
9. Y chromosome Consortium, A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups, *Genome Res*. 2002, 12: 339-348.
10. Nei M.: *Molecular Evolutionary Genetics*, Columbia University Press, New York. 1987.
11. Excoffier L., Lischer H. E. L.: Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows, *Mol Ecol Res*. 2010, 10: 564-567.
12. www.yhrd.org
13. Pereira L., Prata M. J., Amorim A.: An evaluation of the proportion of identical Y-STR haplotypes due to recurrent mutation, *International Congress Series 1239*. 2003, 57-60.

Adres do korespondencji:

Monica Abreu-Głowacka

ul. Świącickiego 6

60-781 Poznań

tel.: +48 618 54 64 16

e-mail: abreuglowacka@ump.edu.pl