

УДК 575.174:599.9

К ПРОБЛЕМЕ ПРОИСХОЖДЕНИЯ МОНГОЛОИДНОГО КОМПОНЕНТА МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОФОНДА СЛАВЯН

© 2008 г. Б. А. Малярчук, М. А. Перкова, М. В. Деренко

Институт биологических проблем Севера Дальневосточного отделения Российской академии наук, Магадан 685000; e-mail: malyarchuk@ibpn.ru

Поступила в редакцию 21.12.2006 г.

Представлены данные о рестрикционном полиморфизме митохондриальной ДНК (мтДНК) в чешской популяции ($n = 279$). Установлено, что в структурном отношении митохондриальные генофонды чехов и других славянских народов (русских, поляков, словенцев, боснийцев) практически не различаются. Частота восточноевразийских (монголоидных) линий мтДНК у чехов составила 1.8%. Проводится анализ распространенности восточноевразийских линий мтДНК в популяциях Европы, относящихся к различным этнолингвистическим группам. Выявлены различия по частоте подобных линий мтДНК в различных группах славян: от 1.2 и 1.6% соответственно у южных и западных славян до 1.3–5.2% у восточных славян – русского населения Восточной Европы. Наиболее высокая частота монголоидного компонента зарегистрирована в митохондриальных генофондах русского населения Русского Севера и Северо-Западного региона, что может объясняться ассимиляцией славянами североευропейских финно-угорских народов в процессе формирования русского населения этих регионов. Обсуждается проблема происхождения монголоидного компонента в генофондах различных групп славян.

Генетические аспекты истории формирования населения Европы исследованы еще недостаточно, хотя различным проблемам в этой области уже посвящен ряд исследований [1–7]. Среди них наиболее активно развиваются исследования полиморфизма высокополиморфных генетических систем – митохондриальной ДНК (мтДНК) и Y-хромосомы, наследуемых по одной из родительских линий. С помощью анализа полиморфизма мтДНК изучены популяции восточных, западных и южных славян [8–18]. Анализ данных об изменчивости мтДНК в европейских популяциях, включая славянские, показал, что славяне характеризуются единством происхождения, центральное положение среди них занимают западные славяне, а степень генетических различий между группами славян определяется в значительной мере степенью смешения с дославянским населением современного этнического ареала славян, а также интенсивностью их взаимодействия с соседними народами [19]. Последний вывод следует из того факта, что соседи русских – западнофинские популяции – характеризуются относительно высоким генетическим сходством с русскими, германские популяции – с западными славянами, а балканские – с южными славянами [19].

Между тем не все группы славян охарактеризованы в одинаковой мере. Довольно детально исследовано разнообразие митохондриальных генофондов южных и восточных славян, а западные славяне представлены практически одной этнической группой – поляками [5, 11–16]. Чехи и

словаки, также относящиеся к числу западнославянских народов, изучены явно недостаточно [17]. Целью настоящей работы является изучение разнообразия мтДНК в чешской популяции и сравнительный анализ распределения групп мтДНК у славян и соседних по отношению к ним народов Европы.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Сбор биологического материала (цельная кровь) осуществлялся на базе терапевтических отделений больниц от индивидуумов, неотягощенных наследственной патологией. Исследуемая выборка ($n = 279$) представлена индивидуумами чешской национальности – уроженцами различных районов Чешской Республики.

Материалом для исследований служила геномная ДНК, выделенная из крови с использованием стандартных методов, включающих лизис клеток протеиназой K (“Sigma”, USA) в присутствии 1% додецилсульфата натрия, очистку ДНК фенолом/хлороформом и осаждение ДНК этиловым спиртом.

Скрининг полиморфных сайтов, определяющих основные группы типов мтДНК, распространенных в популяциях Евразии (табл. 1), проводился посредством анализа участков мтДНК, амплифицированных в полимеразной цепной реакции, с использованием праймеров, предложенных в работах [21, 22]. Рестрикционные фрагменты фракционировались электрофоретически в

Таблица 1. Схема идентификации основных гаплогрупп мтДНК с помощью рестрикционного анализа

Гаплогруппа мтДНК	Варианты рестрикционного полиморфизма
HV	–14766 <i>MseI</i>
H	–14766 <i>MseI</i> , –7025 <i>AluI</i>
HV0a	–14766 <i>MseI</i> , +15904 <i>MseI</i> , +4577 <i>NlaIII</i>
HV0b	–14766 <i>MseI</i> , –15904 <i>MseI</i> , +4577 <i>NlaIII</i>
V	–14766 <i>MseI</i> , +15904 <i>MseI</i> , –4577 <i>NlaIII</i>
R	+12704 <i>MboII</i>
U	+12308 <i>HinfI</i>
K	+10394 <i>DdeI</i> , +12308 <i>HinfI</i> , –9052 <i>HaeII</i>
J	+10394 <i>DdeI</i> , –13704 <i>BstNI</i>
T	+13366 <i>BamHI</i> , +15606 <i>AluI</i>
T1	+13366 <i>BamHI</i> , +15606 <i>AluI</i> , –12629 <i>AvaII</i>
N1	–12498 <i>NlaIII</i>
I	–4529 <i>HaeII</i> , +8249 <i>AvaII</i> , +10032 <i>AluI</i> , +10394 <i>DdeI</i>
W	+8249 <i>AvaII</i> , –8994 <i>HaeIII</i>
X	–1715 <i>DdeI</i> , +14465 <i>AccI</i>
M	+10394 <i>DdeI</i> , +10397 <i>AluI</i>
C	+10394 <i>DdeI</i> , +10397 <i>AluI</i> , –13259 <i>HincII</i> /+13262 <i>AluI</i>
D	+10394 <i>DdeI</i> , +10397 <i>AluI</i> , –5176 <i>AluI</i>
G	+10394 <i>DdeI</i> , +10397 <i>AluI</i> , +4830 <i>HaeII</i> /+4831 <i>HhaI</i>
A	+ 663 <i>HaeIII</i>
F1	–12406 <i>HpaI</i> / <i>HincII</i>
L1/2	+3592 <i>HpaI</i>

Примечание. Варианты рестрикционного полиморфизма приводятся относительно референтной кембриджской последовательности мтДНК [20]. Знаками “+” и “–” отмечено соответственно присутствие и отсутствие рестрикционных сайтов.

8%-ных полиакриламидных гелях. Для детекции ДНК использовалась окраска гелей бромистым этидием с последующей визуализацией ДНК в УФ-свете. Полиморфизм учитывался по наличию (+) и отсутствию (–) сайтов рестрикции.

Идентификацию типов мтДНК проводили на основании существующей классификации мтДНК в популяциях человека [7, 23]. В соответствии с классификацией группы мтДНК, за исключением группы HV, обозначаются латинским однобуквенным кодом. Учитывая рекомендации, изложенные в недавней работе [24], кластер pre-HV обозначается как R0, (pre-HV)1 – как R0a, pre-V – как HV0, pre-V1 – как HV0b и pre-V2 – как HV0a.

Для идентификации образцов мтДНК, не классифицированных с помощью схемы анализа, показанной в табл. 1, нами проводился скрининг дополнительных маркеров, определяющих группы L1 и L2 (в пределах кластера L) и N9a (в пределах кластера N, за исключением R). Для идентификации образцов в пределах групп L1 и L2 использовали схему рестрикционного анализа, представленную в работе [25]. Для определения группы N9a анализировали *TasI*-полиморфизм участка

5416–5419. Типы мтДНК, характеризующиеся вариантом +5416*TasI*, определяли как N9a-типы [23].

Достоверность межпопуляционных различий по частотам групп типов мтДНК оценивали с помощью точного теста на популяционную дифференциацию [26]. Индексы разнообразия мтДНК в популяциях и значения *F*-статистик рассчитывали с помощью компьютерных программ пакета Arlequin 2.0 [26], предназначенного для анализа молекулярной изменчивости и генетической структуры популяций.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Анализ изменчивости мтДНК у чехов показал, что их генофонд характеризуется типично европейской композицией групп и подгрупп мтДНК. Наиболее представленными у них, как и в других славянских популяциях, являются кластеры H, U, T, J (табл. 2). Подавляющее большинство кластеров мтДНК, выявленных у чехов, являются западно-евразийскими по происхождению. Частота восточноевразийских (монголоидных) линий мтДНК у них составила 1.8% (группы A, N9a, M). Обнаружена

Таблица 2. Распределение частот гаплогрупп мтДНК у чехов в сравнении с другими славянскими популяциями (в скобках приводится размер выборки)

Гаплогруппа мтДНК	Чехи (279)	Поляки (436)	Словенцы (104)	Боснийцы (144)	Русские (201)
H	46.2 (129)	45.2 (197)	47.1 (49)	47.9 (69)	42.3 (85)
HV*	1.4 (4)	0.9 (4)	0	0.7 (1)	2.0 (4)
HV0	2.9 (8)	4.8 (21)	6.7 (7)	6.3 (9)	5.5 (11)
J	12.2 (34)	7.8 (34)	9.6 (10)	6.9 (10)	8.0 (16)
T*	9.7 (27)	9.4 (41)	4.8 (5)	3.5 (5)	9.0 (18)
T1	2.9 (8)	2.1 (9)	1.0 (1)	1.4 (2)	2.0 (4)
K	3.6 (10)	3.4 (15)	3.9 (4)	4.2 (6)	3.0 (6)
U*	14.3 (40)	16.1 (70)	19.2 (20)	19.4 (28)	17.9 (36)
R0a	0	0	0	1.4 (2)	0.5 (1)
R*	0	0.5 (2)	0	0	0.5 (1)
W	0.4 (1)	3.7 (16)	4.8 (5)	1.4 (2)	2.0 (4)
X	1.1 (3)	1.8 (8)	1.0 (1)	1.4 (2)	3.5 (7)
N1*	1.1 (3)	0.2 (1)	0	0.7 (1)	0
I	2.2 (6)	1.8 (8)	1.9 (2)	2.8 (4)	2.5 (5)
N9a	0.4 (1)	0	0	0	0
A	0.4 (1)	0	0	0	0
M	1.1 (3)	1.8 (8)	0	1.4 (2)	1.5 (3)
L	0.4 (1)	0.2 (1)	0	0.7 (1)	0
<i>h</i>	0.74 ± 0.02	0.75 ± 0.02	0.73 ± 0.04	0.72 ± 0.03	0.77 ± 0.02

Примечание. Данные для русских и поляков приводятся по работе [12], для боснийцев и словенцев по работе [13]. *h* – разнообразие митохондриального генофонда.

также африканская линия (частота 0.4%), относящаяся к группе L2a, маркированной вариантом +13803HaeIII. В структурном отношении митохондриальные генофонды исследованных групп славян очень сходны по композиции групп и подгрупп мтДНК (табл. 2). Анализ генетической дифференциации популяций показал отсутствие межпопуляционных различий во всех парах сравнений как с помощью *F*-статистики ($F_{st} = 0, p = 0.68$), так и с использованием точного теста ($p = 0.3 \pm \pm 0.08$).

Анализ изменчивости мтДНК в популяциях Европы показал, что в генофондах различных славянских популяций практически всегда присутствуют линии ДНК, имеющие восточно-евразийское происхождение (табл. 3). Однако неясно, чем это обусловлено: входил ли достаточно разнообразный монголоидный компонент в состав предкового генофонда славян или же его появление в генофондах различных групп славян имеет “накопительный” характер, т.е. связано с постепенной ассимиляцией монголоидных линий ДНК в результате взаимодействия между населением Восточной Европы и Азии в различные эпохи?

Согласно лингвистическим, археологическим и палеогеографическим данным, распад балто-

славянской языковой общности произошел примерно во второй половине III тыс. до н.э., что привело к появлению протобалтов и протославян [33]. Анализ изменчивости мтДНК у славян и балтов показал, что их генофонды различаются по частоте восточноевразийского компонента (табл. 3). Низкая частота монголоидных вариантов мтДНК у латышей и литовцев свидетельствует о том, монголоидный компонент, по всей видимости, не был характерен для балто-славянского протогенофонда. Таким образом, правомочно предположение о том, что процесс накопления монголоидных линий мтДНК у славян и их предков интенсифицировался лишь на протяжении последних четырех тысячелетий.

Исследования изменчивости мтДНК у русского населения Восточной Европы показали, что региональные группы русских популяций различаются по частоте и композиции групп мтДНК, имеющих восточноевразийское происхождение. Данные табл. 3 показывают, что частота монголоидного компонента повышается в северном направлении. Наиболее высокие частоты монголоидного компонента характерны для русского населения Русского Поморья и Северо-Западного региона, однако популяции этих регионов различаются по композиции групп мтДНК. Известно,

Таблица 3. Частота восточноевразийских линий мтДНК в генофондах различных этнолингвистических групп Европы

Популяция	Частота, %	Композиция групп мтДНК
<i>Германоязычные народы</i>		
Немцы (333) ¹	0.6	D
Норвежцы (397) ¹	0.5	Z
<i>Финно-угорязычные народы</i>		
Эстонцы (409) ¹	0.2	D
Карелы (83) ²	4.8	D
Финны (580) ¹	1.8	Z, D
Венгры (98) ³	1.7	B, M
Марийцы (136) ⁴	7.4	A, M*, C, Z, D
Мордва (102) ⁴	2.9	C, D
Удмурты (101) ⁴	20.8	A, C, Z, D
Коми (136) ⁴	11.8	A, C, Z, D, G
<i>Балтоязычные народы</i>		
Латыши (299) ¹	0.3	G
Литовцы (180) ¹	0.6	A
<i>Славяноязычные народы</i>		
Восточные славяне (русские южных и центральных регионов) (458) ^{5, 6}	1.3	M*, C, D, G
Восточные славяне (русские северо-западного региона) (228) ^{6, 7}	4.0	A, Z, D, M*, G
Восточные славяне (русские поморы) (134) ⁸	5.2	D5, Z
Западные славяне (поляки, чехи) (808) ^{5, 9, 10}	1.6	A, N9a, M*, C, D, G
Южные славяне (боснийцы, хорваты, герцеговинцы, сербы, македонцы, словенцы) (1705) ^{11, 12}	1.2	A, F, D, M*

Примечание. В скобках – размеры выборок. Частоты гаплогрупп мтДНК приводятся в соответствии с результатами работ: ¹ [28]; ² [29]; ³ [30]; ⁴ [27]; ⁵ [12]; ⁶ [16]; ⁷ [32]; ⁸ [31]; ⁹ настоящая работа; ¹⁰ [17]; ¹¹ [15]; ¹² [13].

что в процессе формирования русского населения большое значение имела ассимиляция коренного дославянского населения Восточной Европы собственно славянами. Поэтому межрегиональные различия между группами русских могут быть обусловлены генетическими особенностями ассимилированных популяций. Установлено, что для североευропейских финно-угорских популяций (таких, как саамы, финны, карелы) характерно присутствие главным образом двух групп мтДНК – Z и D5 [29, 31]. Исходя из результатов филогеографического анализа предполагается, что эти группы мтДНК могли быть привнесены на север Европы из Азии еще в эпоху раннего неолита [31]. Поэтому высокая частота групп Z и D5 у русских поморов, и в меньшей степени у русского населения Северо-Западного региона, обусловлена, по-видимому, ассимиляцией главным образом североευропейских финно-угорских народов. Между тем спектр восточноевразийских групп мтДНК у населения большинства регионов европейской части России, включая ее северо-западную часть, значительно шире, чем у населения Русского По-

морья [32]. Это свидетельствует о том, что ассимиляции был подвержен круг других популяций, генетически более сходных с такими современными восточноевропейскими народами, как мордва, марийцы, удмурты и коми. Усложнение структуры монголоидного компонента генофондов этих народов, по всей видимости, обусловлено долговременным взаимодействием с народами Сибири и Центральной Азии. Одним из главных периодов усиления этого воздействия является раннее средневековье, когда волны миграций целого ряда степных народов (гунны, авары, болгары, монголы) прокатились по Восточной Европе. Так, в VI веке н.э. авары достигли даже территорий Центральной Европы (Валахии, Паннонии, Трансильвании и Богемии), где ими был образован Аварский каганат, существовавший вплоть до IX в. н.э. Предполагается, что после распада Аварского каганата народы, входившие в его состав, были ассимилированы племенами славян [34]. Таким образом, присутствие ощутимой частоты восточноевразийских линий мтДНК в генофондах некоторых популяций западных и юж-

ных славян (особенно на территории бывшего Аварского каганата), по всей видимости, является следствием этого процесса.

Что касается населения Восточной Европы, то антропологические данные показывают, что лесная полоса Восточной Европы была зоной интенсивного смешения народов [35]. Предполагается, что формирование монголоидного комплекса признаков происходило не позднее верхнего палеолита, в связи с чем восточносибирские популяции могли располагать значительным запасом времени для миграций в Восточную Европу [35]. Невьясненным остается вопрос о количестве этих миграций, так как на северо-западе Восточной Европы монголоидный компонент наблюдается 10–8 тыс. лет назад, в составе днепро-донецких племен 7–6 тыс. лет назад, на территории Ивановской области (Сахтыш) 6–5 тыс. лет назад [35, 36]. Результаты анализа изменчивости мтДНК в русских популяциях хорошо согласуются с антропологическими данными, поскольку указывают на существенные различия по частоте монголоидных линий мтДНК между русским населением Русского Севера, Северо-Запада и центральных/южных районов европейской части России (табл. 3). Надеемся, что в перспективе станут возможными исследования хронологии формирования разнообразия монголоидного компонента, присутствующего в генофондах русского населения и в других популяций славян.

Авторы выражают благодарность д-ру T. Vanecek (Charles University, Pilsen, Czech Republic), предоставившему материал для проведения данного исследования.

Работа финансировалась программой Президиума Российской академии наук “Динамика генофондов и биоразнообразия”.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Achilli A., Rengo C., Battaglia V. 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. V. 75. P. 910–918.
2. Finnilä S., Lehtonen M.S., Majamaa K. Phylogenetic network for European mtDNA // *Am. J. Hum. Genet.* 2001. V. 68. P. 1475–1484.
3. Loogväli E.-L., Roostalu U., Malyarchuk B.A. et al. Disuniting uniformity: a pied cladistic canvas of mtDNA haplogroup H in Eurasia // *Mol. Biol. Evol.* 2004. V. 21. P. 2012–2021.
4. Macaulay V., Richards M., Hickey E. et al. The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs // *Am. J. Hum. Genet.* 1999. V. 64. P. 232–249.
5. Malyarchuk B.A., Derenko M.V. Mitochondrial DNA variability in Russians and Ukrainians: Implication to the origin of the Eastern Slavs // *Ann. Hum. Genet.* 2001. V. 65. P. 63–78.
6. Richards M.B., Macaulay V.A., Bandelt H.-J., Sykes B.C. Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe // *Ann. Hum. Genet.* 1998. V. 62. P. 241–260.
7. Richards M.B., Macaulay V.A., Hickey E. et al. Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool // *Am. J. Hum. Genet.* 2000. V. 67. P. 1251–1276.
8. Мальярчук Б.А., Деренко М.В., Соловечук Л.Л. Типы контрольного региона митохондриальной ДНК у восточных славян // *Генетика.* 1995. Т. 31. № 6. С. 846–851. (Malyarchuk B.A., Derenko M.V., Solovenchuk L.L. Types of mitochondrial DNA control region in the Eastern Slavs // *Rus. J. Genetics.* 1995. V. 31. № 6. P. 723–727.)
9. Calafell F., Underhill P., Tolun A. et al. From Asia to Europe: mitochondrial DNA sequence variability in Bulgarians and Turks // *Ann. Hum. Genet.* 1996. V. 60. P. 35–49.
10. Orekhov V., Poltoraus A., Zhivotovsky L.A. et al. Mitochondrial DNA sequence diversity in Russians // *FEBS Letters.* 1999. V. 445. P. 197–201.
11. Tolk H.V., Pericic M., Barac L. et al. MtDNA haplogroups in the populations of Croatian Adriatic Islands // *Coll. Anthropol.* 2000. V. 24. P. 267–279.
12. Malyarchuk B.A., Grzybowski T., Derenko M.V. et al. Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians // *Ann. Hum. Genet.* 2002. V. 66. P. 261–283.
13. Malyarchuk B.A., Grzybowski T., Derenko M.V. et al. Mitochondrial DNA variability in Bosnians and Slovenians // *Ann. Hum. Genet.* 2003. V. 67. P. 412–425.
14. Belyaeva O., Bermisheva M., Khrunin A. et al. Mitochondrial DNA variations in Russian and Belorussian populations // *Hum. Biol.* 2003. V. 75. P. 647–660.
15. Cvjetan S., Tolk H.V., Barac Lauc L. et al. Frequencies of mtDNA haplogroups in Southeastern Europe – Croats, Bosnians and Herzegovinians, Serbians, Macedonians and Macedonian Romani // *Coll. Anthropol.* 2004. V. 28. P. 193–198.
16. Malyarchuk B., Derenko M., Grzybowski T. et al. Differentiation of mitochondrial DNA and Y chromosome in Russian populations // *Hum. Biol.* 2004. V. 76. P. 877–900.
17. Vanecek T., Vorel F., Sip M. Mitochondrial DNA D-loop hypervariable regions: Czech population data // *Int. J. Legal Med.* 2004. V. 118. P. 14–18.
18. Zupanec Pajnic I., Balazic J., Komel R. Sequence polymorphism of the mitochondrial DNA control region in the Slovenian population // *Int. J. Legal Med.* 2004. V. 118. P. 1–4.
19. Мальярчук Б.А. Дифференциация славян и их генетическое положение среди народов Евразии по данным об изменчивости митохондриальной ДНК // *Генетика.* 2001. Т. 37. № 12. С. 1705–1712. (Malyarchuk B.A. Differentiation and genetic position of Slavs among Eurasian ethnoses as inferred from variation in mitochondrial DNA // *Rus. J. Genetics.* 2001. V. 37. № 12. P. 1437–1443.)
20. Anderson S., Bankier A.T., Barrell B.G. et al. Sequence and organization of the human mitochondrial genome // *Nature.* 1981. V. 290. P. 457–465.
21. Torroni A., Huoponen K., Francalacci P. et al. Classification of European mtDNAs from an analysis of three

- European populations // *Genetics*. 1996. V. 144. P. 1835–1850.
22. *Finnilä S., Hassinen I.E., Ala-Kokko L., Majamaa K.* Phylogenetic network of the mtDNA haplogroup U in northern Finland based on sequence analysis of the complete coding region by conformation-sensitive gel electrophoresis // *Am. J. Hum. Genet.* 2000. V. 66. P. 1017–1026.
23. *Kong Q.-P., Yao Y.-G., Sun C. et al.* Phylogeny of East Asian mitochondrial DNA lineages inferred from complete sequences // *Am. J. Hum. Genet.* 2003. V. 73. P. 671–676.
24. *Torroni A., Achilli A., Macaulay V. et al.* Harvesting the fruit of the human mtDNA tree // *Trends Genet.* 2006. V. 22. P. 339–345.
25. *Salas A., Richards M., De la Fe T. et al.* The making of the African mtDNA landscape // *Am. J. Hum. Genet.* 2002. V. 71. P. 1082–1111.
26. *Schneider S., Roessli D., Excoffier L.* Arlequin ver.2.0: A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry laboratory, University of Geneva (Switzerland), 2000.
27. *Бермишева М., Тамбетс К., Виллемс Р., Хуснутдинова Э.* Разнообразие гаплогрупп митохондриальной ДНК у народов Волго-Уральского региона России // *Молекуляр. биология.* 2002. Т. 36. С. 990–1001.
28. *Pliss L., Tambets K., Loogvali E.-L. et al.* Mitochondrial DNA portrait of Latvians: Towards the understanding of the genetic structure of Baltic-speaking populations // *Ann. Hum. Genet.* 2006. V. 70. P. 439–458.
29. *Sajantila A., Lahermo P., Anttinen T. et al.* Genes and languages in Europe – an analysis of mitochondrial lineages // *Genome Res.* 1995. V. 5. P. 42–52.
30. *Semino O., Passarino G., Quintana-Murci L. et al.* MtDNA and Y chromosome polymorphisms in Hungary: inferences from the palaeolithic, neolithic and Uralic influences on the modern Hungarian gene pool // *Eur. J. Hum. Genet.* 2000. V. 8. P. 339–346.
31. *Tambets K., Rootsi S., Kivisild T. et al.* The Western and Eastern roots of the Saami – the story of genetic “outliers” told by mitochondrial DNA and Y-chromosomes // *Am. J. Hum. Genet.* 2004. V. 74. P. 661–682.
32. *Лункина А.В., Денисова Г.А., Деренко М.В., Мальярчук Б.А.* Изменчивость митохондриальной ДНК в двух популяциях русского населения Новгородской области // *Генетика.* 2004. Т. 40. № 7. С. 975–980. (*Lunkina A.V., Denisova G.A., Derenko M.V., Malyarchuk B.A.* Mitochondrial DNA variation in two Russian populations from Novgorod oblast // *Rus. J. Genet.* 2004. V. 40. P. 795–799.)
33. *Сейбутис А.А.* Проблема этногенеза балтов и славян в свете палеогеографии // *Природа.* 1980. № 11. С. 78–85.
34. *Седов В.В.* Славяне в раннем средневековье. М.: Археологический фонд, 1995. 416 с.
35. *Алексеева Т.И., Денисова Р.Я., Козловская М.В. и др.* Неолит лесной полосы Восточной Европы (Антропология Сахтышских стоянок). М.: Научный мир, 1997. 191 с.
36. *Гохман И.И.* Население Украины в эпоху мезолита и неолита. М.: АН СССР, 1966. 209 с.

On the Origin of Mongoloid Component in the Mitochondrial Gene Pool of Slavs

B. A. Malyarchuk, M. A. Perkova, and M. V. Derenko

Institute of Biological Problems of the North, Russian Academy of Sciences, Magadan, 685000 Russia

e-mail: malyarchuk@ibpn.ru

The data on mitochondrial DNA (mtDNA) restriction polymorphism in Czech population ($n = 279$) are presented. It was demonstrated that in terms of their structure, mitochondrial gene pools of Czechs and other Slavic populations (Russians, Poles, Slovenians, and Bosnians) were practically indistinguishable. In Czechs, the frequency of eastern-Eurasian (Mongoloid) mtDNA lineages constituted 1.8%. The spread of eastern-Eurasian mtDNA lineages belonging to different ethnolinguistic groups in the populations of Europe was examined. Frequency variations of these DNA lineages in different Slavic groups was observed, with the range from 1.2 and 1.6% in Southern and Western Slavs, respectively, to 1.3 to 5.2% in Eastern Slavs, the Russian population of Eastern Europe. The highest frequency of Mongoloid component was detected in the mitochondrial gene pools of Russian populations from the Russian North and the Northwestern region of Russia. This finding can be explained in terms of assimilation of northern-European Finno-Ugric populations during the formation of the Russian population of these regions. The origin of Mongoloid component in the gene pools of different groups of Slavs is discussed.