

Genetski polimorfizmi i analiza haplotipova četiri usko povezana dvostruka kratka udvojena slijeda u Korejanaca

Eun Jin Lim, Hwan Young Lee, Jeong Eun Sim, Woo Ick Yang, Kyoung-Jin Shin

Cilj Istražiti geneske polimorfizme i haplotipove usko povezanih nakupina kratkih udvojenih sljedova na X kromosomu (*engl.*, X-STR) u Korejanaca.

Postupci Četiri X-STR udvojena slijeda u skupini povezanih gena 1-4 (DXS10135-DXS8378, DXS7132-DXS10074, HPRTB-DXS10101, i DXS10134-DXS7423) proučavana su u 450 nesrodnih Korejanaca (300 muškaraca i 150 žena) koristeći Mentype Argus X-8 Polymerase Chain Reaction Amplification Kit.

Rezultati Nije primjećena značajna devijacija od Hardy-Weinbergove ravnoteže ni na jednom od 8 lokusa. DXS10135 bio je najpolimorfiji X-STR s 25 alela, a DXS7423 najmanje informativan, s 5 alela. Pronašli smo 11 atipičnih (*engl.*, off-ladder) alela i tri-alelski uzorak, a ti su aleli obilježeni kloniranjem i analizom sekvenciranjem. U 300 korejskih muškaraca, 38 od 59 haplotipova primjećeno je za svaki udvojeni slijed povezanih gena, s 91,6% do 96,6% haplotipske raznolikosti. Međutim, zbog niske geneske raznolikosti lokusa DXS7423, X-STR udvojeni slijed u skupini 4 povezanih gena (DXS10134-DXS7423), u usporedbi s ostalim takvim sljedovima povezanih gena, imao je znatno nižu haplotipsku raznolikost (91,6%) s 3 zajednička haplotipa (35-15, 36-15, i 37-15) u 44,3% Korejanaca.

Zaključak Četiri X-STR udvojena slijeda u skupini povezanih gena 1-4 mogu biti korisni u rješavanju složenih slučajeva određivanja srodnosti u Korejanaca. Međutim, kako bi povećali haplotipsku raznolikost u skupini 4 povezanih gena, korisno bi bilo otkriti novi biljeg za Azijce, koji može poslužiti kao odgovarajuća zamjena za DXS7423 ili dopuniti postojeći udvojeni slijed povezanih gena DXS10134-DXS7423.