

Genetske varijacije na 15 polimorfnih autosomalnih kratkih udvojenih sljedovnih lokusa u dvije mađarske populacije u Transilvaniji, Rumunjska

Szabolcs József Demeter, Beatrice Kelemen, Gyöngyi Székely, Octavian Popescu

Cilj Odrediti distribuciju alela i genetičkih parametara za dvije populacije iz rumunjskoga dijela Transilvanije: Mađare iz Cluja i Seklere iz okruga Covasna, i usporediti njihove rezultate s ostalim mađarskim i rumunjskim populacijama.

Postupci Odredili smo učestalost alela za 15 autosomalnih kratkih udvojenih sljedovnih (engl., STR) lokusa (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, TPOX, D18S51, D5S818, i FGA), nekoliko forenzičnih parametara, i parametre očinstva za Seklere iz okruga Covasna (n = 278) i transilvanijske Mađare koji ne pripadaju populaciji Seklera, a u ovom istraživanju predstavljali su ih Mađari iz Cluja (n = 146).

Rezultati Prosječna očekivana heterozigotnost bila je 70%. Kombinirana moć diskriminacije i kombinirane vrijednosti isključenja bile su visoke. Svi testirani lokusi slagali su se s Hardy-Weinberg ekvilibrijem, s iznimkom lokusa CSF1PO za okrug Covasna. Parni testovi i egzakti testovi za populacijsku diferencijaciju nisu pokazali značajne razlike između Mađara iz Cluja i Seklera iz okruga Covasna, a Sekleri iz okruga Covasna pokazali su veće razlike od ostalih rumunjskih populacija nego Mađari iz Cluja.

Zaključak Mađari iz Cluja imaju veću genetsku heterogenost nego Sekleri iz Covasne. Testirani lokusi pogodni su za proučavanje mikro-diferencijacija između tih dviju skupina i između tih populacija i ostalih populacija u Rumunjskoj i Mađarskoj.