

Y-kratki udvojeni sljedovni haplotip i očinsko podrijetlo populacije Ezhava iz Kerale, južna Indija

Parvathy Seema Nair, Aswathy Geetha, Chippy Jagannath

Cilj Analizirati haplotip populacije Ezhava iz Kerale, južna Indija, uz pomoć 8 kratkih udvojenih sljedovnih lokusa na Y-kromosomu (engl., Y-STR) i utvrditi očinsko podrijetlo populacije.

Postupci Uzorci pune krvi prikupljeni su od zdravih muškaraca iz populacije Ezhava koji nisu u krvnom srodstvu (n=104) u razdoblju od jedne godine, od listopada 2009. Genomska DNA ekstrahirana je postupkom izoliranja. Svi uzorci su genotipizirani za 8 lokusa Y-STR uz pomoć sustava AmpFiSTR Y-filer PCR Amplification Kit. Haplotipske frekvencije i frekvencije alela određene su izravnim brojenjem i analizirane uz pomoć programa Arlequin 3.1, a molekularna varijanca izračunata je uz pomoć alata za analizu na mrežnoj stranici baze podataka o haplotipovima Y-kromosoma (www.yhrd.org).

Rezultati Među 104 ispitana haplotipa, pronašli smo 98 jedinstvenih. Prosječna raznolikost gena bila je 0.669, s najvećom raznolikošću od 0,9462 koja je zabilježena za bijele alele Y-STR DYS 385. Učestalost alela među lokusima DYS kretala se između 0,0096 i 0,75. Od 104 haplotipa, 10 su bili identični onima iz populacije Jat Sikh iz Punjaba, što je najveći broj među populacijama iz Indije, a 4 su bila identična onima iz Turske populacije, što je najveći broj među europskim populacijama. Prema učestalosti Y-STR, populacija Ezhava genetski je sličnija Europljanima (60%) nego populaciji istočne Azije (40%).

Zaključak Velika većina haplotipova primijećena je samo jednom, što govori o iznimnoj genetskoj raznolikosti populacije Ezhava. Prema genotipu, populacije Ezhava više slični populaciji Jat Sikh iz Punjaba i Turskoj populaciji nego populaciji istočne Azije. To ukazuje na njihovo europsko očinsko podrijetlo.