

Genetska varijacija autosomnih kratkih udvojenih sljedova u Baska u Španjolskoj

Kristin L. Young, Guangyun Sun, Ranjan Deka, Michael H. Crawford

Cilj Ispitati populacijsku genetsku strukturu i hipotezu o podrijetlu modernih Baska u Španjolskoj uz pomoć podataka o autosomnim kratkim udvojenim sljedovima (engl., STR) od pojedinaca iz 27 planinskih sela u provincijama Alava, Vizcaya, Guipuzcoa, i Navarre i usporedbom STR varijaciju Baska sa susjednim populacijama u Europi, kao i s populacijama u Sjevernoj Africi i Kavkazu odakle se pretpostavlja da su došli predci Baska.

Postupci Učestalost alela za 9 autosomnih lokusa STR (D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D18S51, D21S11, FGA, i vWA) i nekoliko populacijskih genetičkih parametara određeni su za 4 provincije u baskijskoj regiji Španjolske (n=377). Heterozigotnost unutar baskijske populacije mjerena je uz pomoć analize molekularne varijance lokus-po-lokus. Povezanost između Baska i ostalih populacija ispitana je uz pomoć multidimenzionalnog skaliranja matrice udaljenosti Shriverove D_{SW} .

Rezultati Razine heterozigotnosti u baskijskim provincijama bile su na donjem rubu europske distribucije (0.805-0.812). Multidimenzionalno skaliranje genetske udaljenosti pokazalo je da se autosomalna STR varijacija Baska razlikuje kako od kavkaskih tako i od sjevernoafričkih populacija.

Zaključak Autosomalna analiza STR ne podupire hipotezu nedavnog zajedničkog pretka Baska i populacija s Kavkaza i Sjeverne Afrike.