Identifikacija i karakterizacija visoko polimorfnog lokusa D14S739 u kineskoj Han populaciji

**Cilj** Sistematski izabrati i karakterizirati kratka uzastopna ponavljanja (prema engl, *short tandem repeats*, STRs) na kromosomu 14, te pronaći nove STR lokuse koji bi imali forenzičku primjenu kao prošireni biljezi za genotipizaciju.

**Postupci** STR-ovi s kromosoma 14 dobiveni su pretraživanjem Baze podataka udvojenih sljedova (prema engl. *Tandem Repeats Database*) i dalje odabrani na osnovu njihovog položaja na kromosomu, ponavljajućih motiva osnovnog slijeda, homologije sekvenci susjedne regije i prikladnosti susjednih regija za dizajn primera. STR lokus s najvišom heterozigotnošću i informacijskim sadržajem polmorfizma odabran je za daljnju analizu genetskog polimorfizma, forenzičkih parametara i osnovnog slijeda.

**Rezultati** Od 26 odabranih STR lokusa, D14S739 imao je najveću heterozigotnost (0,8691) i informacijski sadržaj polmorfizma (0,8432), te nije pokazao devijaciju od Hardy-Weinbergove ravnoteže. Primijećeno je 14 alela veličine od 21 do 34 tetranukleotidne jedinice u osnovnom slijedu (GATA)9-18(GACA)7-12GACG (GACA)2GATA. Testiranje očinstva nije pokazalo prisutnost mutacija.

**Zaključak** D14S739 vrlo je informativan STR lokus koji može poslužiti za forenzičku primjenu u kineskoj Han populaciji.