

## **Određivanje haplotipa od 14 Y-kromosomskih kratkih udvojenih sljedova s fokusom na DYS449, DYS456, i DYS458: uzorak iz češke populacije**

*Edvard Ehler, Richard Marvan, Daniel Vanek*

**Cilj** Ispitati novi test trostrukom polimeraznom lančanom reakcijom za analizu polimorfnih Y-kromosomskih kratkih udvojenih lokusa (Y-STR).

**Postupci** Analizirali smo 14 lokusa Y-STR. Ispitali smo frekvencije alela za 3 tetramerna Y-STR lokusa (DYS449, DYS456, i DYS458) i produljene haplotipske lokuse tipizirane sustavom Y-PLEX<sup>TM</sup> 12 (ReliaGene Technologies, Inc.) iz uzorka krvi 50 zdravih čeških muških darivatelja koji nisu bili u srodstvu. Izračunali smo važne unutar-populacijske statističke parametre – gensku raznolikost, prosječnu gensku raznolikost na lokusima, i aritmetičku sredinu parnih razlika (engl., *pairwise differences*) i usporedili naš uzorak s ostalim srednjoeuropskim populacijama rabeći parnu genetsku udaljenost  $R_{ST}$ .

**Rezultati** Usporedili smo genetsku raznolikost između 14 Y-STR produžena haplotipska lokusa i 3 dodatna lokusa i ispitali korisnost uporabe DYS449, DYS456 i DYS458 u forenzičkoj i populacijskoj genetici. Kada smo koristili svih 14 lokusa, ukupna genska raznolikost u našem uzorku bila je 0,998367. Naša analiza pokazala je vrlo visoku gensku raznolikost na lokusu DYS449 (0,876735), koja je bila veća i od raznolikosti na lokusu DYS385a/b (0,819592). Usporedba između populacija nije pokazala razlike uzoraka Čeha, Bavaraca, Austrijanaca i Sasa. Nađena je mala razlika između češkoga i poljskoga uzorka.

**Zaključak** Tipiziranje 3 Y-kromosomska mikrosatelitna polimorfizma može nadopuniti već postojeće nizove Y-kromosomskih kratkih udvojenih sljedova.