

Populacijsko genetička analiza haplotipova utemeljena na 17 lokusa kratkih udvojenih sljedova na Y kromosomu u populacijskom uzorku iz istočne Hrvatske

Branka Gršković, Gordan Mršić, Andro Vrdoljak, Siniša Merkaš, Šimun Anđelinović

Cilj Istražiti populacijsku genetiku 17 lokusa kratkih udvojenih sljedova na Y kromosomu u populaciji istočne Hrvatske.

Postupci Proveli smo statističku analizu podataka prijašnje genetičke analize koji su prikupljeni za vrijeme rutinskog forenzičnog rada Centra za kriminalistička vještačenja "Ivan Vučetić." Za potrebe istraživanja izabrano je 220 zdravih muškaraca iz istočne Hrvatske koji nisu međusobno u srodstvu. Genomska DNA je ekstrahirana metodom Chelex s kartica FTA®. Y-kromosomalni kratki udvojeni sljedovi određeni su uz pomoć amplifikacijskog pribora AmpFISTR Yfiler PCR. Učestalosti haplotipova određene su izravnim brojenjem i analizirane su uz pomoć programa Arlequin 3.1 i analize molekularne varijance izračunane s alatom za analizu internetske referentne baze podataka kromosomskih haplotipova.

Results Zabilježeno je 207 haplotipova, od kojih je 197 bilo jedinstveno (90%). Haplotipska raznolikost bila je 0,9993, a najčešći haplotip pronađen je u 4 od 220 muškaraca (1,8%). Prosječna raznolikost lokusa bila je 0,600, s rasponom između 0,256 za DYS392 i 0,780 za DYS458. Naše rezultate smo usporedili s uzorkom za varijabilnost Y-kromosoma u javno raspoloživim populacijskim uzorcima utemeljenim na minimalnom skupu europskih haplotipova od 9 kratkih udvojenih sljedova i najveća sličnost pronađena je s uzorcima iz hrvatskog glavnog grada Zagreba, Bosne i Hercegovine i Srbije.

Zaključak Ovo je prvi opis određivanja haplotipova na Y kromosomu u populaciji istočne Hrvatske, koji može služiti kao baza za genetičku epidemiologiju i forenzična istraživanja. Potrebna su dalja istraživanja i karakterizacije genetičke strukture Y kromosoma na suvremenoj populaciji Hrvatske.