

Y-kromosomalna raznolikost Vlaha iz Češke: model za izolirane populacije u srednjoj Europi

Edvard Ehler, Daniel Vaněk, Vlastimil Stenzl, Václav Vančata

Cilj Odrediti Y-kromosomalnu raznolikost Moravskih Vlaha iz Češke i usporediti je s ostalim populacijama iz srednje i jugoistočne Europe, i odrediti utjecaje genetske izolacije i uzorkovanja.

Postupci Prva skupina ispitanika sastojala se od 94 muškarca koji nisu u krvnom srodstvu iz regije Vlačke na sjeveroistoku Češke. Druga se sastojala od 79 vlaških muškarca podrijetlom iz 7 očinskih linija određenih prezimenom, među kojima nije bilo bliskih rođaka. Treća se skupina sastojala se od 273 muškaraca iz cijele Češke koji nisu bili u srodstvu i korištena je za usporedbu kao i podatci o drugih 27 populacija. Ukupan broj uzoraka bio je 3244. Kratki udvojeni sljedovni markeri na Y-kromosomu (engl., STR) tipizirani su standardnim postupcima uz pomoć sustava PowerPlex® Y (Promega) i Yfiler® Amplification Kit (Applied Biosystems). Y-kromosomalne haploskupine određene su iz haplotipskih informacija. Izračunati su haplotipska raznolikost i ostali unutarpopulacijski i međupopulacijski pokazatelji.

Rezultati Moravski Vlasi imaju manju varijabilnost Y-STR biljega nego ostale populacije srednje Europe, zbog čega više nalikuju izoliranim balkanskim populacijama (Aromuni, Csango populacija, bugarski i makedonski Romi) nego okolnim populacijama (Česi, Slovaci, Poljaci, Sasi). Pokazali smo utjecaj uzorkovanja u Vlaškim očinskim linija na smanjenje diskriminacijskog kapaciteta i varijabilnosti unutar Y-kromosomalnih haploskupina. Vlaški modalni haplotip pripada haploskupini R1a i nije otkriven u Češkoj populaciji.

Zaključak Y-kromosomalni biljezi Moravskih Vlaha pokazuju snažnu podstrukturu i izolaciju populacije. Ona populacija predstavlja jedinstven srednjoeuropski model za populacijsku genetiku.