

·研究简报·

湖南长沙汉族人群 25 个 Y-STR 基因座的遗传多态性

赵霖,李晓明,付永,张金国,邵俊,李花,黄笃厚
(长沙市公安局物证鉴定所 公安部重点 DNA 检验鉴定实验室,湖南 长沙 410002)

关键词:法医遗传学;多态现象;遗传;Y 染色体;短串联重复序列;汉族;长沙
中图分类号:DF795.2 文献标志码:B doi: 10.3969/j.issn.1004-5619.2018.01.015
文章编号:1004-5619(2018)01-0079-03

STR 检验已经成为法医 DNA 鉴定的常规手段。我国已经建成世界上最大的可疑犯罪人群常染色体 STR 数据库,库容量约 4 300 万^[1]。然而,由于我国城镇化和交通建设快速发展带动人口流动频繁,导致跨省市、跨区域犯罪率大幅提高,实际犯罪侦查破案中经常不能直接比中犯罪嫌疑人。近年来,Y 染色体 STR 数据库发展迅速,且为案件侦破提供了较大的帮助。湖南省长沙市近年来也启动了 Y-STR 数据库的建设。本研究通过对五代居住在长沙本地的汉族男性无关个体 25 个 Y-STR 基因座的遗传多态性进行调查,为相关鉴定和 Y-STR 数据库建设提供客观的基础数据。

1 材料与方法

1.1 样本

口腔唾液提取卡 249 份,均来自知情同意的五代居住在长沙本地的汉族男性无关个体,由宁乡县公安局采集提供。

1.2 提取及扩增

利用 Goldeneye® DNA 身份鉴定系统 26Y 试剂盒[基点认知技术(北京)有限公司]直接打唾液卡 1.5 mm,使用 9700 型 PCR 仪(美国 AB 公司)扩增 DNA,采用 10 μL 扩增体系,PCR 热循环参数采用试剂盒推

荐方法,扩增产物在 3500xL 基因分析仪上进行检测,用 GeneMapper® ID-X 软件进行基因分型。

1.3 统计学分析

用直接计数法整理各基因座的等位基因频率、单倍型频率、基因多样性(gene diversity, GD)、单倍型多样性(haplotype diversity, HD)及单体型辨别能力(discriminative capacity, DC)。GD、HD、DC 值的计算公式^[2]:

$GD=n[1-\sum P_i^2]/(n-1),$ (1)

$HD=n[1-\sum P_i^2]/(n-1),$ (2)

其中 P_i 为各等位基因频率或单倍型频率;
 $DC=N_{diff}/N,$ (3)
其中 N_{diff} 为单倍型种类数目, N 为单倍型数。

2 结果与讨论

249 名长沙汉族男性无关个体 25 个 Y-STR 基因座的等位基因频率及 GD 值见表 1~2, 其中 DYS449、DYS385 为多拷贝基因座, GD 值最低为 0.416 2 (DYS391), 最高为 0.955 8 (DYS385a/b)。25 个 Y-STR 基因座中共检出 247 种单倍型, 其中 245 种仅单个个体具有, 2 种单倍型检出了 2 次。HD 为 0.999 8, DC 为 0.992 0。

表 1 长沙汉族男性群体 25 个 Y-STR 基因座的等位基因频率分布 (n=249)

DYS456		Y_GATA_H4		DYS448		DYS393		DYS437	
等位基因	频率	等位基因	频率	等位基因	频率	等位基因	频率	等位基因	频率
13	0.0408	10	0.0803	18	0.3049	11	0.0040	13	0.0121
14	0.1510	11	0.2561	19	0.3902	12	0.5422	14	0.6787
15	0.5388	12	0.5542	20	0.2439	13	0.2450	15	0.2782
16	0.1755	13	0.1004	21	0.0528	14	0.1727	16	0.0282
17	0.0899	DYS391		22	0.0080	15	0.0361	DYS385a/b	
18	0.0041	等位基因	频率	DYS533		DYS460		单倍型	频率
		6	0.0161	等位基因	频率	等位基因	频率	11	0.0201
		9	0.0763	10	0.1325	8	0.0080	12	0.0361

作者简介:赵霖(1984—),男,硕士研究生,主检法医师,主要从事法医 DNA 检验鉴定;E-mail:269809464@qq.com

表 1(续)

DYS549		DYS391		DYS533		DYS460		DYS385a/b	
等位基因	频率	等位基因	频率	等位基因	频率	等位基因	频率	单倍型	频率
11	0.093 1	10	0.742 9	11	0.626 5	9	0.309 2	13	0.072 3
12	0.473 7	11	0.160 6	12	0.200 8	10	0.477 9	14	0.008 0
13	0.336 0	12	0.004 0	13	0.028 1	11	0.192 8	15	0.004 0
14	0.081 0	DYS388		14	0.012 0	12	0.012 0	10/17	0.012 0
15	0.012 1	等位基因	频率	DYS390		DYS458		11/12	0.024 1
16	0.004 0	10	0.168 7	等位基因	频率	等位基因	频率	11/15	0.016 1
DYS439		11	0.008 0	21	0.016 1	14	0.028 1	11/16	0.024 1
等位基因	频率	12	0.690 8	22	0.064 5	15	0.136 5	11/17	0.020 1
10	0.048 2	13	0.084 3	23	0.459 7	13	0.212 9	11/18	0.012 0
11	0.393 6	14	0.036 1	24	0.278 2	17	0.297 2	11/19	0.008 0
12	0.373 5	15	0.012 0	25	0.165 3	18	0.184 7	11/20	0.016 1
13	0.156 6	DYS570		26	0.016 1	19	0.072 3	12/13	0.036 1
14	0.024 1	等位基因	频率	DYS389Ⅱ		20	0.048 2	12/14	0.004 0
15	0.004 0	14	0.024 1	等位基因	频率	21	0.012 0	12/15	0.012 0
DYS19		15	0.040 1	26	0.004 0	22	0.008 0	12/16	0.024 1
等位基因	频率	16	0.144 6	27	0.100 4	DYS481		12/17	0.028 1
12	0.008 0	17	0.152 6	28	0.377 5	等位基因	频率	12/18	0.048 2
13	0.032 1	18	0.265 1	29	0.257 0	21	0.048 1	12/19	0.080 3
14	0.241 0	19	0.241 0	30	0.172 7	22	0.112 4	12/20	0.024 1
15	0.429 7	20	0.080 3	31	0.064 3	23	0.297 2	12/21	0.028 1
16	0.227 9	21	0.040 1	32	0.020 1	24	0.232 9	13/14	0.032 1
17	0.060 2	22	0.008 0	33	0.004 0	25	0.140 6	13/15	0.004 0
18	0.004 0	23	0.004 0	DYS438		26	0.104 4	13/16	0.008 0
DYS392		DYS635		等位基因	频率	27	0.044 2	13/17	0.020 1
等位基因	频率	等位基因	频率	8	0.004 0	28	0.012 0	13/18	0.088 4
10	0.004 0	19	0.112 4	9	0.036 1	29	0.008 0	13/19	0.096 4
11	0.092 4	20	0.301 2	10	0.678 7	DYS449		13/20	0.040 2
12	0.124 5	21	0.309 2	11	0.245 0	等位基因	频率	13/21	0.008 0
13	0.373 5	22	0.168 7	12	0.020 1	24	0.008 0	13/22	0.004 0
14	0.361 4	23	0.084 3	13	0.016 1	25	0.008 0	14/17	0.012 0
15	0.040 2	24	0.020 1	DYS576		26	0.016 1	14/18	0.020 1
16	0.004 0	25	0.004 0	等位基因	频率	27	0.076 3	14/19	0.020 1
DYS643		DYS389Ⅰ		14	0.008 0	28	0.076 3	14/21	0.008 0
等位基因	频率	等位基因	频率	15	0.024 1	29	0.096 4	15/16	0.012 0
8	0.008 0	11	0.020 1	16	0.076 3	30	0.124 5	15/19	0.016 1
9	0.056 2	12	0.586 3	17	0.196 8	31	0.160 6	15/20	0.004 0
10	0.249 0	13	0.249 0	18	0.321 3	32	0.176 7	15/21	0.004 0
11	0.514 1	14	0.128 5	19	0.249 0	33	0.088 4	15/26	0.012 0
12	0.160 6	15	0.008 0	20	0.072 3	34	0.092 3	16/19	0.004 0
13	0.008 0	16	0.004 0	21	0.044 2	35	0.060 2	16/21	0.008 0
14	0.004 0			22	0.008 0	36	0.012 0	11.2/17	0.004 0
						37	0.004 0	11.2/21	0.004 0

表 2 25 个 Y-STR 基因座在长沙汉族男性群体中的 GD 值 (n=249)

基因座	GD	基因座	GD	基因座	GD
DYS456	0.646 2	DYS570	0.817 1	DYS389 II	0.746 9
DYS549	0.647 3	DYS635	0.765 1	DYS438	0.477 4
DYS439	0.678 1	DYS448	0.669 2	DYS576	0.782 3
DYS19	0.701 9	DYS437	0.461 0	DYS460	0.636 5
DYS392	0.704 2	DYS533	0.548 6	DYS458	0.805 1
DYS643	0.644 6	DYS393	0.614 8	DYS481	0.809 6
Y_GATA_H4	0.606 1	DYS389 I	0.577 2	DYS385a/b	0.955 8
DYS391	0.416 2	DYS390	0.679 3	DYS449	0.886 0
DYS388	0.485 9				

25 个 Y-STR 基因座中,除 *DYS391*、*DYS388*、*DYS437*、*DYS438* 基因座外,其余 GD 值都大于 0.5,占 84%,GD 值大于 0.6 的达到 76%,说明选用试剂盒包含的 25 个 Y-STR 基因座在长沙汉族男性个体人群中具有较好的多态性与识别能力^[3],能满足父系遗传鉴定的要求,也能够满足该地区 Y-STR 家系数据库建设的要求。

参考文献:

[1] 刘烁,叶健. 2016 法医遗传学进展[M].北京:中国人民

公安大学出版社,2016:6.

[2] COBLE M D, HILL C R, BUTLER J M. Haplotype data for 23 Y-chromosome markers in four U.S. population groups[J]. Forensic Sci Int Genet,2013,7(3):e66-e68.

[3] 孙凯臻,彭珊,刘超,等. 广东汉族群体 24 个 Y-STR 基因座的多态性及突变率[J].中国法医学杂志,2014,29(6): 514-518.

(收稿日期:2016-11-28)
(本文编辑:李成涛)