

· 研究简报 ·

赣中地区汉族人群34个Y-STR基因座的遗传多态性

张帆¹, 金雷¹, 张晓霞¹, 丁美满²

(1. 永康市公安局, 浙江 金华 321300; 2. 嘉兴市公安局, 浙江 嘉兴 314001)

关键词: 法医遗传学; 多态现象, 遗传; Y染色体; 短串联重复; 遗传距离; 系统发育树; 汉族; 赣中地区

中图分类号: DF795.2 文献标志码: B doi: 10.12116/j.issn.1004-5619.2020.06.019

文章编号: 1004-5619(2020)06-0863-06

Y染色体中约95%的区域为非重组区或称Y特异区。Y特异区在减数分裂过程中不发生重组,所有Y-STR基因座均连锁遗传。因此,在个体识别和父权鉴定等概率计算方面不能像常染色体STR基因座那样采用乘法原则将各基因座等位基因频率相乘,而应将所有Y-STR基因座分型结果视为1个单倍型,以单倍型概率进行计算^[1-2]。目前,市面上一些商品化试剂盒检测的Y-STR基因座较少,个体识别能力有限,若要充分发挥Y-STR基因座在法医学鉴定工作中的作用,必须联合检测更多的Y-STR基因座,才能提高Y染色体单倍型的鉴别能力^[3-4]。本研究应用ZGWZ FS YPlus荧光检测试剂盒对赣中地区1064名汉族男性无关个体34个Y-STR基因座的群体遗传学数据进行调查,并分析不同地区人群之间是否存在差异,旨在为法医学鉴定、Y-STR数据库建设和群体遗传学研究提供基础数据。

1 材料与方法

1.1 样本

赣中地区1064名汉族男性无关个体的血卡,来源于实验室的日常检案积累。样本采集均遵循知情同意原则。

1.2 试剂与仪器

ZGWZ FS YPlus荧光检测试剂盒、DNA标准品9948均购自无锡中德美联生物技术有限公司,去离子甲酰胺、分子质量参照物LIZ500、Veriti™ PCR仪、3500xL基因分析仪均购自美国Thermo Fisher Scientific公司。

1.3 复合扩增

采用ZGWZ FS YPlus荧光检测试剂盒进行复合扩增,使用直径为1.2 mm的打孔器在样本采集卡上打孔取样,使用直接扩增法在Veriti™ PCR仪上进行

扩增,扩增体系参照试剂盒操作说明书。扩增条件:95℃ 5 min;94℃ 12 s,59℃ 55 s,64℃ 50 s,28个循环;60℃ 14 min。

1.4 电泳检测与基因分型

扩增产物在3500xL基因分析仪上进行毛细管电泳,运用GeneMapper™ ID-X软件(美国Thermo Fisher Scientific公司)对电泳结果进行分型。

1.5 统计分析

采用直接计数法计算各基因座的等位基因频率和单倍型频率,基因多样性(gene diversity, GD)和单倍型多样性(haplotype diversity, HD)按照公式 $GD(HD)=n(1-\sum P_i^2)/(n-1)^{[5]}$ 分别计算, n 为样本数, P_i 为等位基因频率或单倍型频率。

Y-STR基因座单倍型结构使用Y-STR单倍型参考数据库(Y-STR Haplotype Reference Database, YHRD; <http://www.yhrd.org/>)进行分析,应用YHRD在线工具(<http://www.yhrd.org/Analyse/AMOVA>)计算赣中地区汉族人群与甘肃汉族^[6]、海南汉族^[7-8]、湖南汉族^[9]、辽宁北方汉族^[10]、绵阳地区汉族^[11]、上海汉族^[12-14]、宁夏回族^[15-16]、西藏藏族^[17]、广西壮族^[18-19]人群(源自YHRD数据库, <http://www.yhrd.org/search>)的遗传距离(R_{st} 值),同时生成多维尺度(multidimensional scaling, MDS)图,根据净遗传距离采用MEGA 7.0软件按邻接法(neighbor-joining, NJ)对10个群体进行系统发育树分析。

2 结果

1064名无关个体中共检出1064种单倍型,没有发现共有单倍型,HD值为0.999 999 999 85。在31个单拷贝基因座中共观察到260个等位基因,各基因座分别检出4~19个等位基因。双拷贝基因座DYS385a/b共检出19个等位基因,83种单倍型;DYF387S1a/b共

作者简介:张帆(1990—),男,主要从事法医学DNA检验及研究;E-mail:2267315138@qq.com

通信作者:丁美满,女,副主任法医师,主要从事法医学DNA检验及研究;E-mail:526983038@qq.com

检出14个等位基因,57种单倍型;*DYS527a/b*共检出14个等位基因,53种单倍型。另外,在*DYS385a/b*基因座上检出6例三等位基因模式和8例四等位基因模式,在*DYF387S1a/b*上检出24例三等位基因模式和1例四等位基因模式,在*DYS527a/b*基因座上检出

21例三等位基因模式。34个Y-STR基因座的GD值分布范围为0.350 1~0.957 1,除*DYS389 I*、*DYS438*、*DYS549*、*DYS437*、*DYS533*、*Y-GATA-H4*、*DYS391*外,其余基因座的GD值均高于0.6,各基因座频率分布及GD值见表1~2。

表1 34个Y-STR基因座在赣中地区汉族人群中的等位基因频率分布

Tab. 1 Allele frequency distribution of 34 Y-STR loci in Han ethnic group in the central Jiangxi Province

(*n*=1 064)

<i>DYS392</i>		<i>Y-GATA-H4</i>		<i>DYS393</i>		<i>DYS391</i>		<i>DYF387S1a/b</i>	
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
9	0.000 9	10	0.060 2	11	0.000 9	6	0.004 7	33	0.004 7
10	0.004 7	11	0.312 0	12	0.526 3	8	0.000 9	34	0.020 7
11	0.047 9	12	0.567 7	13	0.305 5	9	0.040 4	35	0.005 6
12	0.122 2	13	0.059 2	14	0.141 0	10	0.721 8	36	0.036 7
13	0.404 1	14	0.000 9	15	0.026 3	11	0.224 6	37	0.046 1
14	0.389 1	<i>DYS643</i>		<i>DYS527a/b</i>		12	0.007 5	37.3	0.000 9
15	0.028 2	等位基因	频率	等位基因	频率	<i>DYS385a/b</i>		38	0.036 7
16	0.002 8	8	0.010 3	19	0.005 6	等位基因	频率	39	0.030 1
<i>DYS389 I</i>		9	0.033 8	20	0.016 9	11	0.013 2	40	0.013 2
等位基因	频率	10	0.275 4	21	0.064 8	12	0.020 7	41	0.002 8
11	0.010 3	11	0.547 0	22	0.100 6	13	0.121 2	32,35	0.000 9
12	0.610 9	12	0.119 4	23	0.051 7	14	0.004 7	33,38	0.003 8
13	0.247 2	13	0.012 2	24	0.012 2	15	0.000 9	34,36	0.000 9
14	0.121 2	14	0.001 9	25	0.004 7	16	0.000 9	34,37	0.003 8
15	0.010 3	<i>DYS458</i>		17,18,20	0.000 9	17	0.000 9	34,38	0.013 2
<i>DYS19</i>		等位基因	频率	17,20	0.000 9	10,11	0.002 8	34,39	0.001 9
等位基因	频率	12	0.000 9	18,20	0.000 9	10,16	0.002 8	34,40	0.006 6
12	0.002 8	13	0.000 9	18,21	0.000 9	10,17	0.006 6	34,41	0.004 7
13	0.042 3	14	0.013 2	18,22	0.000 9	10,18	0.001 9	35,36	0.012 2
14	0.171 1	14.1	0.008 5	18,23	0.001 9	10,19	0.000 9	35,36,37	0.001 9
15	0.521 6	15	0.212 4	18,24	0.002 8	10,21	0.000 9	35,36,38	0.000 9
16	0.184 2	15.1	0.006 6	18,26	0.000 9	11,12	0.027 3	35,36,39	0.000 9
17	0.077 1	16	0.158 8	19,20	0.013 2	11,13	0.011 3	35,36,40	0.000 9
18	0.000 9	16.1	0.000 9	19,20,21	0.000 9	11,14	0.001 9	35,37	0.028 2
<i>DYS389 II</i>		17	0.240 6	19,20,25	0.000 9	11,15	0.000 9	35,38	0.057 3
等位基因	频率	18	0.211 5	19,20.3	0.001 9	11,16	0.011 3	35,39	0.057 3
26	0.014 1	19	0.110 0	19,21	0.001 9	11,17	0.009 4	35,40	0.010 3
27	0.080 8	20	0.031 0	19,21,25	0.000 9	11,18	0.014 1	35,41	0.002 8
28	0.336 5	21	0.001 9	19,22	0.007 5	11,19	0.016 9	36,36.2	0.000 9
29	0.283 8	22	0.001 9	19,23	0.006 6	11,20	0.004 7	36,37	0.057 3
30	0.203 9	23	0.000 9	19,24	0.003 8	11,21	0.002 8	36,37,38	0.002 8
31	0.063 0	<i>DYS449</i>		19,25	0.000 9	12,13	0.032 0	36,37,39	0.007 5
32	0.017 9	等位基因	频率	20,21	0.016 0	12,13.1	0.000 9	36,38	0.084 6
<i>DYS438</i>		24	0.000 9	20,21,25	0.001 9	12,14	0.009 4	36,38,39	0.003 8
等位基因	频率	25	0.002 8	20,22	0.048 9	12,14,18	0.000 9	36,39	0.058 3
8	0.003 8	26	0.035 7	20,22,23	0.003 8	12,14,18,19	0.000 9	36,40	0.045 1
9	0.010 3	26.2	0.000 9	20,22,24	0.001 9	12,15	0.005 6	36,41	0.015 0
10	0.787 6	27	0.023 5	20,23	0.063 9	12,16	0.037 6	36,42	0.001 9
11	0.171 1	28	0.068 6	20,23.1	0.000 9	12,17	0.048 9	36,43	0.000 9
12	0.021 6	1	0.128 8	20,24	0.051 7	12,18	0.044 2	37,38	0.037 6
13	0.005 6	30	0.146 6	20,25	0.016 0	12,19	0.078 9	37,38,39	0.001 9
		30.2	0.000 9	20,26	0.002 8	12,20	0.053 6	37,38,40	0.000 9
		31	0.180 5	20,27	0.000 9	12,21	0.010 3	37,38,41,42	0.000 9

续表 1
Continued Tab. 1

<i>DYS549</i>		<i>DYS449</i>		<i>DYS527a/b</i>		<i>DYS385a/b</i>		<i>DYF387S1a/b</i>	
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
9	0.0009	32	0.1701	21,22	0.0921	12,22	0.0047	37,39	0.0705
10	0.0028	33	0.0977	21,22,23	0.0056	12,23	0.0019	37,39,40	0.0009
11	0.0724	34	0.0789	21,23	0.1288	12,2,13	0.0009	37,40	0.0348
12	0.5517	35	0.0348	21,23,24	0.0028	13,14	0.0630	37,41	0.0085
13	0.2961	36	0.0244	21,24	0.0583	13,14,17,19	0.0009	37,42	0.0075
14	0.0630	37	0.0028	21,25	0.0085	13,14,18	0.0009	37,43	0.0009
15	0.0113	38	0.0019	21,27	0.0009	13,14,18,19	0.0028	38,39	0.0461
16	0.0019	<i>DYS520</i>		21,28	0.0009	13,14,18,21	0.0009	38,40	0.0508
<i>DYS522</i>		等位基因	频率	21,1,23	0.0019	13,14,19	0.0009	38,41	0.0216
等位基因	频率	21	0.0103	22,23	0.0893	13,15	0.0019	38,42	0.0019
9	0.0047	22	0.4690	22,23.1	0.0009	13,15,16,18	0.0009	39,40	0.0197
10	0.2152	23	0.3289	22,24	0.0395	13,16	0.0150	39,41	0.0066
11	0.2425	24	0.1034	22,25	0.0056	13,17	0.0216	39,42	0.0028
12	0.4079	25	0.0179	23,24	0.0320	13,17,18	0.0009	40,41	0.0019
13	0.1071	26	0.0630	23,25	0.0132	13,17,18,21	0.0009	<i>DYS439</i>	
14	0.0226	27	0.0066	24,25	0.0038	13,18	0.0479	等位基因	频率
<i>DYS456</i>		28	0.0009	24,26	0.0019	13,18,19	0.0009	10	0.0301
等位基因	频率	<i>DYS587</i>		<i>DYS447</i>		13,19	0.0639	11	0.4023
13	0.0329	等位基因	频率	等位基因	频率	13,20	0.0291	12	0.3994
14	0.1974	17	0.0047	19	0.0009	13,21	0.0075	13	0.1466
15	0.4577	18	0.1147	21	0.0038	13,22	0.0047	14	0.0207
16	0.1711	19	0.4323	22	0.0216	13,23	0.0009	15	0.0009
17	0.1128	20	0.1852	22.4	0.0009	13,24	0.0009	<i>DYS635</i>	
18	0.0273	21	0.1795	23	0.1654	14,15	0.0009	等位基因	频率
20	0.0009	22	0.0555	24	0.3045	14,16	0.0028	18	0.0047
<i>DYS533</i>		23	0.0282	25	0.2613	14,16.2	0.0009	19	0.1692
等位基因	频率	<i>DYS622</i>		26	0.0968	14,17	0.0066	20	0.2397
9	0.0038	等位基因	频率	27	0.1062	14,18	0.0301	21	0.2904
10	0.0846	15	0.0028	28	0.0273	14,18,19	0.0009	22	0.1767
11	0.6701	16	0.0056	29	0.0103	14,19	0.0113	23	0.0818
12	0.2171	17	0.2735	30	0.0009	14,20	0.0047	24	0.0273
13	0.0179	18	0.2773	<i>DYS460</i>		14,21	0.0028	25	0.0103
14	0.0066	19	0.2594	等位基因	频率	14,22	0.0038	<i>DYS518</i>	
<i>DYS481</i>		20	0.1212	9	0.2679	15,16	0.0019	等位基因	频率
等位基因	频率	21	0.0451	10	0.5282	15,17	0.0056	32	0.0009
18	0.0019	22	0.0141	11	0.1786	15,18	0.0056	33	0.0066
19	0.0019	23	0.0009	12	0.0244	15,19	0.0150	34	0.0414
20	0.0047	<i>DYS576</i>		13	0.0009	15,20	0.0103	35	0.0714
21	0.0310	等位基因	频率	<i>DYS448</i>		15,21	0.0028	36	0.1297
22	0.1485	14	0.0009	等位基因	频率	15,22	0.0047	36.2	0.0075
23	0.2763	15	0.0103	15	0.0028	15,23	0.0009	37	0.1898
24	0.1945	16	0.0648	16	0.0019	16,20	0.0038	37.1	0.0009
25	0.1955	17	0.1992	17	0.0226	16,21	0.0019	37.2	0.0094
26	0.1006	18	0.3543	18	0.3045	16,22	0.0019	38	0.2152
27	0.0150	19	0.2425	18.2	0.0028	17,19	0.0009	38.2	0.0019
28	0.0132	20	0.0949	19	0.3844	17,20	0.0009	39	0.1372
29	0.0150	21	0.0273	19.2	0.0028	18,19	0.0009	40	0.0865
30	0.0009	22	0.0047	20	0.2246	9,17	0.0009	41	0.0442
31	0.0009	23	0.0009	21	0.0470			42	0.0282

续表 1
Continued Tab. 1

DYS443		DYS390		DYS448		DYS557		DYS518	
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
11	0.007 5	17	0.001 9	22	0.005 6	11	0.003 8	43	0.017 9
12	0.178 6	21	0.002 8	23	0.000 9	12	0.000 9	44	0.006 6
13	0.462 4	22	0.065 8	DYS444		13	0.032 0	45	0.003 8
14	0.162 6	23	0.491 5	等位基因	频率	14	0.333 6	46	0.000 9
15	0.153 2	24	0.251 9	10	0.001 9	15	0.313 0	DYS437	
16	0.032 9	25	0.169 2	11	0.227 4	16	0.201 1	等位基因	频率
17	0.002 8	26	0.015 0	12	0.318 6	17	0.063 0	13	0.016 9
		27	0.001 9	13	0.297 9	18	0.027 3	14	0.667 3
				14	0.133 5	19	0.024 4	15	0.306 4
				15	0.016 0	20	0.000 9	16	0.009 4
				16	0.004 7				

表 2 34 个 Y-STR 基因座在赣中地区汉族人群中的 GD 值
Tab. 2 The GD value of 34 Y-STR loci in Han ethnic group in the central Jiangxi Province (n=1 064)

基因座	GD	基因座	GD	基因座	GD	基因座	GD
DYS392	0.667 9	DYS481	0.814 6	DYS576	0.762 6	DYS385a/b	0.954 2
DYS389 I	0.551 3	Y-GATA-H4	0.573 8	DYS393	0.609 7	DYS557	0.744 6
DYS19	0.657 6	DYS443	0.703 9	DYS527a/b	0.934 0	DYS390	0.662 4
DYS389 II	0.754 3	DYS643	0.609 9	DYS447	0.790 4	DYF387S1a/b	0.957 1
DYS438	0.350 1	DYS458	0.814 5	DYS460	0.617 4	DYS439	0.656 4
DYS549	0.599 2	DYS449	0.877 1	DYS448	0.706 9	DYS635	0.791 6
DYS522	0.717 2	DYS520	0.657 3	DYS444	0.740 6	DYS518	0.865 2
DYS456	0.708 4	DYS587	0.730 2	DYS391	0.427 2	DYS437	0.460 9
DYS533	0.496 7	DYS622	0.764 8				

将赣中地区汉族人群与甘肃汉族、海南汉族、湖南汉族、辽宁北方汉族、绵阳地区汉族、上海汉族、宁夏回族、西藏藏族、广西壮族人群进行遗传学距离比较, R_{st} 值范围为 0.000 4~0.237 5(表 3)。经 Bonferroni 校正,发现赣中地区汉族人群与湖南汉族人群之间的差异无统计学意义($P>0.05$),但与其他 8 个地区人群之间的差异均具有统计学意义($P<0.05$)。根据遗传学距离生成的 MDS 图见图 1,根据遗传距离构建的系统发育树见图 2,结果与图 1 一致,均显示赣中地区汉族人群与湖南汉族、海南汉族、绵阳地区汉族、上海汉族、甘肃汉族、辽宁北方汉族及宁夏回族人群遗传关系较近,而与广西壮族及西藏藏族存在一定遗传差异。

表 3 赣中地区汉族与其他 9 个地区人群间的 R_{st} 值
Tab. 3 R_{st} value between Han ethnic group in the central Jiangxi Province and other 9 regional populations

人群	赣中地区汉族	甘肃汉族	海南汉族	湖南汉族	辽宁北方汉族	绵阳地区汉族	上海汉族	宁夏回族	西藏藏族	广西壮族
赣中地区汉族		0.000 0	0.001 0	0.212 4	0.000 0	0.005 3	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0
甘肃汉族	0.014 6		0.000 0	0.000 0	0.001 0	0.006 3	0.000 0	0.000 4	0.000 0	0.000 0
海南汉族	0.004 5	0.016 5		0.036 1	0.000 0	0.000 3	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0
湖南汉族	0.000 4	0.011 2	0.002 0		0.000 0	0.030 8	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0
辽宁北方汉族	0.013 8	0.004 4	0.011 6	0.008 3		0.000 3	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0
绵阳地区汉族	0.005 8	0.006 0	0.011 3	0.003 7	0.009 7		0.003 3	0.001 6	0.000 0	0.000 0
上海汉族	0.008 6	0.014 1	0.013 4	0.009 1	0.017 1	0.005 9		0.000 0	0.000 0	0.000 0
宁夏回族	0.035 6	0.015 8	0.032 5	0.028 2	0.024 4	0.017 5	0.026 2		0.000 0	0.000 0
西藏藏族	0.188 4	0.118 8	0.184 9	0.170 8	0.166 7	0.132 5	0.161 8	0.091 1		0.000 0
广西壮族	0.055 8	0.070 7	0.033 9	0.043 2	0.058 0	0.060 9	0.064 4	0.073 7	0.237 5	

注:对角线上方为 P 值,对角线下方为 R_{st} 值。

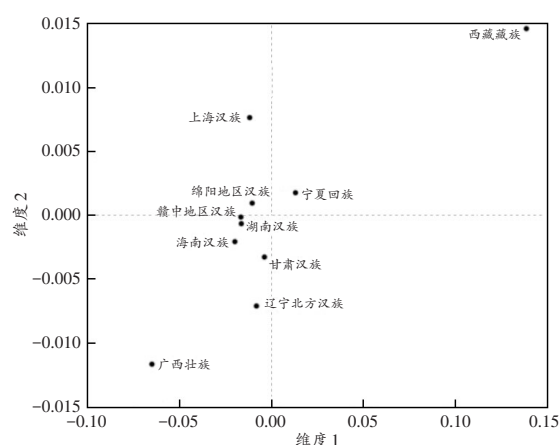


图1 赣中地区汉族人群与其他9个地区人群的MDS结果

Fig. 1 MDS results of Han ethnic group in the central Jiangxi Province and other 9 regional populations

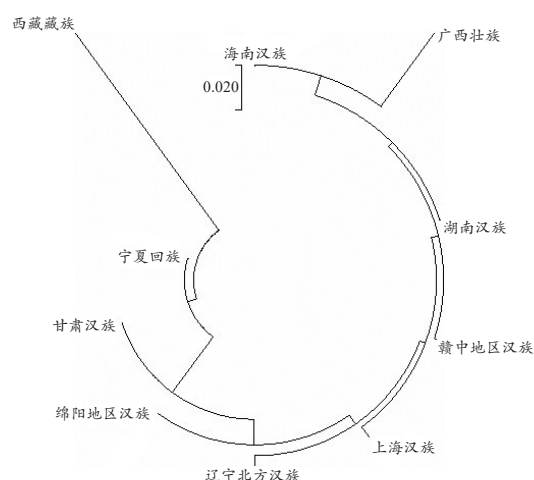


图2 赣中地区汉族人群和其他9个地区人群的系统发育树

Fig. 2 Phylogenetic tree of Han ethnic group in the central Jiangxi Province and other 9 regional populations

3 讨论

本研究中,34个Y-STR基因座在赣中地区汉族人群中的GD值范围为0.350 1~0.957 1,除DYS389 I、DYS438、DYS549、DYS437、DYS533、Y-GATAH-4、DYS391外,其余基因座的GD值均高于0.6,且HD值为0.999 999 999 85,34个Y-STR基因座联合检测在赣中地区汉族人群中具有较高的鉴别能力,能够满足法医学相关鉴定方面的需求。

遗传距离为表示群体间或物种间遗传差异或遗传分化最重要的参数。本研究构建的遗传距离矩阵显示,赣中地区汉族人群在遗传结构上与湖南汉族人群相近,而与其他5个汉族群体以及3个少数民族群体之间存在差异。与湖南汉族人群差异无统计学意义的原因,一方面可能与人口迁徙、交流融合有关,另一方面可能与本研究所纳入的基因座数量或样本量有关。本研究虽然选用了34个Y-STR基因座,但是

在遗传距离的研究方面只选用了上述10个群体共同的17个基因座。因此,在以后的研究中应采用更多相同的基因座以及更多数量的个体进行遗传学比较,以获得更有价值的结果。而赣中地区汉族人群与广西壮族及西藏藏族人群比较存在较大差异,表明Y-STR基因座的多态性分布具有显著的民族和地域差异^[20-21]。

综上所述,本研究获得了赣中地区汉族人群34个Y-STR基因座的单倍型频率并计算了GD值,为该地区的法医学应用、Y-STR数据库建设和群体差异性研究提供了基础数据。

参考文献:

- [1] 侯一平. 法医物证学[M]. 3版. 北京:人民卫生出版社,2009:113-118.
HOU Y P. Forensic genetics[M]. 3rd ed. Beijing: People's Medical Publishing House,2009:113-118.
- [2] 郑秀芬. 法医DNA分析[M]. 北京:中国人民公安大学出版社,2002:300.
ZHENG X F. Forensic DNA analysis[M]. Beijing: China People's Public Security University Press, 2002:300.
- [3] 徐志成,裴羽,杨晓波,等. 应用Y-STR遗传标记进行家系排查侦破案件1例[J]. 中国法医学杂志,2018,33(6): 634,633. doi:10.13618/j.issn.1001-5728.2018.06.020.
XU Z C, QIU Y, YANG X B, et al. Using Y-STR genetic markers to investigate the family and solve a case[J]. Zhongguo Fayixue Zazhi,2018,33(6):634, 633.
- [4] 国学红,何燕,张秀秀,等. 贵州壮族人群25个Y-STR基因座遗传多态性[J]. 中山大学学报(自然科学版), 2018,57(3):120-127. doi:10.13471/j.cnki.acta.snus. 2018.03.016.
GUO X H, HE Y, ZHANG X X, et al. Genetic polymorphism of 25 Y-STR loci in Zhuang population in Guizhou[J]. Zhongshan Daxue Xuebao (Natural science edition),2018,57(3):120-127.
- [5] TAJIMA F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism[J]. Genetics,1989,123(3):585-595.
- [6] YAO H B, WANG C C, TAO X, et al. Genetic evidence for an East Asian origin of Chinese Muslim populations Dongxiang and Hui[J]. Sci Rep,2016, 6:38656. doi:10.1038/srep38656.
- [7] WANG M, WANG Z, ZHANG Y, et al. Forensic characteristics and phylogenetic analysis of two Han populations from the southern coastal regions of China using 27 Y-STR loci[J]. Forensic Sci Int Genet, 2017, 31: e17-e23. doi:10.1016/j.fsigen.2017. 10.009.
- [8] FAN H, ZHANG X, WANG X, et al. Genetic

- analysis of 27 Y-STR loci in Han population from Hainan province, southernmost China[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2018, 33: e9-e10. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.12.009.
- [9] JIANG W, GONG Z, RONG H, et al. Population genetics of 26 Y-STR loci for the Han ethnic in Hunan province, China[J]. *Int J Legal Med*, 2017, 131(1): 115-117. doi: 10.1007/s00414-016-1411-7.
- [10] GUO F. Population genetics for 17 Y-STR loci in Northern Han Chinese from Liaoning Province, Northeast China[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2017, 29: e35-e37. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.04.012.
- [11] NOTHNAGEL M, FAN G, GUO F, et al. Revisiting the male genetic landscape of China: A multi-center study of almost 38,000 Y-STR haplotypes[J]. *Hum Genet*, 2017, 136(5): 485-497. doi: 10.1007/s00439-017-1759-x.
- [12] LI L, YU G, LI S, et al. Genetic analysis of 17 Y-STR loci from 1019 individuals of six Han populations in East China[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2016, 20: 101-102. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.10.007.
- [13] ZHOU Y, SHAO C, LI L, et al. Genetic analysis of 29 Y-STR loci in the Chinese Han population from Shanghai[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2018, 32: e1-e4. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.11.003.
- [14] ZHANG S, TIAN H, WANG Z, et al. Development of a new 26plex Y-STRs typing system for forensic application[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2014, 13: 112-120. doi: 10.1016/j.fsigen.2014.06.015.
- [15] ZHAO Q, BIAN Y, ZHANG S, et al. Population genetics study using 26 Y-chromosomal STR loci in the Hui ethnic group in China[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2017, 28: e26-e27. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.01.018.
- [16] ZHU B, DENG Y, ZHANG F, et al. Genetic analysis for Y chromosome short tandem repeat haplotypes of Chinese Han population residing in the Ningxia province of China[J]. *J Forensic Sci*, 2006, 51(6): 1417-1420. doi: 10.1111/j.1556-4029.2006.00282.x.
- [17] OU X, WANG Y, LIU C, et al. Haplotype analysis of the polymorphic 40 Y-STR markers in Chinese populations[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2015, 19: 255-262. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.08.007.
- [18] LUO H, SONG F, ZHANG L, et al. Genetic polymorphism of 23 Y-STR loci in the Zhuang minority population in Guangxi of China[J]. *Int J Legal Med*, 2015, 129(4): 737-738. doi: 10.1007/s00414-015-1175-5.
- [19] GUO F, LI J, CHEN K, et al. Population genetic data for 27 Y-STR loci in the Zhuang ethnic minority from Guangxi Zhuang Autonomous Region in the south of China[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2017, 27: 182-183. doi: 10.1016/j.fsigen.2016.11.009.
- [20] ROEWER L, KRAWCZAK M, WILLUWEIT S, et al. Online reference database of European Y-chromosomal short tandem repeat (STR) haplotypes[J]. *Forensic Sci Int*, 2001, 118(2/3): 106-113. doi: 10.1016/s0379-0738(00)00478-3.
- [21] BUDOWLE B, GE J, LOW J, et al. The effects of Asian population substructure on Y STR forensic analyses[J]. *Leg Med (Tokyo)*, 2009, 11(2): 64-69. doi: 10.1016/j.legalmed.2008.08.003.

(收稿日期: 2019-03-06)

(本文编辑: 张素华)