#### 

## 济宁地区汉族人群 STR 遗传多态性及群体遗传关系分析\*

刘奇 王丹 伍柳兴 张倩 史文哲 党珍 王业全△(济宁医学院 法医学与医学检验学院 山东 济宁 272067)

关键词: 常染色体短串联重复; 遗传多态性; 遗传关系; 汉族

中图分类号: R457. 1<sup>+</sup>1 Q754 文献标识码: A 文章编号: 1004-549X(2020) 12-1271-05

Genetic polymorphisms and phylogenetic analysis of 23 STR loci in Han population of Jining, China LIU Qi, WANG Dan, WU Liuxing, ZHANG Qian, SHI Wenzhe, Dang Zhen, WANG Yequan. Institute of Forensic Medicine and Laboratory Medicine of Jining Medical University, Jining 272067, China. Corresponding author: WANG Yequan

Abstract: Objective To investigate the genetic polymorphisms of 23 autosomal short tandem repeats (STR) loci of Han population in Jining city of Shandong province, so as to explore the genetic relationships among populations and evaluate its application in forensic medicine. Methods The samples of 554 unrelated healthy individuals from Han population in Jining were genotyped with Huaxia Platinum kit. The frequency distribution and forensic genetic parameters of 23 autosomal STR loci were analyzed statistically and compared with other 26 populations from different regions. Results A total of 290 alleles were identified across 23 autosomal STR loci. All of the loci were in Hardy-Weinberg equilibrium with the observed heterozygosity 0. 649 8—0. 920 6, polymorphic information content 0. 570 9—0. 915 3, discrimination power 0. 800 2—0. 986 7 and probability of paternity exclusion 0. 355 0—0. 837 6. The combined discrimination power and cumulative probability of exclusion were 0. 9999999999999999999999999987264 and 0. 9999999996764 , respectively. Comparative analysis of populations showed the genetic similarities among Han populations distributed in different Chinese administrative divisions; however, genetic differences had been observed between Han groups and minorities, especially Kazakh, Uyghur, Uzbek, Tibetan and Mongolian. In addition, the Han population was basically divided into North and South groups, and the Han population in Jining belonged to the northern Han nationality, which was consistent with the geographical distribution of the population. This further provided genetic evidence for the genetic structure differences between the southern and northern Han nationality. Conclusion These 23 autosomal STR loci, demonstrated high polymorphism and information content in the Han population of Jining, can meet the criteria of personal identification and parentage testing, and provide accurate references for population genetic studies.

Key words: autosomal short tandem repeat; genetic polymorphism; genetic relationships; Chinese Han

群体遗传学研究群体内或群体间的遗传结构及其变化规律用以探讨人群进化机制。特定地区内群体遗传结构是人群迁移、融合、漂变、基因突变、地理和社会隔离等综合因

素作用的结果。短串联重复序列(short tandem repeats STR) 作为一种长度多态性遗传标记 重复单位 2—6 bp ,由核心区的重复单位组成的串联重复结构及两端的侧翼区构成 具有分布广泛、高度多态性、突变率低以及扩增稳定等特点。STR在基因连锁作图、群体遗传学分析、基因定位、法医学以及临床医学中广泛应用。1994年 ,Bowcock 等[1] 开始使用 STR 数据进行群体遗传学分析 ,其采用大量的 STR 基因频率数据绘制了高分辨率的人类进化树 ,在国内俞建昆等[2] 较早运用

doi: 10. 13303/j. cjbt. issn. 1004-549x. 2020. 12. 016

<sup>\*</sup> 基金项目: 济宁医学院教师科研扶持基金( JYFC2018FY004) ,山东省自然科学基金项目( ZR2019PH039); △通信作者: 王业全(1982.11-) ,男 副教授,主要从事法医物证学教学、科研和司法鉴定工作 电话: 18253712577 , Email: wangyequan1103@ 163. com

STR 数据对国内 6 个民族人群进行起源与进化分析。而在法医实践中 基于复合 PCR 扩增和毛细管电泳(capillary electrophoresis, CE)的 STR 分型方法已成为法医遗传学研究的金标准,所得到的 STR 分型图谱在个体识别、亲权鉴定以及失踪人员调查等案件中发挥着重要作用。本研究采用 23 个常染色体 STR 基因座对济宁地区汉族人群进行遗传多态性调查,并收集国内其它地区汉族及少数民族人群遗传学数据利用生物统计学方法进行综合分析,从分子遗传角度研究人群间系统进化关系, 现报告如下。

#### 1 材料与方法

1.1 材料 根据知情同意原则 收集 554 份济宁汉族人群无 关个体 FTA 卡血样 其中女性标本 247 份 男性标本 307 份。

#### 1.2 方法

- 1. 2. 1 PCR 扩增与分型 采用 0.5 mm/1.2 mm 孔径打孔器(美国 Harris 公司) 进行打卡取样 ,华夏白金 PCR 扩增试剂盒在 9700 PCR(美国 Thermo Fisher 公司) 扩增仪上进行扩增。循环条件: 95% 1 min 预变性; 94% 3 s 59% 16 s 65% 29 s 27 个循环; 60% 5 min; 4% 保温。取 1  $\mu$ L 扩增产物或Allelic Ladder 与 0.3  $\mu$ L 内标 LIZ500 和 8.7  $\mu$ L 去离子甲酰胺混合后 采用 3500 遗传分析仪(美国 Thermo Fisher 公司) 进行毛细管电泳 检测结果采用 GeneMapper<sup>®</sup> ID-X 软件进行 STR 基因座等位基因分型。
- 1.2.2 统计学分析 应用 Modified-PowerStates 软件计算各 STR 基因座的等位基因频率及群体遗传学参数,包括个体识 别率(DP)、匹配概率(MP)、非父排除率(PE)、多态信息含 量(PIC)。采用 Arlequin v3.5 软件计算观察杂合度(Ho)及 期望杂合度(He) ,并对 23 个常染色体 STR 基因座进行 Hardy-Weinberg 平衡及连锁不平衡检验。比较分析国内其他 26 个不同人群遗传数据,包括19个不同省市汉族人群(海 南[3]、浙江[4]、北京[4]、安徽[5]、上海[6]、山西[7]、福建[8]、河  $\mathbf{x}^{\scriptscriptstyle{[9]}}$ 、厦门 $^{\scriptscriptstyle{[10]}}$ 、广西 $^{\scriptscriptstyle{[11]}}$ 、湖南 $^{\scriptscriptstyle{[11]}}$ 、河南 $^{\scriptscriptstyle{[11]}}$ 、湖 $\mathbf{x}^{\scriptscriptstyle{[11]}}$ 、江 西[11]、四川[11]、广州[11]、云南[12]、呼和浩特[13] 和重庆[14]) 和7个少数民族(新疆维吾尔族[15]、四川藏族[3]、内蒙古蒙 古族[16]、新疆哈萨克族[17]、甘肃回族[18]、新疆乌孜别克 族 $^{[19]}$ 和海南黎族 $^{[20]}$ )。选取不同人群间共有的 19 个 STR 基因座采用 Phylip3. 695 计算群体间遗传距离并采用 MEGA 7.0 软件运用邻接法绘制进化树,同时采用 SPSS 21.0 进行 多维尺度分析( MDS) 。

#### 2 结果

2.1 等位基因频率及群体遗传学参数 在 554 名个体共检出 290 个等位基因,其中在 TPOX 和 TH01 基因座等位基因数目最少(7个),在 Penta E 基因座等位基因数目最多(24个),等位基因频率分布见表 1。经 Bonferroni 校正,23个 STR 基因座均满足 Hardy-Weinberg 平衡(P>0.0022) 群体遗传学参数见表 2,其中 DP 为 0.8002—0.9867,MP 为 0.0133—0.1998,PIC 为 0.5709—0.9153,PE 为 0.3550—0.8376,Ho 为 0.6498—0.9206,He 为 0.6366—0.9217。各基因座间相互独立,处于连锁平衡状态,CMP 为 1.2736×10<sup>-27</sup>,

- 2.2 济宁汉族人群与其它 26 个人群比较分析 为了比较不同人群间的遗传相似性与差异性 选取了不同人群共有的 19 个 STR 基因座进行群体遗传分析。应用 Phylip3.695 软件计算了群体间遗传距离 济宁地区汉族人群与新疆维吾尔族间遗传距离最大 ,其次是新疆乌孜别克族、新疆哈萨克族和内蒙古蒙古族 ,而与安徽汉族人群间遗传距离最小 ,其次为河北汉族、呼和浩特汉族和湖北汉族。基于遗传距离进行 MDS 分析见图 1。根据遗传距离采用邻接法构建了 27 个人群的系统进化树见图 2。

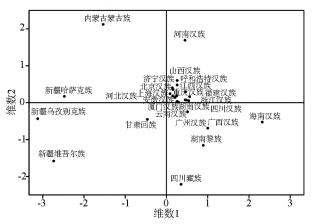


图 1 济宁地区汉族与国内其他 26 个人群间 遗传距离 MDS 分析

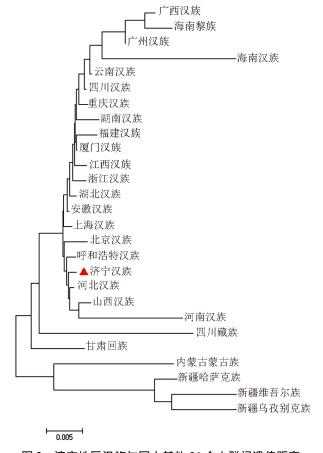


图 2 济宁地区汉族与国内其他 26 个人群间遗传距离系统发育树

表 1 济宁汉族人群 23 个常染色体 STR 基因座等位基因频率

表 1 济宁汉族人群 23 个常染色体 STR 基因座等位基因频率										
D3S1358		D21S11		D2S441		D22S1045		D1S1656		
A	F	A	F	A	F	A	F	A	F	
13	0.0009	25	0.0018	9	0.0009	11	0. 241 9	11	0.050 5	
14	0.043 3	26	0.0009	9. 1	0. 023 5	11. 2	0.0009	12	0. 037 9	
15	0. 360 1	27	0.0009	10	0. 237 4	12	0.004 5	13	0. 106 5	
16	0. 344 8	28	0.043 3	10. 1	0.0009	13	0.004 5	14	0. 075 8	
17	0. 194 0	28. 2	0. 005 4	11	0. 361 0	14	0. 015 3	14. 3	0. 000 9	
18	0. 053 2	29	0. 270 8	11. 3	0. 028 0	15	0. 285 2	15	0. 289 7	
19	0.0027	29. 2	0.0018	12	0. 198 6	16	0. 237 4	16	0. 257 2	
20	0.000 9	30	0. 294 2	12. 3	0. 000 9	17	0. 184 1	16. 3	0. 005 4	
	vWA	30. 2	0. 008 1	13	0. 0235	18	0. 025 3	17	0. 074 9	
A	F	30. 2	0.006 1	14	0. 0233	19	0.000 9	17. 3	0.074 9	
13	0. 005 4	30. 3	0.000 3	15	0. 010 8		7S820	17. 3	0. 009 0	
14	0. 243 7	31. 2	0.067 7	16	0.000 9	A	F	18. 3	0. 009 0	
	0. 026 2	31. 2		16. 1	0. 000 9	7	0.0009	19	0. 028 0	
15	0. 026 2	32. 2	0. 031 6 0. 124 5	-	9S433	H	0. 000 9			
16				-	F	8 9		19. 3	0.004 5	
17	0. 254 5	33	0.004 5	A			0. 065 9		S1248 F	
18	0. 183 2	33. 2	0.041 5	11	0.000 9	9. 1	0. 001 8	A		
19	0.076 7	34. 2	0.003 6	11. 2	0.000 9	10	0. 173 3	8	0.000 9	
19. 2	0.000 9	35. 2	0.001 8	12	0. 043 3	10. 1	0.000 9	10	0.000 9	
20	0.010 8	36	0.000 9	12. 2	0.007 2	11	0. 327 6	11	0.003 6	
21	0.000 9		FGA	13	0. 304 2	12	0. 250 0	12	0. 074 9	
	D16S539	A	F	13. 2	0. 026 2	13	0. 038 8	13	0. 389 0	
A	F	17. 2	0.000 9	14	0. 258 1	14	0. 004 5	14	0. 216 6	
6	0.000 9	18	0. 023 5	14. 2	0. 111 9		S1043	15	0. 204 9	
7	0.000 9	19	0. 042 4	14. 3	0.000 9	A	F	16	0. 083 9	
8	0.001 8	20	0.046 9	15	0.069 5	10	0. 028 9	17	0. 022 6	
9	0. 287 9	21	0. 111 9	15. 2	0. 133 6	11	0. 098 4	18	0.0027	
10	0. 121 8	21. 2	0.0027	16	0.009 0	12	0. 127 3		S1338	
11	0. 245 5	22	0. 156 1	16. 2	0. 025 3	13	0. 127 3	A	F	
12	0. 218 4	22. 2	0.008 1	17	0. 002 7	14	0. 119 1	14	0.000 9	
13	0. 114 6	23	0. 230 1	17. 2	0.006 3	15	0.018 1	16	0. 005 4	
14	0.007 2	23. 2	0.008 1	+	8S51	16	0.003 6	17	0.0713	
15	0.000 9	24	0. 196 8	A	F	17	0.056 0	18	0. 119 1	
	CSF1PO	24. 2	0.009 0	10	0.003 6	17. 3	0.001 8	19	0. 161 6	
A	F	25	0. 106 5	11	0. 001 8	18	0. 182 3	20	0. 102 9	
6	0.000 9	25. 2	0.006 3	12	0. 035 2	18. 2	0.000 9	21	0. 019 9	
7	0.000 9	26	0.037 9	13	0. 219 3	19	0. 165 2	22	0.0460	
8	0.000 9	26. 2	0.001 8	14	0. 206 7	20	0. 051 4	23	0. 222 0	
9	0. 039 7	27	0.008 1	15	0. 179 6	20. 3	0.000 9	24	0. 158 8	
10	0. 243 7	27. 1	0.000 9	16	0. 112 8	21	0.0117	25	0. 076 7	
11	0. 222 0	28	0.000 9	17	0.063 2	21. 3	0.002 7	26	0.0108	
12	0. 406 1	29	0.000 9	18	0. 039 7	22	0.000 9	27	0. 004 5	
13	0.075 8			19	0.056 0	22. 3	0.0009		nta D	
14	0.007 2	l <del>t</del>	enta E	20	0. 031 6	23. 3	0.001 8	A	F	
15	0.002 7	A	F	21	0. 019 9	24. 3	0.000 9	6	0.004 5	
	D8S1179	5	0.039 7	22	0. 013 5	+	28391	7	0.004 5	
A	F	7	0.002 7	23	0.008 1	A	F	8	0.0442	
8	0.004 5	8	0.004 5	24	0.0054	15	0.005 4	9	0. 290 6	
10	0.0984	9	0.008 1	25	0. 003 6	16	0.009 0	10	0. 128 2	
11	0.085 7	10	0.050 5	D13	3S317	17	0. 108 3	11	0. 170 6	
12	0. 115 5	11	0. 130 9	A	F	18	0. 249 1	12	0. 173 3	
13	0. 230 1	12	0. 113 7	7	0.003 6	18. 3	0.0009	13	0. 130 0	
14	0. 208 5	13	0.046 9	8	0. 280 7	19	0. 223 8	14	0. 039 7	
15	0. 168 8	14	0.077 6	9	0. 120 0	20	0. 167 9	15	0.0108	
16	0.074 0	15	0.0939	10	0. 152 5	20. 3	0.0009	16	0.0027	
17	0.0117	16	0.0884	11	0. 236 5	21	0.095 7	17	0.0009	
18	0.0027	17	0.085 7	12	0. 161 6	22	0.0794			
	D5S818	18	0.075 8	13	0. 032 5	23	0.0307			
A	F	18. 4	0.002 7	14	0.0117	24	0.0217			
6	0.000 9	19	0.0569	15	0.000 9	25	0.007 2		(转下页)	

(	接	上	页)

(18工火)								
	7	0.008 1	19. 4	0.0009	TPOX		TH01	
	8	0.003 6	20	0.042 4	A	F	A	F
	9	0.068 6	21	0.035 2	8	0.480 1	6	0. 104 7
	10	0. 191 3	21. 4	0.0009	9	0. 112 8	7	0. 276 2
	11	0. 354 7	22	0.0190	10	0.025 3	8	0.0460
	12	0. 207 6	23	0.015 3	11	0. 344 8	9	0.507 2
	13	0. 156 1	24	0.003 6	12	0. 035 2	9.3	0.039 7
	14	0.008 1	25	0.0009	13	0.0009	10	0.025 3
_	15	0.0009	26	0.003 6	15	0.0009	11	0.0009

注: A 为等位基因( allele) F 为等位基因频率( frequency)

表 2 济宁汉族人群 23 个 STR 基因座群体遗传学参数

		2.50	D.C.		11	11	D.
基因座	DP	MP	PIC	PE	H <sub>o</sub>	$H_{e}$	$P_{ m HWE}$
D3S1358	0.857 3	0. 142 7	0.6568	0.4809	0.732 9	0.7097	0.024 4
$vW\!A$	0.9247	0.075 3	0.765 5	0.622 0	0.8123	0.797 2	0.805 1
D16S539	0.9132	0.0868	0.7464	0.5653	0.781 6	0.7818	0.122 0
CSF1PO	0.8784	0.1216	0.6732	0.4177	0.693 1	0.7196	0.4877
TPOX	0.8002	0.1998	0.5709	0.355 0	0.6498	0.6366	0.8112
D8S1179	$0.953\ 8$	0.0462	0.8190	0.6846	0.8448	0.8398	0.9802
D21S11	0.938 6	0.0614	0.783 1	0.5784	0.788 8	0.8078	0.7717
D18S51	0.9607	0.039 3	0.8362	0.7203	0.8628	0.853 3	0.9584
$Penta\ E$	0.9867	0.013 3	0.915 3	0.837 6	0.9206	0.9217	0.3100
D2S441	0.9052	0.0948	0.723 3	0.549 1	0.772 6	0.760 1	0.5426
D19S433	0.933 6	0.0664	0.7767	0.6152	0.8087	0.8030	0.985 0
<i>TH</i> 01	0.8263	0.173 7	0.6016	0.357 5	0.6516	0.6518	0.8393
FGA	0.961 1	0.0389	0.837 6	0.695 2	0.8502	0.8545	0.098 5
D22S1045	0.907 5	0.0925	0.7300	0.505 1	0.747 3	0.7697	0.5219
D5S818	0.9110	0.0890	0.7298	0.5144	0.7527	0.7660	0.6818
D13S317	0.927 5	0.072 5	0.7712	0.6495	0.8267	0.8010	0.5708
D7S820	0.9127	0.0873	0.742 1	0.5524	0.7744	0.7764	0.237 2
D6S1043	0.9704	0.029 6	0.863 5	0.7748	0.8899	0.8769	0.927 1
D10S1248	0.8958	0.1042	0.709 3	0.530 1	0.7617	0.747 3	0.5805
D1S1656	0.947 1	0.0529	0.7980	0.6254	0.814 1	0.8198	0.9158
D12S391	0.9504	0.049 6	0.8097	0.6152	0.8087	0.8317	0.508 5
D2S1338	0.9628	0.037 2	0.845 7	0.7420	0.873 7	0.8617	0.1294
Penta D	0.943 0	0.057 0	0.7962	0.6705	0.837 6	0.8202	0.9907

### 3 讨论

本研究对象济宁汉族人群满足 Hardy-Weinberg 平衡 是 统计学意义上的平衡群体 群体调查资料可靠。通常认为基 因座的 DP>0.9、H>0.7 可提供高度鉴别能力 ,PIC≥0.6 可 提供高度多态性信息[21]。本次群体调查数据表明,TPOX 基因座 DP 值最低(0.8002),而 Penta E 基因座最高 (0.9867) 除 TPOX、TH01、D3S1358、CSF1PO 和 D10S1248 基 因座外 其余基因座 DP 值均大于 0.9; Ho 值在 TPOX 基因座 最低(0.6498),而在 Penta E 基因座最高(0.9260),除 TPOX、TH01 和 CSF1PO 外,其余基因座 Ho 值均大于 0.7; PIC 值在 TPOX 基因座最低(0.5709),而在 Penta E 基因座 最高(0.9153) 除 TPOX 基因座外 ,其余基因座 PIC 值均大 于 0.7。以上结果表明 华夏白金试剂盒所包含的绝大多数 基因座在济宁汉族人群具有较高的遗传多态性与鉴别能力。 其中 Penta E 遗传多态性与鉴别能力最高,应用效能最好, 而 TPOX、TH01 遗传多态性与鉴别能力较低,应用效能较差, 这与报道的 TH01、TPOX 在中国人群中的多态性较差相符 合[21]。另外,各基因座之间相互独立,经计算 CDP 为 0. 999999999999999999999987264 , CPE

0.999999996764 远高于判定标准 0.9999。在济宁地区汉 族人群中 23 个常染色体 STR 基因座构成的检测系统鉴定 效能好且应用价值高,可以满足个体识别和亲权鉴定的 要求。

不同民族以及同一民族不同区域人群受大规模人群迁 移、族群间通婚、随机婚配以及基因漂变等因素的影响,人群 遗传结构会发生变化<sup>[3]</sup>。本文采用多态性较高的 STR 遗传 标记对 27 个不同地区群体遗传关系进行了调查研究。27 个 人群间进化关系 MDS 分析显示 7 个少数民族在维度图的外 周孤立分布 而大多数汉族人群成簇聚集分布。少数民族人 群、尤其是新疆哈萨克族、新疆乌孜别克族、四川藏族、新疆 维吾尔族、内蒙古蒙古族与汉族人群间遗传分化明显,而本 地区汉族人群与其它地区汉族人群遗传差异较小。进一步 分析人群系统进化特征显示 27 个人群可分为 2 个主分支, 第一大分支由新疆哈萨克族、新疆维吾尔族、新疆乌孜别克 族及内蒙古蒙古族构成 均属于阿尔泰语系。有学者提出维 吾尔、哈萨克族由于绝大部分血缘来自蒙古人种 所以应属 蒙古人种[22] 本研究从分子角度进一步提供了遗传学证据。 第二大分支由四川藏族、甘肃回族、海南黎族3个少数民族 和 20 个汉族构成。其中 20 个汉族人群基本聚为南北 2 大 类 来自北方的汉族人群(北京汉族、呼和浩特汉族、济宁汉 族、河北汉族、山西汉族和河南汉族)彼此分散聚在同一支; 南方汉族人群(上海汉族、湖北汉族、安徽汉族、宁波汉族、江 西汉族、厦门汉族、福建汉族、湖南汉族、重庆汉族、四川汉 族、云南汉族、海南汉族、广州汉族和广西汉族) 彼此分散聚 在同一支 从而显示出南北方汉族遗传结构存在差异。已有 研究显示南北方汉族的遗传结构相差甚远[22] ,本研究进一 步提供了分子遗传学证据。从总体来看,采用23个高度多 态性 STR 基因座计算的遗传距离结果与各人群的地理分布 基本一致 因此可从分子遗传角度较全面反映各人群间的遗 传关系。

综上 本研究的 23 个常染色体 STR 基因座在济宁地区 汉族人群具有较高遗传多态性和信息含量,能够满足济宁地 区人群法医学亲权鉴定和个人识别的要求,并能为群体遗传 学研究提供准确的参考数据。

#### 参考文献

- [1] Bowcock AM , Ruiz Linares A , Tomfohrde J , et al. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. Nature, 1994, 368(6470): 455-457.
- [2] 俞建昆,褚嘉,钱亚屏,等.应用30个常染色体STR位点研究

中国 6 个民族群体的遗传关系. 遗传学报, 2001, 28(8): 699-706

- [3] Wang MG ,Wang Z ,He GL ,et al. Genetic characteristics and phylogenetic analysis of three Chinese ethnic groups using the Huaxia Platinum System. Sci Rep 2018 8: 2429.
- [4] 韩文明 张庆霞. 北京及宁波地区汉族人群 24 个 STR 基因座 遗传多态性.中国法医学杂志 2016 31(6):621-623+625.
- [5] 张黎黎 赵莎莎 ,尹耕心 ,等. 安徽汉族人群 21 个 STR 基因座 遗传多态性. 中国法医学杂志 ,2017 ,32(3):314-316.
- [6] Xie J Shao C Zhou Y, et al. Genetic distribution on 20 STR loci from the Han population in Shanghai China. Forensic Sci Int Genet 2014 9(2): e30-31. DOI: 10.1016/j.fsigen.2013.08.007.
- [7] 陈亚明 汪雪琴 高红艳 ,等. 山西运城汉族群体 23 个 STR 基 因座遗传多态性研究. 中国司法鉴定 2018 (6):46-54.
- [8] 王坤, 韩俊永, 陈金烟, 等. 福建汉族人群 20 个常染色体 STR 基因座遗传多态性分析及法医学应用. 福建医药杂志, 2018, 40(2):114-117.
- [9] Sun LJ Shi K ,Tan L et al. Analysis of genetic polymorphisms and mutations at 19 STR loci in Hebei Han population. Forensic Sci Int Genet 2017 31(6): e50-e51.
- [10] Lu Y Song P Huang JC et al. Genetic polymorphisms of 20 auto-somal STR loci in 5141 individuals from the Han population of Xiamen Southeast China. Forensic Sci Int Genet 2017 29(4): e31–32.
- [11] Liu QL ,Chen YF ,Huang XL ,et al. Population data and mutation rates of 19 STR loci in seven provinces from China based on Goldeneye (TM) DNA ID System 20A. Int J Legal Med , 2017 ,131 (3):653-656.
- [12] Zhang XF ,Liu LL ,Xie RF ,et al. Population data and mutation rates of 20 autosomal STR loci in a Chinese Han population from

- Yunnan Province, Southwest China. Int J Legal Med, 2018, 132 (4): 1083-4085.
- [13] 朱永强. 内蒙古呼和浩特地区汉族人群 19 个 STR 基因座遗传 多态性.法医学杂志 2019 35(3): 353-356.
- [14] Zou X ,Li YG ,Wei ZH , et al. Population data and forensic efficiency of 21 autosomal STR loci included in AGCU EX22 amplification system in the Wanzhou Han population. Int J Legal Med , 2018 ,132(1): 153-155.
- [15] Wang Z Zhou D Jia Z et al. Developmental validation of the Huaxia Platinum System and application in 3 main ethnic groups of China. Sci Rep 2016 6: 31075.
- [16] 思洋 苏磊 汪祥 ,等. 内蒙古鄂尔多斯地区蒙古族人群 20 个 STR 基因座遗传多态性.中国法医学杂志 ,2018 ,33(3): 299-301
- [17] 刘胜, 贾菲, 刘锋. 和田地区哈萨克族人群 23 个 STR 基因座遗传多态性. 刑事技术 2015, 40(5): 422-423.
- [18] 胡松翠 赵文博 汪涛. 甘肃省平凉回族群体 19 个 STR 基因座 遗传多态性. 中国法医学杂志 2015 30(6):620-621.
- [19] Jin XY ,Cui W ,Wei YY , et al. Genetic characteristics of 19 STRs in Chinese Uzbek ethnic and its phylogenetic relationships with other 24 populations. Int J Legal Med , 2018 ,132(3): 729-731.
- [20] Fan HL ,Wang X ,Ren Z , et al. Population data of 19 autosomal STR loci in the Li population from Hainan Province in southernmost China. Int J Legal Med , 2019 ,133(2): 429-431.
- [21] 王亚丽 盛翔 李敏 筹.华夏<sup>™</sup>白金 PCR 扩增试剂盒的法医学应用评估. 法医学杂志 2017 33(2):129-135.
- [22] 杜若甫.我国的人类群体遗传学研究.生物学通报,1997,(7): 9-12.

(2020-07-14 收稿,12-20 修回) 本文编辑: 闻欣

# 《中国输血杂志》申明

### 敬告本刊读者、作者:

因近来时有热心的同仁举报网上出现伪冒《中国输血杂志》的钓鱼网站、钓鱼邮箱(例如: http://www.zgsxzz.cn/,以163.com为后缀的投稿邮箱等)非法骗取高价审稿费、定稿费、版面费等,严重损害了本刊在业界的声誉。

本刊特此郑重申明: 本刊官网为 www. cjbt. cn 本刊唯一投稿平台是 bloo. cbpt. cnki. net ,本刊正式的收费项目只有审稿费(60元/篇) 杂志费(按录用稿件所占页码数计算、收取)与订购费(16元/本)3种。本刊自2013年元月起,已启用采编平台日常处理稿件,不再接受纸质稿与电子邮箱来稿。

此外 本部未开通任何形式的网上支付方式,如广大同仁在投稿、改稿、刊登及购买本刊的过程中,发现任何问题或存有疑问,请及时与本刊编辑部联系确认 不要轻易转账付款,以杜绝此类"钓鱼牟利"事件的发生,共同维护广大作者、读者权益和本刊声誉!

特此申明 ,敬请相互转告!

《中国输血杂志》编辑部