

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.00583

辽宁满族 11 个 Y-STR 基因座多态性及遗传关系的分析

石美森¹, 百茹峰¹, 张金生², 于晓军³

1. 证据科学教育部重点, 实验室 (中国政法大学), 北京 100088;
2. 辽宁省岫岩满族自治县卫生局公共卫生科, 岫岩 114300;
3. 汕头大学医学院法医学教研室, 广东汕头 515041

摘要: 调查了辽宁满族群体 11 个 Y-STR 基因座的多态性分布, 探讨其群体遗传学及法医学应用价值。应用 Powerplex Y System 荧光标记复合扩增系统检测 203 名满族无关男性个体的 11 个 Y-STR 基因座, 用 ABI310 遗传分析仪进行基因分型, 计算等位基因和单倍型频率, 并结合已公开发表的国内其他 16 个群体相应基因座的遗传学资料, 分析其遗传距离和聚类关系。满族个体中共检出 189 种单倍型, 单倍型频率多样性 0.9991, 基因多样性 GD 值在 0.4594(DYS391) ~ 0.9258(DYS385a/b); 从遗传距离分析发现, 满族和东北汉族的遗传距离最小 (0.0015), 与维吾尔族的遗传距离最大 (0.1485)。结果表明, 11 个 Y-STR 基因座在满族群体中具有较好的遗传多态性, 适用于当地地区的法医学应用。与其他民族群体遗传多样性的研究, 对了解满族的起源、迁移以及相互关系有重要意义。

关键词: Y 染色体; 短串联重复序列; 遗传多态性; 单倍型; 满族

Polymorphism analysis of 11 Y-STR loci in Manchu population and genetic relationships with 16 populations

SHI Mei-Sen¹, BAI Ru-Feng¹, Zhang Jin-Sheng², YU Xiao-Jun³

1. Key Laboratory of Evidence Science (China University of Political Science and Law), Ministry of Education, Beijing 100088, China;
2. Bureau for Health Inspection and Supervision, Xiuyan Manchu Autonomous County, Xiuyan, Liaoning Province 114300, China;
3. Department of Forensic Medicine, Shantou University Medical College, Shantou, Guangdong Province 515041, China

Abstract: To investigate the genetic polymorphisms of 11 Y-chromosomal short tandem repeats (STR) loci in Manchu population, and to evaluate their forensic application values and genetic relationships with 16 other populations of China, 11 Y-STR loci in 203 unrelated Manchu individuals in Liaoning were amplified with PowerPlex Y System, and the PCR products were analyzed by 310 Genetic Analyzer. Cluster analysis and phylogenetic trees were applied to show the genetic distance among the populations. As a result, a total of 189 haplotypes were identified and the overall haplotypes diversity for the 11 Y-STR loci was 0.9991. The gene diversity values (GD) for each locus ranged from 0.4594 (DYS391) to 0.9258 (DYS385a/b). Comparing with 16 populations, genetic distance between Manchu and Northeast Han population was the smallest (0.0015), while genetic distance between Man and Uygur ethnic the largest (0.1485). The phylogenetic tree was similar to the results of clustering analysis. The genetic distribution of 11 Y-STR loci in Liaoning Manchu population showed favorable polymorphisms, and was thus suitable for forensic identification and paternity testing in local area. The study of genetic diversity among different populations is useful for the research of their origins, migrations and their relationships.

收稿日期: 2007-10-23; 修回日期: 2008-01-14

基金项目: 中国博士后科研资助基金 (编号: 2005038506) 和广东省自然科学基金 (编号: D6301091) 资助 [Supported by the China Postdoctoral Science Foundation (No. 2005038506) and the Natural Science Foundation of Guangdong Province (No. D6301091)]

作者简介: 石美森 (1975-), 女, 辽宁沈阳人, 博士, 副教授, 研究方向: 法医物证学、群体遗传学。Tel: 010-68626879;
Email: shimeisen2000@yahoo.com.cn

Keywords: Y-chromosome; short tandem repeats; genetic polymorphism; haplotype; Manchu ethnicity

Y 染色体短串联重复序列(short tandem repeats, Y-STR)在减数分裂过程中不发生重组,呈稳定的单倍型父系遗传,且序列的改变仅仅是由突变引起,较常染色体 STR 基因座具有显著的人群、地域分布特征。因此,选择多个 Y-STR 构建合适的单倍型,探讨单倍型在不同人群中的分布规律,在人类的起源进化、群体划分、种族民族差异和法医学领域等研究中具有极其重要的意义^[1-5]。本文选择国际 Y-STR 单倍型数据库推荐使用的 11 个 Y-STR 基因座(DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS385a/b),对 203 个辽宁满族无关男性个体血样进行遗传多态性调查,旨在丰富我国的基因信息资源,为满族个体进行法医学应用和民族起源研究提供基础数据。

1 材料和方法

1.1 研究对象

根据“知情同意”原则,随机采集 3 代以上居住在辽宁省岫岩满族自治县的 203 份满族无关男性个体外周血,每人采静脉血 2 mL, 5% EDTA 抗凝。通过公用数据库或期刊获得中国蒙古族、藏族、纳西族、彝族、维吾尔族、朝鲜族、四川汉族、东北汉族、新加坡汉族、潮汕汉族、闽南汉族、云南汉族、湖南汉族、河南汉族、天津汉族以及浙江汉族等 16 个群体的 11 个 Y-STR 等位基因和单倍型频率数据(共 2 606 个样本)作为比较数据^[6-21]。所有文献的样本采集遵循以下原则:3 代以内均为同一民族的无关个体,并世代居住于该地区;每个地区民族的样本采集数均大于 90 例。

1.2 DNA 提取及定量

所有样本均用 5% Chelex-100 快速提取法提取 DNA^[22],按 Quantifiler 人类 DNA 定量试剂盒使用手册通过实时荧光定量 PCR 技术定量^[23]。

1.3 PCR 扩增

采用 PowerPlex Y System 荧光标记复合扩增系统,扩增使用 PTC-200 型扩增仪(MJ Research, 美国),25 μ L 扩增体系,含 10 $\times$ buffer 1.25 μ L,引物 1.25 μ L, Ampli Taq GoldTM DNA (5 U/ μ L) 0.25 μ L,模板 DNA 0.5~1 ng,补水至 25 μ L。PCR 热循环条

件为:95 $^{\circ}$ C 预变性 12 min,前 10 个循环中每循环 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,60 $^{\circ}$ C 复性 20 s,70 $^{\circ}$ C 延伸 45 s;后 20 个循环中每循环 90 $^{\circ}$ C 变性 30 s,58 $^{\circ}$ C 复性 30 s,70 $^{\circ}$ C 延伸 45 s;最后 60 $^{\circ}$ C 总延伸 30 min,4 $^{\circ}$ C 保存。

1.4 扩增片段的电泳分离与检测

采用 310 全自动遗传分析仪进行毛细管电泳,Genescan 和 Genotyper 软件分型。

1.5 数据处理

用直接计数法计算各基因座的等位基因与单倍型检出频率,基因多样性(gene diversity, GD)和单倍型多样性按公式 $GD = n(1 - \sum P_i^2)/(n-1)$ (P_i 为等位基因或单倍型频率, n 为样本数)计算^[24]。用 Arlequin3.0 软件进行 AMOVA 分析,计算群体间遗传距离 R_{st} 矩阵^[25];根据净遗传距离用 PHYLIP 3.62、Treeview 软件重建 17 个群体相邻连接(neighbour-joining, NJ)系统发生树^[26]。

2 结果与分析

2.1 满族群体 11 个 Y-STR 基因座遗传多态性

在 203 名满族无关男性个体中, DYS385a/b 基因座检出 54 种单倍型,其余 10 个基因座共检出 58 个等位基因,等位基因频率分布在 0.0049~0.6995 之间,基因多样性在 0.4594(DYS391)~0.9258(DYS385a/b)之间,除了 DYS391 和 DYS437 以外,其余基因座的基因多样性均大于 0.5(表 1)。由 11 个 Y-STR 基因座组成的 YH 系统单倍型共检出 189 种,其中 178 种单倍型只出现 1 次,9 种出现 2 次,1 种出现 3 次,1 种出现 4 次,单倍型多样性为 0.9991。

2.2 满族与 16 个民族群体间遗传距离

应用 Arlequin3.0 软件计算满族与国内其他地区 16 个群体的 R_{st} 矩阵,得出各群体间的遗传距离矩阵(表 2)。满族与东北汉族群体的遗传距离最小,亲缘关系最近,其次为天津汉族、河南汉族,与维吾尔族群体的遗传距离最大,亲缘关系最远。

2.3 满族与 16 个民族群体聚类分析及系统发生树

重建的系统发生树与聚类分析结果基本一致(图 1, 图 2)。四川汉族、东北汉族、新加坡汉族、

潮汕汉族、闽南汉族、云南汉族、湖南汉族、河南汉族、天津汉族以及浙江汉族彼此间遗传距离无显著差异($P>0.01$), 聚为一群; 满族、蒙古族、藏族、纳西族、彝族、维吾尔族、朝鲜族等少数民族群体与汉族群体均存在着显著差异($P=0.0000$), 彼此成独立分支。

表 1 满族群体 10 个 Y 染色体基因座等位基因频率及基因多态性
Table 1 Allele frequency and gene diversity of 10 Y- STR loci detected in Manchu population in Liaoning($n=203$)

等位基因 Allele	等位基因频率 Allele frequency	基因多样性 Genetic diversity	等位基因 Allele	等位基因频率 Allele frequency	基因多样性 Genetic diversity
DYS391		0.4594	DYS19		0.6518
9	0.0345		12	0.0049	
10	0.6946		13	0.0197	
11	0.2512		14	0.2118	
12	0.0197		15	0.5074	
DYS390		0.6748	16	0.2168	
22	0.0246		17	0.0394	
23	0.4039		DYS389I		0.6548
24	0.3399		11	0.0148	
25	0.2217		12	0.4581	
26	0.0099		13	0.3153	
DYS393		0.6150	14	0.1970	
11	0.0099		15	0.0099	
12	0.5271		16	0.0049	
13	0.2463		DYS437		0.4668
14	0.1970		13	0.0148	
15	0.0197		14	0.6995	
DYS389II		0.7334	15	0.2463	
26	0.0098		16	0.0246	
27	0.0739		17	0.0099	
28	0.2364		18	0.0049	
29	0.4040		DYS438		0.5372
30	0.2020		9	0.0099	
31	0.0493		10	0.6355	
32	0.0197		11	0.2414	
33	0.0049		12	0.0788	
DYS392		0.7079	13	0.0295	
7	0.0197		14	0.0049	
10	0.0394	10	DYS439		0.6523
11	0.0493	11	10	0.0394	
12	0.1576	12	11	0.2759	
13	0.4187	13	12	0.5172	
14	0.3005	14	13	0.1330	
15	0.0148	15	14	0.0345	

表 2 17 个中国群体 *Rst* 值遗传距离矩阵(对称轴上是对应的 *P* 值, 对称轴下是 *Rst* 值)

Table 2 The genetic distances between 17 populations in China (*P* values are shown above, *Rst* values below the diagonal)

	Manchu	Mongol	Tibetan	Naxi	Yi	Uygur	Korean	SC-Han	DB-Han	SJP-Han	CS-Han	MN-Han	YN-Han	HuN-Han	HeN-Han	TJ-Han	ZJ-Han
Manchu	\	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Mongol	0.0856	\	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Tibetan	0.1200	0.0797	\	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Naxi	0.0782	0.0730	0.0399	\	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Yi	0.0865	0.1139	0.0896	0.0084	\	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Uygur	0.1485	0.0386	0.0780	0.0769	0.1360	\	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Korea	0.0372	0.1737	0.1786	0.1490	0.1950	0.2392	\	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
SC-Han	0.0827	0.1954	0.1328	0.0700	0.0842	0.1476	0.0537	\	0.1171	0.1081	0.1351	0.0360	0.5225	0.0721	0.0811	0.0548	0.0450
DB-Han	0.0015	0.1140	0.1535	0.1038	0.1437	0.1953	0.0415	0.0065	\	0.0270	0.2973	0.0108	0.1622	0.0360	0.2252	0.0450	0.1081
SJP-Han	0.0689	0.1078	0.1734	0.0936	0.1228	0.1881	0.0789	0.0036	0.0099	\	0.5766	0.0991	0.0901	0.1982	0.0450	0.0289	0.0270
CS-Han	0.0283	0.1133	0.1645	0.0991	0.1418	0.2064	0.0604	0.0048	0.0006	−0.0024	\	0.2072	0.1261	0.0909	0.2883	0.0158	0.2252
MN-Han	0.0307	0.1452	0.1828	0.1039	0.1464	0.2324	0.0818	0.0127	0.0215	0.0063	0.0018	\	0.0270	0.0000	0.0180	0.0362	0.0360
YN-Han	0.0420	0.1038	0.1313	0.0704	0.0963	0.1697	0.0551	−0.0008	0.0023	0.0048	0.0030	0.0142	\	0.0180	0.0631	0.0564	0.0180
HuN-Han	0.0130	0.0778	0.1605	0.0944	0.1186	0.1503	0.0728	0.0093	0.0120	0.0029	0.0052	0.0225	0.0137	\	0.0270	0.0723	0.3964
HeN-Han	0.0093	0.0799	0.1330	0.0921	0.1111	0.1502	0.0533	0.0042	0.0013	0.0067	0.0009	0.0181	0.0060	0.0077	\	0.1420	0.2613
TJ-Han	0.0080	0.0600	0.1322	0.0865	0.1064	0.1268	0.0637	0.0085	0.0086	0.0087	0.0076	0.0290	0.0129	0.0002	0.0009	\	0.4523
ZJ-Han	0.0125	0.0728	0.1406	0.0949	0.1063	0.1345	0.0513	0.0062	0.0047	0.0068	0.0030	0.0169	0.0110	−0.0007	0.0009	−0.0010	\

Manchu: 满族; Mongol: 蒙古族; Tibetan: 藏族; Naxi: 纳西族; Yi: 彝族; Uygur: 维吾尔族; Korean: 朝鲜族; SC-Han: 四川汉族; DB-Han: 东北汉族; SJP-Han: 新加坡中国汉族; CS-Han: 潮汕汉族; MN-Han: 闽南汉族; YN-Han: 云南汉族; HuN-Han: 湖南汉族; HeN-Han: 河南汉族; TJ-Han: 天津汉族; ZJ-Han: 浙江汉族。

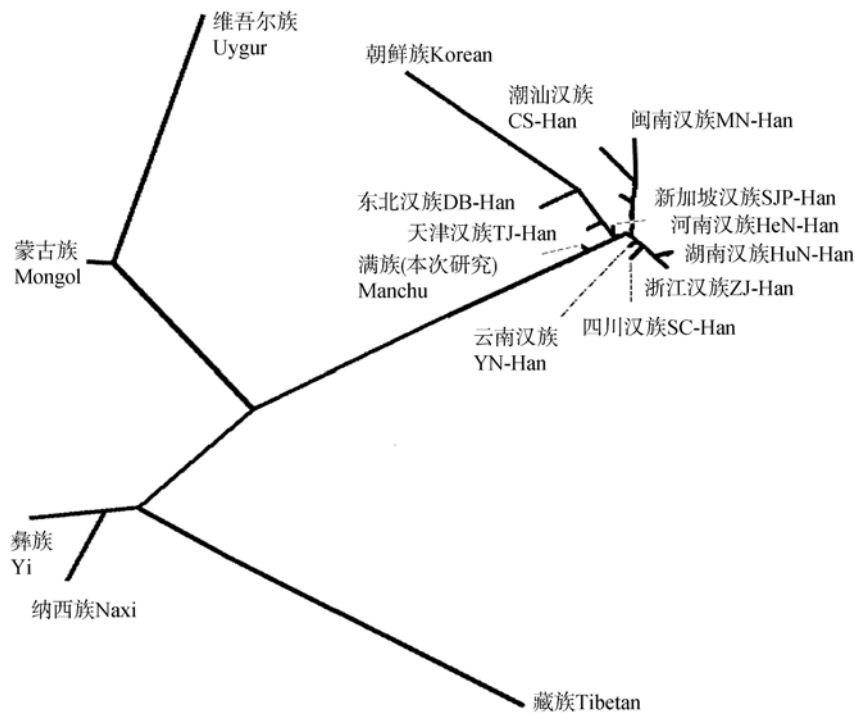


图 1 17 个不同民族群体 NJ 系统发生树

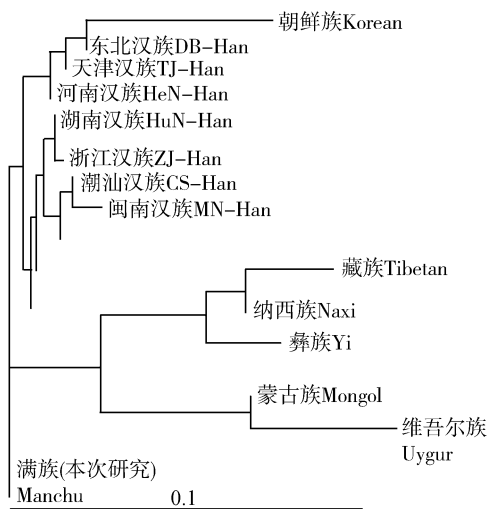
Fig. 1 Unrooted NJ tree of 17 different populations constructed by using *Rst* as distance

图 2 17 个不同民族群体聚类分析图

Fig.2 Cluster analysis tree showing relationship of 17 different populations constructed by using *Rst* as distance

3 讨论

我国是一个多民族国家,各民族有自己的语言、文化和群居地,形成了特有的风俗、民情和生活习惯,在民族的演化过程中有很强的父系群体遗传的特征。迄今,国内学者相继报道了国际 Y-STR

单倍型数据库推荐使用的 11 个 Y-STR 基因座的群体多态性研究结果^[6~21],但对于综合利用这些数据,进行不同民族和群体间遗传距离的比较和聚类分析的研究却很少。本研究在对辽宁满族群体进行相应基因座多态性调查的基础上,参考国内其他民族数据资料,为该民族的法医学应用、遗传关系的分析、及该民族的起源研究提供了遗传背景数据。

遗传多态性研究结果显示, *DYS19*, *DYS389I*, *DYS389II*, *DYS390*, *DYS391*, *DYS392*, *DYS393*, *DYS437*, *DYS438*, *DYS439* 在满族群体中分别检出 6、6、8、5、4、7、5、6、6、5 个等位基因; *DYS385a/b* 基因座检出 54 种单倍型。 *DYS391* 基因座的基因多样性最低(为 0.4594), *DYS385a/b* 基因座的基因多样性最高(为 0.9258)。11 个 Y-STR 基因座共同构成 189 种单倍型,其中 178 种单倍型只出现 1 次,11 种出现 2 次以上,单倍型多样性为 0.9991,系统鉴定能力达到 93.1%。在辽宁满族群体中具有较好的遗传多态性,适合法医学应用。

从本文及文献报道的群体调查数据中还发现,部分 Y-STR 基因座(如 *DYS437*、*DYS438*、*DYS391* 等)在我国群体调查中所检测到的等位基因数目相对较少(2~4 之间),等位基因频率相对集中(> 0.5),

多态性分布较差, 虽然依靠多基因座检测的单倍型表现积累了较高的 GD 值, 尚不足以实现同一认定。目前, 文献报道至少已有 417 个^[28] Y-STR 基因座被相继发现和利用, 因此在充分的群体调查基础上开展大规模的 Y-STR 多态性分布调查, 从中筛选出稳定性好、多态性高的 Y-STR 基因座, 以弥补 Y-STR 单倍型群体分布的相对不足是进行法医学应用和群体遗传学研究的前提和基础。

遗传距离为表示群体间或物种间遗传差异或遗传分化的最重要参数。本研究构建的 R_{st} 遗传距离矩阵显示, 满族具有相对独立的遗传关系, 所分析的 16 个群体中, 满族与东北汉族群体的遗传距离最小(0.0015), 其次为天津汉族(0.0080)、河南汉族(0.0093), 与维吾尔族群体的遗传距离最大(0.1485)。聚类分析和系统发生树也说明了相同的结果, 与其他 6 个少数民族比较, 满族最靠近由东北、四川、河南、天津、云南、浙江、湖南、闽南、潮汕和新加坡中国汉族等 10 个汉族群体聚成的大分支区域, 这可能是由于满族在漫漫的历史长河中, 特别是清朝满族对汉人长达几百年的统治, 造成满人与汉人较其他少数民族基因交流更密切、融合的结果。从总体来看, 根据国际通用的 11 个 Y 染色体 STR 遗传标记计算的遗传亲属结果与满族形成历史一致, 说明了 Y 染色体遗传标记在民族间遗传距离和基因漂流的评价中起到一定作用。

参考文献(References):

- [1] Jobling MA, Pandya A, Tyler-Smith C. The Y chromosome in forensic analysis and paternity testing. *Int J Legal Med*, 1997, 110(3): 118–124. [\[DOI\]](#)
- [2] de Knijff P, Kayser M, Caglia A, Corach D, Fretwell N, Gehrig C, Graziosi G, Heidorn F, Herrmann S, Herzog B, Hidding M, Honda K, Jobling M, Krawczak M, Leim K, Meuser S, Meyer E, Oesterreich W, Pandya A, Parson W, Penacino G, Perez-Lezaun A, Piccinini A, Prinz M, Roewer L, et al. Chromosome Y microsatellites: population genetic and evolutionary aspects. *Int J Legal Med*, 1997, 110(3): 134–149. [\[DOI\]](#)
- [3] Hall A, Ballantyne J. Novel Y-STR typing strategies reveal the genetic profile of the semen donor in extended interval post-coital cervicovaginal samples. *Forensic Sci Int*, 2003, 136(1–3): 58–72. [\[DOI\]](#)
- [4] Parson W, Niederstätter H, Köchl S, Steinlechner M, Berger B. When autosomal tandem repeats fail: optimized primer and reaction design for Y-chromosome short tandem repeat analysis in forensic casework. *Croat Med J*, 2001, 42(3): 285–287.
- [5] Sibille I, Duverneuil C, Lorin de la Grandmaison G, Guerrouache K, Teissière F, Durigon M, de Mazancourt P. Y-STR DNA amplification as biological evidence in sexually assaulted female victims with no cytological detection of spermatozoa. *Forensic Sci Int*, 2002, 125(2–3): 212–216. [\[DOI\]](#)
- [6] Zhu BF, Li XS, Wang ZY, Wu XY, He YF, Zhao J, Liu Y. Y-STRs haplotypes of Chinese Mongol ethnic group using Y-PLEXTM12. *Forensic Sci Int*, 2005, 153(2–3): 260–263. [\[DOI\]](#)
- [7] Zhu BF, Liu SZ, Ci D, Huang JF, Wang YC, Chen LP, Zhu J, Xu YC, Zhao QZ, Li SB, Liu Y. Population genetics for Y-chromosomal STRs haplotypes of Chinese Tibetan ethnic minority group in Tibet. *Forensic Sci Int*, 2006, 161(1): 78–83. [\[DOI\]](#)
- [8] Xin N, Chen T, Yu B, Li SB. 12 Y-STRs haplotypes in Chinese Naxi ethnic minority group. *Forensic Sci Int*, 2008, 174 (2–3): 244–248. [\[DOI\]](#)
- [9] Zhu BF, Shen CM, Qian GL, Shi RY, Dang YH, Zhu J, Huang P, Xu YC, Zhao QZ, Ma J, Liu Y. Genetic polymorphisms for eleven Y-STRs haplotypes of Chinese Yi ethnic minority group. *Forensic Sci Int*, 2006, 158(2–3): 229–233. [\[DOI\]](#)
- [10] Zhu BF, Wang ZY, Yang CH, Li XS, Zhu J, Yang G, Huang P, Liu Y. Y-chromosomal STR haplotypes in Chinese Uigur ethnic group. *Int J Legal Med*, 2005, 119 (5): 306–309. [\[DOI\]](#)
- [11] Zhang YJ, Zhang HJ, Cui Y, Cui H, Xu QS, Sun S, Sun LP, Lee JB. Population genetics for Y-chromosomal STRs haplotypes of Chinese Korean ethnic group in northeastern China. *Forensic Sci Int*, 2007, 173(2–3): 197–203. [\[DOI\]](#)
- [12] Yang BQ, Gu MB, Wang G, Li XP, Liu YC, Yang WS. Population data for 11 Y-chromosome STRs in northeast China Han. *Forensic Sci Int*, 2006, 164(1): 65–71. [\[DOI\]](#)
- [13] Zhang HJ, Yun LB, Li YB, Zhang J, Wu J, Yan J, Hou YP. Haplotype of 12 Y-STR loci of the PowerPlex Y-system in Sichuan Han ethnic group in west China. *Forensic Sci Int*, 2008, 175(2–3): 244–249. [\[DOI\]](#)
- [14] Tang JS, Wong HY, Syn CK, Tan-Siew WF, Chow ST, Budowle B. Population study of 11 Y-chromosomal STR loci in Singapore Chinese. *Forensic Sci Int*, 2006, 158 (1): 65–71. [\[DOI\]](#)
- [15] Hu SP. Polymorphism of Y-chromosomal STR haplotypes in the Chaoshan Han Chinese in South China. *Forensic Sci Int*, 2006, 158 (1): 80–85. [\[DOI\]](#)
- [16] Hu SP. Genetic Polymorphism of 12 Y-chromosomal STR loci in the Minnan Han Chinese in Southeast China. *Forensic Sci Int*, 2006, 159 (1): 77–82. [\[DOI\]](#)
- [17] FENG Chang-Fun, XIANG Zhi-De, SHEN Cheng-Bin. Polymorphisms of twelve Y-chromosome STR loci in Han population in Henan. *Forensic Science and Technology (China)*, 2005, 177(3): 23–28.
冯常俊, 相志德, 申成斌. 河南汉族人群 12 个 Y-STR 基因座的遗传多态性. *刑事技术*, 2005, 177(3): 23–28.
- [18] CHEN Shui-Qin, CHEN He-Jun, ZENG Xiao-Guan, LI Qiong, ZHU Zhong-Lian, NIE Shao-Lu. Polymorphisms of twelve Y-chromosome STR loci in Han population in Hunan. *Chinese Journal of Forensic Medicine*, 2005,

- 20(3): 174–176.
- 陈水琴, 陈和军, 曾晓冠, 李琼, 朱忠炼, 聂绍禄. 湖南汉族群体 11 个 Y-STR 基因座的遗传多态性. 中国法医学杂志, 2005, 20(3): 174–176.
- [19] ZHANG Xiao-Hong, WU Wei-Wei, TANG Jian-Xin, QIAN Guang-Li, ZHANG Xiao-Ming. Polymorphisms of 12 Y-STR loci in Han population in Tianjin. *Forensic Science and Technology (China)*, 2005, 175(1): 19–26.
- 匡金枝, 朱巍, 聂同钢, 刘毅, 刘孟男, 王玉健. 天津汉族人群 12 个 Y-STR 基因座的遗传多态性. 刑事技术, 2005, 175(1): 19–26.
- [20] ZHANG Xiao-Hong, WU Wei-Wei, TANG Jian-Xin, QIAN Guang-Li, ZHANG Xiao-Ming. Polymorphisms of eleven Y-chromosome STR loci and forensic application in Yunnan Han population. *Journal of Forensic Medicine*, 2006, 22(4): 291–294.
- 张晓红, 吴微微, 唐建新, 钱光立, 张小明. 云南汉族人群 11 个 Y-STR 基因座单倍型分布频率. 法医学杂志, 2006, 22(4): 291–294.
- [21] WU Wei-Wei, ZHENG Xiao-Ting, PAN Li-Peng, HAO Hong-Lei, FU Ting. A study of polymorphisms of 16 Y-STR loci in Han population in Zhejiang. *Forensic Science and Technology (China)*, 2005, 179(5): 11–17.
- 吴微微, 郑小婷, 潘立鹏, 郝宏蕾, 傅汀. 浙江汉族人群 16 个 Y-STR 基因座遗传多态性调查. 刑事技术, 2005, 179(5): 11–17.
- [22] Walsh BS, Petzger DA, Higuchi R. Chelex-100 as medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic materia. *Biotechniques*, 1991, 10(4): 506–513.
- [23] www.appliedbiosystems.com.cn[DB/Online].
- [24] Hou YP, Zhang J, Li YB, Wu J, Zhang SZ, Prinz ML. Allele sequences of six new Y-STR loci and haplotypes in the Chinese Han population. *Forensic Sci Int*, 2001, 118(2–3): 147–152. [\[DOI\]](#)
- [25] Schneider S, Roessli D, Excoffier L. Arlequin: a software for population genetics data analysis. Version 2.000. Genetics and Biometry Lab, Department of Anthropology. University of Geneva, 2000.
- [26] Felsenstein J. PHYLIP: phylogeny inference package (version 3.2), *Cladistics*, 1989, 5: 164–166.
- [27] Hanson EK, Ballantyne J. Comprehensive annotated STR physical map of the human Y chromosome: forensic implications. *Leg Med (Tokyo)*, 2006, 8(2): 110–120.

2008《遗传学报》《遗传》期刊工作会议在北京召开

“2008《遗传学报》《遗传》期刊工作会议”于2008年3月30日在北京召开。出席会议的有中国科学院遗传与发育所和中国遗传学会的领导、京区部分编委、审稿专家及编辑部人员共20余人。

会议由两刊主编薛勇彪主持。首先,《遗传学报》《遗传》编辑室主任李绍武汇报了近年来编辑室工作及精品期刊建设进展;中国遗传学会办公室常务副主任王长城就精品期刊建设做了专题发言;随后,《遗传学报》编辑于昕着重介绍了《遗传学报》审稿流程、EES审稿系统与Scopus数据库等。

与会编委和专家就期刊的发展战略问题进行了热烈讨论,主要议题包括:期刊的定位、编委会换届问题、如何扩大稿源、如何提高稿件质量、如何提高期刊的国际影响力以及如何加快审稿进程等。大家各抒己见,畅所欲言,为刊物的发展提出了许多建设性的意见和建议。

会议认为:《遗传学报》应面向国际组稿约稿,就学科发展的热点问题策划出版专辑,在提高稿件质量的基础上,进一步提高期刊的国际影响力。《遗传》要进一步办出特色,努力办成国内一流的学术期刊。新一届《遗传学报》编委会要增加国际编委;《遗传》编委会要吸收中青年学者,组建一支专业化、年轻化的编委队伍。

最后,薛勇彪主编进行了总结,指出期刊作为科学传播的媒体,还肩负着引导学科发展和培养年轻作者的使命,通过本次会议,进一步明确了办刊目标和办刊方针,希望编辑部要认真领会,贯彻落实,努力提高办刊水平。