

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.00568

湖南土家族群体 X 染色体 10 个 STR 位点的遗传多态性及法医学应用价值评估

韩卫, 杨丽, 桂宏胜, 余兵, 卫洁, 李生斌

西安交通大学医学院卫生部法医学重点实验室, 西安 710061

摘要: 对 198 名湖南土家族健康无关个体抽取静脉血, 提取 DNA, 经 PCR 扩增, 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳, 银染进行等位基因分型; 软件 SPSS13.0 计算各位点基因型频率和等位基因频率, 进行 Hardy-Weinberg 平衡检验, 并检验基因分布差异有无统计学意义; Fstat 软件计算基因多态性及固定指数; Powerstats 软件计算各种法医学应用指标。在湖南土家族群体中, 共检出 65 个等位基因, 频率分布在 0.0048~0.6170 之间; 10 个 X-STR 位点中 *DXS6789*、*DXS6799*、*HPRTB* 位点的多态性和分化程度较低; *DXS7133*、*DXS7423* 位点的法医学应用价值较低; 位点比较中, 湖南土家族群体与德国、意大利群体的差异最明显。 *DXS6804*、*DXS7132*、*DXS7130*、*DXS8378*、*DXS6789*、*DXS6799*、*DXS7424*、*HPRTB* 等 8 个位点在湖南土家族群体的个体识别和女孩的亲权鉴定中有应用价值, 对疾病相关研究有实际意义; 差异性检验结果揭示高加索人种与蒙古人种间存在着较大的差异性。

关键词: 土家族; X 染色体; 短串联重复序列; 遗传多态性; 差异性

Genetic polymorphisms of ten X chromosome STR loci in Hunan Tujia population and their forensic evaluation

HAN Wei, YANG Li, GUI Hong-Sheng, YU Bing, WEI Jie, LI Sheng-Bin

Key Laboratory of Forensic Science, Ministry of Health, Xi'an Jiaotong University College of Medicine, Xi'an 710061, China

Abstract: Genomic DNA was extracted from whole blood of 198 unrelated health individuals of Tujia ethnic group from south China's Hunan Province. Genotyping and detection of PCR products were carried out on denaturing polycrylamide gel electrophoresis followed by silver staining. Allele frequencies and genotype frequencies were computed. Deviation from Hardy-Weinberg equilibrium and differences of gene distribution were examined by SPSS 13.0. Fixation index, genetic polymorphism and indices of forensic application were calculated using Fstat and Powerstats, respectively. The results revealed that the frequencies of 65 alleles were distributed from 0.0048 to 0.6170. Among the ten X-STR loci, *DXS6789*, *DXS6799* and *HPRTB* presented lower diversity and differentiation, while *DXS7133* and *DXS7423* showed lower value in forensic application. Results of multiple comparisons by loci showed that difference between German, Italian and Tujia population were the most dominant, and it suggested that great genetic differences did exist between Caucasian and Mongo-

收稿日期: 2007-10-30; 修回日期: 2007-12-20

基金项目: 教育部科技基础资源数据平台建设项目“中华民族群体遗传资源数据整合共享平台”(编号: 505015)资助[Supported by the Platform Construction Projects of Chinese Education Ministry for Sciences and Technological Fundamental Resources Data: "Integrated and Participatory Data Platform for Chinese Population Genetic Resources" (No. 505015)]

作者简介: 韩卫 (1970-), 女, 陕西人, 讲师, 博士, 专业方向: 法医群体遗传学。Tel: 029-82655114; E-mail: hanwei@mail.xjtu.edu.cn

杨丽 (1980-), 女, 陕西人, 博士研究生, 专业方向: 基因组多态性。Tel: 029-82655474; E-mail: yli@stu.xjtu.edu.cn

韩卫、杨丽并列第一作者。

通讯作者: 李生斌 (1958-), 男, 陕西人, 教授, 博士生导师, 研究方向: 基因组多态性及法医物证学。Tel: 029-82656244; E-mail: shbinlee@mail.xjtu.edu.cn

致谢: 衷心感谢湖南湘西土家族苗族自治州公安局、吉首市公安局胡运亮、余家树主任法医, 湖南吉首大学医学院吕江明副教授在两次土家族民族样本采集过程中所做的工作。

lian. In conclusion, *DXS6804*, *DXS7132*, *DXS7130*, *DXS8378*, *DXS6789*, *DXS6799*, *DXS7424* and *HPRTB* had a good value in forensic identification, paternity testing of female and disease related study for Tujia population.

Keywords: Tujia population; X chromosome; short tandem repeat; genetic polymorphism; difference

短串联重复序列(short tandem repeats, STR)是目前亲权鉴定和个体识别中最常用的DNA多态性遗传标记。X-STR广泛分布于真核细胞基因组中, 高度稳定且具有较高的遗传多态性。由于X染色体特殊的遗传方式, X-STR在法医学应用中具有其他染色体标记无法替代的特有优势^[1,2]。但是, 迄今为止深入研究的X-STR基因座相对较少, 其群体分布、突变率、基因结构变异等方面的基础研究尚不够丰富^[3]。

我们选用 *DXS6804*、*DXS7132*、*DXS7130*、*DXS8378*、*DXS7133*、*DXS7423*、*DXS6789*、*DXS6799*、*DXS7424*、*HPRTB* 共 10 个 X 染色体 STR 位点, 对湖南省土家族群体的等位基因、基因型进行了观察, 并进一步计算多个群体遗传多态性指标, 为相关疾病诊断、法医学亲子鉴定应用奠定基础。

1 材料和方法

1.1 样本来源

本研究样本选自湖南省湘西土家族苗族自治州永顺县大坝镇和平乡及湖南省湘西土家族苗族自治州龙山县岩冲村, 遵循“知情同意”原则, 随机选取土家族健康无关个体 198 名(女性 104 名, 男性 94 名), 抽取静脉血 2 mL, EDTA 抗凝, 每个供血个体均追溯 3 代以上家族史, 以确定其民族代表性。

1.2 分型方法

用 Chelex100 法提取基因组 DNA, 含量在 10 ~ 50 ng/μL 之间。采用 PCR 扩增样本 DNA, 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离, 结合银染显色技术, 选用等位基因大小标记进行分型, 观察 X 染色体 STR 遗传标记包括 *DXS6804*、*DXS7132*、*DXS7130*、*DXS8378*、*DXS7133*、*DXS7423*、*DXS6789*、*DXS6799*、*DXS7424*、*HPRTB* 10 个 X-STR 位点。

1.3 统计分析

统计软件SPSS13.0 计算各位点等位基因频率和基因型频率, χ^2 检验对基因型频率(仅用女性数据)进行Hardy-Weinberg平衡检验^[4], 确切概率法检验对土家族男女群体间以及土家族和其他不同民族间的

相应位点等位基因频率分布进行差异性检验。用Fstat软件^[4]计算基因多态性及固定指数^[5,6], Powerstats 软件计算杂合度 H (heterozygosity), 多态信息量 PIC (polymorphism information content)等法医学应用指标^[7]。个体识别率 PD (power of discrimination)用下列公式计算^[8]:

(1) 女性样本的个体识别率 $PD^F = 1 - 2(\sum P_i^2)^2 + \sum P_i^4$;

(2) 男性样本的个体识别率 $PD^M = 1 - \sum P_i^2$ 。

2 结果与分析

2.1 土家族男性、女性 10 个 X-STR 位点等位基因频率分布及差异性检验

10 个 X-STR 位点 *DXS6804*、*DXS7132*、*DXS7130*、*DXS8378*、*DXS7133*、*DXS7423*、*DXS6789*、*DXS6799*、*DXS7424*、*HPRTB* 共检出 65 个等位基因(表 1), 频率分布在 0.0048 ~ 0.6170 之间。

10 个 X-STR 位点等位基因频率分布及差异性检验显示(表 1), 除 *HPRTB* 位点外(P 值 = 0.001, < 0.05), 其他 9 个位点等位基因频率分布在湖南土家族男性和女性之间无统计学差异。

2.2 湖南土家族 10 个 X-STR 基因位点等位基因型频率

女性样本基因型频率统计结果显示(表 2), *DXS6804* 位点共检测出 17 个基因型, *DXS7424* 位点共检测出 20 个基因型, *DXS6789* 位点共检测出 27 个基因型, *DXS7133* 位点共检测出 10 个基因型, *DXS7130* 位点共检测出 23 个基因型, *HPRTB* 位点共检测出 11 个基因型, *DXS8378* 位点共检测出 10 个基因型, *DXS7423* 位点共检测出 8 个基因型, *DXS7132* 位点共检测出 17 个基因型, *DXS6799* 位点共检测出 16 个基因型。

2.3 湖南土家族 10 个 X-STR 位点 Hardy-Weinberg 平衡检验及相应遗传多态性指标统计

SPSS13.0 软件对女性的基因型频率进行 Hardy-Weinberg 平衡检验, 结果显示(表 3), 除位点 *DXS6789*、

表 1 湖南土家族男性、女性 10 个 X-STR 基因位点等位基因频率及差异性检验

Table 1 Allele frequencies and differences test of ten STR loci in male and female from Hunan Tujia population

等位基因 Allele	DXS6804		DXS7132		DXS7130		DXS6789		DXS7424	
	女性 Female	男性 Male	女性 Female	男性 Male	女性 Female	男性 Male	女性 Female	男性 Male	女性 Female	男性 Male
10	0.0577	0.0319			0.0048					
11	0.25	0.2979	0.0337	0.0957	0.149	0.1064				
12	0.3077	0.3511	0.1202	0.1915	0.1587	0.1596			0.0096	0.0106
13	0.2548	0.234	0.3077	0.3191	0.0865	0.1596			0.0144	0.0106
13.3					0.0192	0.0213				
14	0.0865	0.0851	0.3317	0.234					0.101	0.1489
14.3					0.0433	0.1064				
15	0.0385		0.1779	0.1489					0.1394	0.1596
15.3					0.4279	0.3404				
16	0.0048		0.0288	0.0106					0.3606	0.2872
16.3					0.101	0.1064				
17									0.3173	0.3298
17.3					0.0096					
18							0.1394	0.2872	0.0481	0.0426
19							0.3125	0.2553	0.0096	0.0106
20							0.0913	0.0532		
21							0.0529	0.0213		
22							0.0913	0.1277		
23							0.1827	0.1383		
24							0.1106	0.1064		
25							0.0192	0.0106		
χ^2 test	0.429		0.075		0.218		0.089		0.892	
等位基因 Allele	DXS8378		DXS7133		DXS7423		DXS6799		HPRTB	
	女性 Female	男性 Male	女性 Female	男性 Male	女性 Female	男性 Male	女性 Female	男性 Male	女性 Female	男性 Male
8	0.0048						0.024	0.0319		
9	0.0192	0.0213	0.4375	0.5319			0.0481	0.0426		
10	0.4808	0.5319	0.0337	0.0851			0.25	0.2766		
11	0.399	0.2979	0.476	0.3723			0.4712	0.4681		
12	0.0913	0.1383	0.0433	0.0106			0.1827	0.117	0.0096	0.0319
13	0.0048	0.0106	0.0096		0.0385		0.024	0.0638	0.1106	0.2447
13.3										
14					0.3077	0.2979			0.375	0.4362
14.3										
15					0.6106	0.617			0.3798	0.2447
15.3										
16					0.0433	0.0851			0.125	0.0319
16.3										
17										0.0106
χ^2 test	0.415		0.057		0.119		0.418		0.001	

表 2 湖南土家族女性 10 个 X-STR 基因位点的等位基因型频率
Table 2 Genotype frequencies of ten X-STR loci in female from Hunan Tujia population

位点 Loci	基因型 Genotype	频率 Frequencies	位点 Loci	基因型 Genotype	频率 Frequencies	位点 Loci	基因型 Genotype	频率 Frequencies
DXS6804	10/10	0.0288	DXS6789	18/18	0.0673	DXS7130	10/16.3	0.0096
	10/11	0.0096		18/19	0.0481		11/11	0.0288
	10/12	0.0481		18/20	0.0096		11/12	0.0288
	11/11	0.1250		18/21	0.0288		11/13	0.0096
	11/12	0.1154		18/22	0.0288		11/14.3	0.0096
	11/13	0.0865		18/24	0.0192		11/15.3	0.1442
	11/14	0.0385		18/25	0.0096		11/16.3	0.0481
	12/12	0.1442		19/19	0.1827		12/12	0.0385
	12/13	0.1058		19/20	0.0096		12/13	0.0577
	12/14	0.0481		19/21	0.0192		12/14.3	0.0096
	12/16	0.0096		19/22	0.0288		12/15.3	0.1346
	13/13	0.1346		19/23	0.1058		12/16.3	0.0096
	13/14	0.0096		19/24	0.0385		13.3/13.3	0.0096
	13/15	0.0385		19/25	0.0096		13.3/15.3	0.0192
	14/14	0.0288		20/20	0.0577		13/13	0.0192
	14/15	0.0192		20/21	0.0288		13/15.3	0.0385
	15/15	0.0096		20/23	0.0096		13/16.3	0.0192
DXS7424	12/17	0.0192		20/24	0.0096		13/17.3	0.0096
	13/15	0.0096	DXS7133	21/21	0.0096	HPRTB	14.3/15.3	0.0288
	13/16	0.0192		21/23	0.0096		14.3/16.3	0.0288
	14/14	0.0481		22/22	0.0385		14.3/17.3	0.0096
	14/15	0.0192		22/23	0.0192		15.3/15.3	0.2019
	14/16	0.0385		22/24	0.0096		15.3/16.3	0.0865
	14/17	0.0385		22/25	0.0192		12/12	0.0096
	14/18	0.0096		23/23	0.0962		13/13	0.0192
	15/15	0.0481		23/24	0.0288		13/14	0.0865
	15/16	0.0385		24/24	0.0577		13/15	0.0673
	15/17	0.0769		10/10	0.0096		13/16	0.0288
	15/18	0.0288		10/11	0.0192		14/14	0.2596
	15/19	0.0096		11/11	0.2500		14/15	0.0962
	16/16	0.1827		11/12	0.0577		14/16	0.0481
	16/17	0.2308		11/13	0.0096		15/15	0.2788
	16/18	0.0288		12/12	0.0096		15/16	0.0385
	17/17	0.1250		12/13	0.0096	DXS6799	16/16	0.0673
DXS8378	17/18	0.0096		9/10	0.0288		10/10	0.1923
	17/19	0.0096		9/11	0.3654		10/11	0.0288
	18/18	0.0096		9/9	0.2404		10/12	0.0385
	10/10	0.2404	DXS7132	11/11	0.0192		11/11	0.4135
	10/11	0.3365		11/13	0.0096		11/12	0.0192
	10/12	0.1346		11/14	0.0096		11/13	0.0192
	11/11	0.2019		11/15	0.0096		12/12	0.1442
	11/12	0.0288		12/12	0.0385		12/13	0.0096
	11/13	0.0096		12/13	0.0865		13/13	0.0096
	12/12	0.0096		12/14	0.0577		8/10	0.0096
	8/10	0.0096		12/15	0.0192		8/11	0.0192
	9/11	0.0192		13/13	0.1154		8/8	0.0096
	9/9	0.0096		13/14	0.2115		9/10	0.0385
DXS7423	13/14	0.0096		13/15	0.0673		9/11	0.0288
	13/15	0.0673		13/16	0.0096		9/12	0.0096
	14/14	0.1635		14/14	0.1346		9/9	0.0096
	14/15	0.2692		14/15	0.0865			
	14/16	0.0096		14/16	0.0288			
	15/15	0.4231		15/15	0.0865			
	15/16	0.0385		16/16	0.0096			
	16/16	0.0192						

表 3 湖南土家族 10 个 X-STR 位点 Hardy-Weinberg 平衡检验及相应遗传多态性指标

Table 3 Hardy-Weinberg equilibrium tests of ten X-STR loci and their genetic polymorphism indexes

位点 Loci	基因多样性 Gene diversity	固定指数 <i>F_{is}</i>	H-W 平衡检验 <i>P</i> -value for HWE
<i>DXS6804</i>	0.77	0.3136	0.131
<i>DXS7132</i>	0.752	0.2068	0.801
<i>DXS7130</i>	0.753	0.0683	0.991
<i>DXS6789</i>	0.823	0.4042	0.042
<i>DXS7424</i>	0.741	0.2087	0.585
<i>DXS8378</i>	0.604	0.1086	0.515
<i>DXS7133</i>	0.582	0.1577	0.569
<i>DXS7423</i>	0.532	0.2595	0.353
<i>DXS6799</i>	0.684	0.6768	0
<i>HPRTB</i>	0.692	0.472	0.002
Average	0.6933	0.291	

DXS6799、*HPRTB* 之外, 其他位点基因型频率分布都符合 Hardy-Weinberg 平衡定律($P > 0.05$)。

Fstat 软件计算基因多态性及固定指数, 结果显示(表 3), 10 个位点的基因多态性平均值为 0.6933, 固定指数平均值为 0.2910, *DXS6789*、*DXS6799* 和 *HPRTB* 等 3 个位点具有较大的固定指数, 与 Hardy-Weinberg 平衡吻合度检验结果一致。

表 4 湖南土家族 10 个 X-STR 位点相应法医学应用指标

Table 4 Parameters of forensic application of ten X-STR loci

位点 Loci	应用指标 Parameter				
	观测杂合度 (<i>Het</i>)obs.	期望杂合度 (<i>Het</i>)exp.	多态信息量 <i>PI</i> C	男性个体识别率 <i>PD</i> (f)	女性个体识别率 <i>PD</i> (m)
<i>DXS6804</i>	0.5288	0.7656	0.7278	0.725	0.9072
<i>DXS7132</i>	0.5962	0.7472	0.7056	0.7753	0.8945
<i>DXS7130</i>	0.7019	0.7495	0.7215	0.7988	0.9093
<i>DXS6789</i>	0.4904	0.8175	0.7954	0.8022	0.9447
<i>DXS7424</i>	0.5865	0.7369	0.6953	0.759	0.8891
<i>DXS8378</i>	0.5385	0.6009	0.5204	0.6086	0.7603
<i>DXS7133</i>	0.4904	0.5789	0.4896	0.5711	0.7334
<i>DXS7423</i>	0.3942	0.5291	0.4554	0.5233	0.7045
<i>DXS6799</i>	0.2212	0.6786	0.6297	0.6838	0.8478
<i>HPRTB</i>	0.3654	0.6872	0.6303	0.6878	0.8453

表 5 湖南土家族与 7 个民族及种族群体 10 个 X-STR 位点等位基因分布差异性检验

Table 5 Statistical differences of ten loci between Hunan Tujia and other seven populations

位点 Loci	西安汉族 ^[9,10] Han	回族 ^[11] Hui	蒙古族 ^[12] Mongolia	藏族 ^[13] Tibetan	韩国 ^[7] Korean	德国 ^[14] German	意大利 ^[15] Italian
<i>DXS6804</i>	0.042	0	0.112	0.042	—	—	—
<i>DXS7132</i>	0.022	0.172	0.069	0.227	0.466	0.809	0.8
<i>DXS7130</i>	0.666	0.586	—	0.864	—	0.002	—
<i>DXS6789</i>	0	0	0	0	0	0	0
<i>DXS7424</i>	—	—	0	0	—	0	0
<i>DXS8378</i>	0.377	0.161	0.154	0.236	0.218	0.001	0.001
<i>DXS7133</i>	0	0	0	0	0	0.028	—
<i>DXS7423</i>	0.519	0.088	0.266	0.041	0.203	0	—
<i>DXS6799</i>	0.831	0	0.635	0.434	—	—	—
<i>HPRTB</i>	0	—	0	—	0	0	0

2.4 湖南土家族 10 个 X-STR 位点相应的法医学应用指标统计

法医学应用指标统计显示(表 4), *DXS6799* 位点观测杂合度最低, *DXS7133*、*DXS7423* 位点各应用指标均低于标准水平, 其他位点的法医学应用参数基本达到法医学应用标准。

2.5 湖南土家族与其他民族基因频率分布的差异性检验

检验湖南土家族 10 个 X-STR 位点等位基因频率分布和其他 7 个民族及种族群体之间基因频率分布的差异, 西安汉族、宁夏回族、内蒙古蒙古族、西藏藏族、韩国、德国及意大利群体基因频率数据来自文献^[7,9-15], 结果显示(表 5): 湖南土家族群体与德国及意大利群体间基因频率分布的差异性最大, 揭示高加索人种与蒙古人种间存在着很大的差异性。

在以上群体 10 个 X-STR 位点的差异性检验中, *DXS6804*、*DXS6789*、*DXS7424*、*DXS7133* 及 *HPRTB* 位点在土家族与其他群体间的差异均具有统计学意义。

3 讨论

X 染色体特异的 STR 基因座在遗传过程中, 男性的基因组呈单拷贝, 以单倍型必须遗传给女儿而不遗传给儿子。母亲两条 X 染色体上的一对 STR 等位基因中的一个必须遗传给儿子或女儿。由于这一遗传特点, X-STR 在法医学、人类学、疾病分析等中的特殊作用日益凸现^[16-19]。

根据 2000 年第 5 次全国人口普查统计, 土家族现有人口 802 万人, 主要分布在湖南、湖北、重庆、贵州毗邻的武陵山地区。1957 年 1 月被正式确定为单一的少数民族, 同年 9 月成立了湖南省湘西土家族苗族自治州, 本研究所用样本即采于此地。关于土家族的来源, 目前说法不一。研究土家族 X-STR 遗传多态性, 不仅能为该民族的人类学研究提供生物学佐证, 同时为 X-STR 基因座在法医学及疾病分析中的应用提供重要参考资料。

迄今为止深入研究的 X-STR 基因座相对较少, 其群体分布、突变率、基因结构变异等方面的基础研究尚不够丰富。我们还进行了基因多态性、固定指数(F_{is})等多种遗传学指标的计算^[17,18], 以排除突变、错配、亚群间差异、个体间差异等对 10 个位点应用价值评价的影响。如 Hardy-Weinberg 平衡检验显示 $DXS6789$ 、 $DXS6799$ 、 $HPRTB$ 位点不符合 H-W 平衡。分析群体不符合 H-W 平衡的原因有: (1) 样本量不足或采样分布偏差, 使得所选样本不能代表整个人群的基因型频率分布; (2) 少数民族的非随机婚配; (3) 自然选择、近交、Wahlund 效应等导致杂合子缺乏, 使某些基因从基因库中消失, 造成种群遗传多样性降低。上述因素分别或共同作用导致该民族在某些位点偏离平衡现象的发生^[20]。进一步检验显示, 上述 3 个位点的杂合度均小($P < 0.50$), 固定指数较大, 说明此类位点在湖南土家族人群中的遗传分化程度较低。法医学应用参数统计显示, 除位点 $DXS7133$ 、 $DXS7423$ 外, 其他位点都可用于湖南土家族人群的个体识别和亲权鉴定。以上结论有待于后续增加样本量、有效控制采样偏差等影响因素的研究, 获得更多的统计学数据进一步印证。

对亚群间遗传关系进行探讨时, 群体间等位基因频率分布的差异性检验采用确切概率法。确切概率法检验是一种针对特定样本特征的检验方法, 当样本中出现小于 5 的理论频数时, 经典的卡方检验结果会有一定的误差, 而确切概率法采用超几何分

布特征及隐马尔科夫模型, 对样本的检验结果进行精确地计算。湖南土家族与其他 7 个群体相应位点的等位基因频率分布的差异性检验显示, 土家族与 5 个亚洲群体的差异性检验结果远小于与德国及意大利人群间的差异性, 揭示同处于亚洲的蒙古人种与处于欧洲的高加索人种之间存在着较大的差异性。 $DXS7132$ 、 $DXS7130$ 、 $DXS8378$ 、 $DXS7423$ 、 $DXS6799$ 等 5 个位点在土家族与其他群体间的差异性多数无统计学意义, 提示这些位点在以上群体中的遗传学分布比较接近, 具有一定的共性。

参考文献(References):

- [1] Barbaro A, Cormaci P. X-STR typing for an identification casework. *Int Congr Ser*, 2006, 1288: 513-515. [\[DOI\]](#)
- [2] Szibor R, Krawczak M, Hering S, Edelmann J, Kuhlisch E, Krause D. Use of X-linked markers for forensic purposes. *Int J Legal Med*, 2003, 117(2): 67-74.
- [3] Hou Y, Prinz M, Staak M. Comparison of different tests for deviation from Hardy-Weinberg equilibrium of AMPFLP population data. New York: Advances in Forensic Haemogenetics 5. Springer-Verlag: Berlin, Heidelberg, 1994, 511-514.
- [4] <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>.
- [5] Iriondo M, Barbero MC, Manzano C. DNA polymorphisms detect ancient barriers to gene flow in basques. *Am J Phys Anthropol*, 2003, 122: 73-84.
- [6] Goudet J. Fstat(version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *J Hered*, 1995, 86(6): 485-486.
- [7] Shin SH, Yu JS, Park SW, Min GS, Chung KW. Genetic analysis of 18 X-linked short tandem repeat markers in Korean population. *Forensic Sci Int*, 2005, 147(1): 35-41. [\[DOI\]](#)
- [8] Desmarais D, Zhong Y, Chakraborty RJ, Perreault C, Busque L. Development of a highly polymorphic STR marker for identity testing purposes at the human androgen receptor gene (HUMARA). *J Forensic Sci*, 1998, 43(5): 1046-1049.
- [9] Yu Bing, Zhang Hongbo, Li Shengbin. X-chromosome STRs polymorphisms of Han ethnic group from Northwest China. *Forensic Sci Int*, 2005, 153(2-3): 269-271. [\[DOI\]](#)
- [10] YU Bing, QIN Qun-Xia, YAN Jin-Cheng, ZHANG Hong-Bo, LI Sheng-Bin. Genetic polymorphisms of 6 STR loci on the X chromosome in Xi'an Han population. *Journal of Forensic Medicine*, 2005, 21(3): 188-191.
余兵, 秦群霞, 闫金成, 张洪波, 李生斌. 西安汉族 X 染色体上 6 个 STR 位点的遗传多态性. *法医学杂志*, 2005, 21(3): 188-191.
- [11] FENG Xue, XU Ping, TUO Ya, YU Bing, LI Sheng-Bin. An investigation for genetic polymorphisms of 10 STR loci on chromosome X of Chinese Hui nationality population in Ningxia region of China. *Chin J Med Genet*, 2006,

- 23(3): 346–348.
- 冯雪, 徐平, 托娅, 余兵, 李生斌. 宁夏回族人群 X 染色体 10 个短串联重复序列位点的遗传多态性调查. 中华医学遗传学杂志, 2006, 23(3): 346–348.
- [12] LIU Qing-Bo, LI Sheng-Bin. Patterns of genetic polymorphism at the 10 X-chromosome STR loci in Mongol population. *Forensic Sci Int*, 2006, 158(1): 76–79. [\[DOI\]](#)
- [13] GAO Ya, JIN Tian-Bo, YU Bing, DU Hong, LI Sheng-Bin. Genetic polymorphisms of 10 X chromosome STR loci in a Chinese Tibetan population. *Chin J Med Genet*, 2006, 23(1): 97–99.
- 高雅, 金天博, 余兵, 杜宏, 李生斌. 藏族 X 染色体 10 个 STR 位点的遗传多态性. 中华医学遗传学杂志, 2006, 23(1): 97–99.
- [14] Edelmann J, Hering S, Michael M, Lessig R, Deichsel D, Meier-Sundhausen G, Roewer L, Plate I, Szibor R. 16 X-chromosome STR loci frequency data from a German population. *J Forensic Sci*, 2001, 124(2–3): 215–218. [\[DOI\]](#)
- [15] Robino C, Giolitti A, Gino S, Torre C. Analysis of 12 X-chromosomal short tandem repeats in the North-West Italian population by means of two multiplex PCRs. *Int Congr Ser*, 2006, 1288: 316–318. [\[DOI\]](#)
- [16] REN Yun-Xing, LIANG Jing-Qing. Research progress on X chromosome STR loci in forensic medicine. *Hereditas (Beijing)*, 2006, 28(10): 1316–1320.
- 任云星, 梁景青. X 染色体 STR 基因座的法医学研究进展. 遗传, 2006, 28(10): 1316–1320.
- [17] Ayres KL. Relatedness testing in subdivided populations. *Forensic Sci Int*, 2000, 114(2): 107–115. [\[DOI\]](#)
- [18] Balding DJ, Nichols RA. A method for quantifying differentiation between populations at multi-allelic loci and its implications for investigating identity and paternity. *Genetica*, 1995, 96(1–2): 3–12. [\[DOI\]](#)
- [19] Tie J, Wang XL, Oxida S. Genetic polymorphisms of 15 STR loci in a Japanese population. *J Forensic Sci*, 2006, 51(1): 188–189. [\[DOI\]](#)
- [20] HUANG Dai-Xin, YANG Qing-En. Application of chi-square test and exact test in Hardy-Weinberg equilibrium testing. *Journal of Forensic Medicine*, 2004, 20(2): 116–119.
- 黄代新, 杨庆恩. 卡方检验和精确检验在 HWE 检验中的应用. 法医学杂志, 2004, 20(2): 116–119.

中国遗传学会第八届全国代表大会暨学术讨论会 第二轮通知

中国遗传学会第八届全国代表大会定于 2008 年 10 月 28 日—31 日在重庆市召开, 会议的准备工作已全面展开。目前大会网页已制作完毕, 提交论文、注册、房间预订等均在网上进行。请注意查看: <http://www.congress-gsc.cn>。

会议注册:

2008 年 8 月 31 日前注册报名并按指定帐号汇款的参会代表收注册费为: 会员: 600 元 (凭会员证办入住手续); 代表: 700 元; 学生 500 元 (凭学生证办入住手续)。现场注册各档次均增加 100 元。

论文摘要:

会议接收: 植物遗传学、医学遗传学、动物遗传学、微生物遗传学、群体与进化遗传学、基因组学、蛋白质组学、发育遗传学、表观遗传学和药物基因组学等相关学科。字数限制在 1000 字以内。论文截止日期 2008 年 8 月 31 日。

大会报告:

特邀报告 40 分钟, 主题报告 30 分钟, 分组报告 20 分钟 (含讨论)。

已确认的大会报告人在会议日程中公布。

会议第三轮通知将于 2008 年 9 月底在网上发布, 请随时关注网上信息!

中国遗传学会
2008 年 4 月 1 日