

三个 STR 分型体系在法医学中的应用

陈 勇, 王 瑛, 彭 珊, 曲冬阳, 欧雪玲, 童大跃, 陈维红, 孙宏钰*

(中山大学中山医学院法医学系, 广东 广州 510080)

摘要:【目的】调查 Powerplex™ 16 System、STRtyper-10F/G kit 以及 AGCU 21+1 三个分型体系包含的 45 个常染色体 STR 基因座在中国广东汉族人群中的群体遗传学数据, 评估其法医学应用价值。【方法】采集 256 例中国广东汉族二代家系(包含 512 名无关个体)外周血样, 提取样本 DNA, 对 D3S1358 等 45 个 STR 基因座进行扩增, 使用 ABI 3500XL 遗传分析仪电泳扩增产物, GeneMapper ID-X 软件进行基因分型, 并用相关统计软件计算常用法医学参数并进行 Hardy-Weinberg 平衡及基因座间连锁不平衡的检验。【结果】经 Bonferroni 法校正后, 45 个 STR 基因座的基因型分布均符合 Hardy-Weinberg 平衡, 不存在连锁不平衡现象。各基因座平均杂合度(H_o)为 0.765, 平均个体识别力(DP)为 0.905, 平均多态信息含量(PIC)为 0.733。45 个 STR 基因座的累积随机匹配概率(CMP)为 9.48×10^{-50} , 二联体累积非父排除率(CPE_{db})为 0.999 999 999 94, 三联体累积非父排除率(CPE_{in})为 0.999 999 999 999 990 4。【结论】获得了广东汉族人群 45 个常染色体 STR 基因座的群体资料, 为广东汉族人群的法医个体识别和亲子鉴定提供了基础数据。联合应用 Powerplex™ 16 System、STRtyper-10F/G kit 和 AGCU 21+1 系统可以满足突变、单亲、亲缘鉴定等疑难案件的需要。

关键词:常染色体短串联重复序列; 个体识别; 亲子鉴定; 遗传多态性

中图分类号: Q987 **文献标志码:** A **文章编号:** 1672-3554(2014)05-0685-05

Application of Three STR Typing Systems in Forensic Medicine

CHEN Yong, WANG Ying, PENG Shan, QU Dong-yang, OU Xue-ling, TONG Da-yue, CHEN Wei-hong,
SUN Hong-yu*

(Department of Forensic Medicine, Zhongshan School of Medicine, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510089, China)

Abstract:【Objective】To investigate the genetic polymorphism of 45 autosomal STR loci included in Powerplex™ 16, STRtyper-10F/G and AGCU 21+1 systems in Guangdong Han population and assess their value in forensic medicine. 【Methods】Samples from 256 two generation pedigrees (including 512 unrelated individuals) were amplified with 3 systems, respectively. The amplified products were separated with ABI 3500XL genetic analyzer and analyzed with GeneMapper ID-X software. The forensic parameters were calculated. Hardy-Weinberg equilibrium of each locus and pairwise linkage disequilibrium were tested. 【Results】After the Bonferroni correction, the genotypes of 45 STR loci were in accordance with Hardy-Weinberg equilibrium, no linkage disequilibrium was found. The average H_o of the 45 STR loci was 0.765, the average DP was 0.905 and the average PIC was 0.733. The CMP of the 45 STR loci was 9.48×10^{-50} , the CPE_{db} was 0.999 999 999 94 and the CPE_{in} was 0.999 999 999 999 990 4. 【Conclusion】We obtain the population data of 45 STR loci in Guangdong Han population, providing basic data for forensic personal identification and parental testing. Combining Powerplex™ 16, STRtyper-10F/G and AGCU 21+1 systems can meet the requirements in difficult cases such as mutated cases, duo paternity cases and kinship testing.

Key words: autosomal short tandem repeats; personal identification; paternity testing; genetic polymorphisms

[J SUN Yat-sen Univ(Med Sci), 2014, 35(5):685-689]

收稿日期: 2014-04-24

基金项目: 国家自然科学基金(81273347)

作者简介: 陈勇, 硕士生, 主检法医师, E-mail: chenrongwz@sina.com; * 通信作者: 孙宏钰, 教授, 硕士生导师, E-mail: sunhongyu2002@163.com

短串联重复序列 (short tandem repeat, 简称 STR) 具有分布广泛、多态性好、扩增效率高、判型准确等优点, 被广泛应用于法医学个体识别和亲子鉴定中^[1]。目前国内法医实践中常用的 Powerplex™ 16 和 AmpFISTR Sinofiler 等试剂盒均含有美国 DNA 索引系统 (Combined DNA Index System, 简称 CODIS) 指定的 13 个核心基因座, 基本可以满足常规三联体亲子鉴定的需要, 但对突变、单亲、亲缘鉴定等案件则呈现不足, 需要检测更多的 STR 基因座^[2]。本研究联合应用国内目前可获得的 Powerplex™ 16 (美国 Promega 公司, 以下简称 PP16)^[3]、STRtyper-10F/G (中国珠海科登生物技术公司, 简称 STR10)^[4] 以及 AGCU 21+1 (无锡中德美联生物技术公司, 简称 21+1)^[5-7] 三个 STR 分型体系, 对中国广东汉族人群 D3S1358 等 45 个常染色体 STR 基因座进行遗传多态性调查, 评估这三个分型体系进行个体识别及亲子鉴定的系统效能, 为其法医学应用提供遗传学数据, 并为不同类型案件的体系选择提供指导。

1 材料与方 法

1.1 实验样本

根据知情同意原则采集 256 例中国广东汉族二代家系 (含父亲、母亲和孩子) 外周血样, 共计 768 个样本。其中父亲和母亲样本视为无关个体样本, 共计 512 个。

1.2 DNA 提取

PP16 和 STR10 体系采用常规 Chelex-100 法

提取样本 DNA。21+1 体系则直接采用打孔器取直径 1.2 mm 的滤纸血痕进行 PCR。

1.3 STR 检测

分别按照各体系说明书进行 STR 荧光标记复合扩增检测, 扩增产物在 ABI 3500 型遗传分析仪 (美国 ABI 公司) 上进行毛细管电泳分离检测。使用 GeneMapper ID-X v1.2 软件 (美国 ABI 公司) 进行基因分型。三个体系共含 45 个 STR 基因座, 各体系所含基因座及其荧光标记见表 1。

1.4 统计分析

运用 PowerStats v12 软件 (<http://www.promega.com/geneticidtools/powerstats>) 计算 45 个 STR 基因座的等位基因频率、多态信息含量 (PIC)、匹配概率 (PM)、个体识别力 (DP) 等法医学相关参数; 采用 Cervus v3.0 (<http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp>) 软件计算各基因座二联体非父排除率 (PE_{duo})、三联体非父排除率 (PE_{trio})。采用 Arlequin v3.5 软件 (<http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>) 计算 45 个 STR 基因座的观察杂合度 (Ho) 和期望杂合度 (He), 并进行各基因座 Hardy-Weinberg 平衡及基因座间连锁不平衡检验。

2 结 果

2.1 广东汉族群体 45 个 STR 基因座的等位基因频率和相关法医学参数

经统计分析, 45 个 STR 基因座的等位基因个数在 5 ~ 24 之间, 等位基因频率为 0.001 ~ 0.541。Ho 为 0.607 ~ 0.910, 平均为 0.765; He 为 0.621 ~

表 1 3 个体系所含基因座及其荧光标记

Table 1 STR loci included in 3 systems and the corresponding fluorescent dyes

System	Dye (Color)	STR loci
PP16	FL (Blue)	D3S1358, TH01, D21S11, D18S51, Penta E
	JOE (Green)	D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSF1PO, Penta D
	TMR (Yellow)	VWA, D8S1179, TPOX, FGA
STR10	FAM (Blue)	D18S1364, D12S391, D13S325
	VIC (Green)	D6S1043, D2S1772, D11S2368
	NED (Yellow)	D22-GATA198B05, D8S1132, D7S3048
21+1	FAM (Blue)	D6S474, D12ATA63, D22S1045, D10S1248, D1S1677, D11S4463
	HEX (Green)	D1S1627, D3S4529, D2S441, D6S1017, D4S2408, D19S433
	TAMRA (Yellow)	D17S1301, D1GATA113, D18S853, D20S482, D14S1434
	ROX (Red)	D9S1122, D2S1776, D10S1435, D5S2500

PP16: Powerplex™ 16 typing system; STR10: STRtyper-10F/G typing system; 21+1: AGCU 21+1 STR typing system

表2 广东汉族人群45个STR基因座的法医学参数

Table 2 The genetic parameters of 45 STR loci in Guangdong Han population

(n = 512)

Locus	N	F	Ho	He	PIC	PM	DP	PE _{duo}	PE _{trio}	P _{HWE}
PentaE	24	0.001 ~ 0.192	0.910	0.910	0.902	0.017	0.983	0.693	0.819	0.376
D6S1043	21	0.001 ~ 0.175	0.896	0.874	0.859	0.033	0.967	0.588	0.742	0.349
D7S3048	11	0.004 ~ 0.193	0.842	0.873	0.859	0.030	0.970	0.587	0.742	0.088
D18S51	17	0.001 ~ 0.211	0.873	0.861	0.845	0.037	0.963	0.562	0.721	0.520
FGA	20	0.001 ~ 0.217	0.855	0.861	0.845	0.036	0.964	0.562	0.721	0.483
D8S1179	10	0.001 ~ 0.207	0.844	0.852	0.833	0.040	0.960	0.531	0.698	0.984
D12S391	11	0.005 ~ 0.209	0.842	0.850	0.831	0.043	0.957	0.533	0.698	0.047
D2S1772	16	0.001 ~ 0.305	0.854	0.846	0.831	0.040	0.960	0.541	0.705	0.290
D11S2368	12	0.001 ~ 0.194	0.828	0.850	0.831	0.042	0.958	0.531	0.697	0.075
D8S1132	13	0.001 ~ 0.218	0.865	0.850	0.831	0.043	0.957	0.531	0.697	0.502
D22-GATA198B05	12	0.001 ~ 0.267	0.844	0.846	0.828	0.043	0.957	0.530	0.696	0.307
D18S1364	11	0.001 ~ 0.200	0.836	0.846	0.827	0.043	0.957	0.522	0.689	0.813
D19S433	13	0.001 ~ 0.293	0.781	0.816	0.792	0.058	0.942	0.468	0.642	0.086
D21S11	16	0.001 ~ 0.273	0.805	0.815	0.791	0.060	0.940	0.468	0.641	0.187
vWA	8	0.001 ~ 0.265	0.787	0.798	0.767	0.071	0.929	0.422	0.600	0.200
D2S441	13	0.001 ~ 0.293	0.789	0.796	0.765	0.071	0.929	0.421	0.599	0.599
D13S325	13	0.001 ~ 0.277	0.781	0.795	0.764	0.073	0.927	0.419	0.597	0.530
D13S317	9	0.001 ~ 0.293	0.783	0.795	0.763	0.072	0.928	0.416	0.594	0.975
PentaD	14	0.001 ~ 0.386	0.813	0.785	0.761	0.070	0.930	0.422	0.603	0.574
D16S539	10	0.001 ~ 0.265	0.805	0.791	0.757	0.077	0.923	0.406	0.585	0.419
D5S818	8	0.002 ~ 0.317	0.787	0.782	0.748	0.082	0.918	0.395	0.574	0.464
D7S820	10	0.002 ~ 0.360	0.768	0.768	0.734	0.087	0.913	0.379	0.559	0.628
D22S1045	10	0.001 ~ 0.352	0.764	0.762	0.724	0.094	0.906	0.363	0.542	0.569
D10S1248	10	0.001 ~ 0.347	0.742	0.758	0.719	0.098	0.902	0.358	0.537	0.338
D11S4463	11	0.001 ~ 0.295	0.799	0.758	0.717	0.107	0.893	0.355	0.531	0.202
D3S4529	8	0.001 ~ 0.316	0.732	0.753	0.709	0.103	0.897	0.339	0.516	0.919
D10S1435	11	0.001 ~ 0.378	0.715	0.747	0.708	0.100	0.900	0.347	0.526	0.161
D2S1776	9	0.003 ~ 0.401	0.756	0.740	0.702	0.109	0.891	0.341	0.521	0.326
D12ATA63	10	0.001 ~ 0.352	0.721	0.745	0.701	0.104	0.896	0.338	0.513	0.639
CSFIPO	10	0.001 ~ 0.368	0.738	0.736	0.691	0.117	0.883	0.326	0.501	0.830
D4S2408	6	0.001 ~ 0.367	0.719	0.731	0.684	0.116	0.884	0.315	0.490	0.876
D3S1358	9	0.001 ~ 0.334	0.721	0.730	0.680	0.124	0.876	0.312	0.485	0.197
D18S853	8	0.001 ~ 0.411	0.682	0.720	0.676	0.120	0.880	0.310	0.485	0.154
D20S482	9	0.001 ~ 0.397	0.734	0.718	0.672	0.128	0.872	0.309	0.482	0.994
D5S2500	8	0.001 ~ 0.395	0.721	0.712	0.661	0.138	0.862	0.290	0.461	0.075
D6S1017	9	0.001 ~ 0.467	0.668	0.693	0.649	0.137	0.863	0.283	0.458	0.503
D14S1434	7	0.004 ~ 0.450	0.699	0.695	0.648	0.138	0.862	0.283	0.456	0.166
D17S1301	8	0.001 ~ 0.487	0.715	0.685	0.644	0.142	0.858	0.279	0.457	0.734
D6S474	5	0.023 ~ 0.422	0.684	0.694	0.641	0.147	0.853	0.274	0.443	0.103
D9S1122	8	0.001 ~ 0.404	0.703	0.688	0.633	0.156	0.844	0.270	0.436	0.392
TH01	7	0.003 ~ 0.474	0.682	0.675	0.626	0.153	0.847	0.267	0.437	0.436
D1S1677	9	0.001 ~ 0.434	0.682	0.676	0.619	0.164	0.836	0.258	0.422	0.176
D1S1627	7	0.001 ~ 0.541	0.607	0.621	0.567	0.198	0.802	0.210	0.371	0.468
D1GATA113	7	0.001 ~ 0.485	0.609	0.632	0.564	0.197	0.803	0.212	0.361	0.084
TPOX	7	0.001 ~ 0.517	0.623	0.626	0.564	0.206	0.794	0.211	0.365	0.024

N: number of alleles; F: frequency of allele; Ho: observed heterozygosity; He: expected heterozygosity; PIC: polymorphism information content; PM: probability of matching; DP: discrimination power; PE_{duo}: probability of paternity exclusion in duos; PE_{trio}: probability of paternity exclusion in trios; P_{HWE}: probability values of exact tests for Hardy-Weinberg equilibrium (P = 0.05).

0.910, 平均为 0.768; PIC 为 0.564 ~ 0.902, 平均为 0.733; PM 为 0.017 ~ 0.206, 平均为 0.095; DP 为 0.794 ~ 0.983, 平均为 0.905; PE_{duo} 为 0.210 ~ 0.693, 平均为 0.395; PE_{trio} 为 0.361 ~ 0.819, 平均为 0.565。累积个体识别率(TDP)为 $1-9.48 \times 10^{-50}$ 。Hardy-Weinberg 平衡检验除 TPOX ($P = 0.024$) 和 D12S391 ($P = 0.047$) 外, 均为 $P > 0.5$ 。经 Bonferroni^[8] 法校正后 ($0.05/15=0.0011$), 45 个 STR 基因座在广东汉族人群中的分布均符合 Hardy-Weinberg 平衡 (表 2)。

2.2 系统效能检测

分别计算三个 STR 分型体系单用和联合应用共 7 种情况的累积随机匹配概率(CMP)、二联体累积非父排除率(CPE_{duo})和三联体累积非父排除率(CPE_{trio}), 结果见表 3。

2.3 广东汉族群体 45 个 STR 基因座的连锁不平衡检验

对 45 个 STR 基因座两两之间进行连锁不平衡检验, 共计 990 次比较, 其中有 55 次比较的结果 P 值低于检验水准 0.05, 界于 0.0001 ~ 0.0479 之间, 经过 Bonferroni 法校正后各基因座间均不存在连锁不平衡现象 ($P > 0.00005$)。

表 3 广东汉族人群 3 个体系 7 种组合的遗传学参数

Table 3 The genetic parameters of 7 systems in Guangdong Han population

System	CMP	CPE_{duo}	CPE_{trio}
STR10	4.22×10^{-15}	0.999 0	0.999 979 2
PP16	4.95×10^{-18}	0.999 8	0.999 999 3
21+1	4.54×10^{-20}	0.999 7	0.999 999 3
PP16+STR10	2.09×10^{-30}	0.999 999 82	0.999 999 999 985 4
STR10+(21+1)	1.91×10^{-32}	0.999 999 66	0.999 999 999 986 4
PP16+(21+1)	2.25×10^{-37}	0.999 999 94	0.999 999 999 999 5
PP16+STR10+(21+1)	9.48×10^{-50}	0.999 999 999 94	0.999 999 999 999 999 990 4

CMP: combined matching probability; CPE_{duo} : cumulative probability of exclusion in duos; CPE_{trio} : cumulative probability of exclusion in trios.

2.4 广东汉族群体 45 个 STR 基因座的突变率

256 例肯定亲权的三联体家系在 45 个基因座中共观察到 31 个突变事件, 累积突变案件的发生率为 12.11%, 三个体系突变案件的发生率分别为 5.86%、3.52% 和 2.73%。突变事件涉及 23 个基因座,

突变基因座的突变率为 $1.953 \times 10^{-3} \sim 5.859 \times 10^{-3}$, 其中 D13S325 突变率最高 (5.859×10^{-3}) (表 4)。

表 4 45 个 STR 基因座的突变率和 95% 置信区间

Table 4 Mutation rates and their 95% confidence intervals of 45 STR loci ($n = 256$)

System	Locus	Number of mutations	Mutation rate (10^{-3})	95% CI (10^{-3})
PP16	D3S1358	2	3.906	0.473 ~ 14.039
	D21S11	2	3.906	0.473 ~ 14.039
	D18S51	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	PentaE	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D5S818	2	3.906	0.473 ~ 14.039
	D7S820	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D16S539	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	CSF1PO	2	3.906	0.473 ~ 14.039
	vWA	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	FGA	2	3.906	0.473 ~ 14.039
STR10	D18S1364	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D12S391	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D13S325	3	5.859	1.210 ~ 17.027
	D11S2368	2	3.906	0.473 ~ 14.039
	D22-GATA198B05	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D7S3048	1	1.953	0.049 ~ 10.834
21+1	D10S1248	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D11S4463	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D3S4529	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D4S2408	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D19S433	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D17S1301	1	1.953	0.049 ~ 10.834
	D20S482	1	1.953	0.049 ~ 10.834

3 讨论

本文选择目前国内常用的三个试剂盒, 即 Powerplex™ 16、STRtyper-10F/G 以及 AGCU 21+1, 联合应用这三个体系对广东汉族人群的 45 个常染色体 STR 基因座的遗传多态性进行了调查。一般认为遗传标记 $DP > 0.8$ 或 $PE > 0.5$ 为高度多态性, 应用价值较高^[9]。由表 1 可见 Penta E 的多态性最高, 45 个基因座中仅 TPOX 的 DP 值小于 0.8, 其余基因座均显示了较高的多态性。

比较三个体系单独及组合使用的系统效能,

结果显示 STR10 体系的 CMP 值最大、CPE_{duo} 和 CPE_{trio} 值最小;PP16、STR10 和(21+1)三个体系联用时的 CMP 值最小、CPE_{duo} 和 CPE_{trio} 值最大,这说明随着检测的 STR 数目的增加,体系的系统效能明显增高。在法医个体识别、二联体和三联体的亲子鉴定案件中 STR10 体系的检测效能最低,三个体系联用的效能最高。法医学中通常认为 $CMP \leq 10^{-9}$ [10]时可以做出同一个体的认定,因此本文中 3 个扩增体系的 7 种应用组合均适用于个体识别。7 种组合的 CPE_{trio} 均大于 0.9999,故都可以用于三联体的亲子鉴定,但是 PP16、STR10、21+1 三个体系的 CPE_{duo} 值均小于 0.9999,单独使用在二联体亲子鉴定和全同胞鉴定等案件中不能达到相关标准规范所要求的效能^[11-13],因此应该联合两个或多个试剂盒使用。

经 Bonferroni 法校正后,45 个 STR 基因座在本研究人群中的基因型频率分布均不违反 Hardy-Weinberg 平衡定律($P > 0.0011$)。各基因座间均未见连锁不平衡现象($P > 0.00005$),因此联合使用三个体系进行个体识别和亲权鉴定时,可采用乘法原则计算累积似然率或累积亲权指数。

本文还对 256 例肯定亲权的三联体亲子鉴定进行了分析,在 45 个基因座中共有 23 个基因座检出突变,其中 D13S325 突变率最高为 5.859×10^{-3} 。三个体系联合使用时三联体案件中累积突变案件的发生率高达 12.11%,显示随着检测的 STR 数目的增多,发生突变现象的几率也会增高,增加结果评估的工作量。因此,在进行亲子鉴定时,应根据案件鉴定目的和样本条件,如三联体、单亲鉴定或祖孙鉴定等来选择适合的体系即可。

参考文献:

- [1] Bjerre A, Court DS, Lincoln P, et al. A report of the 1995 and 1996 paternity testing workshops of the english speaking working group of the international society for forensic haemogenetics[J]. Forensic Sci Int, 1997, 90(1-2): 41-55.
- [2] 伍新尧,童大跃,朱运良,等.用 STR 分型技术作亲权鉴定时判断标准的研究[J].中山大学学报:医学科学版,2010,31(1): 1-6.
Wu XY, Tong DY, Zhu YL, et al. Strategy of conclusion-making for paternity testing with short tandem repeats genotyping [J]. J Sun Yat-sen Uni (Med Sci), 2010, 31(1): 1-6.
- [3] Wei H, Zhao Q, Li S. Genetic polymorphism for the powerplex™ 16 system from the Chinese Tujia ethnic minority group[J]. J Forensic Sci, 2006, 51(3): 709-710.
- [4] Lu D, Liu Q, Zhao H. Genetic data of nine non-CODIS STRs in Chinese Han population from Guangdong Province, Southern China [J]. Int J Legal Med, 2011, 125(1): 133-137.
- [5] Yuan G, Shen C, Wang H, et al. Genetic data provided by 21 autosomal STR loci from Chinese Tujia ethnic group[J]. Mol Biol Rep, 2012, 39(12): 10265-10271.
- [6] Teng Y, Zhang F, Shen C, et al. Genetic variation of new 21 autosomal short tandem repeat loci in a Chinese Salar ethnic group [J]. Mol Biol Rep, 2012, 39(2): 1465-1470.
- [7] Yuan L, Ge J, Lu D, et al. Population data of 21 non-CODIS STR loci in Han population of northern China [J]. Int J Legal Med, 2012, 126(4): 659-664.
- [8] Weir BS. Genetic data analysis ii: methods for discrete population genetic data [M]. Sinauer Associates. Sunderland, 1996.
- [9] 赖跃,王传海,秦洁,等.云南拉祜族群体 15 个 STR 基因座遗传多态性研究[J].昆明医学院学报,2007,28(3): 5-9.
Lai Y, Wang C H, Qin J, et al. Polymorphism Investigation on 15 STR Loci of Yunnan Lahu Population [J]. Journal Kunming Medical College, 2007, 28(3): 5-9.
- [10] 周娟娟,洪素云.中国汉族人群 15 个 STR 基因座遗传多态性研究及法医学应用[J].中国免疫学杂志,2004,20(12): 841-842.
Zhou JJ, Hong SY. Forensic application and polymorphisms of 15 STR loci in china han population [J]. Chinese Journal of Immunology, 2004,20(12): 841-842.
- [11] Hou JY, Tang H, Liu YC, et al. How many markers are enough for motherless cases of parentage testing [J]. Forensic Sci Int, 2008, 1(1): 649-651.
- [12] 中华人民共和国司法部司法鉴定管理局.亲子鉴定技术规范(SF/Z JD0105 001-2010)[S], 2010. Ministry of Justice of the People's Republic of China. Technical Regulations for Parentage Testing[S], 2010.
- [13] 中华人民共和国公安部.法庭科学 DNA 亲权鉴定规范(GA/T 965-2011)[S], 2011. Ministry of Public Security of the People's Republic of China. Regulations for Parentage Testing Laboratories of Forensic[S], 2011.