

30个插入/缺失多态性位点在中国广东汉族人群中的遗传多态性

洪 丽, 王小广, 刘素娟, 张胤鸣, 欧雪玲, 陈 勇, 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 Investigator® DIPplex 体系包含的 30 个插入/缺失多态性(Indel)位点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 300 名广东汉族无关个体(150 名男性, 150 名女性)外周血样, 提取样本 DNA, 采用 Investigator® DIPplex 体系对 HLD77 等 30 个 Indel 位点进行复合扩增, 阵列毛细管电泳进行扩增产物分离, GeneMapper ID-X v1.2 软件进行基因分型, 使用相关统计软件计算常用法医学参数并进行 Hardy-Weinberg 平衡及位点间连锁不平衡的检验。【结果】30 个 Indel 位点在广东汉族人群中均符合 Hardy-Weinberg 平衡($P > 0.05$), 经 Bonferroni 法校正后不存在连锁不平衡现象。各位点平均杂合度(H_o)为 0.406, 平均个体识别力(DP)为 0.549, 平均多态信息含量(PIC)为 0.320, 累积个体识别率(TDP)为 0.999 999 999 98。30 个 Indel 位点的三联体累积非父排除率(CPEtri)为 0.994 748, 二联体累积非父排除率(CPEduo)为 0.942 342。【结论】Investigator® DIPplex 试剂盒中包含的 30 个 Indel 位点在中国广东汉族人群中具有良好的遗传多态性, 可独立用于法医实践中的个体识别, 在 STR 存在突变等特殊亲子鉴定案件中也可作为有效的补充检测体系。

关键词: 法医遗传学; Investigator® DIPplex; 插入/缺失多态性; 广东汉族人群

中图分类号: Q987 文献标志码: A 文章编号: 1672-3554(2013)02-0299-06

Genetic Polymorphisms of 30 Indel Loci in Guangdong Han Population

HONG Li, WANG Xiao-guang, LIU Su-juan, ZHANG Yin-ming, OU Xue-ling, CHEN Yong,
CHEN Wei-hong, SUN Hong-yu*

(Department of Forensic Medicine, Zhongshan School of Medicine, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510080, China)

Abstract:【Objective】 To explore the polymorphic distribution of 30 Indel loci included in Investigator® DIPplex system and evaluate its potential forensic application in Guangdong Han population.【Methods】 DNA samples were extracted from 300 unrelated individuals (150 males and 150 females) and 30 Indel loci were multi-amplified with Investigator® DIPplex kit. The PCR products were separated with arrayed capillary electrophoresis and genotyped with GeneMapper ID-X v1.2 software. Forensic parameters were calculated with relevant statistical analysis software.【Results】 All the 30 loci showed no significant departure from Hardy-Weinberg equilibrium or linkage disequilibrium after Bonferroni's correction. The average heterozygosity (H_o) was 0.406, the mean discrimination power (DP) was 0.549, the mean polymorphism information content (PIC) was 0.320, the combined discrimination power (TDP) reached 0.999 999 999 98. The combined power of exclusion was 0.994 748 in trio cases (CPEtri) and 0.942 342 in duo cases (CPEduo).【Conclusion】 The 30 loci denotes good genetic diversity in Guangdong Han population, which could be used for individual identification independently and be used as a supplemental tool for some special paternity testing cases when STR mutated.

Key words: forensic genetics; Investigator® DIPplex kit; Indel/DIP; Guangdong Han population

[J SUN Yat-sen Univ(Med Sci), 2013, 34(2):299-304]

收稿日期: 2012-11-12

基金项目: 国家自然科学基金(81273347); 高校基本科研业务费中山大学青年教师培育项目(09YKPY78)

作者简介: 洪丽, 硕士生, E-mail: honglimingtian@163.com; * 通信作者: 孙宏钰, 副教授, 硕士生导师, E-mail: sunhongyu2002@163.com

插入/缺失多态性 (insertion/deletion polymorphisms, 简称 Indel 或 DIP) 是指基因组中插入或缺失不同大小的 NDA 片段所形成的多态性遗传标记^[1], 与单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphism, 简称 SNP) 同属于二等位基因遗传标记。2002 年, Weber 等^[2]描述了 2 000 个长度变异很大的人类基因组 Indel 标记, 并指出 Indel 占人类全基因组至少 20% 的多态性, 且含量丰富、分析方法简单。自此许多科学家开始将 Indel 标记用于群体遗传学领域, 其中包括探寻祖先遗传信息、分析群体的遗传学结构以及将 Indel 作为遗传标记应用于自然群体的分析^[3]。2006 年, Mills 等^[4]在 *Genome Research* 杂志上发表了一个包含人类基因组中 415000 多个 Indel 标记的图谱, 大大促进了 Indel 标记在各领域的应用研究。就法医物证检验而言, Indel 遗传标记含量丰富, 突变率低, 片段短小, 适于腐败降解检材的检测, 并且分型技术平台的普适性强, 拥有巨大的法医学应用前景, 近些年来已经受到法医学界许多科学家的关注^[1,5]。Investigator® DIPplex 体系可同时扩增 19 条常染色体上的 30 个等位基因插入/缺失多态性 (Indel) 位点和 Amelogenin 性别位点, 是目前国内可获得的唯一的商品化 Indel 分型体系。本研究拟对该体系中的 30 个插入/缺失位点在中国广东汉族人群中的等位基因频率和遗传多态性进行分析, 评估其在法医学中的应用价值, 同时也为个体识别和亲子鉴定提供基础群体数据。

1 材料与方 法

1.1 实验样本

根据知情同意原则采集 300 名中国广东汉族无关个体外周血样, 其中包括 150 名男性及 150 名女性。

1.2 DNA 提取

采用常规 Chelex-100 法提取样本 DNA。

1.3 PCR 扩增

30 个 Indel 位点分别位于 19 条常染色体上, 扩增产物片段长度为 76 ~ 158 bp, 插入/缺失序列长度为 4 ~ 22 bp (表 1)。依据扩增片段长度不同将 30 个 Indel 位点和 Amelogenin 性别鉴定位点分为四组, 其中 Amelogenin、HLD77、HLD45、HLD131、HLD70、HLD6、HLD111、HLD58 和 HLD56 位点的

引物标记荧光素 6-FAM (蓝色); HLD118、HLD92、HLD93、HLD99、HLD88、HLD101 和 HLD67 的引物标记荧光素 BTG (绿色); HLD83、HLD114、HLD48、HLD124、HLD122、HLD125、HLD64 和 HLD81 的引物标记荧光素 BTY (黄色); HLD136、HLD133、HLD97、HLD40、HLD128、HLD39 和 HLD84 的引物标记荧光素 BTR (红色)。扩增体系为 10 μ L, 其中包括反应混合物 Mix A (包含 dNTP、MgCl₂ 和 BSA) 2.0 μ L, 引物混合物 2.0 μ L, Multi Taq2 DNA 聚合酶 (2.5 U/ μ L) 0.24 μ L, DNA 样本 0.3 μ L (约 0.25 ~ 1 ng), 灭菌超纯水补足体系。采用 ABI 9700 型 PCR 扩增仪进行扩增, 热循环参数为: 预变性 94 $^{\circ}$ C 4 min; 94 $^{\circ}$ C 30 s, 61 $^{\circ}$ C 120 s, 72 $^{\circ}$ C 75 s, 30 个循环; 68 $^{\circ}$ C 保温 60 min; 4 $^{\circ}$ C 保存。每批样本均同时扩增 XY5 和超纯水分别作为阳性对照和阴性对照。

1.4 毛细管电泳分型

PCR 扩增产物采用 ABI 3500 型遗传分析仪 (美国 ABI 公司) 进行阵列毛细管电泳分离检测。取 0.35 μ L 扩增产物与去离子甲酰胺 10 μ L 和分子质量参照内标 DNA size standard 550 (标记橙色荧光素 BTO, 德国 QIAGEN 公司) 0.3 μ L 混合, 混合物于 97 $^{\circ}$ C 变性 3 min 后冰浴 3 min, 放至遗传分析仪中电泳。使用 GeneMapper ID-X v1.2 软件 (美国 ABI 公司) 进行基因分型。

1.5 统计分析

运用 PowerStats v12.xls 软件 (<http://www.promega.com/geneticidtools/powerstats>) 统计分析 30 个 Indel 位点的等位基因频率、个体识别力 (DP)、多态信息含量 (PIC) 和非父排除率 (PE) 等法医学相关参数; 采用 Cervus 3.0 (<http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp>) 软件计算三联体非父排除率 (PEtrio) 和二联体非父排除率 (PEduo; 表 2)。采用 Arlequin v3.5 软件 (<http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/>) 计算 30 个 Indel 位点的观察杂合度 (Ho) 和期望杂合度 (He), 并进行各位点 Hardy-Weinberg 平衡及位点间连锁不平衡检验。

2 结 果

2.1 30 个 Indel 位点的分型结果

300 份广东汉族无关个体样本均获得明确清

表 1 30 个 Indel 位点基本信息
Table 1 Information of 30 Indel loci

Site	Fluorescence	rs# ¹⁾	Location	Motif
HLD77	6-FAM	rs1611048	7q31.1	TAAG
HLD45	6-FAM	rs2307959	2q31.1	CACG
HLD131	6-FAM	rs1611001	7q36.2	TTGGGCTTATT
HLD70	6-FAM	rs2307652	6q16.1	AGCA
HLD6	6-FAM	rs1610905	16q13	GCAGGACTGGGCACC
HLD111	6-FAM	rs1305047	17p11.2	CACA
HLD58	6-FAM	rs1610937	5q14.1	AGGA
HLD56	6-FAM	rs2308292	4q25	TAAGT
HLD118	BTG	rs16438	20p11.1	CCCCA
HLD92	BTG	rs17174476	11q22.2	GTTT
HLD93	BTG	rs2307570	12q22	ACTTT
HLD99	BTG	rs2308163	14q23.1	TGAT
HLD88	BTG	rs8190570	9q22.32	CCACAAAAGA
HLD101	BTG	rs2307433	15q26.1	GTAG
HLD67	BTG	rs1305056	5q33.2	CTACTGAC
HLD83	BTY	rs2308072	8p22	AAGG
HLD114	BTY	rs2307581	17p13.3	TCCTATTCTACTCTGAAT
HLD48	BTY	rs28369942	2q11.2	GACTT
HLD124	BTY	rs6481	22q12.3	GTGGA
HLD122	BTY	rs8178524	21q22.11	GAAGTCTGAGG
HLD125	BTY	rs16388	22q11.23	ATTGCC
HLD64	BTY	rs1610935	5q12.3	GACAAA
HLD81	BTY	rs17879936	7q21.3	GTAAGCATTGT
HLD136	BTR	rs16363	22q13.1	TGTTT
HLD133	BTR	rs2067235	3p22.1	CAACCTGGATT
HLD97	BTR	rs17238892	13q12.3	AGAGAAAGCTGAAG
HLD40	BTR	rs2307956	1p32.3	GGGACAGGTGGCCACTAGGAGA
HLD128	BTR	rs2307924	1q31.3	ATTAAATA
HLD39	BTR	rs17878444	1p22.1	CCTAAACAAAAATGGGAT
HLD84	BTR	rs3081400	8q24.12	CTTTC

1) rs#: Reference cluster ID of Indel loci in dbSNP (Build 137). The sequence information is from Investigator® DIPlex Handbook (<http://www.qiagen.com/products/investigatordiplexkit.aspx#Tabs=t2>) and dbSNP (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/SNP/>).

晰的分型结果(图1), 纯合子只显现一个等位基因峰(图1红色箭头所指), 杂合子则有2个等位基因峰(图1黑色箭头所指)。

2.2 广东汉族群体 30 个 Indel 位点的等位基因频率和相关法医学参数

经统计分析, 30 个 Indel 位点的缺失等位基因频率除 HLD118 位点低于 0.100, HLD39 位点高于 0.900 以外, 其余位点的缺失等位基因频率均在 0.100 ~ 0.900 之间, 其中有 19 个位点的缺失等位

基因频率在 0.300 ~ 0.700 之间, 平均值为 0.385, 显示这 30 个 Indel 位点在广东汉族群体的等位基因频率分布相对较均衡。Ho 为 0.140 ~ 0.540, 平均为 0.406; He 为 0.147 ~ 0.501, 平均为 0.410; PIC 为 0.140 ~ 0.380, 平均为 0.320; DP 为 0.258 ~ 0.642, 平均为 0.549; PE_{trio} 为 0.068 ~ 0.188, 平均为 0.160; PE_{duo} 为 0.011 ~ 0.125, 平均为 0.086。30 个 Indel 位点在广东汉族人群中的分布均符合 Hardy-Weinberg 平衡($P > 0.05$)。

表 2 广东汉族人群 30 个 Indel 位点的群体遗传学参数
Table 2 The genetic parameters of 30 Indel loci in Guangdong Han population

Locus	P(ins)	P(del)	Ho	He	PIC	DP	P_{HWE}	PE_{duo}	PE_{trio}
HLD77	0.432	0.568	0.457	0.491	0.370	0.635	0.241	0.120	0.185
HLD45	0.633	0.367	0.460	0.465	0.360	0.607	0.900	0.108	0.178
HLD131	0.335	0.665	0.437	0.446	0.350	0.596	0.795	0.099	0.173
HLD70	0.568	0.432	0.517	0.491	0.370	0.607	0.408	0.120	0.185
HLD6	0.448	0.552	0.497	0.495	0.370	0.621	1.000	0.122	0.186
HLD111	0.105	0.895	0.197	0.188	0.170	0.327	0.756	0.018	0.085
HLD58	0.467	0.533	0.507	0.499	0.370	0.619	0.817	0.124	0.187
HLD56	0.493	0.507	0.507	0.501	0.370	0.622	0.907	0.125	0.187
HLD118	0.920	0.080	0.140	0.147	0.140	0.258	0.417	0.011	0.068
HLD92	0.500	0.500	0.527	0.501	0.380	0.611	0.421	0.125	0.188
HLD93	0.560	0.440	0.440	0.494	0.370	0.642	0.061	0.121	0.186
HLD99	0.885	0.115	0.190	0.204	0.180	0.339	0.250	0.021	0.091
HLD88	0.507	0.493	0.540	0.501	0.370	0.603	0.206	0.125	0.187
HLD101	0.473	0.527	0.520	0.499	0.370	0.613	0.489	0.124	0.187
HLD67	0.722	0.278	0.410	0.402	0.320	0.560	0.778	0.081	0.161
HLD83	0.360	0.640	0.433	0.462	0.350	0.612	0.320	0.106	0.177
HLD114	0.248	0.752	0.363	0.374	0.300	0.539	0.645	0.070	0.152
HLD48	0.388	0.612	0.470	0.476	0.360	0.614	0.903	0.113	0.181
HLD124	0.512	0.488	0.483	0.501	0.370	0.633	0.562	0.125	0.187
HLD122	0.198	0.802	0.337	0.319	0.270	0.485	0.369	0.051	0.134
HLD125	0.382	0.618	0.430	0.473	0.360	0.625	0.141	0.111	0.180
HLD64	0.840	0.160	0.247	0.269	0.230	0.424	0.194	0.036	0.116
HLD81	0.795	0.205	0.310	0.326	0.270	0.492	0.380	0.053	0.136
HLD136	0.472	0.528	0.497	0.499	0.370	0.625	1.000	0.124	0.187
HLD133	0.350	0.650	0.460	0.456	0.350	0.598	0.899	0.104	0.176
HLD97	0.362	0.638	0.477	0.463	0.360	0.598	0.618	0.107	0.178
HLD40	0.705	0.295	0.417	0.417	0.330	0.572	1.000	0.087	0.165
HLD128	0.342	0.658	0.450	0.451	0.350	0.596	1.000	0.101	0.174
HLD39	0.095	0.905	0.163	0.172	0.160	0.295	0.322	0.015	0.079
HLD84	0.798	0.202	0.297	0.323	0.270	0.487	0.209	0.052	0.135
Average	0.615	0.385	0.406	0.410	0.320	0.549		0.086	0.160
TPD	0.999 999 999 98								
CPE_{trio}	0.994 748								
CPE_{duo}	0.942 342								

HLD: human locus deletion/insertion polymorphism; P(ins): frequency of insertion allele; P(del): frequency of deletion allele; Ho: observed heterozygosity; He: expected heterozygosity; PIC: Polymorphic Information Content; P_{HWE} : P values of Hardy-Weinberg equilibrium test ($\alpha = 0.05$); TPD: combined discrimination power; CPE_{trio} : combined power of exclusion in trio cases; CPE_{duo} : combined power of exclusion in duo cases.

2.3 广东汉族群体 30 个 Indel 位点的连锁不平衡检验

对 30 个 Indel 位点两两之间进行连锁不平衡

检验, 共计 435 次比较, 其中有 11 次比较的结果 P 值低于检验水准 0.05, 界于 0.000 57 ~ 0.047 88 之间, 且该 11 对两两比较的位点均位于不同的染

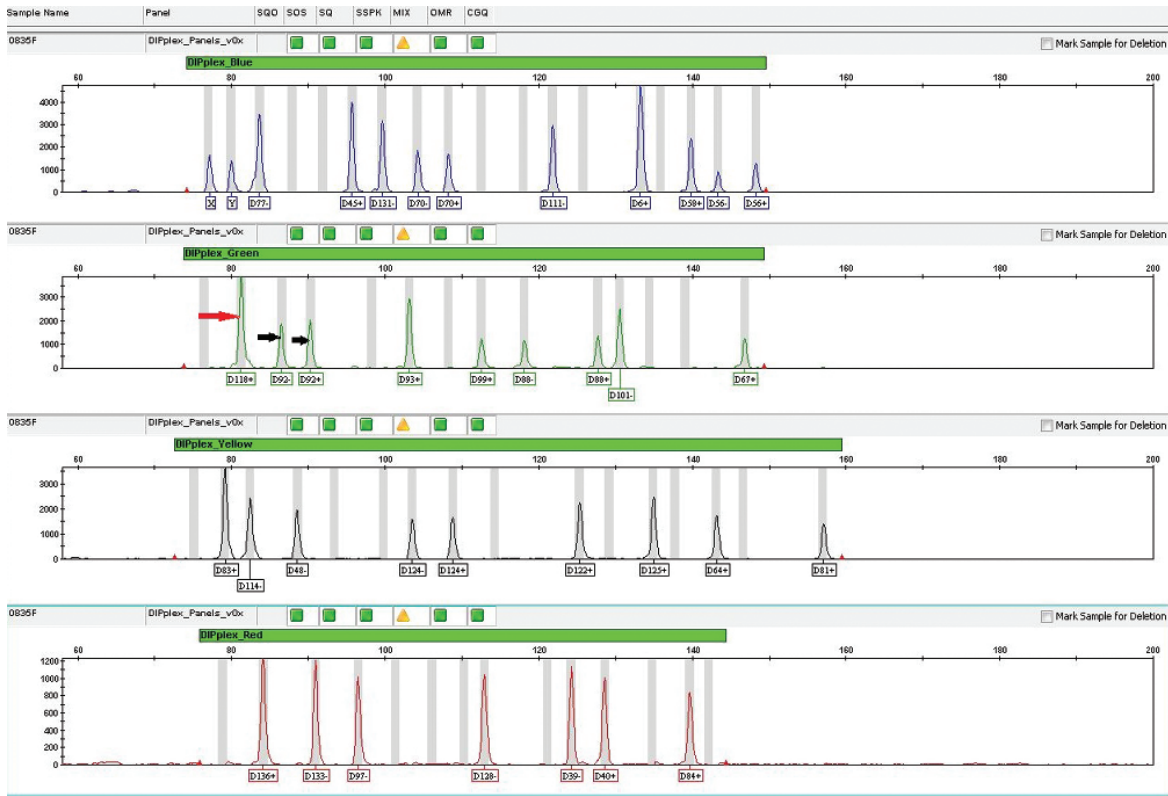


图 1 30 个 Indel 标记的电泳图谱示例

Fig.1 Example of the electrophoretograms of 30 Indel loci

染色体上,经过 Bonferroni 法校正后各位点间均不存在连锁不平衡现象($P > 0.000 115$)。

3 讨 论

目前法医物证鉴定中最常用的遗传标记是短串联重复(short tandem repeat,简称 STR),但其突变率较高(一般为 $10^{-2} \sim 10^{-4}$)^[6],对亲子鉴定造成一定的干扰;此外,目前 STR 复合扩增体系的检测片段一般为 100 ~ 400 bp 左右,不适于检测高度降解和低拷贝的 DNA 模板^[7]。法医物证检验中常用的另一大类遗传标记单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism,简称 SNP)具有检测片段短、突变率低的优点,但分型技术因常需两步纯化,相对 STR 繁琐而未被法医实验室广泛使用^[7]。而本研究所述的遗传标记插入/缺失多态性(Indel)兼具 STR 和 SNP 的优点,一方面可以采用与 STR 分型方法一致的技术流程,分型技术简便;另一方面扩增片段短(低于 160 bp),更适于检测受环境因子或其他因素破坏降解的 DNA 样本^[8],突变率低,在 STR 突变的亲子鉴定案件中显现出

很大的优势^[9]。

本研究选择了 19 个常染色体上的 30 个 Indel 位点对广东汉族群体的遗传多态性进行调查,结果显示等位基因频率 $P(\text{del})$ 为 0.080 ~ 0.905,各位点观察杂合度(H_o)为 0.140 ~ 0.540,期望杂合度(H_e)为 0.147 ~ 0.501,个体识别力(DP)为 0.258 ~ 0.642,多态信息含量(PIC)为 0.140 ~ 0.380,30 个 Indel 位点的三联体累积非父排除率(CPEtrio)为 0.994 748,二联体累积非父排除率(CPEduo)为 0.942 342,累积个体识别率(TDP)为 0.999 999 999 98。由表 2 观察可发现 $P(\text{del})$ 、 H_o 、DP、PIC、PEduo、PEtrio 的最小值均在 HLD118 位点出现,该位点在其他人群中的 $P(\text{del})$ 值分别为 0.830 (非洲人群)^[10]、0.580 (欧洲人群)^[10]、0.810 (美洲印第安人群)^[10]、0.562 (德国人群)^[10]、0.100 (日本人群)^[10]、0.156 3(亚洲人群)^[7],可见 HLD118 的缺失等位基因频率在已报道的亚洲群体亦较低,与本研究相符,在其他群体则相对较高。另外, HLD111、HLD99、HLD39 在本组人群中的杂合度及多态信息含量也较低,说明这些位点在中国广东汉族人群中的多态性不够高,原因可能同

QIAGEN公司筛选的 Investigator® DIPplex 试剂盒位点主要是基于德国人群有关。德国人群数据显示 Investigator® DIPplex 体系 30 个 Indel 位点 P (del) 为 0.300 ~ 0.631, 各位点观测杂合度为 0.363 ~ 0.588, 期望杂合度为 0.423~0.503, 个体识别力 (DP) 为 0.575 ~ 0.625, 多态性信息含量 (PIC) 为 0.332 ~ 0.375, CDP > 0.999 9^[10]。同本研究所选群体得到的数据相比, 德国群体各项法医学参数指标均衡性及多态性均较好。由于所选德国人群样本量 $n = 80$ ^[10], 本次研究所选样本量 $n = 300$, 考虑抽样误差的影响也可能是造成这种差异的原因。

Investigator® DIPplex 试剂盒中所包含的 30 个 Indel 位点在本组人群中的基因型频率分布均不违反 Hardy-Weinberg 平衡定律 ($P > 0.05$)。各位点间经过 Bonferroni 法校正后均不存在连锁不平衡现象 ($P > 0.000 115$), 即使如 HLD77、HLD131 和 HLD81 三个位点均处于 7 号染色体亦不存在连锁不平衡。

已有研究表明, 50 个 SNP 位点的信息量同 13 个常用 CODIS STR 位点相当^[11], Indel 作为一种特殊的二等位基因遗传标记, 其评价指标同 SNP 一样。本研究结果显示 Investigator® DIPplex 体系中包含的 30 个 Indel 位点在中国广东汉族人群中具有良好的遗传多态性, 其 TDP 值 (0.999 999 999 98) 达到常规 STR 检测体系的 TDP 值 (0.999 999 999 98 以上)^[12], 可满足法医个体识别的要求, 可独立用于法医实践中的个体识别, 尤其预期可在检材严重降解的案件发挥重要的作用。但本研究结果同时显示, 这 30 个 Indel 位点的累积非父排除率尚不能达到 0.999 9, CPEtrio 值 (0.994 748) 明显低于 13 个 CODIS STR (0.999 999 992 以上)^[12], 对二联体的案件效能更低, 因此尚不能单独应用于亲子鉴定案件; 但是因其突变率很低 (接近 2.3×10^{-9})^[8], 在 STR 存在突变的特殊亲子鉴定案件中有很大的应用价值, 可作为此类案件很好的补充工具。

参考文献:

- [1] 赵书民, 张素华, 李成涛. InDel_typer30: 用于中国 5 个主要民族 DNA 鉴定的多重 PCR 系统[J]. 法医学杂志, 2010, 26(5): 343-348.
Zhao SM, Zhang SH, Li CT. InDel_typer30: A multiplex PCR system for DNA identification among five Chinese populations [J]. J Forens Med, 2010, 26(5): 343-348.
- [2] Weber JL, David D, Heil J, et al. Human diallelic insertion/deletion polymorphisms [J]. Am J Hum Genet, 2002, 71(4): 854-862.
- [3] Pereira R, Phillips C, Alves C, et al. A new multiplex for human identification using insertion/deletion polymorphisms [J]. Electrophoresis, 2009, 30(21): 3682-3690.
- [4] Mills RE, Luttig CT, Larkins CE, et al. An initial map of insertion and deletion (INDEL) variation in the human genome [J]. Genome Res, 2006, 16(9): 1182-1190.
- [5] Rui P, Christopher P, Cntia A, et al. Insertion/deletion polymorphisms: A multiplex assay and forensic applications [J]. FSI: Genetics Supplement Series2, 2009: 513 - 515.
- [6] 李海霞, 马晓燕, 张晋湘, 等. 24 个常用 STR 基因座的突变观察与分析[J]. 中山大学学报: 医学科学版, 2010(1): 13-16.
Li HX, Ma XY, Zhang JX, et al. Observation and analysis of mutation of 24 short tandem repeat loci [J]. J Sun Yat-sen Univ: Med Sci, 2010(1): 13-16.
- [7] Larue BL, Ge J, King JL, et al. A validation study of the Qiagen Investigator DIPplex (R) kit; an INDEL-based assay for human identification [J]. Int J Legal Med, 2012, 126(4): 533-540.
- [8] Neuvonen AM, Palo JU, Hedman M, et al. Discrimination power of Investigator DIPplex loci in Finnish and Somali populations [J]. Forensic Sci Int Genet, 2012, 6(4): e99-e102.
- [9] Pimenta JR, Pena SD. Efficient human paternity testing with a panel of 40 short insertion -deletion polymorphisms[J]. Genet Mol Res, 2010, 9(1): 601-607.
- [10] Qiagen. Qiagen supplementary material: population data for analysis of results from the Investigator DIPplex kit. <http://www.qiagen.com/products/investigatordipplexit.aspx#Tabs=t2>. [2012-10-12].
- [11] Gill P. An assessment of the utility of single nucleotide polymorphisms (SNPs) for forensic purposes [J]. Int J Legal Med, 2001, 114(4-5): 204-210.
- [12] 薛天羽, 成建定, 张晋湘, 等. 华南地区汉族群体 15 个 STR 基因座的遗传多态性调查 [J]. 中山大学学报: 医学科学版, 2009, 30(3S): 45-50.
Xue TY, Cheng JD, Zhang JX, et al. Genetic polymorphisms of 15 STR loci for a Chinese population in South China using PowerPlex™ 16 kit [J]. J Sun Yat-sen Univ: Med Sci, 2009, 30(3S): 45-50.