

云南泸西汉族 17 个 Y-STR 基因座 多态性及遗传关系分析

聂胜洁^{1 2}, 姚金勇³, 陈碧峰², 庄勤勇⁴,
张 雯², 罗胜军², 肖春杰²

(1. 昆明医学院法医学院, 云南 650500; 2. 云南大学人类遗传学研究中心, 云南 650091;
3. 云南省红河州公安局刑事科学技术研究所, 云南 661100; 4. 云南省曲靖市沾益县公安局刑侦大队, 云南 655331)

摘要: 调查云南泸西县汉族群体 17 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 AmpF ℓ STR[®] Yfiler 荧光标记复合扩增系统扩增 156 名汉族无关男性个体的 17 个 Y-STR 基因座, 用 ABI3100 遗传分析仪进行基因检测, 计算等位基因及单倍型频率, 并结合已公开发表的国内外其他 16 个群体的遗传学资料, 分析各群体间的遗传距离。云南泸西汉族男性群体中, 共观察到 154 种单倍型, 其中 152 种为仅观察到 1 次的单倍型, 2 种单倍型观察到 2 次, 单倍型多样性 (HD) 值为 0.9998, 基因多样性 (GD) 值在 0.3901 (DYS437) — 0.9632 (DYS385a/b)。17 个群体遗传距离分析提示, 国内人群云南泸西汉族与湖南汉族的遗传距离最小 (0.005), 与闽南汉族的遗传距离最大 (0.035); 在中国周边群体中, 云南泸西汉族与新加坡华人的遗传距离最小 (0.015), 与日本人和马来西亚印度人群的遗传距离最大 (0.060)。结果表明, 17 个 Y-STR 基因座在云南泸西汉族中具有较高的遗传多态性, 适用当地的法医学应用。与其他民族群体的遗传多样性比较, 对了解各群体的起源、迁徙及相互关系有重要意义。

关键词: Y 染色体; 短串联重复序列; 单体型; 遗传多态性; 汉族

中图法分类号: Q943 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3193 (2010) 02-0189-08

Y 染色体特异区短串联重复序列 (Y-chromosomal short tandem repeat, Y-STR) 在减数分裂的过程中不发生重组, 以单体型形式从父亲传递给儿子, 呈单向的父系遗传, 除突变外, 同一父系的所有男性个体都有相同的分型^[1]。此外, Y 染色体有效人群很小, 易导致快速的遗传漂变和 Y-DNA 单体群地理分布的高度差异^[2]。因此, 选择多个 Y-STR 构建适当的单倍型, 探讨其在不同人群中的分布规律, 对种族民族的起源进化、各群体之间相互关系、群体内部迁徙融合, 以及法医学个体识别和亲子鉴定等领域的工作中具有极其重要的意义^[3-5]。本研究应用 AmpF ℓ STR[®] Yfiler 试剂盒, 对云南泸西县 156 个汉族无关男性个体的 17 个 Y-STR 基因座遗传多态性进行调查, 试剂盒所包含的 Y-STR 基因座均是目前法医学实践中应用最广泛的的基因座, 其中的 DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385ab 等 9 个 Y-STR 是国际知名数据库 YHRD (Y-STR haplotype reference

收稿日期: 2008-09-16; 定稿日期: 2009-12-14

基金项目: 云南省应用基础自然科学基金 (2009CD082)

作者简介: 聂胜洁 (1975-), 女, 云南昆明人, 副教授, 博士研究生, 主要从事法医学物证学和人类遗传学研究, E-mail: nieshengjie@yahoo.cn

通讯作者: 肖春杰 (1960-), 男, 博士, 教授, 主要从事人类遗传学研究; E-mail: cjxiao@public.km.yn.cn

database) 推荐构建最小单倍型所需的基因座^[4,6]。

泸西县位于云南省东南部,地处珠江流域上游,乌蒙山脉南端和哀牢山脉北端之间,山区和丘陵区占总面积的 82.4%。泸西历史悠久,自西汉元鼎六年(公元前 111 年)设漏江县,至 2009 年已有 2120 年的历史,其中元、明、清时期为路、府、州治所在地,曾是滇东南政治、经济、文化的中心地之一。境内居住着彝、回、壮、苗、傣、汉等民族,至 2007 年全县总人口 39.04 万人,其中汉族 33.82 万人,占总人口的 86.63%。泸西人口构成经历了由以当地少数民族人口为主体而逐步转化为以汉族人口为主体的历史过程,具有独特的群体遗传结构。分析泸西县汉族的遗传结构,研究多民族聚居地区的汉族群体遗传特征,可揭示在一个相对地理隔离地区长期的群体间基因交流对特定群体遗传结构的影响,为民族起源、迁徙研究提供分子生物学依据,同时也为该地区汉族个体的法医学鉴定实践提供必需的群体遗传学数据。

1 材料与方法

1.1 群体样本来源及模板 DNA 提取

根据“知情同意”原则,采集云南红河州泸西县 156 例无关男性汉族个体血样,采用 5% Chelex-100 方法提取样本基因组 DNA^[7]。由 DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385a/b 等 9 个 Y-STR 构建的单倍型是 YHRD 和国际法医学界推荐使用的核心单倍型^[8],在人类学、法医学等领域被广泛采用。为便于群体间遗传关系分析,通过学术期刊报道获得日本人、韩国人、马来西亚人、马来西亚印度人、中国藏族、土家族、马来西亚华人、新加坡华人、香港人、浙江汉族、天津汉族、潮汕汉族、河南汉族、湖南汉族、云南汉族以及闽南汉族等 16 个群体的 9 个 Y-STR 基因座等位基因和单倍型频率数据(共 4467 个样本)作为比较数据^[9-22]。

1.2 PCR 扩增

采用 AmpF ℓ STR[®] Yfiler 荧光标记复合扩增系统(包括 DYS456, DYS389 I, DYS390, DYS389 II, DYS458, DYS19, DYS385 a/b, DYS393, DYS391, DYS439, DYS635, DYS392, Y-GATA-H4, DYS437, DYS438, DYS448 基因座),反应总体积为 10 μ l,含 PCR Reaction Mix 3.7 μ l, Primer Set 2.0 μ l, AmpliTaq Gold[®] DNA 聚合酶 0.3 μ l,模板 DNA 0.5 ~ 1ng,补水至 10 μ l。PCR 热循环条件:95 $^{\circ}$ C 预变性 11min,94 $^{\circ}$ C 变性 1 min,61 $^{\circ}$ C 复性 1 min,72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min 30 个循环,之后 60 $^{\circ}$ C 保温 30 min,4 $^{\circ}$ C 保存。

1.3 PCR 扩增片段检测

采用 ABI3100 遗传分析仪进行电泳分离, GeneMapper ID 软件进行数据处理。

1.4 统计学分析

用 Microsoft Excel 2007 和 SPSS13.0 软件进行等位基因和单体型频数、频率构成比分析,基因多样性(Gene diversity, GD)、单体型多样性(Haplotype diversity, HD)计算按公式: $GD/HD = n(1 - \sum x^2) / (n - 1)$,其中 n 表示样本数, x 为群体中每一种等位基因或单体型频率^[23]。用 Arlequin 3.0 软件计算群体间 Fst 遗传距离矩阵;人群间的净遗传距离以及基于净遗传距离构建的群体间邻接进化树(Neighbour-joining tree, NJ)由 Mega4.1 软件完成。

2 结果与分析

2.1 云南泸西汉族群体 17 个 Y-STR 基因座遗传多态性

各样本在 17 个 Y-STR 基因座均获得成功分型, 基因分型结果以图 1 为例(图 1)。在 156 名无关泸西汉族男性个体中, 除双等位基因 DYS385a/b 之外的 15 个 Y-STR 基因座共检出 89 个等位基因, 等位基因频率在 0.006—0.686 之间(表 1); DYS385a/b 基因座检出 43 种单倍型, 单倍型频率分布在 0.006—0.077 之间(表 2), 各基因座的基因多样性(GD)值范围在 0.390(DYS437)—0.963(DYS385a/b)。由 17 个 Y-STR 构建的单倍型中, 共观察到 154 种单倍型, 其中 152 种为仅观察到 1 次的单倍型, 2 种单倍型观察到 2 次, 单倍型多样性(HD)值为 0.9998。

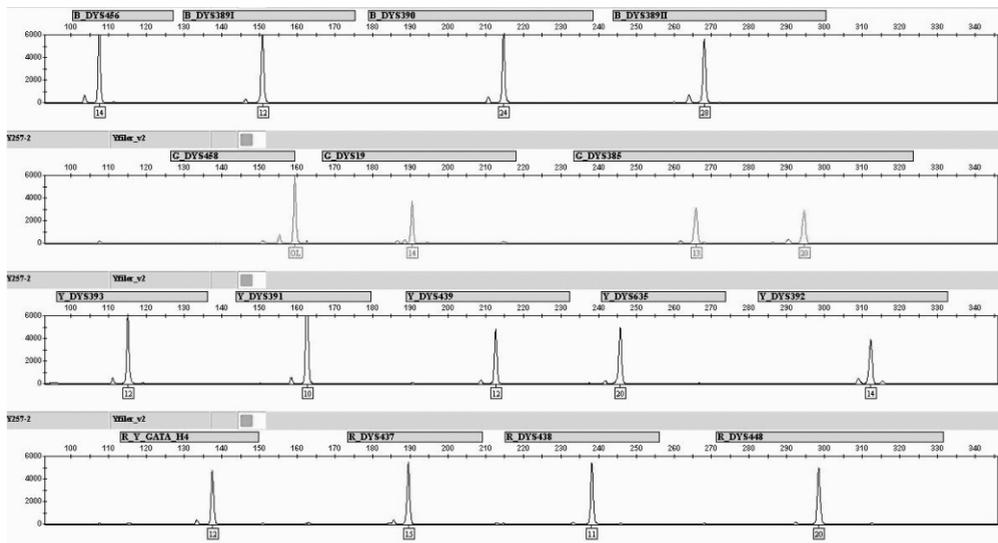


图 1 所选 17 个 Y-STR 基因座的基因分型图谱

Fig. 1 Genotype profile of 17 Y-STR loci

2.2 云南泸西汉族与 16 个民族群体间的遗传距离

遗传距离越小亲缘关系越近。本研究应用 Arlequin 3.0 软件计算了云南泸西汉族与国内其他 16 个群体间的 F_{st} 遗传距离, 得到各群体间 F_{st} 遗传距离矩阵及相应的 P 值(显著性水平 = 0.05, 表 3)。17 个群体遗传距离分析提示, 在国内人群中, 云南泸西汉族与湖南汉族的遗传距离最近(0.005), 其次是云南汉族和浙江汉族(0.009), 与闽南汉族的遗传距离最远(0.035); 在中国周边群体中, 云南泸西汉族与新加坡华人的遗传距离最近(0.015), 其次是马来西亚华人(0.021)和马来西亚人(0.022), 与日本人和马来西亚印度人群的遗传距离最远(0.060)。

2.3 云南泸西汉族与 16 个民族群体系统发育分析

本研究用 Neighbour-Joining 法构建了人群间聚类分析图和无根系统发生树(图 2, 图 3), 二者结果基本一致。从系统发生树和聚类分析图可以看出, 云南泸西汉族、湖南汉族、云南汉族、河南汉族、天津汉族、浙江汉族、新加坡华人、闽南汉族聚为一大群, 但云南泸西汉

表 1 云南泸西汉族群体 15 个 Y-STR 基因座等位基因频率及基因多态性

Tab. 1 Allele frequencies and gene diversity values of 15 Y-STR loci in 156 Yunnan Luxi Han males

	DYS456	DYS389I	DYS390	DYS389II	DYS458	DYS19	DYS393	DYS391	DYS439	DYS635	DYS392	GATA	DYS437	DYS438	DYS448
6							0.006	0.006							
9							0.032	0.032	0.026						0.038
10							0.686	0.686	0.192		0.006	0.103			0.756
11		0.013						0.276	0.321		0.167	0.423			0.173
12		0.385							0.353		0.122	0.410			0.026
13		0.423				0.038			0.083	0.006	0.301	0.058	0.013		
13.2												0.006			
14	0.128	0.167			0.006	0.212			0.013	0.006	0.346				0.756
15	0.590	0.013			0.199	0.519	0.064				0.051				0.199
16	0.154				0.244	0.167									0.032
17	0.109				0.269	0.058	0.006								0.064
18	0.019			0.006	0.167	0.006									0.391
19				0.006	0.096					0.109					0.276
20					0.019					0.276				0.006	0.199
21									0.006	0.301	0.006				0.064
22			0.038						0.006	0.135					0.006
23			0.474							0.135					
24			0.250							0.013					
25			0.218							0.019					
26			0.019												
27				0.058											
28				0.244											
29				0.346											
30				0.231											
31				0.090											
32				0.019											
GD	0.603	0.649	0.668	0.760	0.796	0.657	0.685	0.455	0.732	0.789	0.749	0.643	0.390	0.399	0.728

GD: Gene diversity.

表 2 云南泸西汉族群体 DYS385a/b 基因座单倍型频率及基因多态性

Tab. 2 Genotype frequencies and gene diversity values of DYS385a/b in 156 Luxi Han males

Genotype	Observed number	Frequency	Genotype	Observed number	Frequency	Genotype	Observed number	Frequency
11 ,11	2	0.013	12 ,20	6	0.038	14 ,19	8	0.051
11 ,12	8	0.051	12 ,23	2	0.013	14 ,20	4	0.026
11 ,13	2	0.013	12 ,26	1	0.006	14 ,21	2	0.013
11 ,14	5	0.032	13 ,13	17	0.109	15 ,17	2	0.013
11 ,17	2	0.013	13 ,14	3	0.019	15 ,19	2	0.013
11 ,18	12	0.077	13 ,15	1	0.006	15 ,21	1	0.006
11 ,19	1	0.006	13 ,16	2	0.013	16 ,16	1	0.006
12 ,12	8	0.051	13 ,17	4	0.026	16 ,19	1	0.006
12 ,13	5	0.032	13 ,18	4	0.026	16 ,21	1	0.006
12 ,14	1	0.006	13 ,19	8	0.051	18 ,19	1	0.006
12 ,15	1	0.006	13 ,20	6	0.038	23 ,23	1	0.006
12 ,16	2	0.013	14 ,14	7	0.045	9 ,11	1	0.006
12 ,17	3	0.019	14 ,16	1	0.006	9 ,18	1	0.006
12 ,18	4	0.026	14 ,17	5	0.032			
12 ,19	5	0.032	14 ,18	2	0.013	GD		0.963

GD: Gene diversity.

表 3 17 个群体的 Fst 遗传距离矩阵(左下方是 Fst 值,右上方是相应的 P 值)

Tab. 3 Pairwise Fst among 17 populations(Fst are in the lower-left, and the corresponding p values are in the upper-right)

	LX-Han	Japanese	Korean	Malay	M-India	Tujia	Tibetan	S-Chinese	M-Chinese	Hongkong	ZJ-Han	TJ-Han	CS-Han	HeN-Han	HuN-Han	YN-Han	MN-Han
LX-Han	*	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.072	0.009	0.000
Japanese	0.060	*	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Korean	0.028	0.035	*	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Malay	0.022	0.055	0.038	*	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
M-India	0.060	0.053	0.081	0.071	*	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Tujia	0.027	0.083	0.049	0.049	0.080	*	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Tibetan	0.024	0.079	0.054	0.051	0.067	0.026	*	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Chinese	0.015	0.096	0.046	0.034	0.101	0.051	0.043	*	0.387	0.586	0.090	0.000	0.937	0.000	0.000	0.018	0.000
M-Chinese	0.021	0.106	0.050	0.041	0.102	0.054	0.044	0.002	*	0.009	0.126	0.000	0.532	0.000	0.000	0.000	0.090
Hongkong	0.011	0.083	0.039	0.025	0.090	0.049	0.041	0.001	0.006	*	0.045	0.000	0.135	0.000	0.000	0.000	0.000
ZJ-Han	0.009	0.081	0.033	0.031	0.087	0.041	0.033	0.004	0.004	0.004	*	0.018	0.351	0.000	0.045	0.054	0.000
TJ-Han	0.013	0.072	0.027	0.033	0.077	0.041	0.034	0.010	0.011	0.013	0.007	*	0.054	0.730	0.000	0.027	0.000
CS-Han	0.018	0.097	0.044	0.036	0.102	0.050	0.045	(0.000)	0.002	0.004	0.004	0.006	*	0.081	0.000	0.081	0.009
HeN-Han	0.016	0.085	0.036	0.038	0.081	0.040	0.035	0.010	0.009	0.014	0.009	0.001	0.006	*	0.000	0.054	0.000
HuN-Han	0.005	0.067	0.026	0.017	0.081	0.034	0.031	0.011	0.014	0.009	0.006	0.010	0.011	0.012	*	0.009	0.000
YN-Han	0.009	0.072	0.030	0.026	0.074	0.033	0.034	0.008	0.008	0.008	0.005	0.006	0.006	0.005	0.008	*	0.000
MN-Han	0.035	0.130	0.074	0.065	0.112	0.068	0.051	0.012	0.006	0.020	0.015	0.022	0.015	0.020	0.029	0.024	0.000

LX-Han: 泸西汉族; Japanese: 日本人; Korean: 韩国人; Malay: 马来西亚人; M-India: 马来西亚印度人; Tujia: 土家族; Tibetan: 藏族; M-Chinese: 马来西亚华人; HongKong: 香港人; ZJ-Han: 浙江汉族; TJ-Han: 天津汉族; CS-Han: 潮汕汉族; HeN-Han: 河南汉族; HuN-Han: 湖南汉族; YN-Han: 云南汉族; MN-Han: 闽南汉族

族与闽南汉族、马来西亚华人、新加坡华人、香港人、潮汕汉族之间的分支较长,亲缘关系较远;土家族、藏族、马来西亚人、韩国人、日本人、马来西亚印度人等民族群体与以汉族主体的群体间表现为较远的分布关系,彼此形成独立的分支。

3 讨论

Y 染色体为男性所特有, Y-STR 具有非重组性、单体性,呈父系遗传,大多数的 Y-STR 在一个男性仅有一个等位基因,并且分型简单、重复性好,因此 Y-STR 分析是法医学实践中排查男性犯罪嫌疑人、分离男女性混合斑和多个男性混合斑迹以及亲缘关系鉴定重要遗传标记,也是研究人类起源、进化、迁徙和融合的绝好标记。本研究对云南泸西汉族的 17 个 Y-STR 基因座进行了

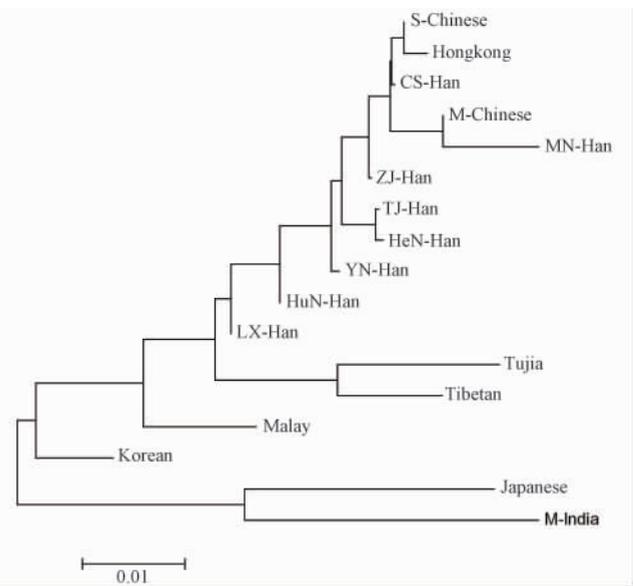


图 2 17 个不同民族群体聚类分析图

Fig. 2 Cluster analysis tree of 17 different populations

遗传多态性调查,在此基础上,参考国内外其它群体数据进行遗传关系分析,为该民族的法医学应用、与其它民族的遗传关系分析提供了遗传背景资料。

对 17 个 Y-STR 的遗传多态性研究结果显示, DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS438, DYS439, DYS437, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635, Y-GATA-H4 基因座在云南泸西汉族群体分别检出 6, 5, 8, 5, 4, 7, 5, 5, 8, 4, 6, 5, 7, 9, 5 个等位基因; DYS385a/b 检出 43 种单倍型。DYS437 的多态性最低 (0.390), 其次为 DYS438 (0.399), DYS385a/b 多态性最高 (0.963)。由 17 个 Y-STR 构建的单倍型中, 共观察到 154 种单倍型, 其中 152 种为仅观察到 1 次的单倍型, 2 种单倍型观察到 2 次, 单倍型多样性 (HD) 值为 0.9998。

研究表明该 17 个 Y-STR 基因座联合检测在云南泸西汉族群体中具有较高的个体识别力, 适合法医学实践应用。但需指出的是, DYS437、DYS438 和 DYS391 基因座在云南泸西汉族中的多态性分布较差, 基因多样性在 0.5 以下, 与中国其它群体中分布类似^[16-22], 提示这些基因座在中国人群中识别力较低, 在法医学中的应用价值有限。

Wright 提出的 F_{st} 不考虑基因的突变模型, 很好地揭示了群体间分化水平^[24-26]; 系统发生树常用来描述某一群有机体发生或进化关系的拓扑结构, 可直观地描述人种或群体之间的进化关系, 追溯人类起源^[24]。本研究利用父系遗传的 Y-STR 数据构建的 F_{st} 遗传距离矩阵提示, 云南泸西汉族与湖南汉族的遗传距离最近, 其次是云南汉族和浙江汉族, 与闽南汉族、藏族、土家族的遗传距离较远, 与马来西亚印度人、日本人、韩国人等中国周边民族群体的更远。聚类分析和系统发生树也揭示了相同的结果。需要指出的是, 就遗传距离、系统发育分析而言, 泸西汉族表现了和云南汉族有较近的亲缘关系, 但首先与湖南汉族表现了最近的亲缘关系。这说明泸西汉族与湖南汉族之间存在一定的基因交流。云南地处西南边陲, 且是少数民族最多的省份, 受地形限制, 各民族群体居住相对隔绝, 但交通的发展使人群的迁移性增大, 导致较高的基因流。泸西县地处滇东南 (古称迤东边郡), 唐南诏、宋大理时期, 人口以彝族 (乌蛮) 为主体, 明代中叶以后, 大批汉族及回族等陆续迁入县境内落籍, 汉族人口逐渐发展起来, 至民国年间成为为境内的主体民族^[27]。姚永刚、张亚平等根据母系遗传的线粒体 DNA 序列对汉族人群的研究表明, 选用一个或两个汉族地理群体来代表整个汉族人群的做法存在着较大的缺陷, 不能有效地反映汉族遗传结构的全貌, 新石器时代的源于黄河流域到后期始于长江流域的向周边和边远地区的扩张, 并没有在遗传上取代这些地区以前存在的人群, 相反, 而是从文化的角度将当地人的基因库同化为汉族的一部分^[28]。因此泸西汉族虽然是云南汉族的一部分, 但其遗传也可能与所比较汉族群体有较大差异, 这

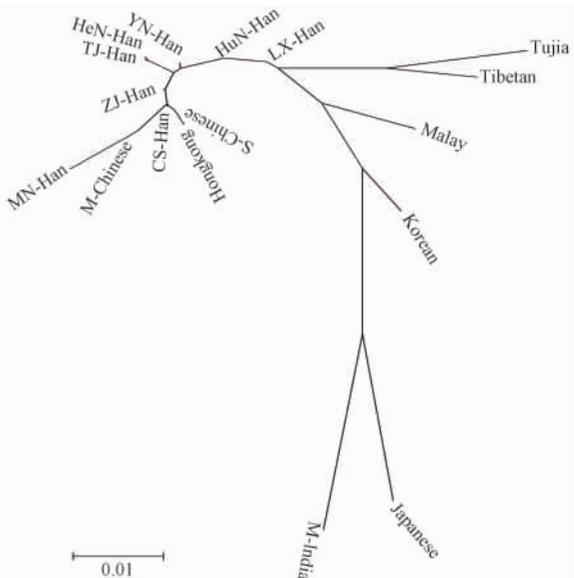


图 3 17 个不同民族群体的 NJ 系统发生树
Fig. 3 Unrooted NJ tree of 17 different populations

是汉族与其它少数民族发生基因交流、融合的结果,要准确确认泸西汉族与其它民族的关系,则还有待于常染色体 STR 或 SNP、线粒体 DNA 等其它遗传标记、考古学以及人类学等的研究分析。

参考文献:

- [1] Andres Ruiz-Linares. Microsatellites provide evidence for Y chromosome diversity among the founders of the new world [J]. PNAS, 1999, 96:6312-6317.
- [2] SHI H, DONG YL, LI WX. The geographic polymorphisms of Y chromosome at YAP locus among 25 ethnic groups in Yunnan, China [J]. Science in China (Series C), 2003, 46:135-140.
- [3] Jobling MA, Tyler-Smith C. Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution [J]. Trends Genet, 1995, 11: 449-456.
- [4] Kayser M, Caglia A, Corach D, et al. Evaluation of Y-chromosomal STRs: a multicenter study [J]. Int J Legal Med, 1997, 110:125-133.
- [5] Yang XX, Yang Zh. Y-STR polymorphisms among five Chinese minorities, Mosuo, Mongolism, Naxi, Pumi and Tibetan, in Yunnan Province, PR China [J]. Annals of Human Biology, 2004, 31(1):103-111.
- [6] Pascali VL, Dobosz M, Brinkmann B. Coordinating Y-chromosomal STR research for the Courts [J]. Int J Legal Med, 1999, 112(1):1.
- [7] Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R. Chelex-100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material [J]. Biotechniques, 1991(10):506-513.
- [8] Willuweit S, Roewer L. Y chromosome haplotype reference database (YHRD): Update [J]. Forensic Science International: Genetics, 2007, 1(2): 83-87.
- [9] Masaki H, Kazuo U, Isao Y, et al. Population genetics of 17 Y-chromosomal STR loci in Japanese [J]. Forensic Science International: Genetics, 2008, 2(4): e69-e70.
- [10] KIM S. Genetic polymorphisms of 16 Y chromosomal STR loci in Korean population [J]. Forensic Science International: Genetics, 2007, 2(2): e9-e10.
- [11] Y Chang, Perumal R, Keat P, et al. Haplotype diversity of 16 Y-chromosomal STRs in three main ethnic populations (Malays, Chinese and Indians) in Malaysia [J]. Forensic Science International, 2007, 167(1):70-76.
- [12] Shi MS, Bai RF, Wan LH, et al. Population genetics for Y-chromosomal STRs haplotypes of Chinese Tujia ethnic group [J]. Forensic Science International: Genetics, 2008, 2(4): e65-e68.
- [13] Zhu BF, Liu SZ, Ci D, et al. Population genetics for Y-chromosomal STRs haplotypes of Chinese Tibetan ethnic minority group in Tibet [J]. Forensic Science International, 2006, 161(1):78-83.
- [14] June SWT, Hang YW, Christopher KCS, et al. Population study of 11 Y-chromosomal STR loci in Singapore Chinese [J]. Forensic Science International, 2006, 158(1):65-71.
- [15] YEUNG SM, WONG LM, CHEUNG BKK, et al. Allele frequencies and haplotypes of 12 Y-STR loci for the local Chinese population in Hong Kong [J]. Forensic Science International, 2006, 162(1-3): 55-63.
- [16] 吴微微, 郑小婷, 潘立鹏, 等. 浙江汉族人群 16 个 Y2STR 基因座遗传多态性调查 [J]. 刑事技术, 2005(5):11-17.
- [17] 匡金枝, 朱巍, 聂同钢, 等. 天津汉族人群 12 个 Y-STR 基因座的遗传多态性 [J]. 刑事技术, 2005(1):19-26.
- [18] Hu SP, Yu XJ, Liu JW, et al. Analysis of STR polymorphisms in the Chao Shan population in South China [J]. Forensic Science International, 2005, 147:93-95.
- [19] 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 [J]. 刑事技术, 2005(3):23-28.
- [20] 陈水琴, 陈和军, 曾晓冠, 等. 湖南汉族群体 11 个 Y-STR 基因座的遗传多态性 [J]. 中国法医学杂志, 2005(3):174-176.
- [21] 张晓红, 吴微微, 唐建新, 等. 云南汉族人群 11 个 Y-STR 基因座单倍型分布频率 [J]. 法医学杂志, 2006, 22(4): 291-294.
- [22] Hu SP. Genetic polymorphism of 12 Y-chromosomal STR loci in the Minnan Han Chinese in Southeast China [J].

- Forensic Science International 2006 ,159 (1) :77-82.
- [23] Tang JP ,Hou YP ,Li YB , *et al.* Characterization of eight Y-STR loci and haplotypes in a Chinese Han population [J]. Int J Legal Med ,2003 ,117(5) :263-270.
- [24] Cavalli-Sforza LL ,Feldman MW. The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution [J]. Nat Genet ,2003 (33) : 266-275.
- [25] Perea-Lezaun A ,Calefell F ,Mateu E *et al.* Microsatellite variation and the differentiation of modern humans [J]. Human Genet ,1997 (99) : 1-7.
- [26] Takezaki N ,Nei M. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA [J]. Genetics ,1996 (144) : 389-399.
- [27] 云南省泸西县志编纂委员会. 泸西县志 [M]. 云南:云南人民出版社 ,1992 ,14-21.
- [28] Yao YG ,Kong QP ,Bandelt HJ *et al.* Phylogeographic Differentiation of Mitochondrial DNA in Han Chinese [J]. Am J Hum Genet 2002 70:635-651.

Polymorphism and Genetic Relationship Analysis of 17 Y-STR in the Yunnan Luxi Han Population

NIE Sheng-jie^{1 2} , YAO Jin-yong³ , CHEN Bi-feng² , ZHUANG Qin-yong⁴ ,
ZHANG Wen² , LUO Sheng-jun² , XIAO Chun-jie²

- (1. School of Forensic Medicine , Kunming Medical University , Kunming , Yunnan 650500 ;
2. Human Genetics Center of Yunnan University , Kunming , Yunnan 650091 ;
3. Institute of Criminal Science and Technology of Honghe Police Bureau , Mengzi , Yunnan 661100 ;
4. Criminal Investigation squadrons of Zhanyi Police Bureau , Qujing , Yunnan 655331)

Abstract: Seventeen human Y-chromosomal STR loci were selected to investigate the genetic polymorphisms of males in the Yunnan Luxi Han population , and to evaluate their forensic application values and genetic relationships with 16 other populations. The selected Y-STR markers included in the AmpF ℓ STR[®] Yfiler Amplification Kit were amplified in 156 unrelated Luxi Han males , and the PCR products were analyzed on the ABI Prism[®] 3100 Genetic Analyzer. The AMOVA (analysis of molecular variance) method was applied to measure the genetic distance between populations. A total of 154 haplotypes were identified , of which 152 were unique. The observed haplotypes diversity value was 0.9998. The allele diversity values for each locus ranged from 0.3901 (DYS437) to 0.9632 (DYS385a/b). Among the domestic populations , the genetic distance between the Luxi Han and Hunan Han was the nearest (0.005) , whereas the genetic distance between the Luxi Han and Minnan Han was the farthest (0.035). Compared with populations outside of China , the genetic distance between Luxi Han and the Singapore Chinese was the closest (0.015) , whereas the genetic distance between the Luxi Han and Japanese and Malaysia Indians was the farthest (0.060). The combined Y-chromosome STR polymorphisms provide a powerful discrimination tool for forensic applications , and the study of genetic diversity among different populations is useful for the research of their origins , migrations and their interrelationships.

Key words: Y chromosome; STR; Haplotypes; Genetic polymorphism; Han