

# 中国东北汉族群体 3 个 MiniSTR 基因座的遗传多态性研究

马 威, 李 岩, 徐 飞

(大连医科大学解剖学教研室, 大连 116044)

**摘要:** 我们使用 D10S1248、D14S1434 和 D22S1045 三个 miniSTR 基因座对东北汉族群体的 141 名随机个体样本进行遗传多态性研究, 通过荧光标记多重 PCR 扩增, 310 遗传分析仪电泳, 确定个体的基因型, 获得相应的群体遗传数据。对所得数据进行统计学分析, 共检出 25 个等位基因, 56 种基因型。3 个基因座在所检测群体内均符合哈迪温伯格平衡, 具有较高的杂合度、个体识别率和非父排除率。累积个体识别率为 0.99876, 累计非父排除率为 0.89819。3 个基因座在东北汉族均具有高度的遗传多态性, 在群体遗传学和法医学研究中有一定的应用价值。

**关键词:** MiniSTR; 遗传多态性; 等位基因; 东北地区汉族; 人类学

**中图分类号:** Q987      **文献标识码:** A      **文章编号:** 1000-3193 (2010) 04-437-08

短串联重复序列 (Short tandem repeat, STR) 是重复单位长度为 2—6 个碱基对 (Base pair, bp), 重复次数在数次至几十次之间的串联重复 DNA 序列。由于重复单位及其重复次数的不同, 使其在不同种族、不同人群之间的分布具有很大的差异性, 构成了 STR 的遗传多态性<sup>[1]</sup>。对于古人类学和法医学中一些微量及降解的检材, STR 有时会得不到正确的分型结果<sup>[2]</sup>。MiniSTR 是一种新的 STR 分型技术, 它重新设计引物, 使引物更接近核心重复序列, 扩增的聚合酶链式反应 (Polymerase chain reaction, PCR) 产物比 STR 分型短一些, 其长度在 50—150bp。2005 年, Coble 等<sup>[3]</sup>报道了从 900 多个 STR 基因座中筛选出 6 个 miniSTR 基因座, 构成 miniplex01 (D10S1248、D14S1434、D22S1045) 和 miniplex02 (D1S1677、D2S441、D4S2364) 两个复合检测体系, 在美国人群 474 名个体中进行研究, 证明该复合检测体系分型可靠, 适合分析降解 DNA。MiniSTR 技术被证明是一种有效的从微量以及降解检材中获得遗传信息的方法<sup>[4]</sup>。本文对中国东北地区汉族群体 3 个 miniSTR 基因座 D10S1248、D14S1434 和 D22S1045 进行荧光复合扩增, 对其遗传多态性进行研究, 获得其在东北汉族群体中的等位基因范围、频率, 基因型频率, 个体识别率, 多态信息含量等群体遗传数据, 并探讨其在中国东北地区人群中的人类学及法医学应用价值。

收稿日期: 2008-07-17; 定稿日期: 2009-11-18

作者简介: 马威 (1982-) 女, 辽宁省铁岭市人, 大连医科大学解剖学教研室助教, 硕士, 主要从事人类学研究。E-mail: tougao20080101@sina.com。

通讯作者: 徐飞 (1961-) 男, 主要从事人类学研究。E-mail: xf112@126.com。

# 1 材料和方法

## 1.1 材料

### 1.1.1 对象

随机选取 141 名东北地区汉族健康个体,男 71 例,女 70 例,追溯三代均居住在东北地区,彼此间无血缘关系。留取外周静脉血 2ml 2% EDTA 抗凝,-20℃ 冰箱保存备用。

### 1.1.2 主要试剂和仪器

PCR 缓冲液 (ABI);dNTP 混合液 (大连宝生物公司);金牌 Taq DNA 聚合酶 (ABI);MgCl<sub>2</sub> 溶液 (ABI);引物由大连宝生物公司合成;POP-4 液态电泳凝胶 (ABI);DNA 9947A (ABI);PCR 扩增仪 9700 (ABI);310 基因分析仪 (ABI)。

## 1.2 方法

### 1.2.1 基因组 DNA 的提取和定量

采用 Chelex-100 方法<sup>[5]</sup>提取 DNA。应用紫外分光光度计测定 DNA 的浓度和纯度。

### 1.2.2 荧光标记 3 个 miniSTR 基因座 PCR 复合扩增

MiniSTR 基因座 D10S1248、D14S1434 和 D22S1045 的引物序列信息如表 1<sup>[3]</sup>将引物稀释至表中各终浓度,配置成引物混合物备用。

表 1 各 MiniSTR 基因座引物序列信息

Tab. 1 The primer sequence information of each miniSTR locus

基因座 locus	引物序列 (5'-3') primer sequence (5'-3')	碱基数 bp	终浓度 concentration
D10S1248	F: [6-FAM]-TTAATGAATTGAACAAATGAGTGAG	25bp	1.3μM
	R: GCAACTCTGGTTGTATTGTCTTAT	24bp	1.3μM
D14S1434	F: [HEX]-TGTAATAACTCTACGACTGTCTGTCTG	27bp	1.3μM
	R: GAATAGGAGGTGGATGGATGG	21bp	1.3μM
D22S1045	F: [TAMRA]-ATTTTCCCCGATGATAGTAGTCT	23bp	0.8μM
	R: GCGAATGTATGATTGGCAATATTTTT	26bp	0.8μM

PCR 反应体系为 10μl,各溶液组成为 PCR 缓冲液 1.0μl,MgCl<sub>2</sub> 0.6μl,引物混合物 2.0μl,dNTPs1.0μl,金牌 Taq DNA 聚合酶 0.2μl,dH<sub>2</sub>O4.2μl,配制后将混合液分装到 n 个 PCR 管,各 9.0μl。每个 PCR 管中分别加入相应的模板 DNA 1.0μl。按照下列条件扩增:95℃,10 min,94℃,1 min,55℃,1 min,72℃,1 min,30 个循环,60℃,45 min,4℃ 保存。ABI 310 基因分析仪进行毛细管电泳,60℃,15KV,电泳 24min。Data Collection v2.1 软件收集电泳数据,GeneScan v3.1 软件分析基因产物片段长度,Genotyper v2.5.2 软件分析基因型,确定等位基因核心序列的重复次数,并按照国际法医血液遗传学会的命名原则命名<sup>[6]</sup>。

### 1.3 统计学分析

等位基因频率和基因型频率采用直接计数法;Hardy-Weinberg 平衡检验应用 GENEPOP (3.4 版本)<sup>[7]</sup>软件包自动分析计算;杂合度 (Heterozygosity, H)、个体识别率 (Power of discrimination, DP)、非父排除率 (Power of exclusion, PE) 等参数用 PowerStatsV1.2 软件包自动计算<sup>[8]</sup>;3 个基因座的累积个体识别率 (Combined power of discrimination, C<sub>DP</sub>) 和累积非父排除率 (Combined power of exclusion, C<sub>PE</sub>) 按照 odelberg<sup>[9]</sup>法公式计算;与不同国家和地区

等位基因分布比较应用遗传学分析软件 Arlequin(3.11 版本)<sup>[10]</sup>。

## 2 结果

### 2.1 电泳图及分型结果

三个基因座在同一反应体系中扩增,如图 1 列出其中某个体三个基因座一起显示的电泳图。蓝色峰(B)为基因座 D10S1248,绿色峰(G)为基因座 D14S1434,黄色峰(Y,显示为黑色)为基因座 D22S1045,橙色峰(O)为分子量内标。

经过 Genotyper v2.5.2 分型后的各个基因座的分型结果示例如图 2。蓝色峰(B)为基因座 D10S1248,绿色峰(G)为 D14S1434,黄色峰((Y,显示为黑色)为 D22S1045。其中单峰为纯合子,双峰为杂合子。荧光锋锐利,说明扩增效果好。每个峰下面对应的数值为相对应的等位基因,相同颜色的两个峰组成该个体的该基因座的等位基因型。

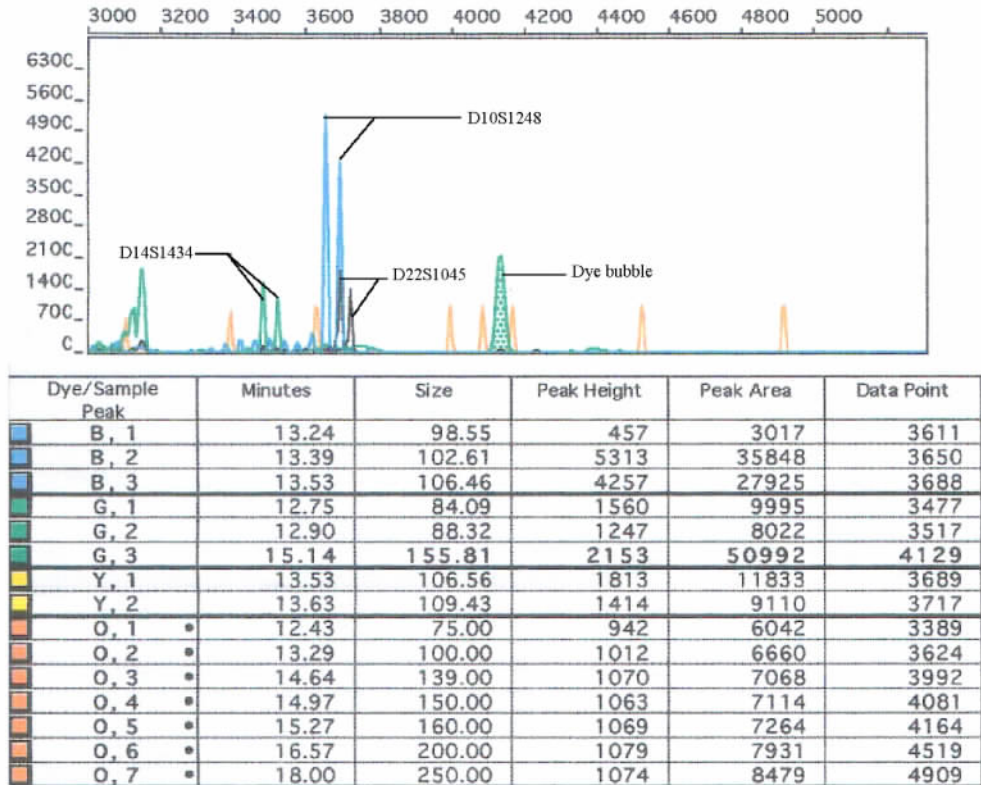


图 1 MiniSTR 基因座 D10S1248、D14S1434 和 D22S1045 的电泳图

Fig. 1 Electrophoretogram of miniSTR loci D10S1248, D14S1434 and D22S1045

### 2.2 等位基因频率分布

3 个 miniSTR 基因座 D10S1248、D14S1434 和 D22S1045 在东北汉族人群中的等位基因频率分布情况如表 2 所示。基因座 D10S1248 检出 8 个等位基因,等位基因频率分布在 0.0035—0.3652;基因座 D14S1434 检出 8 个等位基因,等位基因频率分布在 0.0071—

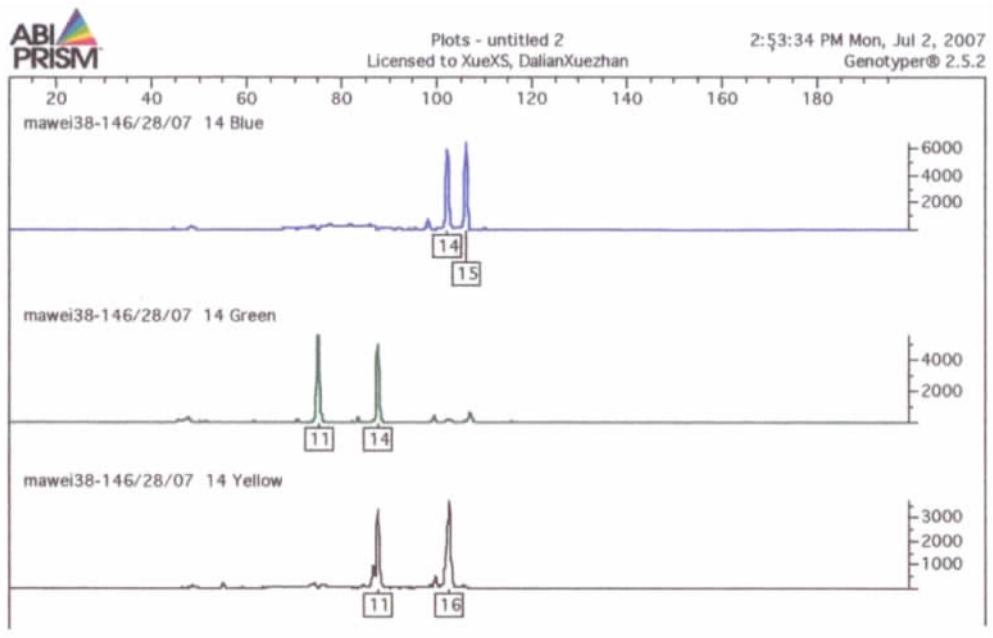


图 2 各基因座的 Genotyper v2. 5. 2 分型结果示例

Fig. 2 The genotype of each locus typed by Genotyper v2. 5. 2

0. 4007;基因座 D22S1045 共检出 9 个等位基因,等位基因频率分布在 0. 0035—0. 2695。

### 2. 3 基因型频率分布

3 个 miniSTR 基因座 D10S1248、D14S1434 和 D22S1045 在东北汉族人群中的基因型分布如表 3 所示。基因座 D10S1248 检出 19 个基因型,基因型频率分布在 0. 0071—0. 1845;基因座 D14S1434 检出 18 个基因型,频率分布在 0. 0071—0. 2340;基因座 D22S1045 检出 19 个基因型,频率分布在 0. 0071—0. 1418。

### 2. 4 观察杂合度、个体识别率和非父排除率

3 个 miniSTR 基因座的观察杂合度、个体识别率、多态信息含量、典型父权指数如表 4 所示。3 个基因座的累积个体识别率为 0. 99876,累积非父排除率为 0. 89819。

### 2. 5 东北汉族群体等位基因分布频率与其他民族和地区的比较

3 个 miniSTR 基因座等位基因频率分别与百茹峰<sup>[11]</sup>等研究的中国汉族和朝鲜族,新加坡<sup>[4]</sup>中国人、马来人及印第安人,日本人<sup>[12]</sup>,韩国人<sup>[13]</sup>,西班牙人<sup>[14]</sup>,非洲美国人、美国高加索人和美国拉丁人<sup>[3]</sup>等其他民族和地区进行比较。3 个 miniSTR 基因座等位基因频率与

表 2 三个 miniSTR 基因座在东北地区汉族人群中的等位基因频率

Tab. 2 Allele frequencies of 3 miniSTR loci in Han ethnic in the northeast of China

等位基因 Allele	D10S1248 (N = 141)	D14S1434 (n = 141)	D22S1045 (n = 141)
10	0. 0035	0. 0709	-
11	0. 0035	0. 1702	0. 2482
12	0. 0993	0. 0390	0. 0035
13	<b>0. 3652</b>	0. 2943	0. 0035
14	0. 2234	<b>0. 4007</b>	0. 0213
15	0. 2092	0. 0106	0. 2376
16	0. 0851	0. 0071	<b>0. 2695</b>
17	0. 0106	0. 0071	0. 1950
18	-	-	0. 0177
19	-	-	0. 0035

注:表中加黑体的数字表示各基因座最常见等位基因的等位基因。

Note:The most common allele is shown in bold at each STR locus.

其他民族和地区间的比较结果如表 5 所示。

表 3 3 个 miniSTR 基因座在东北地区汉族人群中的基因型频率

Tab. 3 Genotype frequencies of 3 miniSTR loci in Han ethnic in the northeast of China

D10S1248		D14S1434		D22S1045	
基因型 genotype	频率 frequency	基因型 genotype	频率 frequency	基因型 genotype	频率 frequency
10/14	0.0071	10/11	0.0355	11/11	0.0638
11/13	0.0071	10/13	0.0496	11/14	0.0071
12/13	0.0638	10/14	0.0567	11/15	<b>0.1418</b>
12/14	0.0851	11/11	0.0284	11/16	0.1135
12/15	0.0213	11/12	0.0142	11/17	0.0993
12/16	0.0284	11/13	0.1064	11/18	0.0071
13/13	0.1135	11/14	0.1135	12/15	0.0071
13/14	<b>0.1845</b>	11/15	0.0071	13/16	0.0071
13/15	<b>0.1845</b>	11/16	0.0071	14/15	0.0071
13/16	0.0567	12/13	0.0071	14/16	0.0284
13/17	0.0071	12/14	0.0567	15/15	0.0638
14/14	0.0355	13/13	0.0922	15/16	0.1064
14/15	0.0851	13/14	<b>0.2340</b>	15/17	0.0780
14/16	0.0142	13/17	0.0071	15/19	0.0071
14/17	0.0071	14/14	0.1560	16/16	0.0701
15/15	0.0426	14/15	0.0142	16/17	0.1277
15/16	0.0355	14/16	0.0071	16/18	0.0142
16/16	0.0142	14/17	0.0071	17/17	0.0355
16/17	0.0071	-	-	17/18	0.0142

注:表中加黑体的数字表示各基因座最常见基因型的基因型频率。

Note: The most common genotype is shown in bold at each STR locus.

表 4 东北汉族群体 3 个 miniSTR 基因座的法医遗传学参数

Tab. 4 Forensic and genetic parameters of 3 miniSTR loci in Han ethnic in northeast of China

	D10S1248	D14S1434	D22S1045
观察杂合度 H	0.794	0.723	0.766
个体识别率 DP	0.891	0.877	0.907
多态信息含量 PIC	0.720	0.670	0.730
非父排除率 EP	0.589	0.465	0.537
典型父权指数 TPI	2.430	1.810	2.140
HWE 检验 P 值 HWE test P value	0.1831	0.9803	0.2072

表 5 东北汉族群体 3 个 miniSTR 基因座等位基因频率与其他民族和地区间比较

Tab. 5 Population differentiation between Han ethnic of northeast of China and other populations

人群 population pair	D10S1248	D14S1434	D22S1045
东北汉族—中国汉族 Northeast Han-Chinese Han	<b>0.7230</b>	0.0116	<b>0.7567</b>
东北汉族—中国朝鲜族 Northeast Han-Chinese Korean	<b>0.9990</b>	0.0000	0.0000
东北汉族—新加坡中国人 Northeast Han-Singapore Chinese	<b>0.9467</b>	<b>0.4671</b>	<b>0.0692</b>
东北汉族—新加坡马来人 Northeast Han-Singapore Malay	0.0162	0.0036	0.0000
东北汉族—新加坡印第安人 Northeast Han-Singapore Indian	0.0000	0.0000	0.0000
东北汉族—日本人 Northeast Han-Japanese	<b>0.7584</b>	0.0000	<b>0.1178</b>
东北汉族—韩国人 Northeast Han-Korean	<b>0.8916</b>	0.0000	0.0424
东北汉族—西班牙人 Northeast Han-Spanish	0.0143	0.0000	0.0000
东北汉族—非洲美国 Northeast Han-African American ,	0.0110	0.0000	0.0000
东北汉族—美国高加索人 Northeast Han-Caucasian	0.0353	0.0000	0.0000
东北汉族—美国拉丁人 Northeast Han-Hispanic.	0.0288	0.0000	0.0000

注:加黑数值表示相互之间比较没有显著性差异  $P > 0.05$ 。

Note: Values in bold represent no significant difference with  $p > 0.05$ .

### 3 讨论

MiniSTR 是一种新的 STR 分型技术,扩增的 PCR 产物比 STR 分型短一些,其长度在 50—150bp,被证明是一种有效的从微量以及降解检材中获得遗传信息的方法。本文所选取 3 个 miniSTR 基因座不包括在美国联邦调查局所建立的 DNA 联合检索系统之内,但是 D10S1248 和 D22S1045 已经被欧洲 DNA 共同体接受为新的基因座并且已经研究出商品化的试剂盒进行推广应用<sup>[15-16]</sup>。3 个 miniSTR 基因座应用荧光标记引物在同一个反应体系中同时扩增,然后利用 310 基因分析仪进行毛细管电泳进行准确分型,使检测简便,自动化,更快更好的得出相关信息。3 个 miniSTR 基因座的相关信息<sup>[17]</sup>如表 6,其中基因座 D10S1248 的重复序列为四核苷酸重复,而 D14S1434 为比较复杂的四核苷酸重复,基因座 D22S1045 为三核苷酸重复。

表 6 miniSTR 基因座 D10S1248、D14S1434 和 D22S1045 相关信息  
Tab. 6 Information of miniSTR D10S1248, D14S1434 and D22S1045

Locus	Repeat type	Repeat motif	Chromosomal location	Size range(bp)	Dye
D10S1248	Tetra	GGAA	10q26.3	86—114	6FAM
D14S1434	Complex Tetra	[CTGT][CTAT]	14q32.13	74—102	TAMRA
D22S1045	Tri	ATT	22q12.3	85—109	HEX

#### 3.1 3 个 miniSTR 基因座的遗传特征

##### 3.1.1 MiniSTR 基因座 D10S1248

基因座 D10S1248 位于 10q26.3 上,是重复序列为 [GGAA]<sub>n</sub> 的四核苷酸重复基因座。检出 8 个等位基因,等位基因频率分布在 0.0035—0.3652;检出 19 个基因型,基因型频率分布在 0.0071—0.1845。Gill 等<sup>[18]</sup>将  $DP \geq 0.9$ ,  $H \geq 0.7$ ,  $PIC \geq 0.7$  的基因座作为高鉴别能力的遗传标记物,表明它们属于高鉴别力,高杂和性,高信息含量的基因座,具有很高的应用价值。基因座 D10S1248 的 H 为 0.794,DP 为 0.891, PIC 为 0.720。基因座 D10S1248 具有较好的杂和性,丰富的多态信息含量,虽然 DP 未达到 0.9,但是已非常接近,可以说基因座 D10S1248 是有很高的应用价值的 miniSTR 基因座。

##### 3.1.2 MiniSTR 基因座 D14S1434

基因座 D14S1434 定位于 14q32.13 上,是比较复杂的四核苷酸重复。基因座 D14S1434 检出 8 个等位基因,等位基因频率分布在 0.0071—0.4007;检出 18 个基因型,基因型频率分布在 0.0071—0.2340。基因座 D14S1434 的 H 为 0.723,DP 为 0.877, PIC 为 0.670,基因座 D14S1434 在人群中具有很好的杂和性,但是 DP 和 PIC 没有其他两个基因座高,这也可能是基因座 D14S1434 没有被欧洲一些实验室接受的原因。

##### 3.1.3 MiniSTR 基因座 D22S1045

基因座 D22S1045 定位于 22q12.3 上,是重复序列为 [ATT]<sub>n</sub> 的三核苷酸重复。共检出 9 个等位基因,等位基因频率分布在 0.0035—0.2695;检出 19 个基因型,基因型频率分布在 0.0071—0.1418。基因座 D22S1045 的 H 为 0.766,DP 为 0.907, PIC 为 0.730,这些群体遗传学指数均符合 Gill<sup>[18]</sup>等的理论,基因座 D22S1045 具有较好的遗传多态性,具有很好的应用价值,可以应用于人类学,遗传疾病连锁分析、法医学等方面的研究。

根据最新的 miniSTR 命名原则<sup>[19]</sup>,我们对等位基因的命名进行了调整,相对于 Coble 等<sup>[3]</sup>的命名,基因座 D10S1248 的等位基因命名 -1,基因座 D14S1434 的等位基因命名 -4,基因座 D22S1045 的等位基因命名 +3。3 个 miniSTR 基因座共检出 25 个等位基因,其频率分布在 0.0035—0.4007 之间;共检出 56 种基因型,其频率分布在 0.0071—0.2340 之间。3 个基因座在东北汉族人群中均具有较好的杂合度,有较高的 DP 和 PIC,3 个基因座的  $C_{DP}$  达到 0.99876, $C_{PE}$  达到 0.89819,而且基因型频率分布符合哈迪温伯格平衡( $P > 0.05$  见表 4)。3 个 miniSTR 基因座在东北地区汉族人群分布较好,因此,在人类学、法医学等方面具有很大的应用价值。

### 3.2 3 个 miniSTR 基因座等位基因分布频率的民族差和地区差

3 个基因座与百茹峰<sup>[11]</sup>等研究的中国汉族和朝鲜族比较,D10S1248 和 D22S1045 无显著性差异,但 D14S1434 具有显著性差异。与新加坡中国人、马来人及印第安人<sup>[4]</sup>相比较,除新加坡中国人没有显著性差异外,其余两个人群 3 个基因座均有显著性差异。与新加坡中国人间均没有显著性差异,其原因可能是新加坡中国人都是华裔。与日本人<sup>[12]</sup>相比较,除 D14S1434 具有显著性差异外,其他两个无显著性差异;与韩国人<sup>[13]</sup>相比较,D10S1248 没有显著性差异,其他两个具有显著性差异。D10S1248 与日本人和韩国人相比较没有显著性差异,D22S1045 与日本人比较没有显著性差异,可能是日本人及韩国人与本研究的人群在纬度上相差不多,居住的自然条件很相似,而且日本人及韩国人可能有共同的祖先,在长期的进化过程中并未产生区别。而与西班牙人<sup>[14]</sup>、非洲美国人、美国高加索人和美国拉丁人<sup>[3]</sup>相比较,3 个基因座均具有显著性差异。

### 参考文献:

- [1] Schuler GD, Boguski J, Steward J, et al. A gene map of the human genome[J]. *Science*, 1996, 274:540-546.
- [2] Whitaker JP, Clayton TM, Urquhart AJ, et al. Short tandem repeat typing of bodies from a mass disaster: high success rate and characteristic amplification patterns in highly degraded samples[J]. *BioTechniques*. 1995, 18(4):670-677.
- [3] MD Coble, JM Butler. Characterization of new miniSTR loci to aid analysis of degraded DNA[J]. *J. Forensic Sci.*, 2005, 50: 43-53.
- [4] RYY Yong, LSH Gan, MD Coble, et al. Allele frequencies of six miniSTR loci of three ethnic populations in Singapore[J]. *Forensic Science International*, 2007, 166: 240-243.
- [5] 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.
- [6] DNA Recommendations. Report concerning further recommendations of the DNA Commission of the ISFH regarding PCR-based polymorphisms in STR (short tandem repeat) system[J]. *Forensic Sci. Int.*, 1994, 69:103-104.
- [7] M Raymond, F Rousset. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism[J]. *J. Hered.*, 1995, 86: 248-283.
- [8] PowerStats. A computer program for the analysis of population statistics (1999). Free program distributed by the authors over the internet from <http://www.promega.com/geneticidtools/>.
- [9] Odelberg SJ. Repetitive DNA: molecular structure, polymorphism and forensic application In DNA and other polymorphism in forensic science[S]. 1st ed. Chicago: Year Book Medical Publishers Inc., 1990, 26-27.
- [10] Excoffier, LG Laval, S Schneider. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis[J]. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2005, 1:47-50.
- [11] Bai R, Shi M, Yu X, et al. Allele frequencies for six miniSTR loci of two ethnic populations in China[J]. *Forensic Sci. Int.*, 2007, 168(2-3) e25-e28.

- [12] H Asamura , R Uchida , K Takayanagi , *et al.* Allele frequencies of the six miniSTR loci in a population from Japan [J]. *Int J Legal Med* , 2006 , 120 : 182-184.
- [13] Chung U , Shin KJ , Park MJ , *et al.* Population data of nine miniSTR loci in Koreans [J]. *Forensic Sci. Int.* , 2007 , 168 ( 2-3 ) : e51-e53.
- [14] P. Martín , O. García , C. Albarrán , *et al.* Allele frequencies of six miniSTR loci ( D10S1248 , D14S1434 , D22S1045 , D4S2364 , D2S441 and D1S1677 ) in a Spanish population [J]. *Forensic Sci. Int.* , 2007 , 169 ( 2-3 ) : 252-254.
- [15] Gill P , Fereday L , Morling N , *et al.* The evolution of DNA databases— recommendations for new European loci. *Forensic Sci. Int.* 2006 , 156 : 242-244.
- [16] Gill P , Fereday L , Morling N , *et al.* Letter to the Editor: New multiplexes for Europe—Amendments and clarification of strategic development. *Forensic Sci. Int.* , 2006 , 163 : 155-7.
- [17] Carolyn R , Hill MS , Margaret C *et al.* Characterization of 26 MiniSTR Loci for Improved Analysis of Degraded DNA samples. *J Forensic Sci.* 2008 , 53 ( 1 ) 73-78.
- [18] Gill P A new method of STR interpretation using inferential logic—development of a Criminalintelligence database [J]. *Int. J Leg Med* , 1996 , 109 : 14.
- [19] John M Butler , Michael D Coble. Authors' Response [J]. *Journal of Forensic Sciences* , 2007 , 52 ( 2 ) , 494-494.

## Polymorphism Study of the 3 MiniSTR Loci of Han Ethnic in the Northeast China

MA Wei , LI Yan , XU Fei

( *Department of Anatomy , Dalian Medical University , Dalian 116044* )

**Abstract:** Polymorphisms of three selected miniSTR loci , D10S1248 , D14S1434 , and D22S1045 , were investigated in 141 Han ethnic people from northeastern Chinese populations. Multiple fluorescent polymerase chain reaction ( PCR ) techniques were performed for the three loci in one tube per individual sample , with the genotypic information obtained using an ABI 310 Genetic Analyzer with capillary electrophoresis. A total of 25 alleles and 56 genotypes were detected in the 3 miniSTR loci , and their frequency distributions showed no significant deviations from the Hardy-Weinberg equilibrium. Each of the three miniSTR loci showed high levels of heterozygosity , discrimination power , and power of exclusion. The accumulated power of discrimination and exclusion for the three loci was 0.99876 and 0.89819 , respectively. The results of this study indicate that a high level of genetic polymorphisms can be observed in Han ethnic Chinese of Northeastern China when using the three loci selected. This research would be helpful in future population studies , and in forensic analyses.

**Key words:** MiniSTR ; Genetic polymorphisms ; Allele ; Han ; Northeastern China