

云南白族人群 Y 染色体 *DYF155S1* 基因座多态性研究

黄艳梅¹, 伍新尧¹, 蔡贵庆¹, 童大跃¹, 区敬华¹, 曾艳红¹

(1. 中山大学中山医学院法医系, 广州 510089)

摘要: 揭示云南白族 136 例无关男性个体 Y 染色体小卫星 *DYF155S1* 基因座多态性。用已建立的 Amp-FLP 和 MVR-PCR 方法分析 *DYF155S1* 基因座长度多态性、5' 端多态性、3' 端多态性。*DYF155S1* 基因座具有高度多态性, 基因多样性 (*h*) 达 0.9996。研究表明将 Amp-FLP 和荧光 MVR-PCR 结合起来更能充分揭示 *DYF155S1* 基因座多态性, 可为遗传学、人类学及法医学的研究提供有效的工具和基础资料。

关键词: *DYF155S1*; MVR-PCR; Y 染色体; 人类学; 遗传学

中图分类号: Q987 文献标识码: A 文章编号: 1000-3193 (2004) 03-0239-09

1998 年 Jobling MA 等^[1]报道 Y 染色体特异的小卫星基因座 *DYF155S1*, 由重复 48—114 次的核心序列串联排列构成, 核心序列大小为 25bp, 且存在变异。目前研究发现 *DYF155S1* 基因座的多态性可由长度多态性、5' 端多态性和 3' 端多态性三部分组成^[1-4]。*DYF155S1* 以其高度多态性、男性特有、呈男性伴性遗传等特点而成为突变研究及追溯人类父系发展的一个很好的遗传标记^[1,5]。本文在建立 Amp-FLP (amplified fragment length polymorphism) 和荧光标记 MVR-PCR (minisatellite variant repeat by PCR)^[4,6] 分析技术的基础上分析了 136 例云南白族人群 *DYF155S1* 基因座遗传多态性, 为遗传学、人类学研究及法医学应用提供有用的工具和基础资料。

1 材料和方法

样品来源 136 份云南白族男性无关个体血样取自云南大理地区。

模板 DNA 的抽提 采用常规酚/氯仿抽提血液样品的基因组 DNA。

引物 Y1A+、Y1B+、TAG1 和 TAG4R 引物序列参见文献[1], Y1A+ 和 Y1B+ 引物由上海生工合成, TAG1 和 TAG4R 引物 5' 端标记 6-FAM (6-carboxyfluorescein) 荧光染料, 由上海博亚公司合成。Y1A+ 和 Y1B+ 引物、Y1A+ 和 TAG1 引物、Y1B+ 和 TAG4R 引物分别用于扩增 *DYF155S1* 基因座片段长度、5' 端 1 型核心序列排列图谱、3' 端 4 型核心序列排列图谱。

Amp-FLP 方法分析 *DYF155S1* 基因座 PCR 反应体系为 20 μ L, 含有人类基因组 DNA 50—100ng, 10 \times 缓冲液 (具有 Mg²⁺) 2 μ L, Taq Plus 酶 1 U, 0.25 mmol/L dNTP 及引物各

收稿日期: 2003-07-01; 定稿日期: 2004-04-16

基金项目: 广东省自然科学基金资助项目(97-128), 中山医科大学“211 工程”重点学科建设课题基金资助项目(4209008)

作者简介: 黄艳梅(1971-), 女, 汉族, 河南新乡人, 硕士研究生, 讲师, 现工作单位: 河南新乡医学院基础部(453000)

通讯作者: 伍新尧, Tel: 020-87330557, E-mail: xyawo@gzsums.edu.cn

1 μmol/L。样品混合后置 Eppendorf-PCR 仪热循环: 95℃ 1 min, 66℃ 3.5 min, 循环 30 次, 72℃ 延伸 10 min; 扩增产物取 3 μL 于 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶垂直电泳分离 PCR 产物, 银染显色。

荧光标记 MVR-PCR 方法分析 *DYF155SI* 基因座 5' 端序列 PCR 反应体系为 10 μL 含有基因组 DNA 50—100ng, Taq Plus 酶 0.5 U, 10× 缓冲液 (具有 Mg²⁺) 1μL, 0.25 mmol/L dNTP 及引物 Y1A+、TAG1 各 1μmol/L, 样品混合后置 Eppendorf-PCR 仪, 热循环条件及 PCR 产物分析方法同文献[4]。

荧光标记 MVR-PCR 方法分析 *DYF155SI* 基因座 3' 端序列 PCR 反应条件及检测方法同参考文献[7]。

计算 基因多样性 (gene diversity): $h = n(1 - \sum x^2) / (n - 1)$
 n 表示样本数, x 为群体中每一种等位基因的频率^[8]。

2 结 果

2.1 不同方法分析 *DYF155SI* 基因座多态性

DYF155SI 基因座扩增片段长度多态性 用 *DYF155SI* 两翼保守区引物(Y1A+ 和 Y1B+) 进行 PCR 扩增, 可扩增出 *DYF155SI* 和 *DYF155S2* 两个片段。 *DYF155SI* 在云南白族男性群体中表现出长度多态性, 大小约为 1330—2505 bp, 云南白族 136 例无关男性个体共检出 38 个不同长度的片段; 本方法揭示的基因多样性 (h) 为 0.9698。小片段 *DYF155S2* 表现为有或缺失而呈现二态现象, 136 例男性中有 2 例表现小片段缺失, 缺失率为 2.2%。

DYF155SI 基因座 5' 端多态性 *DYF155SI* 基因座用 1 型核心序列特异性引物作 MVR-PCR 分型 (type1-MVR-mapping) 可将 136 例云南白族无关男性个体的 DNA 图谱区分为 73 种类型, 107 例个体表现为连续的类似阶梯 (Ladder) 的 DNA 谱带, 两个相邻的 DNA 片段之间相差 25bp。另 29 人表现为连续 DNA 谱带中有 1 个或 2 个 DNA 条带的缺失 (null repeat) (图 1), 出现最多的类型是 205-12 (第 1 条 DNA 片段大小为 205bp, DNA 条带数为连续的 12), 频率为 0.0735, (表 1), 136 例有 45 个类型仅出现 1 次。本法揭示的基因多样性 (h) 为 0.9837。

DYF155SI 基因座 3' 端多态性 *DYF155SI* 基因座用 4 型核心序列特异性引物作 MVR-PCR 分型 (type4-MVR-mapping) 可将 136 例云南白族无关男性个体的 DNA 图谱区分为 29 种类型, 127 人表现为连续的类似阶梯的 DNA 谱带, 两个相邻的 DNA 片段之间相差 25bp。另有 9 人表现为连续 DNA 谱带中有 1 个 DNA 条带的缺失 (null repeat), 所有个体的第 1 条 DNA 带长均为 133 bp (图 2)。29 种类型中出现最多的类型是 133-13 (第 1 条 DNA 片段大小为 133 bp, DNA 条带数为连续的 13), 频率 0.1250 (表 2)。有 14 个类型在本群体中仅出现 1 次。本法揭示的基因多样性 (h) 为 0.9388。

2.2 综合方法分析 *DYF155SI* 基因座多态性

对 *DYF155SI* 基因座的等位基因首先用 Amp-FLP 方法进行分析, 对长度一致的不同个体再采用 MVR-PCR 方法 (即 5' 端用 1 型核心序列引物, 3' 端用 4 型核心序列引物) 分析该基因座 5' 端和 3' 端多态性, 136 例云南白族无关男性个体分析结果见表 3, 其可分出 133 种等位基因。本法揭示的基因多样性 (h) 为 0.9996。可见采用综合方法更能充分地揭示该基因座的多态性。

表 1 云南白族 *DYF155S1* 基因座 5' 端 1 型核心序列 MVR-PCR 图谱类型及频率
The types and frequencies of DNA profile with type 1-MVR-mapping at 5' end of locus *DYF155S1*
among 136 unrelated man in Bai population of Yunnan Province

类型 type	5' 端 1 型 MVR 图谱 DNA profile with type 1 MVR-mapping at 5' end	观察例数 Observed number	频率 Frequency	类型 type	5' 端 1 型 MVR 图谱 DNA profile with type 1 MVR-mapping at 5' end	观察例数 Observed number	频率 Frequency
1	155-9*	1	0.0074	38	180-14(-1)-1	1	0.0074
2	155-12	2	0.0147	39	205-10	1	0.0074
3	155-14	2	0.0147	40	205-11	3	0.0221
4	155-15	1	0.0074	41	205-12	10	0.0735
5	155-16	3	0.0221	42	205-13	5	0.0368
6	155-17	3	0.0221	43	205-14	1	0.0074
7	155-18	6	0.0441	44	205-15	7	0.0512
8	155-20	2	0.0147	45	205-18	2	0.0147
9	155-21	2	0.0147	46	205-19	1	0.0074
10	155-1(-1)-16*	1	0.0074	47	205-3(-2)-11	1	0.0074
11	155-1(-1)-17	1	0.0074	48	205-18(-1)-1	1	0.0074
12	155-2(-1)-9	1	0.0074	49	230-10	1	0.0074
13	155-2(-1)-13	1	0.0074	50	230-11	1	0.0074
14	155-3(-1)-6	1	0.0074	51	230-12	2	0.0147
15	155-3(-1)-13	1	0.0074	52	230-13	3	0.0221
16	155-6(-1)-9	1	0.0074	53	230-14	3	0.0221
17	155-11(-1)-1	1	0.0074	54	230-15	3	0.0221
18	155-11(-1)-2	1	0.0074	55	230-16	4	0.0294
19	155-12(-1)-5	1	0.0074	56	230-17	1	0.0074
20	155-14(-1)-2	1	0.0074	57	230-2(-1)-11	2	0.0147
21	155-14(-1)-4	1	0.0074	58	230-2(-1)-12	1	0.0074
22	155-15(-1)-1	1	0.0074	59	230-2(-1)-13	1	0.0074
23	155-17(-2)-1	1	0.0074	60	230-10(-2)-1	1	0.0074
24	155-23(-2)-2	1	0.0074	61	230-13(-1)-2	1	0.0074
25	155-14(-1)-2(-1)-1	1	0.0074	62	230-14(-1)-1	1	0.0074
26	180-10	3	0.0221	63	255-11	1	0.0074
27	180-11	2	0.0147	64	255-12	1	0.0074
28	180-12	1	0.0074	65	255-13	1	0.0074
29	180-14	2	0.0147	66	255-14	3	0.0221
30	180-15	4	0.0294	67	255-15	2	0.0147
31	180-16	1	0.0074	68	255-18	1	0.0074
32	180-17	2	0.0147	69	280-11	1	0.0074
33	180-19	5	0.0368	70	280-13	2	0.0147
34	180-20	2	0.0147	71	280-14	1	0.0074
35	180-4(-1)-12	1	0.0074	72	305-10	1	0.0074
36	180-4(-1)-13	1	0.0074	73	305-13	1	0.0074
37	180-8(-1)-1	1	0.0074	-	-	-	-

基因多样性(h) = 0.9837 gene diversity (h) = 0.9837

* 表示在 155bp 出现第 1 条片段后,接着又连续出现 8 条片段(1+ 8);** 表示在 155bp 出现第 1 条片段后,缺失 1 条片段,接着出现 16 条片段,余类推。

The DNA profile of 155-11* showed that the size of the first DNA fragment was 155 bp and followed by 8 successive fragments
155-1(-1)-16* showed that the smallest fragment was 155 bp long, then lost 1 fragment and followed by 16 successive
fragment. On the analogy of this

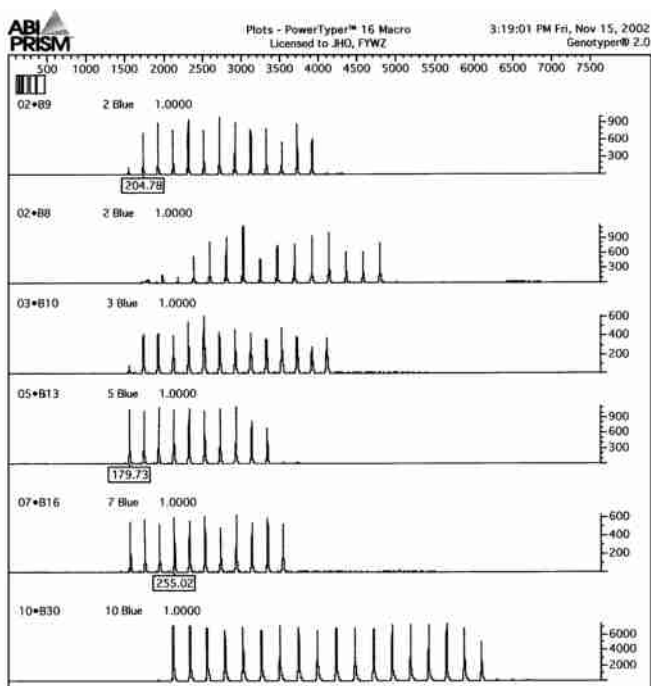


图 1 *DYF155S1* 基因座 5' 端 1 型核心序列 MVR-PCR 图谱
Type 1-MVR-mapping at 5' end of locus *DYF155S1*

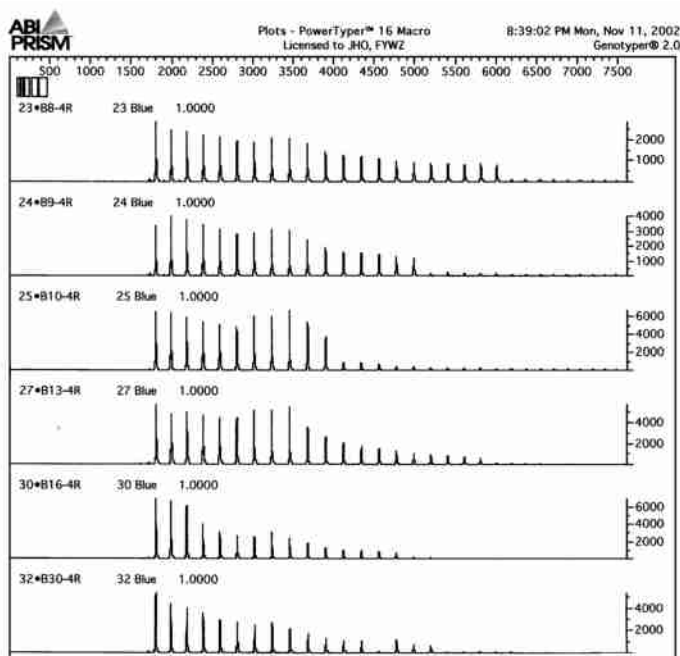


图 2 *DYF155S1* 基因座 4' 端 4 型核心序列 MVR-PCR 图谱
Type 4-MVR-mapping at 4' end of locus *DYF155S1*

表 2 云南白族群体 *DYF155S1* 基因座 3' 端 4 型核心序列 MVR-PCR 图谱类型及频率
 The types and frequencies of DNA profile with type 4-MVR-mapping at 3' end of locus
DYF155S1 among 136 unrelated man in Bai population of Yunnan Province

类型 type	3' 端 4 型 MVR 图谱 DNA profile with type 4-MVR-mapping at 3' end	观察例数 Observed number	频 率 Frequency
1	133-2*	1	0.0074
2	133-5	1	0.0074
3	133-6	3	0.0221
4	133-7	4	0.0294
5	133-8	6	0.0441
6	133-9	6	0.0441
7	133-10	9	0.0662
8	133-11	15	0.1103
9	133-12	9	0.0662
10	133-13	17	0.0125
11	133-14	10	0.0735
12	133-15	6	0.0441
13	133-16	13	0.0956
14	133-17	8	0.0588
15	133-18	8	0.0588
16	133-20	6	0.0441
17	133-21	2	0.0147
18	133-22	1	0.0074
19	133-23	1	0.0074
20	133-25	1	0.0074
21	133-2(-2)-6**	1	0.0074
22	133-2(-2)-7	1	0.0074
23	133-7(-1)-5	1	0.0074
24	133-13(-1)-3	1	0.0074
25	133-13(-2)-1	1	0.0074
26	133-16(-1)-1	1	0.0074
27	133-16(-2)-1	1	0.0074
28	133-18(-1)-1	1	0.0074
29	133-19(-1)-1	1	0.0074

基因多样性(h) = 0.9388 gene diversity(h) = 0.9388

* 表示在 133bp 出现第 1 条片段后,接着又连续出现 1 条片段(1+1),** 表示第 1 条 133bp 后跟有 1 条片段,然后缺失 2 条片段,接着又出现 6 条片段。余类推。

* showed that the size of the first DNA fragment was 133 bp and followed 1 fragment. ** showed that the first fragment was 133 bp long, followed by 1 fragment, then lost 2 fragments and followed by 6 fragments again. On the analogy of this

表 3 综合方法分析 *DYF155S1* 基因座多态性方法揭示的等位基因分布

The allele distribution detected by Amp-FLP in combination with type 1-MVR mapping and type 4-MVR mapping

序号 Serial number	片段长度 (bp) Size of fragment (bp)	1型/4型 MVR 图谱 Type 1/type 4-MVR-mapping	观察例数 Observed number	序号 Serial number	片段长度 (bp) Size of fragment (bp)	1型/4型 MVR 图谱 Type 1/type 4-MVR-mapping	观察例数 Observed number
1	1330	155-9/133-6	1	46	1705	155-15/133-10	1
2	1380	205-11/133-18	1	47	1705	155-6(-1)-9/133-14	1
3	1380	230-11/133-16	1	48	1705	180-14(-1)-1/133-16	1
4	1380	280-13/133-12	1	49	1705	205-15/133-9	1
5	1405	205-10/133-17	1	50	1705	205-15/133-16	1
6	1405	205-12/133-22	1	51	1705	230-14/133-16	1
7	1430	155-3(-1)-6/133-11	1	52	1705	230-13(-1)-2/133-9	1
8	1430	205-13/133-11	2	53	1730	155-12/133-9	1
9	1455	180-15/133-23	1	54	1730	180-19/133-11	1
10	1455	180-19/133-11	1	55	1730	230-15/133-15	1
11	1480	255-11/133-21	1	56	1730	230-16/133-17	1
12	1505	155-11(-1)-2/133-11	1	57	1730	255-15/133-13	1
13	1505	155-14(-1)-2/133-16(-2)-1	1	58	1730	305-10/133-14	1
14	1505	205-12/133-13(-2)-1	1	59	1755	205-15/133-16	1
15	1505	205-13/133-20	1	60	1755	230-15/133-18	1
16	1530	155-14/133-17	1	61	1755	280-11/133-10	1
17	1530	180-15/133-10	1	62	1780	230-16/133-16	1
18	1530	205-11/133-20	1	63	1780	230-16/133-17	1
19	1530	205-12/133-20	1	64	1780	255-12/133-13	1
20	1530	205-12/133-21	1	65	1780	305-13/133-12	1
21	1530	230-2(-1)-11/133-8	1	66	1805	180-14/133-17	1
22	1555	155-16/133-18	1	67	1805	180-19/133-11	1
23	1555	180-11/133-16	1	68	1805	180-4(-1)-13/133-9	1
24	1555	180-19/133-11	2	69	1805	205-14/133-16	1
25	1555	205-12/133-16	1	70	1805	230-2(-1)-11/133-14	1
26	1555	205-12/133-18	1	71	1830	155-17/133-7	1
27	1580	155-20/133-9	1	72	1830	155-15(-1)-1/133-11	1
28	1580	180-8(-1)-1/133-19(-1)-1	1	73	1830	205-3(-2)-11/133-10	1
29	1580	205-11/133-16(-1)-1	1	74	1855	155-21/133-13	1
30	1580	205-12/133-20	1	75	1855	155-14(-1)-2(-1)-1/133-12	1
31	1605	155-16/133-2	1	76	1855	180-15/133-13	1
32	1605	180-16/133-11	1	77	1855	205-18/133-18	1
33	1630	155-16/133-16	1	78	1855	230-17/133-18	1
34	1630	155-17/133-10	1	79	1880	180-14/133-13	1
35	1655	155-12/133-17	1	80	1880	180-20/133-15	1
36	1655	155-1(-1)-17/133-13	1	81	1880	180-4(-1)-12/133-8	1
37	1655	230-12/133-10	1	82	1880	205-18/133-13	1
38	1655	230-13/133-18(-1)-1	1	83	1880	230-13/133-11	1
39	1655	230-2(-1)-12/133-7	1	84	1905	155-1(-1)-16/133-10	1
40	1655	230-14(-1)-1/133-11	1	85	1905	155-11(-1)-1/133-13	1
41	1655	205-12/133-17	1	86	1905	155-14(-1)-4/133-12	1
42	1680	155-17(-2)-1/133-11	1	87	1905	180-17/133-14	1
43	1680	205-15/133-25	1	88	1905	205-13/133-10	1
44	1680	205-19/133-16	1	89	1905	230-12/133-12	1
45	1680	230-14/133-8	1	90	1930	230-15/133-13	1

续表 3

序号 Serial number	片段长度 (bp) Size of fragment (bp)	1 型/4 型 MVR 图谱 Type 1/type 4 MVR-mapping	观察例数 Observed number	序号 Serial number	片段长度 (bp) Size of fragment (bp)	1 型/4 型 MVR 图谱 Type 1/type 4 MVR-mapping	观察例数 Observed number
91	1930	255-15/133-17	1	113	2055	180-15/133-7	1
92	1955	155-14/133-13	1	114	2055	230-13/133-18	1
93	1955	155-21/133-13	1	115	2055	255-14/133-13	1
94	1955	155-2(-1)-13/133-10	1	116	2055	280-13/133-13	1
95	1955	180-10/133-15	1	117	2080	180-11/133-15	1
96	1955	205-13/133-15	1	118	2080	230-14/133-8	1
97	1955	205-15/133-14	2	119	2080	255-14/133-11	1
98	1980	155-18/133-6	1	120	2080	255-14/133-12	1
99	1980	155-18/133-15	1	121	2080	255-18/133-12	1
100	1980	180-17/133-2(-2)-7	1	122	2105	205-12/133-5	1
101	1980	205-18(-1)-1/133-14	1	123	2130	180-12/133-12	1
102	1980	230-10/133-13	1	124	2155	230-2(-1)-13/133-8	1
103	1980	280-14/133-13	1	125	2155	255-13/133-7	1
104	2005	155-17/133-7(-1)-5	1	126	2180	155-18/133-18	1
105	2005	155-18/133-13	1	127	2180	155-3(-1)-13/133-8	1
106	2005	180-10/133-14	1	128	2205	155-18/133-14	1
107	2005	180-10/133-20	1	129	2205	155-12(-1)-5/133-20	1
108	2005	205-12/133-6	1	130	2280	180-20/133-16	1
109	2005	205-15/133-2(-2)-6	1	131	2355	155-23(-2)-2/133-13	1
110	2005	230-10(-2)-1/133-14	1	132	2405	155-20/133-16	1
111	2030	155-18/133-13(-1)-3	1	133	2405	230-16/133-9	1
112	2030	155-2(-1)-9/133-12	1	-	-	-	-

* : / 左边表示 5' 端 1 型 MVR 图谱, / 右边表示 3' 端 4 型 MVR 图谱

* : The left side of "/" showed the DNA profile of type 1-MVR-mapping at 5' end, and the right side of "/" showed the DNA profile of type 4 MVR-mapping at 3' end

3 讨 论

1998 年 Jobling MA 等报道 Y 染色体特异的小卫星基因座 *DYF155SI*, 与其他小卫星 DNA 不同, 其富含 AT (75%—80%)。迄今为止, 世界上不同人群中共发现有 11 种不同类型核心序列^[1-4], 其中 1、3、4 类型多见, 5' 端以 1 型核心序列为主, 3' 端以 4 型核心序列多见, 介于 1 型和 4 型之间的常为 3 型核心序列。由于其变异度大, 故 *DYF155SI* 基因座多态性高, Jobling MA 等采用 MVR-PCR 技术使用了放射自显影技术, 该方法繁琐、操作费时、价格昂贵而难于推广; Brion M 等^[9] 采用聚丙烯酰胺凝胶电泳分离 PCR 产物, 但其分型效果仍不理想。庾蕾等^[2] 2003 年对该基因座等位基因结构进行了研究, 报道该基因座具有长度多态性和 5' 端、3' 端序列的多态性; 同年又报道采用荧光标记 MVR-PCR 方法分析了中国广东汉族人群 *DYF155SI* 基因座 5' 端 1 型核心序列多态性^[4], 本人亦采用此方法分析了该基因座 3' 端 4 型核心序列多态性^[7]。荧光标记 MVR-PCR 方法简单、灵敏度高, 且可使用机器进行分析, 优点十分突出。

目前发现 *DYF155SI* 基因座多态性是由其 5' 端 1 型核心序列多态性、3' 端 4 型核心序

列多态性和非 1、4 型核心序列的种类和数量差异共同组成的^[1-4]，进一步的研究可能会发现更复杂的多态性。本文在以上工作基础上分析了 136 例云南白族群体 *DYF155SI* 基因座的多态性。136 例云南白族无关个体采用 Amp^r-FLP 方法检测 *DYF155SI* 基因座可检测出 38 个不同长度的 DNA 片段,应用荧光 MVR-PCR 方法检测本基因座 5' 端和 3' 端多态性,分别检测出 73 和 29 种类型。基因多样性(*h*) 分别为 0.9698、0.9837 和 0.9388, 说明 *DYF155SI* 基因座中 5' 端的多态性 > 长度多态性 > 3' 端的多态性, 这种现象与广东汉族群体^[2,4,7] 的相似。另外, 根据 1 型和 4 型核心序列 MVR 图谱类型以及基因多样性程度, 两群体 5' 端和 3' 端多态性表现具有明显的差异(χ^2 检验: $P < 0.01$), 由于 5' 端 1 型和 3' 端 4 型核心序列变异程度大, 致使这两种核心序列的排列分布在不同的人群中表现亦不一样; 根据检测出的 *DYF155SI* 基因座 DNA 片段长度数目和基因多样性程度, 经 χ^2 检验: $P > 0.05$, 说明两群体长度多态性无明显差异。

用综合方法分析 *DYF155SI* 基因座可将 136 例云南白族无关个体则可以又分为 133 种类型, 说明将 MVR-PCR 和 Amp^r-FLP 两种方法结合起来能更充分地揭示人群 Y 特异的小卫星 *DYF155SI* 基因座的多态性。由于此基因座的高度多态性, 对于法医学个体识别和父系亲系的鉴定、对人类学、遗传学的研究具有广泛的应用前景。

DYF155SI 基因座包含为数众多的等位基因。目前, 国际上尚未统一对这些等位基因的命名方法, 不利于在各个实验室之间进行交流和比较, 更不利于创建这种类型基因座的等位基因数据库。为此, 作者根据图 5' 和 3' 端所用引物的类型, 由此得到的图谱中第一条 DNA 带大小、重复的 DNA 片段数目以及缺失 DNA 片段的位置和数目对 *DYF155SI* 基因座等位基因提出新的表达方式(如表 3), 能较好地体现此类基因座的高度多态性, 同时方便推广。

致谢: 感谢云南大理医学院孔山、朱建华等采集标本。

参考文献:

[1] Jobling MA, Bouzekri N, Taylor PG. Hypervariable digital DNA codes for human paternal lineages: MVR-PCR at the Y-specific minisatellite, *MSY1 (DYF155SI)* [J]. *Hum Mol Genet*, 1998, 7(4): 643—653.

[2] 庾 蕾, 黄艳梅, 伍新尧. 中国汉族人群 *DYF155SI* 位点等位基因结构研究[J]. *中山大学学报(医学科学版)*. 2003, 24(1): 42—45.

[3] 王保捷, 丁 梅, 庞灏, 等. *DYF155SI* 位点遗传多态性及群体差异分析[J]. *中华医学遗传学杂志*, 2002, 19(5): 397—400.

[4] 庾 蕾, 伍新尧, 黄艳梅, 等. 用荧光标记 MVR-PCR 方法研究中国汉族人群 *DYF155SI* 基因座多态性[J]. *遗传学报*, 2003, 30(1): 15—19.

[5] Bouzekri N, Taylor PG, Hammer MF *et al.* Novel mutation processes in the evolution of a haploid minisatellite, *MSY1*: array homogenization without homogenization[J]. *Hum Mol Genet*, 1998, 7(4): 655—659.

[6] Jeffreys AJ, Macleod A, Tamaki K *et al.* Minisatellite repeat coding as a digital approach to DNA typing [J]. *Nature*, 1991, 354(350): 204—209.

[7] 黄艳梅, 伍新尧, 曾艳红, 等. 广东汉族群体 Y 染色体 *DYF155SI* 基因座 3 端多态性研究[J]. *中山大学学报(医学科学版)*. 2003, 24(5): 435—438.

[8] Tajima F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism [J]. *Genetics*, 1989, 1239(3): 585.

[9] Brion M, Cao B, Salas A *et al.* New method to measure minisatellite variant repeat variation in population genetic studies[J].

Am J Human Biol. 2002 Jul-Aug; 14(4): 421-428.

STUDY ON THE POLYMORPHISM OF *DYF155S1* LOCUS, Y-SPECIFIC MINISATELLITE, AMONG BAI POPULATION OF YUNNAN PROVINCE

HUANG Yan-mei¹, WU Xin-yao¹, CAI Gui-qing¹, TONG Da-yue¹,
OU Jing-hua¹, ZENG Yan-hong¹

(1. Department of Forensic Medicine, Sun Yat-sen University of Medical Sciences, Guangzhou 510089)

Abstract: This study is to reveal the polymorphism of *DYF155S1* locus, Y-specific minisatellite, among 136 cases unrelated male in Bai population of Yunnan Province. The analytical methods include Amp-FLP (Amplified fragment length polymorphism) and MVR-PCR (minisatellite variant repeat by PCR) with type 1-specific primer at 5' end and type 4-specific primer at 3' end. It is found that *DYF155S1* locus possesses a high polymorphism and its gene diversity (h) reaches 0.9996. These results indicated that Amp-FLP in combination with MVR-PCR may reveal fully the polymorphism of *DYF155S1* locus and provide a useful tools and more data for the field of human genetics, anthropology and forensic medicine.

Key words: *DYF155S1*; MVR-PCR; Y chromosome; Anthropology; Genetics