

## 广东省韶关地区汉族人群20个STR基因座的遗传多态性

梁淑桢, 陈俊超 (广东华生司法鉴定中心, 广东广州 510000)

**摘要:** **目的** 了解广东省韶关地区汉族群体的20个常染色体基因座的遗传多态性。**方法** 采集953例广东省韶关地区汉族无关个体的血样, 以Chelex-100法提取DNA后, 进行荧光标记复合扩增系统扩增20个常染色体基因座(D3S1358、D1S1656、D6S1043、D13S317、Penta E、D16S539、D18S51、D2S1338、CSF1PO、Penta D、TH01、vWA、D21S11、D7S820、D5S818、TPOX、D8S1179、D12S391、D19S433、FGA), 以ABI 3130xl自动遗传分析仪对扩增产物进行毛细电泳检测及STR基因分型分析, 用Modified-Powerstates、Cervus、Arlequin v3.5软件对各基因座进行统计分析群体遗传参数及Hardy-Weinberg平衡检验、连锁不平衡检验。**结果** 在953例广东省韶关地区汉族人群中, 20个常染色体基因型分布均符合Hardy-Weinberg平衡定律( $P>0.05$ ), 不存在连锁不平衡现象, 累积个体识别力(TDP)为 $1-4.0914\times 10^{-25}$ , 三联体累积非父排除率(CPE<sub>tri</sub>)为0.99999998527, 二联体累积非父排除率(CPE<sub>duo</sub>)为0.99999672。**结论** 这20个常染色体基因座在广东省韶关地区汉族人群中具有较高的遗传多态性和较好的个体识别能力, 能满足该地区法医学个体识别和亲权鉴定以及DNA数据库建立的需要。

**关键词:** STR基因座; 遗传多态性; 个体识别; 亲权鉴定

中图分类号: D 919.2

文献标志码: A

文章编号: 2096-3610(2020)02-0153-05

## Genetic polymorphism of 20 autosomal STR loci in Chinese Han population in Shaoguan, Guangdong

LIANG Shu-zhen, CHEN Jun-chao (Forensic Science Centre of WASTON Guangdong PRO, Guangzhou 510000, China)

**Abstract:** **Objective** To explore the genetic polymorphism of 20 autosomal STR loci in Chinese Han population in Shaoguan, Guangdong. **Methods** Blood samples were collected from 953 unrelated individuals in Shaoguan, Guangdong. The DNA was extracted with Chelex-100 for the PCR amplification of 20 autosomal STR loci (D3S1358, D1S1656, D6S1043, D13S317, Penta E, D16S539, D18S51, D2S1338, CSF1PO, Penta D, TH01, vWA, D21S11, D7S820, D5S818, D8S1179, D12S391, TPOX, D19S433 and FGA). The amplification products were analyzed and genotyped with ABI 3130xl automatic genetic analyzer. Statistical analysis of population genetic parameters for each locus and Hardy-Weinberg balance test and linkage disequilibrium test were carried out with Modified-Powerstates software, Cervus and Arlequin v3.5. **Results** In 953 cases of Chinese Han population in Shaoguan, Guangdong, 20 autosomal STR loci distribution were consistent with Hardy-Weinberg equilibrium ( $P>0.05$ ), and there was no chain imbalance. The total probability of discrimination power (TDP) was  $1-4.0914\times 10^{-25}$ . The CPE<sub>tri</sub> was 0.99999998527 and the CPE<sub>duo</sub> was 0.99999672. **Conclusion** The 20 autosomal STR loci in Chinese Han population in Shaoguan, Guangdong are highly polymorphic and have better discrimination power, which can meet the requirement for individual identification, paternity identification and DNA database establishment.

**Key words:** STR loci; genetic polymorphism; individual identification; paternity identification

法医物证学主要解决司法实践中的个体识别及亲子鉴定问题, 而分析人类多态遗传标记是法医物证技术的核心<sup>[1]</sup>。短串联重复序列(short tandem repeats, STR)作为当今法医DNA分型的主流遗传标记, 凭借PCR技术扩增成功率高、重复性好、检测灵敏、分型结果准确、标准化等特点, 是作为法医物证学个体识别、亲权鉴定以及群体遗传、分子遗

传诊断等研究的重要技术手段, 及具有极广泛的应用<sup>[2-4]</sup>。本文对广东省韶关地区953例汉族人群的20个常染色体STR基因座遗传多态性进行调查, 以期为该地区汉族人群司法鉴定的个体识别和亲权鉴定及DNA数据库建立的需要提供基础数据。

### 1 材料和方法

#### 1.1 实验样本和主要仪器

953例广东省韶关地区汉族无关个体样本为广东华生司法鉴定中心2017-2019年日常案件的样本,

收稿日期: 2019-09-29; 修订日期: 2019-12-04

作者简介: 梁淑桢(1991-), 女, 本科, 初级

已通过电话征求了当事人同意,样本类型均为血样(滤纸血痕)。主要仪器9700PCR扩增仪(ABI公司,美国);3130xl自动遗传分析仪(ABI公司,美国);PowerPlex® 21 System 试剂盒(Promega公司,美国)。

## 1.2 方法

采用Chelex-100法<sup>[5]</sup>提取生物样本的DNA,选择PowerPlex® 21 System试剂盒进行PCR复合扩增,按PowerPlex® 21 System试剂盒说明书进行荧光标记复合扩增,扩增产物用3130xl(ABI公司,美国)自动遗传分析仪进行毛细管电泳分离,用GeneMapper ID v3.2软件基因型分型。

## 1.3 结果处理

该群体的20个基因座采用 Modified-Powerstates、Cervus、Arlequin v3.5软件分析处理数据,进行Hardy-Weinberg平衡检验,并计算得出各基因座的等位基因频率、杂合度(H)、个体识别率(DP)、匹配率(PM)、三联体非父排除率(PE<sub>tri</sub>)、二联体非父排除率(PE<sub>duo</sub>)、多态信息含量(PIC)。用Arlequin v3.5软件进行连锁不平衡检验。

## 2 结果

### 2.1 广东省韶关地区汉族人群20个STR基因座的基因频率

对953例广东省韶关地区汉族无关个体的20个常染色体STR基因座分型结果经Modified-Powerstates软件分析后,各基因座的等位基因频率分布详见表1,各基因座分布均符合Hardy-Weinberg平衡定律( $P>0.05$ ),未发现偏移。

### 2.2 广东省韶关地区汉族人群20个STR基因座的遗传学参数

该群体的20个常染色体STR基因座共检测出272个等位基因,1 012种基因型,这20个常染色体STR基因座的遗传多态性均较高,PM分布在0.014~0.217,H分布在0.601~0.93,DP 0.789~0.986,PE<sub>tri</sub> 0.349~0.829,PE<sub>duo</sub> 0.196~0.708,PI 1.25~7.11,PIC 0.544~0.909,TDP为1~4.0914×10<sup>-25</sup>,CPE<sub>tri</sub>为0.99999998527,CPE<sub>duo</sub>为0.99999672。其中Penta E基因座的DP、PIC值最高,分别是0.986及0.909。各基因座的遗传学参数详见表2。

### 2.3 广东省韶关地区汉族人群20个STR基因座的连锁不平衡检验

对20个STR基因座两两之间进行连锁不平衡检验,共190次比较,其中有5次比较的结果P值低于检

验水准0.05,为0.00265~0.01853,经Bonferroni<sup>[6]</sup>法校正后(0.05/190=0.000263),各基因座间均不存在连锁不平衡现象。

表1 广东省韶关地区汉族人群20个STR基因座的等位基因频率 (n=953)

| D3S1358 |        | D1S1656 |        | D6S1043 |        | D13S317 |        | D13S317 |        |
|---------|--------|---------|--------|---------|--------|---------|--------|---------|--------|
| A       | F      | A       | F      | A       | F      | A       | F      | A       | F      |
| 12      | 0.0021 | 10      | 0.0016 | 9       | 0.003  | 5       | 0.0001 | 5       | 0.049  |
| 13      | 0.002  | 11      | 0.0843 | 10      | 0.03   | 7       | 0.0016 | 7       | 0.0005 |
| 14      | 0.0331 | 12      | 0.0293 | 11      | 0.107  | 8       | 0.3029 | 8       | 0.004  |
| 15      | 0.3144 | 13      | 0.0953 | 12      | 0.132  | 9       | 0.1344 | 9       | 0.0111 |
| 16      | 0.3341 | 14      | 0.1017 | 12.3    | 0.001  | 10      | 0.146  | 10      | 0.0454 |
| 17      | 0.2475 | 15      | 0.2908 | 13      | 0.118  | 11      | 0.2431 | 11      | 0.157  |
| 18      | 0.0595 | 16      | 0.2065 | 14      | 0.157  | 12      | 0.1417 | 12      | 0.1236 |
| 19      | 0.0063 | 16.3    | 0.0111 | 15      | 0.022  | 13      | 0.026  | 13      | 0.0662 |
| 20      | 0.001  | 168     | 0.0005 | 16      | 0.003  | 14      | 0.0037 | 14      | 0.0947 |
| -       | -      | 17      | 0.073  | 17      | 0.038  | 15      | 0.0005 | 14.2    | 0.0005 |
| -       | -      | 17.3    | 0.0684 | 18      | 0.178  | -       | -      | 15      | 0.0811 |
| -       | -      | 18      | 0.0095 | 18.2    | 0.001  | -       | -      | 16      | 0.073  |
| -       | -      | 18.3    | 0.0244 | 19      | 0.155  | -       | -      | 17      | 0.0724 |
| -       | -      | 19      | 0.001  | 20      | 0.044  | -       | -      | 17.4    | 0.0005 |
| -       | -      | 19.3    | 0.0021 | 21      | 0.008  | -       | -      | 18      | 0.0634 |
| -       | -      | 20      | 0.0005 | 21.3    | 0.001  | -       | -      | 18.4    | 0.0016 |
| -       | -      | -       | -      | 22      | 0.001  | -       | -      | 19      | 0.055  |
| -       | -      | -       | -      | 23      | 0.001  | -       | -      | 19.4    | 0.0005 |
| -       | -      | -       | -      | -       | -      | -       | -      | 20      | 0.0407 |
| -       | -      | -       | -      | -       | -      | -       | -      | 21      | 0.0298 |
| -       | -      | -       | -      | -       | -      | -       | -      | 21.4    | 0.001  |
| -       | -      | -       | -      | -       | -      | -       | -      | 22      | 0.0132 |
| -       | -      | -       | -      | -       | -      | -       | -      | 23      | 0.0058 |
| -       | -      | -       | -      | -       | -      | -       | -      | 24      | 0.0053 |
| -       | -      | -       | -      | -       | -      | -       | -      | 25      | 0.0042 |
| -       | -      | -       | -      | -       | -      | -       | -      | 26.4    | 0.0005 |
| D16S539 |        | D18S51  |        | D2S1338 |        | CSF1PO  |        | Penta D |        |
| A       | F      | A       | F      | A       | F      | A       | F      | A       | F      |
| 8       | 0.0032 | 9       | 0.005  | 9       | 0.0005 | 7       | 0.0095 | 5       | 0.001  |
| 9       | 0.2172 | 10      | 0.005  | 11      | 0.0005 | 8       | 0.001  | 6       | 0.0021 |
| 10      | 0.129  | 11      | 0.0016 | 15      | 0.0005 | 9       | 0.0412 | 7       | 0.0132 |
| 11      | 0.297  | 12      | 0.0495 | 16      | 0.009  | 10      | 0.2363 | 8       | 0.0617 |
| 12      | 0.2382 | 13      | 0.1754 | 17      | 0.0758 | 11      | 0.2351 | 9       | 0.3768 |
| 13      | 0.1014 | 14      | 0.1847 | 18      | 0.0988 | 12      | 0.3897 | 10      | 0.1278 |
| 14      | 0.0152 | 15      | 0.1818 | 19      | 0.1947 | 13      | 0.0735 | 11      | 0.126  |
| 15      | 0.0005 | 16      | 0.1371 | 20      | 0.1052 | 14      | 0.0137 | 12      | 0.1516 |
| 19      | 0.0005 | 17      | 0.0918 | 21      | 0.0347 | -       | -      | 13      | 0.0826 |

(续上表)

| D16S539 | D18S51  | D2S1338 | CSF1PO  | Penta D |         |      |        |      |        |
|---------|---------|---------|---------|---------|---------|------|--------|------|--------|
| 20      | 0.0005  | 17.1    | 0.0005  | 22      | 0.0595  | -    | -      | 14   | 0.044  |
| -       | -       | 18      | 0.0523  | 23      | 0.1831  | -    | -      | 15   | 0.0111 |
| -       | -       | 19      | 0.0396  | 24      | 0.1594  | -    | -      | 16   | 0.0016 |
| -       | -       | 20      | 0.0277  | 25      | 0.0651  | -    | -      | 20   | 0.0005 |
| -       | -       | 21      | 0.018   | 26      | 0.0116  | -    | -      | -    | -      |
| -       | -       | 22      | 0.018   | 27      | 0.0016  | -    | -      | -    | -      |
| -       | -       | 23      | 0.0084  | -       | -       | -    | -      | -    | -      |
| -       | -       | 24      | 0.0021  | -       | -       | -    | -      | -    | -      |
| -       | -       | 25      | 0.0005  | -       | -       | -    | -      | -    | -      |
| -       | -       | 26      | 0.001   | -       | -       | -    | -      | -    | -      |
| TH01    | VWA     |         | D21S11  |         | D7S820  |      | D5S818 |      |        |
| A       | F       | A       | F       | A       | F       | A    | F      | A    | F      |
| 3       | 0.0005  | 10      | 0.0005  | 11      | 0.0005  | 7    | 0.0037 | 7    | 0.038  |
| 6       | 0.1123  | 14      | 0.2627  | 12      | 0.0005  | 8    | 0.1409 | 8    | 0.0058 |
| 7       | 0.2896  | 15      | 0.0277  | 27      | 0.0053  | 9    | 0.0667 | 9    | 0.0684 |
| 8       | 0.0512  | 16      | 0.1628  | 28      | 0.0473  | 9.1  | 0.0042 | 10   | 0.2246 |
| 9       | 0.4633  | 17      | 0.2556  | 28.2    | 0.0021  | 9.2  | 0.0021 | 11   | 0.3009 |
| 9.3     | 0.0309  | 18      | 0.1954  | 29      | 0.2851  | 10   | 0.1633 | 12   | 0.2059 |
| 10      | 0.0517  | 19      | 0.0758  | 29.2    | 0.0005  | 10.1 | 0.0016 | 13   | 0.1448 |
| 11      | 0.0005  | 20      | 0.0169  | 30      | 0.2368  | 11   | 0.3554 | 14   | 0.0084 |
| -       | -       | 21      | 0.0021  | 30.2    | 0.0111  | 11.1 | 0.001  | 15   | 0.0032 |
| -       | -       | 23.2    | 0.0005  | 30.3    | 0.0042  | 11.3 | 0.0005 | -    | -      |
| -       | -       | -       | -       | 31      | 0.0884  | 12   | 0.2179 | -    | -      |
| -       | -       | -       | -       | 31.2    | 0.0792  | 13   | 0.038  | -    | -      |
| -       | -       | -       | -       | 32      | 0.0255  | 14   | 0.0042 | -    | -      |
| -       | -       | -       | -       | 32.2    | 0.1578  | 15   | 0.0005 | -    | -      |
| -       | -       | -       | -       | 33      | 0.0037  | -    | -      | -    | -      |
| -       | -       | -       | -       | 33.2    | 0.0473  | -    | -      | -    | -      |
| -       | -       | -       | -       | 34.2    | 0.0042  | -    | -      | -    | -      |
| -       | -       | -       | -       | 35.2    | 0.0005  | -    | -      | -    | -      |
| TPOX    | D8S1179 |         | D12S391 |         | D19S433 |      | D5S818 |      |        |
| A       | F       | A       | F       | A       | F       | A    | F      | A    | F      |
| 7       | 0.001   | 8       | 0.001   | 15      | 0.0159  | 11   | 0.0011 | 13   | 0.0005 |
| 8       | 0.535   | 10      | 0.1548  | 16      | 0.009   | 12   | 0.0451 | 16   | 0.0016 |
| 9       | 0.1141  | 11      | 0.1152  | 17      | 0.0656  | 12.2 | 0.0047 | 18   | 0.0223 |
| 10      | 0.0379  | 12      | 0.1224  | 18      | 0.2052  | 13   | 0.2884 | 19   | 0.0601 |
| 11      | 0.2914  | 13      | 0.1789  | 19      | 0.2145  | 13.2 | 0.0407 | 20   | 0.0507 |
| 12      | 0.0191  | 14      | 0.1666  | 20      | 0.1831  | 14   | 0.2247 | 21   | 0.1237 |
| 13      | 0.0005  | 15      | 0.1642  | 21      | 0.1236  | 14.2 | 0.1153 | 21.2 | 0.0026 |
| 15      | 0.0005  | 16      | 0.0758  | 22      | 0.0916  | 15   | 0.0713 | 22   | 0.1839 |
| 18      | 0.0005  | 17      | 0.018   | 23      | 0.0526  | 15.2 | 0.1517 | 22.2 | 0.0058 |
| -       | -       | 18      | 0.0026  | 24      | 0.0258  | 16   | 0.0153 | 23   | 0.2161 |
| -       | -       | 19      | 0.0005  | 25      | 0.0116  | 16.2 | 0.0391 | 23.1 | 0.0011 |

(续上表)

| TPOX | D8S1179 | D12S391 | D19S433 | D5S818 |        |      |        |      |        |
|------|---------|---------|---------|--------|--------|------|--------|------|--------|
| -    | -       | -       | -       | 26     | 0.001  | 17   | 0.0011 | 23.2 | 0.0079 |
| -    | -       | -       | -       | 27     | 0.0005 | 17.2 | 0.0005 | 24   | 0.1559 |
| -    | -       | -       | -       | -      | -      | 18.2 | 0.0005 | 24.2 | 0.0095 |
| -    | -       | -       | -       | -      | -      | 20.2 | 0.0005 | 25   | 0.0976 |
| -    | -       | -       | -       | -      | -      | -    | -      | 25.2 | 0.0063 |
| -    | -       | -       | -       | -      | -      | -    | -      | 26   | 0.0386 |
| -    | -       | -       | -       | -      | -      | -    | -      | 26.2 | 0.0026 |
| -    | -       | -       | -       | -      | -      | -    | -      | 27   | 0.0095 |
| -    | -       | -       | -       | -      | -      | -    | -      | 28   | 0.0032 |
| -    | -       | -       | -       | -      | -      | -    | -      | 29   | 0.0005 |

### 3 讨论

本文研究了广东省韶关地区汉族人群953例无关个体20个STR基因座的多态性分布情况, 得出广东省韶关地区汉族人群群体遗传特征的等位基因频率数据。通过Modified-Powerstates软件分析数据所得, 经 $\chi^2$ 检验, 群体中各基因座的基因型分布符合Hardy-Weinber平衡定律( $P>0.05$ ), 未发生偏移, 说明该群体达到了遗传平衡且调查资料可靠<sup>[1]</sup>。

STR遗传标记的多态性程度及法医物证学使用价值, 可用PM、H、DP、PE、PI、PIC的评价指标评估。Gill等<sup>[7-9]</sup>认为, DP值>0.9, H值>0.7, PIC值>0.7的基因座为高鉴别力的基因座, 属于高度多态遗传标记, 具有较高的应用价值。本研究统计953例广东省韶关地区汉族无关个体的20个基因座的群体遗传学参数分析, 可得: D1S1656、D6S1043、D13S317、Penta E、D16S539、D18S51、D2S1338、Penta D、vWA、D21S11、D7S820、D5S818、D8S1179、D12S391、D19S433、FGA共16个STR基因座的DP值>0.9, H值>0.7, PIC值>0.7, 与闽南汉族人群、云南苗族人群文献<sup>[10-11]</sup>报道基本一致, 具有高度遗传多态性。而D3S1358、CSF01、TH01和TPOX基因座的遗传多态性程度相对不高, 这与江门、惠州地区文献<sup>[12-13]</sup>报道基本一致。联合本文研究的20个STR基因座群体遗传学参数, 统计各基因座的DP为0.783~0.986, PE<sub>tri</sub>为0.349~0.829, 与中国南方汉族人群文献<sup>[14]</sup>报道结果相仿。计算该群体TDP为 $1 - 4.0914 \times 10^{-25}$ , CPE<sub>tri</sub>为0.99999998527, 比佛山、阳江、海南、东莞地区文献<sup>[15-18]</sup>中研究15个基因座的TDP、CPE高, 系统效能更大, 对达到鉴定行业标准更有帮助, 有利于司法鉴定工作的顺利进行。

表2 广东省韶关地区汉族人群20个STR基因座的遗传学参数

(n=953)

| 基因座     | 等位<br>基因数 | 基因<br>型 | 随机匹<br>配率PM | 杂合度<br>H | 个体识别<br>力DP | 三联体非父<br>排除率PE <sub>tri</sub> | 二联体非父<br>排除率PE <sub>duo</sub> | 父权指<br>数PI | 多态性息<br>含量PIC | $\chi^2$ 值 | P值    |
|---------|-----------|---------|-------------|----------|-------------|-------------------------------|-------------------------------|------------|---------------|------------|-------|
| D3S1358 | 9         | 24      | 0.129       | 0.726    | 0.871       | 0.474                         | 0.303                         | 1.83       | 0.672         | 0.041      | 0.839 |
| D1S1656 | 16        | 67      | 0.047       | 0.848    | 0.953       | 0.68                          | 0.511                         | 3.29       | 0.816         | 1.264      | 0.261 |
| D6S1043 | 18        | 68      | 0.032       | 0.886    | 0.968       | 0.741                         | 0.586                         | 4.37       | 0.858         | 1.520      | 0.218 |
| D13S317 | 10        | 29      | 0.078       | 0.799    | 0.922       | 0.586                         | 0.407                         | 2.48       | 0.757         | 0.584      | 0.445 |
| Penta E | 26        | 119     | 0.014       | 0.93     | 0.986       | 0.829                         | 0.708                         | 7.11       | 0.909         | 2.393      | 0.122 |
| D16S539 | 10        | 24      | 0.083       | 0.788    | 0.917       | 0.573                         | 0.394                         | 2.36       | 0.749         | 0.142      | 0.706 |
| D18S51  | 19        | 79      | 0.035       | 0.875    | 0.965       | 0.727                         | 0.569                         | 4          | 0.849         | 0.950      | 0.330 |
| D2S1338 | 15        | 68      | 0.032       | 0.852    | 0.968       | 0.734                         | 0.577                         | 3.38       | 0.854         | 2.132      | 0.144 |
| CSF1PO  | 8         | 25      | 0.12        | 0.764    | 0.88        | 0.502                         | 0.326                         | 2.12       | 0.692         | 3.744      | 0.053 |
| Penta D | 13        | 47      | 0.067       | 0.785    | 0.933       | 0.614                         | 0.434                         | 2.32       | 0.769         | 0.277      | 0.598 |
| TH01    | 8         | 22      | 0.152       | 0.686    | 0.848       | 0.442                         | 0.271                         | 1.59       | 0.632         | 0.198      | 0.656 |
| vWA     | 10        | 31      | 0.073       | 0.786    | 0.927       | 0.595                         | 0.417                         | 2.34       | 0.764         | 0.502      | 0.479 |
| D21S11  | 18        | 62      | 0.057       | 0.835    | 0.943       | 0.649                         | 0.476                         | 3.04       | 0.797         | 1.604      | 0.205 |
| D7S820  | 14        | 42      | 0.083       | 0.767    | 0.917       | 0.569                         | 0.389                         | 2.15       | 0.741         | 0.200      | 0.654 |
| D5S818  | 9         | 36      | 0.076       | 0.789    | 0.924       | 0.588                         | 0.41                          | 3.37       | 0.758         | 0.002      | 0.962 |
| TPOX    | 9         | 17      | 0.217       | 0.601    | 0.783       | 0.349                         | 0.196                         | 1.25       | 0.544         | 0.611      | 0.805 |
| D8S1179 | 11        | 41      | 0.038       | 0.829    | 0.962       | 0.705                         | 0.54                          | 3.39       | 0.837         | 3.383      | 0.050 |
| D12S391 | 13        | 62      | 0.042       | 0.86     | 0.958       | 0.696                         | 0.531                         | 3.58       | 0.83          | 1.121      | 0.290 |
| D19S433 | 15        | 52      | 0.055       | 0.801    | 0.945       | 0.646                         | 0.473                         | 2.25       | 0.795         | 1.721      | 0.190 |
| FGA     | 21        | 97      | 0.034       | 0.859    | 0.966       | 0.725                         | 0.566                         | 3.55       | 0.847         | 0.078      | 0.778 |

综上所述, PowerPlex® 21 System试剂盒的20个STR基因座等位基因分布好, 联合应用后系统效能大, 具有高度遗传多态性, 能够满足广东省韶关地区汉族人群司法鉴定的个体识别和亲权鉴定的要求以及DNA数据库建立的需要, 也适于群体遗传学等相关研究和实践应用, 是法医科学的有效工具。

#### 参考文献:

- [1] 侯一平. 法医学物证学[M]. 4版. 北京: 人民卫生出版社, 2016: 4-5, 14-17.
- [2] MICKA K A, AMIOTT E A, HOCKENBERRY T L, et al. TWGDAM validation of a nine-locus and a four-locus fluorescent STR multiplex system[J]. J Forensic Sci, 1999, 44(2): 1243-1245.
- [3] KRENKE B E, TEREBA A, ANDERSON S J, et al. Validation of a 16-locus fluorescent STR multiplex system[J]. J Forensic Sci, 2002, 47(1): 773-785.
- [4] BUTLER J M. Forensic DNA typing: biology, technology, and genetics of STR marker[M]. 2nd ed. San Diego: Academic Press, 2005: 140-160.
- [5] 郑秀芬. 法医DNA分析[M]. 北京: 中国人民公安大学出版社, 2002: 38-39, 384-387.
- [6] WILLIAMS R B J T. Genetic data analysis II: methods for discrete population genetic data by Bruce S. Weir[J]. Human Biology, 1997, 69(4): 583-586.
- [7] GILL P, URQUHART A, MILLICAN E, et al. A new method of STR interpretation using inferential logic-development of a criminal intelligence database[J]. Int J Legal Med, 1996, 109(1): 14-22.
- [8] LI X, WANG Z. Determination of mercury by intermittent flow electrochemical cold vapor generation coupled to atomic fluorescence spectrometry[J]. Anal Chim Acta, 2007, 588(2): 179-183.
- [9] BUTLER J M. 法医DNA分型专论: 方法学[M]. 侯一平, 李成涛, 译. 北京: 科学出版社, 2013: 88-90.
- [10] 王永清, 林彬辉, 陈晓燕, 等. 闽南汉族人群20个STR基因座遗传多态性[J]. 中国法医学杂志, 2014, 29(3): 264-266.
- [11] 张柠, 姜焰凌, 方宝雄, 等. 云南苗族人群20个常染色体STR基因座遗传多态性[J]. 昆明医科大学学报, 2019, 40(2): 30-35.
- [12] 赵永兴, 王芳, 吴晓龙. 惠州地区汉族人群15个STR基因座遗传多态性分析[J]. 中国法医学杂志, 2009, 24(2): 114-116.
- [13] 张洁, 冯东亮. 广东江门地区汉族人群23个STR基因座遗传多态性[J]. 分子诊断与治疗杂志, (下转第159页)

重程度, IL-6的浓度逐渐升高<sup>[11]</sup>。为了系统地评估IL-6水平与手足口病的关系, 陈水连等<sup>[12]</sup>采用Meta分析两者的相关性, 其结果与幸黔鲁等<sup>[11]</sup>研究一致。本研究实验组IL-6水平和阳性率均高于对照组, 说明IL-6对手足口病的诊断具有重要意义。

当前PCT作为检测指标被广泛应用于临床。研究表明PCT在健康人血清中的含量低于0.1 μg/L, 难以检测, 当机体发生炎症反应时会明显增高, 而且其对细菌感染鉴别的特异性和敏感性均高于CRP、WBC<sup>[13]</sup>。本研究发现实验组的PCT水平明显高于对照组, 其阳性检出率亦相对较高, 与以往的研究结果一致<sup>[14]</sup>, 提示PCT的检测对于手足口病的临床诊治具有重要意义。同时PCT可作为手足口病诊疗的检测指标, 尤其是应用于重症手足口病伴发神经系统损伤患儿的早期治疗, 可为临床合理使用抗生素提供参考。

综上所述, 手足口病多发于低龄儿童, 因病情的严重程度可引起机体不同程度的全身炎症反应与器官损伤<sup>[15]</sup>。血WBC、CRP、SAA、IL-6和PCT在手足口病患儿中高表达, 其或可作为手足口病早期诊断的辅助指标, 为手足口病的诊治提供依据。

#### 参考文献:

- [1] 杨少婷. 广州市荔湾区儿童父母手足口病防治知识情况调查[J]. 现代医院, 2017, 17(8): 1158-1160.
- [2] 管建, 姜娟娟. 血清IL-6、IL-10、CRP和PCT水平检测对手足口病早期合并细菌感染患儿的临床诊断价值[J]. 医学信息, 2018, 31(15): 146-147.
- [3] 马丽娜. 血清降钙素原水平对手足口病合并细菌感染患儿的诊断价值[J]. 感染、炎症、修复, 2018, 19(2): 45-46.
- [4] 周鹰豪, 蔡志军. 降钙素原测定在手足口病合并细菌感染患儿中的应用价值[J]. 黑龙江医学, 2017, (11): 81-83.
- [5] 刘智, 陆少颜, 林胜元. 联合检测血清淀粉样蛋白A、C反应蛋白和白细胞计数诊断儿童感染性疾病的应用价值[J]. 中国医学工程, 2017, 25(11): 58-60.
- [6] 张中馥, 张楠, 李清华, 等. 动态监测血清CRP、PCT水平对手足口病病情转归时的监测意义[J]. 河北医药, 2018, 40(13): 2030-2032.
- [7] 杨丽萍. 手足口病治疗前后C反应蛋白、超敏C反应蛋白、降钙素原检测的波动情况分析[J]. 中国实用医药, 2017, 12(33): 30-32.
- [8] 秦育滨, 徐孝伦, 李妙娜. 血清淀粉样蛋白A联合C反应蛋白检测在儿童手足口病患儿中的临床应用研究[J]. 中国实用医药, 2017, 12(34): 68-70.
- [9] 林荣华, 林养, 吴春芳, 等. 小儿感染性疾病早期血清淀粉样蛋白A和超敏C反应蛋白水平的检测及意义[J]. 广东医科大学学报, 2018, 36(3): 306-308.
- [10] 解娟, 袁军, 张艳, 等. 血清淀粉样蛋白A(SAA)在儿童手足口病中的临床应用[J]. 现代检验医学杂志, 2016, 31(6): 102-104.
- [11] 幸黔鲁, 张娇月, 白国辉, 等. 丙种球蛋白对重症手足口病患儿细胞因子、hs-cTn、NSE和S-100β蛋白的影响[J]. 广东医科大学学报, 2017, 35(5): 522-525.
- [12] 陈水连, 刘如春, 陈田木, 等. IL-6水平与我国手足口病关系的Meta分析[J]. 疾病监测与控制杂志, 2016(1): 10-13.
- [13] 刘志群, 罗如平, 刘静, 等. 手足口病患儿血清白细胞介素-6、C反应蛋白及血管内皮素水平变化的临床意义[J]. 国际免疫学杂志, 2018, 41(1): 32-36.
- [14] 刘翠. 超敏C-反应蛋白检测对手足口病诊断的作用[J]. 国际检验医学杂志, 2017, 38(6): 841-842.
- [15] 徐丹萍, 周美英, 石卫武, 等. C反应蛋白在肠道病毒71型感染患儿中的临床诊断价值[J]. 中华传染病杂志, 2018, 36(5): 298-301.
- [16] 秦国栋, 于海兵, 冯盛杰. 广东阳江地区汉族人群15个STR基因座遗传多态性[J]. 中国法医学杂志, 2016, 31(6): 626-627.
- [17] 陈春宝, 苏震, 田昕, 等. 海南地区汉族人群15个STR基因座的遗传多态性[J]. 法医学杂志, 2017, 33(6): 662-665.
- [18] 袁艳君, 杨柳青, 易俊波, 等. 广东东莞地区汉族人群15个

(上接第156页)

2017, 9(4): 247-251.

- [14] 陈玲, 陆慧洁, 杜蔚安, 等. 中国南方汉族人群20个常染色体STR基因座的多态性分析(英文)[J]. 南方医科大学学报, 2017, 37(2): 141-149.
- [15] 陈启华, 车志文. 广东省佛山地区汉族人群15个STR基因座遗传多态性[J]. 分子诊断与治疗杂志, 2014, 6(5): 17-21.