用于五大洲际人群区分的SNP体系研究

郝伟琪[1],刘　京[2],江　丽[2],黄美莎[3],李玖玲[2],马　泉[2],刘　超[1,4],李彩霞[2*],王慧君[1*]

[1]南方医科大学法医学院,广东　广州　510515;[2]公安部物证鉴定中心,北京市现场物证检验工程技术研究中心,法医遗传学公安部重点实验室,现场物证溯源技术国家工程实验室,北京　100038;[3]山西医科大学法医学院,山西　太原　030001;[4]广州市刑事科学技术研究所广东省法医遗传学重点实验室,广东　广州　510030

[摘　要]　**目的:**建立针对五大洲际人群(东亚、欧洲、非洲、大洋洲和美洲)的常染色体SNP复合检测体系,验证评价其人群区分效能。**方法:**从The Global AIMs Nano set中筛选出28个SNP位点进行复合检测体系的构建,用该体系检测来自16个人群的712份样本,检测结果和千人基因组中的20个人群和CEPH库中的2个人群合并共计2 804份个体的分型数据,采用聚类分析方法和主成分分析方法进行体系效能评价。选取祖先成分大于90%的样本构建参考人群分型库,对140份个体样本进行群体匹配概率、个体主成分分析等人群来源推断,评估该体系在实际样本的人群来源区分能力。**结果:**该体系不仅能对五大洲际人群进行区分,而且对混合人群也有一定区分能力,对已知来源样本的祖先成分和人群匹配分析结果显示与其来源信息一致。**结论:**该体系能够实现对欧洲、东亚、非洲、美洲、大洋洲以及混合人群的区分,并能够推断个体祖先来源成分组成,在实际检案中可以进行推广应用。

[关键词]　法医遗传学;AIMs;复合扩增;人群遗传结构分析;祖先来源推断

[中图分类号]　D919.2　　[文献标志码]　A　　[文章编号]　1007-4368(2018)03-331-07

doi:10.7655/NYDXBNS20180310

The study of a SNP-multiplex for the ancestry inference of five continental populations

Hao Weiqi[1], Liu Jing[2], Jiang Li[2], Huang Meisha[3], Li Jiuling[2], Ma Quan[2], Liu Chao[1,4], Li Caixia[2*], Wang Huijun[1*]

[1]Institute of Forensic Medicine, Southern Medical University, Guangzhou 510515; [2]Key Laboratory of Forensic Genetics, Beijing Engineering Research Center of Crime Scene Evidence Examination, National Engineering Laboratory for Forensic Science, Institute of Forensic Science, Beijing 100038; [3]Institute of Forensic Medicine, Shanxi Medical University, Taiyuan 030001; [4]Guangzhou Forensic Science Institute, Guangdong Province Key Laboratory of Forensic Genetics, Guangzhou 510030, China

[**Abstract**]　**Objective:** This research was aimed to develop a single-tube multiplex assay of 28 autosomal SNPs to validate its ability of differentiating population from 5 continents and estimate its value in cases. **Methods:** We selected 28 SNPs from The Global AIMs Nano set to develop the single-tube multiplex assay using SNaPshot technique system. Using this system, we detected 712 individuals from 16 populations in our lab. We combined these results and data that collected from 1 000 genomes and HGDP-CEPH (total 2 804 samples, 38 populations) together and used structure cluster analysis and frequency PCA analysis to evaluate this panel. We selected samples of which ancestry component was greater than 90% to build classification library of reference population. Analyses of group matching probability (MP) and individual principal component were performed in 140 individual samples to evaluate the differentiation ability on population source of the multiplex assay in actual samples. **Results:** Not only could this multiplex assay of 28 SNPs differentiate the population from 5 continents but the admixture of South Asia and Eurasian population. The ancestry component and MP value of some known origin samples were consistent with the sample information. **Conclusion:** This multiplex assay can differentiate the population from 5 continents and differentiate the ancestry origins of individuals correctly. This multiplex assay is applicable for criminal investigations in the forensic practice.

[**Key words**]　forensic genetics; AIMs; compound amplification; genetics structure analysis; ancestry inference

[Acta Univ Med Nanjing, 2018, 38(03): 331-337]

[基金项目]　国家重点研发计划(2017YFC0803501);中央公益类基本科研业务费专项资金项目(2016JB039);公安科技成果推广引导计划(2016TGYDGAES14)

*通信作者(Corresponding auther),E-mail:licaixia@tsinghua.org.cn; hjwang@smu.edu.cn

检测人群间分布差异大的DNA多态性位点即祖先信息位点[1](ancestry informative marks，AIM)可以推断犯罪现场DNA供者的族群地域来源。短串联重复序列(short tandem repeats，STR)[2]、单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism，SNP)[3]、插入/缺失多态性[4](Indel)等均可作为AIM用于族群推断，发挥了良好作用。而SNP有HapMap Project、1000Genomes等数据库支持，成为近年来筛选AIM位点的重要遗传标记。目前报道了大量洲际人群区分的AIM体系，例如Frudakis等[3]的56-SNPs、Phillips等[5]的34-SNPs、本项目组的27-SNPs[6-7]等用于非洲、东亚和欧洲三大人群的推断。在现行法医DNA实验室检测条件下，表现良好的SNP族群推断体系应在确保人群区分效能的前提下，各人群之间的区分能力要保持均衡；位点信息量尽量高，位点数目尽量少；检测方法简单易行[8]。有研究筛选出31个AIM[9]，包含3个三等位基因SNP和28个二等位基因，能实现对五大洲际人群(东亚、欧洲、非洲、大洋洲和美洲)的区分，其区分能力的平衡保证了其在进行混合个体推断时减少祖先成分偏倚的产生，而后者在实际法医学检案中极为重要，但是该体系并没有得到实际检测样本的验证。由于该体系中的三等位基因SNP对族群推断贡献不显著，本文选择其中28个二等位基因SNP进行复合扩增体系和算法的研究，并用实际样本验证评估其区分效能。

1 材料和方法

1.1 材料

本文选取公共数据库千人基因组里的20个人群2 000个样本及CEPH里2个人群92个样本，检测样本包括16个人群的712份样本，其中来自美国耶鲁大学Kidd实验室13个人群358份DNA样本提取自细胞系；本实验室(Caixia lab)收集的3个人群354份生物样本来源于国家科技资源共享服务平台计划项目(YCZYPT[2017]01-3和2017JB025)。所有样本采用QIAamp DNA Blood Mini Kit试剂盒(Qiagen公司，德国)提取静脉血，NanoDrop 2000c分光光度计进行DNA定量。以去离子灭菌水调整浓度至5~10 ng/μL备用。共38个人群2 804个个体作为验证样本(表1)。

1.2 方法

1.2.1 SNPs位点的来源

通过对“The Global AIMs Nano set”的分析，删去31个AIM中的3个三等位SNP位点，利用剩余的28个二等位基因SNP位点进行复合体系的构建(表2)。

1.2.2 PCR复合扩增

PCR复合扩增反应体系为5.0 μL，内含10×PCR buffer(含Mg^{2+}15 mmol/L)0.6 μL、25 mmol/L $MgCl_2$ 0.9 μL、10 mmol/L dNTP 0.1 μL、复合扩增引物0.7 μL、5 U/μL Hot StarTaq® plus DNA聚合酶(Qiagen公司，德国)0.1 μL、5 ng/μL模板DNA 1.0 μL。PCR反应条件：95 ℃ 10 min；95 ℃ 30 s，55 ℃ 40 s，72 ℃ 1 min，循环32次；最后72 ℃延伸20 min。纯化反应体系为7.5 μL，内含扩增产物5.0 μL、H_2O 1.0 μL、*Exo* Ⅰ(10 U/μL)0.2 μL、SAP(1 U/μL)1.0 μL、10×SAP buffer 0.3 μL。充分振荡混匀后37 ℃孵育45 min，85 ℃ 15 min灭活酶活性。

使用SNaPshot®Multiplex Kit(ABI公司，美国)进行单碱基延伸反应，采用5.5 μL体系，内含纯化后PCR产物2.0 μL，复合延伸引物1.0 μL，SNaPshot mix 2.5 μL。PCR反应条件：96 ℃ 10 s后59 ℃ 5 s，60 ℃ 30 s，循环33次。之后向反应产物中加入1 μL SAP(1 U/μL)，37 ℃孵育80 min，85 ℃ 15 min进行纯化处理，去除多余引物和dNTP。

在3130-XL遗传分析仪(ABI公司，美国)上对上述延伸纯化产物进行毛细管电泳检测。检测体系10.0 μL，包括1.0 μL单碱基延伸纯化后产物、9.5 μL甲酰胺和0.25 μL内标GeneScanLiz-120(ABI公司，美国)。电泳参数设置：进样时间18 s，进样电压3.0 kV，电泳电压13.4 kV，电泳时间15 min。根据Gene mapper ID v3.2软件进行基因分型分析。

1.2.3 软件及分析方法

主成分分析(PCA)：利用Rv3.2.3软件进行主成分分析：①将包括公共数据库样本和检测样本在内的38个人群，按洲际和地域分为非洲、美洲、东亚、欧洲、大洋洲、混合人群(中亚、中南亚、南亚)，并进行基于基因频率的群体主成分分析；②随机从7个测试人群中(表1)各抽取1个样本进行个体主成分分析。

聚类分析：针对表1中的38个人群，用Structure.v2.3.4软件进行聚类分析(K取3~7)，分析各人群的遗传结构，使用Distruct 1.1绘制人群聚类结果图；并对上述进行个体主成分分析的7个样本进行个体祖先成分的统计。

随机人群匹配概率：用法医智能软件对随机挑选的来自7个人群140份测试样本(表1中已标注)进行人群随机匹配的计算。

表1　人群样本信息

Table 1　The information of population

群体	编号	人群信息	群体简称	样本量	样本来源
非洲群体	1	尼日利亚人	ESN	99	千人基因组
	2	肯尼亚卢希亚人	LWK	99	千人基因组
	3	冈比亚西部人	MAG	113	千人基因组
	4	塞拉利昂的门德人	MSL	85	千人基因组
	5	尼日利亚伊巴丹的约鲁巴人	YRI	108	千人基因组
	6	格米人	MBU	38	美国耶鲁大学Kidd实验室
	7	马赛人	MAS	20	美国耶鲁大学Kidd实验室
	8	桑达韦人	SND	10	美国耶鲁大学Kidd实验室
	9	约鲁巴人[a]	YOR	37(20)	美国耶鲁大学Kidd实验室
美洲群体	10	哥伦比亚/墨西哥/巴西	AMR	64	斯坦福大学数据库
	11	美洲人[a]	KAR	54(20)	美国耶鲁大学Kidd实验室
	12	墨西哥比马人	PMX	5	美国耶鲁大学Kidd实验室
	13	Guihiba人	GHB	12	美国耶鲁大学Kidd实验室
东亚群体	14	中国西双版纳傣族人	CDX	93	千人基因组
	15	中国北京的汉族人	CHB	103	千人基因组
	16	中国南方的汉族人	CHS	105	千人基因组
	17	日本的东京人	JPT	104	千人基因组
	18	越南京族人	KHV	99	千人基因组
	19	中国河南汉族人[a]	HNH	63(20)	本实验室
	20	中国广西汉族人[a]	GXH	54(20)	本实验室
	21	客家人	HKA	16	美国耶鲁大学Kidd实验室
欧洲群体	22	美国犹他的北欧和西欧人后裔	CEU	99	千人基因组
	23	芬兰的芬兰人	FIN	99	千人基因组
	24	英格兰和苏格兰的英国人	GBR	91	千人基因组
	25	西班牙的伊比利亚人	IBS	107	千人基因组
	26	意大利的塔斯卡尼人	TSI	107	千人基因组
	27	欧美人[a]	EAM	91(20)	美国耶鲁大学Kidd实验室
大洋洲群体	28	南美拉尼西亚和巴布亚人	OCE	28	斯坦福大学数据库
	29	美拉尼西亚人[a]	NAS	22(20)	美国耶鲁大学Kidd实验室
	30	新几内亚巴布亚岛人	PNG	22	美国耶鲁大学Kidd实验室
混合人群	31	维吾尔族人[a]	UY	237(20)	本实验室
	32	阿萨姆邦人	KCH	17	美国耶鲁大学Kidd实验室
	33	科希斯坦人	THT	14	美国耶鲁大学Kidd实验室
	34	孟加拉国的孟加拉人	BEB	86	千人基因组
	35	美国休斯顿的古吉拉特印度人	GIH	103	千人基因组
	36	英国的印度泰卢固人	ITU	102	千人基因组
	37	巴基斯坦的旁遮普人	PJL	96	千人基因组
	38	英国的斯里兰卡泰米尔人	STU	102	千人基因组

a:表示测试人群;括号里表示所选用的测试样本的数目。

2　结　果

2.1　28-plex SNP检测结果

用上述体系检测模板浓度为5 ng/μL的样本,以等位基因峰低于500相对荧光单位(relative fluorescent unit,RFU)视为等位基因丢失,结果显示28个位点等位基因均可正确判型(图1)。

2.2　对体系区分效能的评价

2.2.1　主成分分析

基于群体基因频率对所研究的38个人群进行

表2 28个SNP位点的详细信息

Table 2 The information of the 28 SNP loci

编号	位点	染色体号	染色体位置	突变类型	所区分地域*
1	rs715605	22	30640308	A/G	大洋洲
2	rs1229984	4	100239319	T/C	东亚
3	rs1426654	15	48426484	A/G	欧洲
4	rs1557553	22	44760984	C/T	美洲
5	rs1871534	8	145639681	G/C	非洲
6	rs2080161	7	13331150	A/C	美洲
7	rs2139931	1	84590527	A/G	大洋洲
8	rs2789823	9	136769888	G/A	非洲
9	rs2814778	1	159174683	T/C	非洲
10	rs3751050	11	9091244	T/C	大洋洲
11	rs3827760	2	109513601	A/G	东亚
12	rs4657449	1	165465281	G/A	东亚
13	rs4749305	10	28391596	A/G	欧洲
14	rs4792928	17	42105174	T/C	欧洲
15	rs6054465	20	6673018	T/C	大洋洲
16	rs6437783	3	108172817	C/T	东亚
17	rs8072587	17	19211073	C/G	欧洲
18	rs8137373	22	41729216	G/A	美洲
19	rs9809818	3	71480566	C/A	大洋洲
20	rs9522149	13	111827167	T/C	欧洲
21	rs9908046	17	53563782	C/T	大洋洲
22	rs10483251	14	21671277	G/T	美洲
23	rs12142199	1	1249187	G/A	欧洲
24	rs12402499	1	101528954	G/A	美洲
25	rs12498138	3	121459589	G/A	美洲
26	rs12594144	15	64161351	C/A	东亚
27	rs16891982	5	33951693	C/G	欧洲
28	rs17822931	16	48258198	C/T	东亚

*:该信息来源于“The Global AIMs Nano set”[9]。

主成分分析(图2)。38个人群分为较为明显的6个部分,分别为非洲、美洲、东亚、欧洲、大洋洲和混合人群,其中混合人群在欧洲与东亚之间连续性分布。

2.2.2 聚类分析

使用该28个AIM,对上述38个人群共2 804个样本进行遗传结构的分析(图3)。

2.3 单独个体的人群来源推断测试

为避免混合成分出现,同时达到最大的区分能力,选择K=6作为该体系较理想的区分能力;同时为了进一步应用于法医实际检案中,提高推断的准确性,选取祖先主成分大于90%的个体(共2 201个样本)作为参考样本构建参考人群基因分型数据库,并采用以下统计方法进行该体系个体推断能力的评价。

2.3.1 似然比

对已知个体来源的140个样本基于参考数据库(不包含140个测试样本)进行随机人群匹配概率计算,基于似然比进行其可能洲际人群来源的统计(表3)。

2.3.2 测试个体的人群来源归类

从上述来自7个人群的140个测试样本中,每个测试人群随机抽取1个样本基于所构建的参考数据库进行个体主成分分析,推断其人群来源,如图4所示,7个样本的祖先成分计算统计见表4。

3 讨 论

3.1 体系分析

我们之前建立了针对三大洲际人群(东亚、欧、

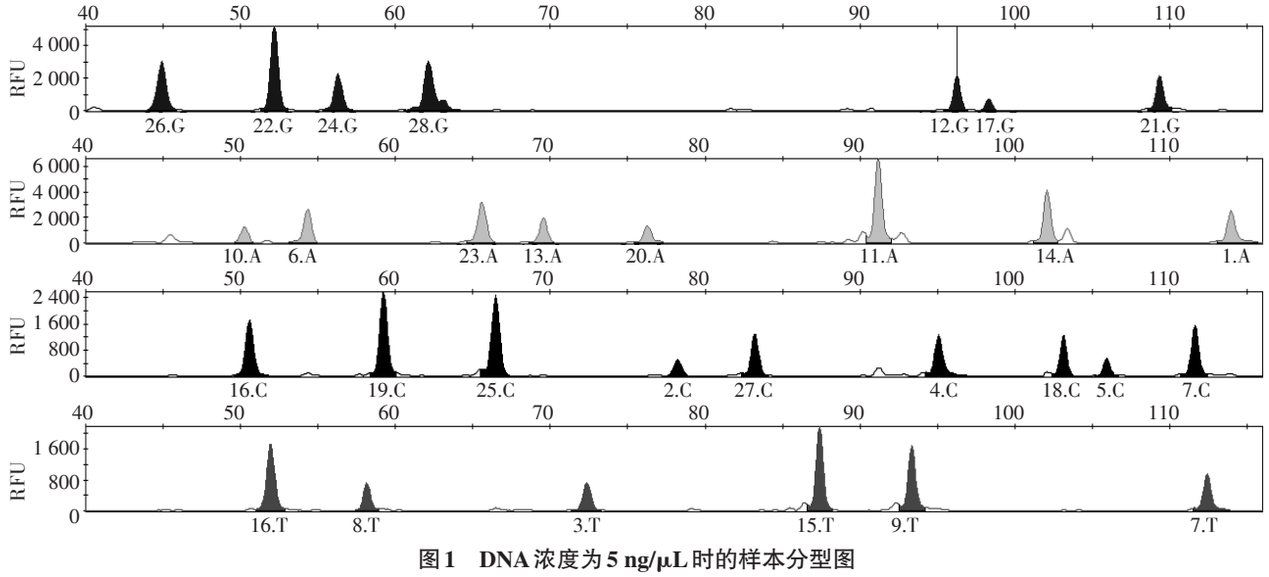


图1 DNA浓度为5 ng/μL时的样本分型图

Figure 1 The parting chart with DNA concentration of 5 ng/μL

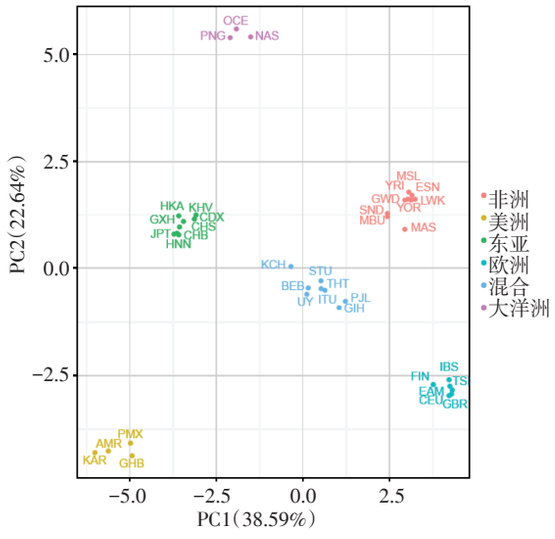


图2　28个SNPs在38个人群中分型基因频率的主成分分析

Figure 2　Principal component analysis of 38 populations based on allele frequencies of 28 SNPs

非）的27plex SNP[10]，虽能够很好实现三大洲际人群的区分及其遗传结构的分析，但对于美洲和大洋洲的区分尚显不足。该体系弥补了27-plex SNP对于美洲和大洋洲人群区分的不足。这在法庭科学的应用中，使得对于案件现场遗留生物物证来源的判断更加准确，两者的相互印证可为案件侦破提供更可靠的证据。

3.2　体系构建结果

该体系位点来源于“The Global AIMs Nano set”，28个AIM符合以下标准：①对五大洲际人群的区分能力保持良好的均衡性；②位点间间隔至少1 Mb，减少了连锁遗传的发生几率。该体系采用较为普及的SNaPshot检测分型技术，28个位点等位基因均可明显判断分型（图1），但是从图中可以看到仍然有非特异性峰的出现。另外该体系未进行灵敏度、种属特异性的测试，后期需要进行该两项测试及上

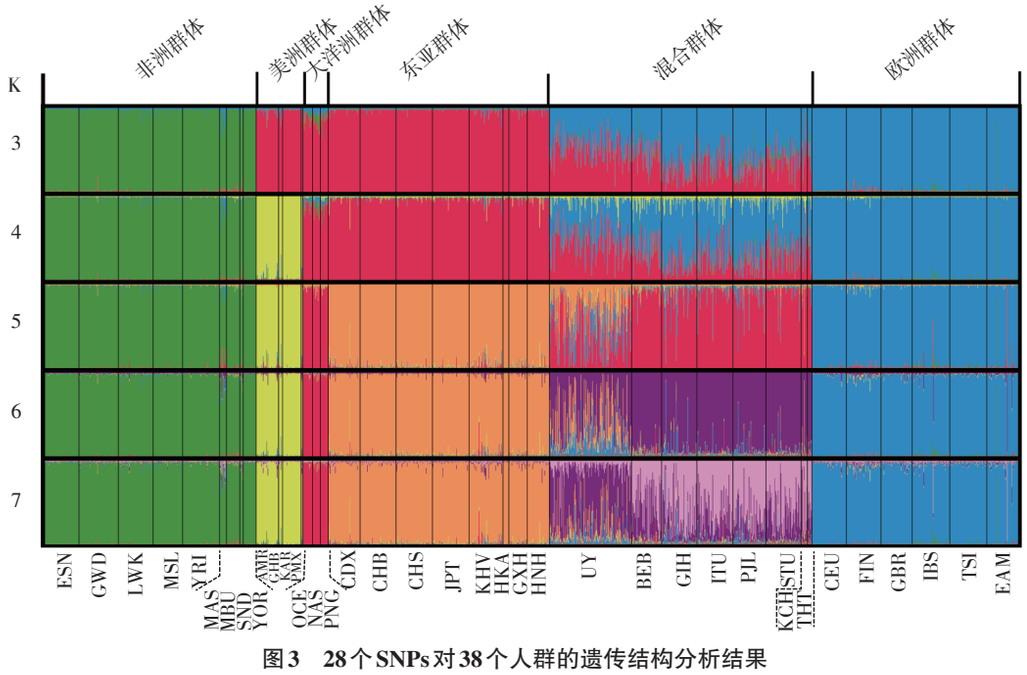


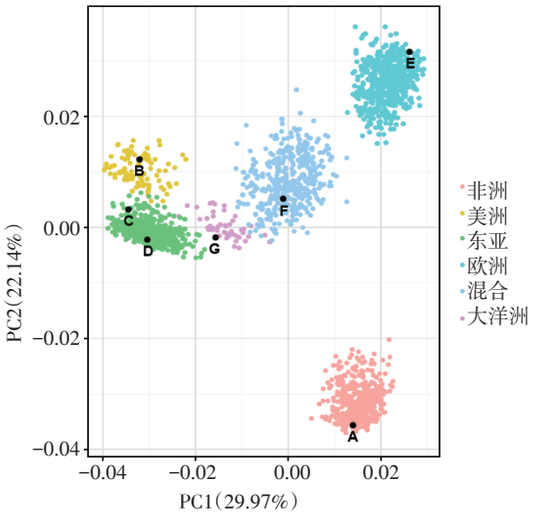
图3　28个SNPs对38个人群的遗传结构分析结果

Figure 3　Structure analysis of 28 SNPs in 38 populations

表3　测试样本匹配概率结果

Table 3　The result of test samples' random match probability

测试样本	非洲	美洲	东亚	欧洲	大洋洲	混合人群	不排除
YOR（n=20）	20/20						
KAR（n=20）		20/20					
GXH（n=20）			20/20				
HNH（n=20）			20/20				
EAM（n=20）				20/20			
NAS（n=20）					20/20		
UY（n=20）						17/20	3/20



A:非洲个体;B:美洲个体;C:东亚个体(广西汉);D:东亚个体(河南汉);E:欧洲个体;F:维族;G:大洋洲个体。

图4 测试样本的人群归类分析图

Figure 4 Population assignment of test individuals

述非特异性峰的处理。

3.3 样本人群区分结果

用该体系对16个测试人群进行检测分型,得到的结果与来源于千人基因组里的20个人群及CEPH里2个人群,共38个人群2 804个样本进行主成分分析(图2)和聚类分析(图3)。从图2中可以看出,主成分1(PC1)和主成分2(PC2)解释了61.3%的差异,28个位点可以把38个人群很明显地区分成六大部分,结合表1发现,分布较集中的人群为同一洲际祖先来源,来源于五大洲际(非洲、欧洲、东亚、美洲、大洋洲)的30个人群被很明显地区分为五大部分,在主成分1中美洲、东亚、大洋洲、非洲、欧洲被依次区分开,其中东亚人群和欧洲人群分布相对较集中,混合人群(8个)的人群分布相对较分散,但均位于东亚人群和欧洲之间,该部分属于南亚和欧亚混合人群,其分布的不集中也进一步说明了其遗传结构的复杂[11-12],需要进一步研究;在主成分2中,大洋洲和美洲人群被区分开,由于大洋洲人群数较少,其集中趋势表现得不明显,后期考虑增加人群数进行进一步分析。从聚类分析结果(图3),当K=3时,人群被聚类为三大部分:非洲、欧洲被区分开,美洲、大洋洲和东亚人群呈现出一致的祖先组成,维族等混合人群的遗传成分呈现在欧洲和东亚祖先成分的连续分布。随着K值增加,先后在美洲、大洋洲出现新的祖先主成分,当K值为6时,所有个体对应于6个人群组:非洲、美洲、大洋洲、东亚、混合人群、欧洲,混合人群出现独立祖先成分,说明维吾尔族和南亚的混合人种经过长期的融合与进化,已经成为遗传成分相对稳定的过渡人种。当K值增加到7时,南亚混合人群出现新的成分,说明其与中亚的混合人群在祖先来源与遗传结构上有差异。当K值继续增加时,东亚人群未出现进一步分层现象,说明该体系不能对东亚局部的亚人群进一步区分。

表4 7个测试样本祖先来源分析结果

Table 4 Ancestry inference of seven test individuals (%)

测试样本	非洲	美洲	东亚	欧洲	混合	大洋洲
非洲个体(A)	97.80	0.40	0.50	0.40	0.60	0.40
美洲个体(B)	0.10	99.30	0.20	0.10	0.20	0.10
东亚个体(C)	0.50	0.30	97.30	0.20	0.80	0.90
东亚个体(D)	0.20	0.80	98.20	0.10	0.30	0.30
欧洲个体(E)	0.20	0.30	0.20	98.50	0.50	0.30
维族个体(F)	0.50	0.50	1.10	0.80	96.90	0.30
大洋洲个体(G)	0.20	0.40	4.90	0.20	0.20	94.20

3.4 单独个体的人群来源推断

140个已知祖先信息来源的测试样本,计算其随机人群匹配概率和似然比(以似然比大于100判断其最可能祖先来源),进行祖先来源的推断,结果见表3。140个测试样本中祖先来源推断与样本信息一致的有137个;另外3个来源于维族的样本祖先推断来源分别为混合人群、东亚和欧洲,但其似然比均小于100,推断结果不排除样本信息。综上,该体系对测试样本祖先来源推断绝对准确率达97.86%,另有2.14%不能排除样本信息来源。结合表3可以看出该体系在对五大洲际人群来源推断时准确性较高,而在进行混合人群推断时需要综合祖先成分和匹配概率值进行分析。另外,种族和民族不是一致的概念,维族地处亚欧交界,属欧亚混合人群,不同人群之间的融合是一个渐变过程,仅仅依靠似然比不足以全面反映人群的精确祖先来源构成,例如本研究中的3例样本,无法通过似然比确

定人群来源,而祖先成分比例可以看出样本的来源构成,3个样本的祖先成分分别为:UY10(东亚35.90%,混合2.90%,欧洲59.40%);UY109(东亚42.60%,混合39.40%,欧洲9.80%);UY(东亚60.60%,混合3.90%,欧洲23.00%),该结果符合其地理位置分布,在以后对该人群的区分中要进行多方面的综合考虑。从个体主成分分析结果(图4)可以看出,7个已知个体样本均能落到相对应的祖先人群中,而G样本(大洋洲来源个体)的位置在对应群体较为靠边的位置;与个体主成分分析相对应,个体祖先成分计算中(表4)可以看出G样本(大洋洲来源个体)也是7个样本中对应祖先成分最低的,另外6个测试样本的祖先主成分都达到了96%以上。据研究大洋洲包含众多群岛,而且人群基因结构复杂[13],分析其祖先主成分较低的原因可能是所选择大洋洲参考样本量相对较少,缺失部分遗传结构成分。考虑到后期实际法医检案中的应用,将收集更多大洋洲相关样本进行统计分析,筛选出更多的相关样本作为参考样本使该人群的遗传结构更加全面,从而更准确地进行个体祖先来源的推断。

该复合体系可以有效进行东亚、欧洲、非洲、美洲和大洋洲五大人群和混合人群的遗传结构分析和个体的祖先来源推断,另外利用该体系进行相关数据库的建立,为其实际法医学应用提供了重要依据和参考。考虑到当今社会人口流动频繁,流动范围广,该体系采用较少的位点实现了针对五大洲际人群的区分,相比我们之前建立的针对欧、亚、非三大洲际人群的27-Plex SNP覆盖范围更广,两体系在法医DNA检验中针对未知样本的祖先来源推断可以相互印证,为相关案件提供更多更准确的侦查线索。

[参考文献]

[1] Budowle B, Van Daal A. Forensically relevant SNP classes [J]. Biotechniques, 2008, 44(5): 603-608, 610

[2] Shriver MD, Smith MW, Jin L, et al. Ethnic-affiliation estimation by use of population-specific DNA markers [J]. Am J Hum Genet, 1997, 60(4): 957-964

[3] Frudakis T, Venkateswarlu K, Thomas MJ, et al. A classifier for the SNP-based inference of ancestry [J]. J Forensic Sci, 2003, 48(4): 771-782

[4] Santos C, Phillips C, Oldoni F, et al. Completion of a worldwide reference panel of samples for an ancestry informative Indel assay [J]. Forensic Sci Int Genet, 2015, 17: 75-80

[5] Phillips C, Salas A, Sánchez JJ, et al. Inferring ancestral origin using a single multiplex assay of ancestry-informative marker SNPs [J]. Forensic Sci Int Genet, 2007, 1(3/4): 273-280

[6] Wei YL, Wei L, Zhao L, et al. A single-tube 27-plex SNP assay for estimating individual ancestry and admixture from three continents [J]. Int J Legal Med, 2016, 130(1): 27-37

[7] Jia J, Wei YL, Qin CJ, et al. Developing a novel panel of genome-wide ancestry informative markers for bio-geographical ancestry estimates [J]. Forensic Sci Int Genet, 2014, 8(1): 187-194

[8] Cho S, Yu HJ, Han J, et al. Forensic application of SNP-based resequencing array for individual identification [J]. Forensic Sci Int Genet, 2014, 13: 45-52

[9] De La Puente M, Santos C, Fondevila M, et al. The global AIMs Nano set: a 31-plex SNaPshot assay of ancestry-informative SNPs [J]. Forensic Sci Int Genet, 2016, 22: 81-88

[10] 魏　丽,魏以梁,江　丽,等. 27-plex SNPs复合扩增检测体系构建与应用评价[J]. 中国法医学杂志,2016,31(1):13-17

[11] Li CX, Pakstis AJ, Jiang L, et al. A panel of 74 AISNPs: Improved ancestry inference within Eastern Asia [J]. Forensic Sci Int Genet, 2016, 23: 101-110

[12] Xu S, Huang W, Qian J, et al. Analysis of genomic admixture in Uyghur and its implication in mapping strategy [J]. Am J Hum Genet, 2008, 82(4): 883-894

[13] Friedlaender JS, Friedlaender FR, Reed FA, et al. The genetic structure of pacific islanders [J]. PLoS Genet, 2008, 4(1): e19

[收稿日期] 2017-05-02