

# 中国汉族人群(西安)STR基因扫描与遗传结构

李生斌<sup>1</sup>, 冯继东<sup>2</sup>, 李双顶<sup>1</sup>, 于嘉林<sup>2</sup>, 杨焕明<sup>3</sup>

1.西安医科大学法医学院;西安 710061; 2.中国农业大学国家生物技术重点实验室;北京 100094; 3.中国科学院遗传研究所;北京 100101

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 选择9种STR基因位点和Amelogenin基因位点,以测序为基础,研究我国汉族人群STR遗传结构。采用基因自动测序仪建立了10个位点基因分析方法,通过对汉族群体的基因扫描、基因分型和遗传结构分析,获得了STR基因传递特征的大量基因遗传数据,在汉族人群DP为 $1.05 \times 10^{-10}$ , EPP为0.9998,为建立我国不同民族STR基因数据库、基因资源研究与保护奠定了基础,为生物考古、基因诊断、性别鉴定、个人识别、司法审判、侦察破案提供有力的科学依据。

**关键词** [STR](#) [基因扫描](#) [基因资源](#) [汉族人群](#)

分类号

## Abstract

## Key words

DOI:

通讯作者

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(269KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

### 服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“STR”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [李生斌](#)
- [冯继东](#)
- [李双顶](#)
- [于嘉林](#)
- [杨焕明](#)