

陕西渭南地区汉族人群 17 个 Y-STR 基因座多态性及遗传关系分析

贺永锋¹, 陈利萍², 赵杰¹, 宋振¹

1. 陕西省公安厅刑事侦查局, 西安 710016; 2. 陕西省血液中心, 西安 710061

摘要: 调查陕西渭南地区汉族群体 17 个 Y-STR 基因座的多态性, 探讨其群体遗传学及法医学应用价值。应用 Y-filer 荧光标记复合扩增系统, 对 413 名陕西渭南地区汉族无关男性个体 17 个 Y-STR 基因座进行复合扩增, 用 ABI3130 遗传分析仪进行基因分型, 计算各基因座的群体遗传学参数, 并结合已经发表的其他 10 个群体相应基因座的单倍型资料, 分析各群体间的遗传距离。413 名陕西渭南汉族个体共检出 405 种单倍型, 其中 397 种单倍型仅出现 1 次, 单倍型多样性达 0.9999, 基因多样性 (GD) 为 0.4130(DYS391)~0.9734(DYS385a/b), 累计 GD 值为 0.9999。遗传距离分析提示, 陕西渭南汉族与辽宁满族的遗传距离最小 (0.00110), 与青海藏族的遗传距离最大 (0.22333)。结果表明, 17 个 Y-STR 基因座在陕西渭南汉族群体中具有丰富的遗传多态性和较高的非父排除能力, 在法医学和人类群体遗传学研究中具有重要价值。

关键词: Y-STR; 单倍型; 遗传多态性; 遗传距离; 渭南

中图分类号: Q987; 文献标识码: A; 文章编号: 1000-3193(2014)02-0230-07

短串联重复序列 (short tandem repeat, STR) 也叫微卫星序列, 为重复长度 2-6bp 的重复序列, 在人类基因组分布广泛, 因其具有多态性好, 位点多, 共显性遗传等特点, 被广泛用于法医学亲权鉴定和个体识别。Y 染色体为男性所特有, 具有单倍型连锁遗传及父系遗传等特征, 在减数分裂时不与其他染色体发生重组, 父代 Y-STR 基因以稳定的单倍体形式遗传给子代, 因此在男女混合、多名男性混合样本及亲权鉴定的法医学应用中有独特的应用价值^[1,2]。但 Y-STR 基因座多态性较低, 单个或几个基因座的鉴定能力较低, 因此联合应用多个 Y-STR 基因座以提高个体的识别率。本文拟采用五色荧光检测技术, 含 17 个 Y-STR 基因座的 AmpFISTR Y-filer 复合扩增试剂盒, 检测陕西渭南地区汉族群体 413 名无关男性 17 个 Y-STR 基因座的多态性, 为其在法医学个体识别和亲权鉴定以及人类遗传学方面的研究和应用进行初步探讨研究。

1 材料与方 法

1.1 样本来源及 DNA 提取

413 份陕西渭南地区汉族男性无关个体血样系从陕西省公安司法鉴定中心 DNA 数据

收稿日期: 2013-09-02; 定稿日期: 2013-12-09

作者简介: 贺永锋 (1975-), 男, 主检法医师, 主要从事法医学物证学和法医人类学研究, E-mail: hyfclp@163.com

库随机抽取,采用磁珠法提取 DNA。通过公用数据库或期刊收集台湾、山西汉族、浙江汉族、青海藏族、山东汉族、广西壮族、辽宁满族、泸州汉族、青海撒拉族及宁夏回族等 10 个群体的 17 个 Y-STR 等位基因和单倍型频率数据作为比对数据^[3-12]。

1.2 主要设备及试剂

全自动工作站平台(安捷伦公司); GeneAmp PCR System 9700 (ABI 公司); 3130xl Genetic Analyzer (ABI 公司); 磁珠法 DNA 提取试剂盒(长春博坤生物公司); AmpFLSTR® Y-filer® PCR Amplification Kit (ABI 公司)。

1.3 Y-STR 基因座的扩增与分型

采用 AmpFLSTR® Y-filer® PCR Amplification 荧光标记复合扩增试剂盒,按照说明书配置试剂,以 10 μ L 反应体系在 GeneAmp 9700 PCR 仪上进行扩增。取 1 μ L 扩增产物加入 10 μ L Hi-Di™ formamide 和 0.3 μ L GeneScan™ 500 LIZ® Size Standard, 在 ABI-3130xl 基因分析仪上进行毛细管电泳。采用 Data Collection v3.0 和 GeneMapper ID 3.2 软件收集数据并进行基因分型。

1.4 数据处理与统计分析

各基因座的等位基因频率与单倍型检出率用直接计数法计算,基因多样性 (gene diversity, GD) 及单倍型多样性 (haplotype diversity, HD) 按公式 $h=n(1-\sum Pi^2)/(n-1)$ 计算, n 为样本例数, Pi 为等位基因频率。采用 Arlequin 3.5 软件进行 AMOVA 分析,计算群体间遗传距离 Rst 矩阵。根据净遗传距离用 Mega4.1 软件构建 11 个群体相邻连接 (Neighbour-Joining tree, NJ) 系统发生树。

2 结 果

413 份陕西渭南地区汉族男性无关个体血样共检出 405 种不同的单倍型,其中 397 种单倍型仅出现 1 次,8 种单倍型出现了 2 次,单倍型多样性达 0.99998,具有较强的非父排除能力和个体识别能力。除基因座 DYS385a/b 以外的 15 个 Y-STR 基因座共检出 98 个等位基因,等位基因频率分布在 0.0024~0.7385 之间(表 1); DYS385a/b 基因座检出 63 种单倍型,单倍型频率分布在 0.0024~0.0508 之间(表 2)。各基因座的基因多样性 (GD) 范围分布在 0.4130 (DYS391)~0.9734 (DYS385a/b) 之间,除 DYS391 以外,其余基因座的基因多样性均大于 0.5,累计 GD 值为 0.9999。结果显示,17 个 Y-STR 基因座在陕西渭南汉族人群中具有较高的遗传多态性,适用于法医学个体识别及亲权鉴定。

17 个基因座中发现 1 例双等位基因: DYS19 15/17, 4 例微变异等位基因: DYS385b 16.3 和 17.3。此外,在部分基因座还观察到有“off-ladder”现象,在 DYS389 I 基因座发现等位基因 9, DYS391 发现等位基因 6, DYS635 发现等位基因 19, Y-GATA-H4 发现等位基因 14, DYS448 发现等位基因 16,国内文献中也过有类似报道^[13,14],表明 Y-STR 单倍型频率的分布在不同地区、种族存在差异,因此急需建立本地区本民族的等位基因频率分布资料,为该地区遗传关系的分析和法医学应用提供数据基础。

采用 Arlequin 3.5 软件计算陕西渭南汉族群体 DYS456、DYS389I、DYS390、

表 1 陕西渭南汉族人群 15 个 Y-STR 基因座等位基因频率分布与基因多态性
Tab.1 Allele frequencies and gene diversity values of 15 Y-STR loci detected in the Weinan Han population of Shaanxi (n=413)

基因座	等位基因	例数	频率	基因座	等位基因	例数	频率
DYS456 GD=0.6097	13	6	0.0145	DYS391 GD=0.4130	6	3	0.0073
	14	68	0.1646		9	19	0.0460
	15	236	0.5714		10	305	0.7385
	16	77	0.1864		11	83	0.2010
	17	23	0.0557		12	3	0.0073
	18	3	0.0073		DYS439 GD=0.6830	10	29
DYS389 I GD=0.6389	9	1	0.0024	11		163	0.3947
	11	3	0.0073	12		151	0.3656
	12	191	0.4625	13	64	0.1550	
	13	141	0.3414	14	6	0.0145	
	14	74	0.1792	DYS635 GD=0.7651	19	40	0.0969
	15	3	0.0073		20	101	0.2446
DYS390 GD=0.7059	20	2	0.0048	21	148	0.3584	
	21	5	0.0121	22	72	0.1743	
	22	30	0.0726	23	36	0.0872	
	23	161	0.3898	24	14	0.0339	
	24	135	0.3269	25	2	0.0048	
	25	73	0.1768	DYS392 GD=0.7743	7	5	0.0121
	26	7	0.0169		10	6	0.0145
	DYS389 II GD=0.7511	26	2	0.0048	11	72	0.1743
27		26	0.0630	12	61	0.1477	
28		133	0.3220	13	130	0.3148	
29		131	0.3172	14	111	0.2688	
30		79	0.1913	15	25	0.0605	
31		28	0.0678	16	3	0.0073	
32		14	0.0339	Y-GATA-H4 GD=0.6282	10	35	0.0847
DYS458 GD=0.8132	14	11	0.0266	11	134	0.3245	
	15	44	0.1065	12	208	0.5036	
	16	83	0.2010	13	35	0.0847	
	17	109	0.2639	14	1	0.0024	
	18	82	0.1985	DYS437 GD=0.5157	13	5	0.0121
	19	65	0.1574		14	237	0.5738
	20	19	0.0460		15	163	0.3947
DYS19 GD=0.7131	11	1	0.0024	16	8	0.0194	
	13	25	0.0605	DYS438 GD=0.5063	8	1	0.0024
	14	98	0.2373		9	12	0.0291
	15	176	0.4262	10	271	0.6562	
	16	83	0.2010	11	101	0.2446	
	17	28	0.0678	12	25	0.0605	
	18	1	0.0024	13	3	0.0073	
DYS393 GD=0.6178	15/17	1	0.0024	DYS448 GD=0.7053	16	1	0.0024
	11	1	0.0024		17	9	0.0218
	12	224	0.5424	18	54	0.1308	
	13	105	0.2542	19	166	0.4019	
	14	62	0.1501	20	133	0.3220	
	15	20	0.0484	21	48	0.1162	
	16	1	0.0024	22	2	0.0048	

表 2 陕西渭南汉族人群 DYS385a/b 基因座单倍型频率

Tab.2 Allele frequencies of DYS385a/b loci detected in the Weinan Han population of Shaanxi (n=413)

等位基因	例数	频率	等位基因	例数	频率	等位基因	例数	频率
9-11	1	0.0024	12-14	7	0.0169	14-14	1	0.0024
9-12	1	0.0024	12-15	4	0.0097	14-15	1	0.0024
9-18	1	0.0024	12-16	16	0.0387	14-16	6	0.0145
10-12	2	0.0048	12-17	21	0.0508	14-17	7	0.0169
10-13	1	0.0024	12-18	18	0.0436	14-17.3	1	0.0024
10-18	3	0.0073	12-19	15	0.0363	14-18	10	0.0242
11-11	20	0.0484	12-20	9	0.0218	14-19	6	0.0145
11-12	17	0.0412	12-21	5	0.0121	14-20	7	0.0169
11-13	5	0.0121	12-22	2	0.0048	14-23	1	0.0024
11-14	10	0.0242	12-23	1	0.0024	15-15	2	0.0048
11-15	4	0.0097	13-13	13	0.0315	15-16	3	0.0073
11-16	4	0.0097	13-14	7	0.0169	15-17	4	0.0097
11-16.3	1	0.0024	13-15	3	0.0073	15-18	2	0.0048
11-17	8	0.0194	13-16	6	0.0145	15-19	5	0.0121
11-18	10	0.0242	13-17	19	0.0460	15-21	7	0.0169
11-19	13	0.0315	13-17.3	2	0.0048	15-22	1	0.0024
11-20	2	0.0048	13-18	18	0.0436	16-16	4	0.0097
11-21	2	0.0048	13-19	21	0.0508	16-17	2	0.0048
11-22	1	0.0024	13-20	9	0.0218	16-19	1	0.0024
12-12	14	0.0339	13-21	10	0.0242	16-20	3	0.0073
12-13	11	0.0266	13-22	1	0.0024	16-21	1	0.0024

注: GD=0.9734

表 3 渭南汉族与其他 10 个群体 RST 值遗传距离的矩阵

Tab.3 Genetic distance between Weinan and ten other populations

	渭南 汉族	台湾	山西 汉族	浙江 汉族	青海 藏族	山东 汉族	广西 壮族	辽宁 满族	泸州 汉族	青海 撒拉	宁夏 回族
渭南汉族	-	0.00000	0.00000	0.01802	0.00000	0.00000	0.00000	0.22523	0.00000	0.00000	0.00000
台湾	0.01939	-	0.00000	0.06306	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
山西汉族	0.00949	0.04030	-	0.05405	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
浙江汉族	0.02091	0.01436	0.01440	-	0.00000	0.02703	0.00000	0.02703	0.00000	0.00901	0.03604
青海藏族	0.22333	0.28793	0.19430	0.04092	-	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
山东汉族	0.14728	0.20650	0.09179	0.02324	0.28918	-	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
广西壮族	0.08284	0.14116	0.04986	0.02304	0.18142	0.08670	-	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
辽宁满族	0.00110	0.01265	0.01498	0.01211	0.19574	0.14192	0.08456	-	0.00000	0.00000	0.00000
泸州汉族	0.06736	0.06959	0.06040	0.03576	0.28201	0.22570	0.15204	0.06039	-	0.00000	0.00000
青海撒拉	0.08755	0.14041	0.06211	0.02042	0.12664	0.19118	0.11034	0.07195	0.16463	-	0.00000
宁夏回族	0.03311	0.08398	0.02663	0.01648	0.12605	0.14602	0.06485	0.03077	0.09803	0.01927	-

注: 对称轴下是 RST 值, 对称轴上是对应的 P 值 (P values are shown above, RST values below the diagonal)

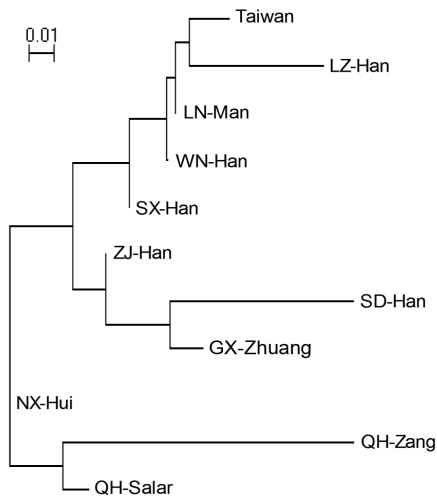


图 1 11 个群体聚类分析图

Fig.1 Cluster analysis of 11 different populations

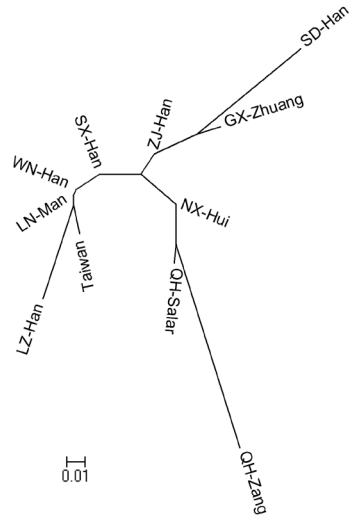


图 2 11 个群体 NJ 系统发生树

Fig.2 Unrooted NJ tree of 11 different populations

DYS389II、DYS458、DYS19、DYS393、DYS391、DYS439、DYS635、DYS392、Y-GATA-H4、DYS437、DYS438 和 DYS448 等 15 个位点与国内其他 10 个群体 RST 遗传矩阵，其中 DYS389II 的重复次数减去 DYS389I 的重复次数。结果表明，陕西渭南汉族与辽宁满族的陕西渭南汉族与辽宁满族之间的遗传距离最小 (0.00110)，其次是与山西汉族之间的遗传距离 (0.00949)，与青海藏族之间的遗传距离最大 (0.22333)(表 3)。

用 Neighbour-Joining 法构建的群体间聚类分析图和系统发生树结果基本一致 (图 1, 图 2)。从两个图可以看出，陕西渭南汉族、山西汉族、辽宁满族、台湾群体和泸州汉族聚为一支，其中陕西渭南汉族与辽宁满族和山西汉族遗传距离较近，与台湾群体和泸州汉族遗传距离较远。浙江汉族、山东汉族与广西壮族聚为一支，与陕西渭南汉族遗传距离较远。宁夏回族、青海撒拉族和青海藏族为另一独立分支，与陕西渭南汉族遗传距离最远。

3 讨 论

Y 为性染色体，为正常男性所特有，按遗传方式的不同分为两个区：拟常染色体区，约占 5%，以类似常染色体的方式遗传，减数分裂时可以发生交换；非重组区，约占 95%，在减数分裂时与其他染色体不发生重组，以单倍型的形式由父亲传递给儿子，呈父系遗传^[15]。由于其独特的遗传学特点，Y-STR 可以解决常染色体 STR 无法解决的问题，如男女混合、多个男性混合样本检测及单亲亲权鉴定。Y-STR 在减数分裂过程中不发生重组，序列的改变仅由突变引起，研究不同种族、民族和不同地域之间 Y-STR 遗传多态性，对于了解人类的起源、迁移以及重构父系进化历史等方面有着重要的意义^[16]。

通过对 413 名陕西渭南地区汉族男性无关个体血样进行 17 个 Y-STR 基因座检验，共检出 405 种单倍型，其中 397 种单倍型仅出现 1 次，8 种单倍型出现了 2 次，单倍型多

样性达 0.99998。DYS385a/b 基因座检出 63 种单倍型, 基因多样性最高 (0.9734); 除基因座 DYS385a/b 以外的 15 个 Y-STR 基因座共检出 98 个等位基因, DYS391 基因座的基因多样性最低 (0.4130), 累计 GD 值达 0.9999。研究表明 Yfiler 试剂盒所包含的 17 个 Y-STR 基因座在陕西渭南地区汉族群体中具有较高的遗传多态性和个体识别能力, 适合法医学个体识别及亲权鉴定。但同时我们也发现 DYS391、DYS437 与 DYS438 基因座的基因多态性较低, 在中国人群中识别力较低, 其他文献也有类似报道^[17, 18]。Y-filer 试剂盒中基因座的选择主要是基于欧洲、非洲和南亚人群中各个 Y-STR 基因座个体识别能力的考虑^[19], 而 Y-STR 基因座等位基因的频率分布和个体识别能力会因群体不同而有所差异。因此需要收集足够量的中国不同群体的单倍型数据, 筛选出适合中国人群的基因座^[20]。本研究获得陕西渭南地区汉族人群 17 个 Y-STR 基因座等位基因频率及单倍型频率分布数据, 对丰富中华民族 Y-STR 数据库有着重要意义。

通过与其他文献报道的群体 Y-STR 数据进行 AMOVA 遗传距离分析, 陕西渭南汉族与辽宁满族之间的遗传距离最近, 其次是与山西汉族之间的遗传距离较近, 与台湾群体、泸州汉族、浙江汉族、山东汉族和广西壮族之间的距离较远, 宁夏回族、青海撒拉族和青海藏族则为另外一支。渭南市地处陕西省东部, 东濒黄河与山西、河南毗邻, 是中原地区通往陕西乃至大西北的咽喉要道。清朝满族曾对汉族进行了长达几百年的统治, 造成了满族与汉人之间密切的基因交流^[21], 渭南是中原地区通往大西北的咽喉要道, 所以渭南汉族与辽宁满族遗传距离最近。渭南与山西地理位置接近, 导致渭南汉族与山西汉族之间存在较高的基因交流, 这可能是陕西渭南汉族与山西汉族之间遗传距离较近的原因。由此可见, 利用 Y-STR 分型数据进行群体间遗传比较分析可以获得理想的群体区分, 在不同民族群体的起源、迁移以及相互关系的研究中起着重要的作用。

综上所述, 陕西渭南地区汉族群体 17 个 Y-STR 基因座等位基因频率及单倍型频率分布对建立陕西汉族 Y-STR 数据库有着重要意义, 并为父权鉴定和个体识别提供基础资料和丰富中华民族基因信息资源。应用群体遗传分析方法对其进行群体遗传距离分析, 为今后群体组成来源、民族迁徙等多个领域的研究提供新的思路。

参考文献

- [1] 韩月雯, 胡宗利, 陈国平, 等. 重庆汉族人群 5 个 Y-STR 基因座的遗传多态性分析 [J]. 西安交通大学学报: 医学版, 2013, 34(1): 29-33
- [2] Hanson EK, Ballantyne J. Comprehensive annotated STR physical map of the human Y chromosome: Forensic implication [J]. Leg Med (Tokyo), 2009, 11(4): 205-208
- [3] Huang TY, Hsu YT, Li JM, et al. Polymorphism of 17 Y-STR loci in Taiwan population [J]. Forensic Sci Int, 2008, 174(2-3): 249-254
- [4] 石美森, 百茹峰, 傅博. 山西汉族 17 个 Y-STR 基因座遗传多态性及遗传关系 [J]. 遗传, 2011, 33(3): 228-238
- [5] 吴薇薇, 郑小婷, 潘立鹏, 等. 浙江汉族人群 16 个 Y-STR 基因座的遗传多态性调查 [J]. 刑事技术, 2005(5): 11-17
- [6] Zhu B, Wu Y, Shen C, et al. Genetic analysis of 17 Y-chromosomal STRs haplotypes of Chinese Tibetan ethnic group residing in Qinghai province of China [J]. Forensic Sci Int, 2008, 175(2-3): 238-243
- [7] Yan J, Tang H, Liu Y, et al. Genetic polymorphisms of 17 Y-STRs haplotypes in Chinese Han population residing in Shandong province of China [J]. Leg Med (Tokyo), 2007, 9(4): 196-202
- [8] 滕少康, 曹林枝, 黄世宁, 等. 广西黑衣壮族 17 个 Y-STR 位点遗传多态性 [J]. 基础医学与临床, 2009, 29(7): 742-748
- [9] He J, Guo F. Population genetics of 17 Y-STR loci in Chinese Manchu population from Liaoning Province, Northeast China [J]. Forensic Sci Int Genet, 2013, 7(3): 84-85

- [10] Bing L, Liang G W, Pi J, et al. Population genetics for 17 Y-STR loci(AmpFISTR®Y-filer™) in Luzhou Han ethnic group[J]. Forensic Sci Int Genet, 2013, 7(2): 23-26
- [11] Zhu B, Shen C, Xun X, et al. Population genetic polymorphisms for 17 Y-chromosomal STRs haplotypes of Chinese Salar ethnic minority group[J]. Leg Med (Tokyo), 2007, 9(4): 203-209
- [12] Guo H, Yan J, Jiao Z, et al. Genetic polymorphisms for 17 Y-chromosomal STRs haplotypes in Chinese Hui population [J]. Leg Med (Tokyo), 2008, 10(3): 163-169
- [13] 王永在, 王勇, 黄太宇, 等. 内蒙古汉族人群 17 个 Y-STR 基因座遗传多态性 [J]. 中国法医学杂志, 2009, 24(2): 117-118
- [14] 鲁涂, 袁丽, 杨雪. 北京汉族群体 17 个 Y-STR 基因座遗传多态性 [J]. 中国法医学杂志, 2010, 25(6): 432-433
- [15] 路志勇, 姜成涛, 赵兴春, 等. Y 染色体 STR 基因座的法医学应用现状 [J]. 中国人民公安大学学报: 自然科学版, 2007(4): 33-37
- [16] 孙海明, 傅松滨. Y 染色体 STR 位点及其在人类学研究中的应用 [J]. 国际遗传学杂志, 2006, 29(1): 50-54
- [17] 聂胜洁, 姚金勇, 陈碧峰, 等. 云南泸西汉族 17 个 Y-STR 基因座多态性及遗传关系分析 [J]. 人类学学报, 2010, 29(2): 189-196
- [18] 匡金枝, 朱巍, 聂同钢, 等. 天津汉族人群 12 个 Y-STR 基因座的遗传多态性调查 [J]. 刑事技术, 2005, (1): 19-26
- [19] Kayser M, Kittler R, Erler A, et al. A comprehensive survey of human Y-chromosomal microsatellites [J]. Am J Hum Genet, 2004, 74(6): 1183-1197
- [20] 葛建业, 严江伟, 谢群, 等. 中国 Y-STR 数据库建设相关问题探讨 [J]. 法医学杂志, 2013, 29(3): 212-215
- [21] 石美森, 百茹峰, 张金生, 等. 辽宁满族 11 个 Y-STR 基因座多态性及遗传关系的分析 [J]. 遗传, 2008, 30(5): 583-589

Genetic Polymorphisms of the 17 Y-STR Loci in the Han Population in Weinan, Shaanxi Province

HE Yongfeng¹, CHEN Liping², ZHAO Jie¹, SONG Zhen¹

1. Department of Criminal Investigation of Shaanxi Provincial Public Security Bureau, Xi'an 710016;

2. Shaanxi Blood Center, Xi'an 710061

Abstract: The purpose of this work was to investigate the polymorphisms of the 17 Y-chromosomal short tandem repeats (STR) loci in the Han population in Weinan, Shaanxi Province, and to evaluate their forensic values and genetic relationships with 10 other populations of China. The 17 Y-STR loci in 413 unrelated Weinan Han males in Shaanxi were amplified with the Y-filer system, and the PCR products were analyzed by the 3130 Genetic Analyzer. The allele frequencies and haplotype diversity were calculated for analyzed loci. The Y-STR data of 10 other populations were collected from publications. Cluster analysis and phylogenetic trees were applied to show the genetic distance between the populations. A total of 405 different haplotypes were observed in these 413 unrelated individuals, of which 397 were unique. The haplotype diversity value was 0.9999. The gene diversity values (GD) for each locus ranged from 0.4130 (DYS391) to 0.9734 (DYS385a/b). Compared with the 10 populations, the genetic distance between the Weinan Han and Liaoning Manchu population was the smallest (0.00110), while the genetic distance between the Weinan Han and Qinghai Tibet population was the largest (0.22333). The 17 Y-STR loci displayed high genetic polymorphisms in the Weinan Han population, indicating that these 17 loci are useful genetic markers for forensic personal identification and paternity testing, and have the potential for application in forensic medicine and population genetics.

Key words: Y-STR; Haplotype; Genetic polymorphism; Genetic distance; Weinan