

基础医学

东北汉族人群7p14-15区域内9个STR位点的遗传多态分析

娄毅1, 邱广蓉1D, 辛娜1, 刘红波2, 孙桂凤1, 孙开来

(中国医科大学1.基础医学院医学遗传学教研室, 辽宁 沈阳 110001; 2. 公共卫生学院卫生统计学教研室)

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 目的: 分析东北汉族人群中7p14-15区域内9个短串联重复序列 (STR) 位点的遗传多态性。方法: 采用荧光标记PCR扩增技术和毛细管电泳方法, 对7p14-15区域内9个STR多态位点在100名随机选取的无血缘关系的东北汉族人群中的遗传多态性进行分析。结果: 在东北汉族人群中, 7p14-15区域的D7S526、D7S690、D7S2252、D7S817、D7S683、D7S656、D7S484、D7S2250、D7S2251位点分别检测出6、6、8、6、4、6、7、8和7个等位基因, 17、19、29、17、10、17、24、27和22种基因型, 杂合度分别为84%、85%、79%、82%、79%、85%、89%、88%和83%。结论: 7p14-15区域的9个STR位点的基因频率和基因型频率分布符合Hardy-Weinberg平衡, 并在东北汉族人群中呈现较好的遗传多态性。

关键词 [短串联重复序列](#); [遗传多态性](#); [Hardy-Weinberg平衡](#); [7p14-15区域](#)

分类号 [R394.5](#)

DOI:

通讯作者:

邱广蓉 grqiu@mai.cmu.edu.cn

作者个人主页: 娄毅1;邱广蓉1D;辛娜1;刘红波2;孙桂凤1;孙开来

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (347KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (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](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ 本刊中 [包含“短串联重复序列; 遗传多态性; Hardy-Weinberg平衡; 7p14-15区域”](#) 的 [相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [娄毅](#)
- [邱广蓉D](#)
- [辛娜](#)
- [刘红波](#)
- [孙桂凤](#)
- [孙开来](#)