



中华人民共和国公共安全行业标准

GA/T 1377—2018

法庭科学 复合 SNPs 检验族群推断方法

Forensic science—Specifications for multiplex SNPs detection for ancestry inference

2018-12-11 发布

2018-12-11 实施

中华人民共和国公安部 发布

前 言

本标准按照 GB/T 1.1—2009 给出的规则起草。

本标准由全国刑事技术标准化技术委员会法医检验分技术委员会(SAC/TC 179/SC 6)提出并归口。

本标准起草单位:公安部物证鉴定中心。

本标准起草人:李彩霞、孙启凡、江丽、魏以梁、赵蕾、赵兴春、叶健。

法庭科学 复合 SNPs 检验族群推断方法

1 范围

本标准规定了法庭科学 DNA 实验室在使用复合 SNPs 检验进行族群推断时应参照的规范。
本标准适用于所有开展复合 SNPs 检验族群推断的法庭科学 DNA 实验室。

2 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

2.1

祖先信息标记 ancestry informative markers;AIMs

在不同族群之间存在较大频率分布差异的一组 SNPs 位点。

2.2

族群 population

在体质形态上具有某些共同遗传特征的人类群体。

2.3

怀特氏 F 统计量 Wright's F-statistic

也称固定系数(fixation index),对群体亚结构的一种度量方法,通过杂合度的计算,分析每一个位点在所有亚群体中的变异程度。

注:Wright's F_{st} 值的大小反映了每个位点的等位基因频率在不同群体中的变化程度,值越小,说明变异程度越小;相反,值越大,说明变异程度越大。

2.4

祖先成分 ancestry component

样本可能的祖先来源所占的成分比例。

3 技术要求

3.1 方法组成

由于族群分化复杂,很难使用一个体系实现所有族群的推断区分,一般使用等级化推断的方法,先用少量位点实现大族群的推断,然后使用更多位点的组合实现不同亚群的推断。

用于族群推断的方法体系应包括:推断说明、位点组合、检测体系、AIMs 数据库、推断算法、判读标准。各族群推断体系需根据体系特点确定最低 SNP 位点数量。

3.2 待推断族群说明

一种方法体系首先需要说明该方法所针对的目标族群,包括:族群的名称、分布信息。

3.3 位点组合

针对待推断的族群选择最佳的 AIMs 位点,需符合 Hardy-Weinberg 平衡,位点之间在遗传学上独立,等位基因在族群之间的频率差值和 Wright's F_{st} 值要大,位点组合可以构建复合检测体系。