

For the Record

STR Data for the AMPF ℓ STR Profiler Plus Loci among Four Predominant Populations of Eastern India*

Ranjan Dutta,¹ Ph.D.; P. Chattopadhyay,¹ Ph.D.;
and V.K. Kashyap,¹ Ph.D.

Population: Representative populations of two major ethnic groups of Eastern India, Indo-Caucasoid represented by Brahmins ($N = 110$), Kayastha ($N = 103$), and Indo-Mongoloid population; Meitei ($N = 105$) belonging to the northeastern part of India; samples belonging to the religious community of Manipuri Muslims ($N = 101$) belonging to the Northeastern part of the Indian subcontinent.

Keywords: forensic science, STR Data, AmpF ℓ STR Profiler Plus, Eastern India

Extraction: Qiagen Extraction kits (1).

PCR: 3 ng target DNA following manufacturer's instructions (AMPF ℓ STR Profiler Plus PCR amplification Kit (2)).

* The study was funded by a grant from the BPR&D, MHA, Govt. of India.

¹ DNA Typing Unit, Central Forensic Science Laboratory, 30 Gorachand Road, Calcutta 700014, West Bengal, India.

Typing: ABI 377 and reference sequenced ladders (PE Applied Biosystems).

Results: Presented in Tables 1 to 4.

Access to Data: Via electronic mail from communicating author.

Analysis of data: DNA TYPE, (Windows 95/NTVer. Chakraborty & Zhong, CHG, University of Texas). PE & PD. (3).

Other remarks: The maximum allele occurrence was similar to other Caucasoid data. Greater difference was observed among the lower frequency alleles. Insignificant interclass correlation value (< 0.05) was obtained at vWA/D7S820 (Brahmin, Kayastha), FGA/D5S818 (Kayastha), and D13S317/D7S820 (Manipuri Muslims).

References

1. Scherzinger CA, Bourke MT, Ladd C, Lee HC. DNA extraction from liquid blood using QIA amp. J Forensic Sci 1997;42(5):893-6.
2. Perkin Elmer/ABI AmpF ℓ STR Users Manual 1998.
3. Garber RA, Morris JW. General equations for the average power of exclusion for genetic systems of n codominant alleles in one-parent cases of disputed parentage. In: Walker RH, editor. Inclusion probabilities in parentage testing. Arlington, VA: American Association of Blood Banks, 1983;277-80.

Additional information and reprint requests:

V. K. Kashyap, Ph.D.

Forensic Science Lab

BPR&D, MHA, Govt. of India

30 Gorachand Road

Calcutta 700014 West Bengal, India

e-mail: vkk2k@hotmail.com

Fax:91-33-284-1753

TABLE 1—Allele frequencies for the AmpF ℓ STR Profiler Plus loci in the Brahmin population of Eastern India.

Allele	D3S1358 N: 110	VWA N: 110	FGA N: 110	D8S1179 N: 110	D21S11 N: 110	D18S51 N: 110	D5S818 N: 110	D13S317 N: 110	D7S820 N: 110
6	—	—	—	—	—	—	—	—	0.125
7	—	—	—	—	—	—	—	—	0.172
8	—	—	—	—	—	—	—	0.100	—
9	—	—	—	0.025	—	—	—	0.025	0.125
10	—	—	—	0.275	—	—	0.050	0.200	0.078
11	0.025	—	—	0.250	—	0.040	0.137	0.250	0.175
12	0.025	—	—	0.250	—	0.140	0.100	0.275	0.175
13	0.150	0.025	—	0.075	—	0.110	0.237	0.075	0.100
13.2	—	—	—	—	—	0.025	—	—	—
14	0.175	0.150	—	0.125	—	0.250	0.150	0.075	0.025
15	0.250	0.200	—	—	—	0.100	0.325	—	0.025
15.2	0.025	—	—	—	—	—	—	—	—
16	0.225	0.150	—	—	—	0.200	—	—	—
17	0.100	0.100	—	—	—	0.065	—	—	—
18	0.025	0.250	—	—	—	0.050	—	—	—
19	—	0.075	—	—	—	0.020	—	—	—
20	—	0.050	0.300	—	—	—	—	—	—
21	—	—	0.025	—	—	—	—	—	—
21.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
22	—	—	0.250	—	—	—	—	—	—
22.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
23	—	—	0.125	—	—	—	—	—	—
23.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
24	—	—	0.150	—	—	—	—	—	—
25	—	—	0.150	—	—	—	—	—	—
26	—	—	—	—	—	—	—	—	—
26.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
27	—	—	—	—	—	—	—	—	—
27.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
28	—	—	—	—	0.100	—	—	—	—
28.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
29	—	—	—	—	0.075	—	—	—	—
29.2	—	—	—	—	0.025	—	—	—	—
30	—	—	—	—	0.325	—	—	—	—
30.2	—	—	—	—	0.025	—	—	—	—
31	—	—	—	—	0.050	—	—	—	—
31.2	—	—	—	—	0.150	—	—	—	—
32	—	—	—	—	—	—	—	—	—
32.2	—	—	—	—	0.250	—	—	—	—
33	—	—	—	—	—	—	—	—	—
33.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
H	0.700	0.600	0.850	0.600	0.650	0.680	0.800	0.688	0.700
PD	0.901	0.903	0.821	0.855	0.888	0.940	0.915	0.899	0.921
PE	0.428	0.290	0.694	0.299	0.354	0.511	0.599	0.541	0.468
P	0.870	0.305	0.188	0.281	0.006	0.211	0.988	0.011	0.166

H = observed heterozygosity, PD = power of discrimination, PE = probability of exclusion, P = Hardy-Weinberg equilibrium, exact test based on 2000 shufflings.

TABLE 2—Allele frequencies for the AmpF ℓ STR Profiler Plus loci in the Kayastha population of Eastern India.

Allele	D3S1358 N: 103	VWA N: 103	FGA N: 103	D8S1179 N: 103	D21S11 N: 103	D18S51 N: 103	D5S818 N: 103	D13S317 N: 103	D7S820 N: 102
6	—	—	—	—	—	—	—	—	0.125
7	—	—	—	—	—	—	—	—	0.162
8	—	—	—	—	—	—	—	0.100	—
9	—	—	—	0.025	—	—	—	0.035	0.137
10	—	—	—	0.262	—	—	0.050	0.190	0.075
11	0.025	—	—	0.275	—	0.050	0.150	0.250	0.179
12	0.025	—	—	0.242	—	0.125	0.075	0.287	0.171
13	0.162	0.025	—	0.070	—	0.100	0.250	0.062	0.100
13.2	—	—	—	—	—	0.050	—	—	—
14	0.162	0.150	—	0.105	—	0.225	0.150	0.076	0.025
15	0.237	0.187	—	0.020	—	0.120	0.325	—	0.025
15.2	0.025	—	—	—	—	—	—	—	—
16	0.237	0.187	—	—	—	0.165	—	—	—
17	0.100	0.100	—	—	—	0.060	—	—	—
18	0.025	0.225	—	—	—	0.070	—	—	—
19	—	0.075	—	—	—	0.053	—	—	—
20	—	0.050	0.300	—	—	—	—	—	—
21	—	—	0.050	—	—	—	—	—	—
21.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
22	—	—	0.239	—	—	—	—	—	—
22.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
23	—	—	0.137	—	—	—	—	—	—
23.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
24	—	—	0.137	—	—	—	—	—	—
25	—	—	0.137	—	—	—	—	—	—
26	—	—	—	—	—	—	—	—	—
26.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
27	—	—	—	—	—	—	—	—	—
27.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
28	—	—	—	—	0.100	—	—	—	—
28.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
29	—	—	—	—	0.075	—	—	—	—
29.2	—	—	—	—	0.010	—	—	—	—
30	—	—	—	—	0.340	—	—	—	—
30.2	—	—	—	—	0.025	—	—	—	—
31	—	—	—	—	0.050	—	—	—	—
31.2	—	—	—	—	0.150	—	—	—	—
32	—	—	—	—	—	—	—	—	—
32.2	—	—	—	—	0.250	—	—	—	—
33	—	—	—	—	—	—	—	—	—
33.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
H	0.695	0.650	0.841	0.650	0.600	0.700	0.795	0.700	0.725
PD	0.890	0.861	0.911	0.890	0.881	0.861	0.910	0.900	0.860
PE	0.411	0.354	0.677	0.328	0.411	0.489	0.587	0.487	0.428
P	0.425	0.500	0.100	0.005	0.002	0.443	0.912	0.070	0.050

H = observed heterozygosity, PD = power of discrimination, PE = probability of exclusion, P = Hardy-Weinberg equilibrium, exact test based on 2000 shufflings.

TABLE 3—Allele frequencies for the AmpFℓSTR Profiler Plus loci in the Meitei population of India.

Allele	D3S1358 N: 105	VWA N: 105	FGA N: 105	D8S1179 N: 105	D21S11 N: 104	D18S51 N: 105	D5S818 N: 105	D13S317 N: 105	D7S820 N: 105
6	—	—	—	—	—	—	—	—	0.050
7	—	—	—	—	—	—	—	—	0.281
8	—	—	—	—	—	—	—	0.166	0.052
9	—	—	—	0.145	—	—	—	0.177	0.135
10	—	—	—	0.177	—	0.020	0.083	0.125	0.187
11	—	—	—	0.416	—	0.161	0.031	0.260	0.114
12	—	—	—	0.145	—	0.055	0.156	0.197	0.031
13	0.010	0.010	—	0.114	—	0.099	0.250	0.062	0.020
13.2	—	—	—	—	—	0.141	—	—	—
14	0.031	0.177	—	—	—	0.041	0.229	0.010	0.062
15	0.333	0.020	—	—	—	0.141	0.114	—	0.061
15.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
16	0.323	0.250	—	—	—	0.160	0.062	—	—
17	0.281	0.166	—	—	—	0.088	0.072	—	—
18	0.010	0.198	—	—	—	0.025	—	—	—
19	0.010	0.177	0.073	—	—	0.044	—	—	—
20	—	—	0.073	—	—	—	—	—	—
21	—	—	0.052	—	—	0.022	—	—	—
21.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
22	—	—	0.207	—	—	—	—	—	—
22.2	—	—	0.031	—	—	—	—	—	—
23	—	—	0.165	—	—	—	—	—	—
23.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
24	—	—	0.208	—	—	—	—	—	—
25	—	—	0.125	—	—	—	—	—	—
26	—	—	0.052	—	—	—	—	—	—
26.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
27	—	—	0.010	—	—	—	—	—	—
27.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
28	—	—	—	—	0.124	—	—	—	—
28.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
29	—	—	—	—	0.209	—	—	—	—
29.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
30	—	—	—	—	0.198	—	—	—	—
30.2	—	—	—	—	0.031	—	—	—	—
31	—	—	—	—	0.077	—	—	—	—
31.2	—	—	—	—	0.077	—	—	—	—
32	—	—	—	—	0.198	—	—	—	—
32.2	—	—	—	—	0.066	—	—	—	—
33	—	—	—	—	—	—	—	—	—
33.2	—	—	—	—	0.020	—	—	—	—
H	0.771	0.875	0.896	0.688	0.788	0.882	0.813	0.759	0.750
PD	0.901	0.871	0.887	0.871	0.911	0.880	0.921	0.900	0.889
PE	0.545	0.741	0.786	0.409	0.528	0.499	0.662	0.599	0.509
P	0.781	0.005	0.496	0.271	0.710	0.198	0.583	0.411	0.064

H = observed heterozygosity, PD = power of discrimination, PE = probability of exclusion, P = Hardy-Weinberg equilibrium, exact test based on 2000 shufflings.

TABLE 4—Allele frequencies for the AmpF ℓ STR Profiler Plus loci in the Manipuri Muslim population of India.

Allele	D3S1358 N: 100	VWA N: 101	FGA N: 101	D8S1179 N: 101	D21S11 N: 101	D18S51 N: 101	D5S818 N: 101	D13S317 N: 101	D7S820 N: 101
6	—	—	—	—	—	—	—	—	0.110
7	—	—	—	—	—	—	—	—	0.250
8	—	—	—	—	—	—	—	0.138	—
9	—	—	—	0.083	—	0.305	—	0.388	0.250
10	—	—	—	0.305	—	0.055	0.222	0.055	0.277
11	—	—	—	0.305	—	0.166	0.055	0.250	0.111
12	—	—	—	0.222	—	0.222	0.055	0.166	—
13	—	—	—	0.083	—	0.139	0.139	—	—
13.2	—	—	—	—	—	0.083	—	—	—
14	0.055	0.166	—	—	—	—	0.333	—	—
15	0.444	0.027	—	—	—	0.027	0.166	—	—
15.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
16	0.305	0.166	—	—	—	—	0.027	—	—
17	0.194	0.250	—	—	—	—	—	—	—
18	—	0.166	0.138	—	—	—	—	—	—
19	—	0.055	0.046	—	—	—	—	—	—
20	—	—	0.083	—	—	—	—	—	—
21	—	—	—	—	—	—	—	—	—
21.2	—	—	0.194	—	—	—	—	—	—
22	—	—	—	—	—	—	—	—	—
22.2	—	—	0.335	—	—	—	—	—	—
23	—	—	—	—	—	—	—	—	—
23.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
24	—	—	0.093	—	—	—	—	—	—
25	—	—	0.083	—	—	—	—	—	—
26	—	—	—	—	—	—	—	—	—
26.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
27	—	—	0.027	—	—	—	—	—	—
27.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
28	—	—	—	—	0.027	—	—	—	—
28.2	—	—	—	—	0.083	—	—	—	—
29	—	—	—	—	0.222	—	—	—	—
29.2	—	—	—	—	0.055	—	—	—	—
30	—	—	—	—	0.131	—	—	—	—
30.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
31	—	—	—	—	—	—	—	—	—
31.2	—	—	—	—	0.361	—	—	—	—
32	—	—	—	—	0.030	—	—	—	—
32.2	—	—	—	—	—	—	—	—	—
33	—	—	—	—	—	—	—	—	—
33.2	—	—	—	—	0.083	—	—	—	—
H	0.500	0.889	0.834	0.667	0.811	0.712	0.889	0.701	0.778
PD	0.834	0.871	0.877	0.846	0.855	0.810	0.901	0.799	0.814
PE	0.289	0.772	0.662	0.378	0.629	0.662	0.772	0.628	0.558
P	0.347	0.111	0.552	0.289	0.603	0.337	0.383	0.112	0.813

H = observed heterozygosity, PD = power of discrimination, PE = probability of exclusion, P = Hardy-Weinberg equilibrium, exact test based on 2000 shufflings.