J Forensic Sci, May 2002, Vol. 47, No. 3

FOR THE RECORD

Suraksha Agrawal,[1] *Ph.D.; Bartram Müller,*[2] *Ph.D.; Uddalak Bharadwaj;*[1]
Suhasini Bhatnagar,[1] *Ph.D.; and Faisal Khan*[1]

Evaluation of Six Short Tandem Repeat Loci in Forensics: North Indian Populations

POPULATION: Fifty healthy unrelated individuals were randomly chosen from each of the following three populations: Bhargava, Chaturvedi, and Brahmin. Three-generation pedigree charts were prepared to ensure (i) surname endogamy in Bhargavas and Chaturvedies, and caste endogamy in Brahmins. Subjects were chosen from several parts of Uttar Pradesh, a northern state of the Indian republic. In a North Indian population a study was performed on the STR markers D6S1006, D6S1007, D7S2201, D8S592, D11S2371, and D12S1300. Each of the six STR markers were analyzed by using AB1 373 a genetic analyzer (Applied Biosystem, Inc.). This study was done on a sample of 150 unrelated North Indians (Uttar Pradesh) from three different caste groups to determine allele frequencies at these STR loci, and to create the database for North Indians from Uttar Pradesh, India.

KEYWORDS: forensic science, DNA, STR, North Indian population, Bhargava, Chaturvedi, Brahmin

Extraction: Modified salting out technique (1) followed by phenol-chloroform extraction and ethanol precipitation.

PCR

1–2 ng of target DNA, using flanking primers (2–4) purchased from Research Genetics, one of which was fluorescently labeled.

Typing: ABI 373A genetic analyzer, Genescan T, Genotype T.
Analysis of data: POPGENE (5) TFPGA (6) CERVUS (7)

Results

See Tables 1–3.

Other Remarks

The allele frequency estimates of these STR markers reveal that alleles are not equally distributed in all the three populations included in the study.

Alleles at most of the loci were in Hardy Weinberg equilibrium. There was no nonrandom association between alleles at two different loci. Markers are informative and can be used for forensic DNA analysis and paternity testing.

References

1. Olerup O, Zetterquist H. HLA-DR typing by PCR amplification with sequence-specific primers (PCR-SSP) in 2 hours: an alternative to serological DR typing in clinical practice including donor-recipient matching in cadaveric transplantation. Tissue Antigens 1992 May;39(5): 225–35.
2. http://www.chlc.org/data/IntegratedMaps/v3/20.v3.descript ion.table
3. http://www.cidr.jhmi.edu/download/CIDRmarkers.txt
4. http://www.pg.nci.nih.gov/CHLCM.aps
5. POPGENE home page: http://www.ualberta.ca/~fyeh/fyeh
6. Miller MP. Tools for population genetic analyses (TFPGA): a windows program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data. Computer software distributed by author, 1997.
7. Marshall T. Cervus statistical software, Ver. 1.0, University of Edinburgh, 1998.

---

[1] Department of Medical Genetics, SGIPGIMS, Lucknow (UP) 226014 India.
[2] Abteilung für Tropenmedizinische Grundlagenforschung, BNI, Bernhard-Nocht-Str. 74, 20359 Hamburg, Germany.

TABLE 1—*Allele frequency distribution among Bhargavas.*

Bp	D6S1006	D6S1007	D7S2201	D8S592*	D11S2371	D12S1300
104	…	…	0.11	…	…	…
108	…	…	0.40	…	…	…
112	…	…	0.46	0.01	…	…
114	…	…	…	…	…	0.01
116	0.01	…	…	…	…	…
118	…	…	…	…	…	0.32
122	…	…	…	…	…	0.28
124	…	…	0.01	…	…	…
126	…	…	…	…	…	0.18
130	…	…	…	…	…	0.14
133	…	…	…	…	…	0.01
134	…	…	…	…	…	0.05
142	…	…	…	…	…	0.01
143	…	…	…	0.01	…	…
147	…	…	…	0.02	…	…
151	…	…	…	0.26	…	…
155	…	…	…	0.30	…	…
159	…	…	…	0.39	…	…
163	…	…	…	0.01	0.01	…
192	0.19	…	…	…	…	…
195	0.06	…	…	…	…	…
196	…	…	…	…	0.16	…
198	0.73	0.01	…	…	…	…
200	…	…	…	…	0.73	…
201	0.01	…	…	…	…	…
204	…	…	…	…	0.09	…
208	…	…	…	…	0.01	…
286	…	0.08	…	…	…	…
290	…	0.36	…	…	…	…
294	…	0.23	…	…	…	…
298	…	0.25	…	…	…	…
302	…	0.06	…	…	…	…
306	…	0.01	…	…	…	…
H	0.440	0.780	0.553	0.700	0.440	0.700
PIC	0.384	0.703	0.521	0.629	0.397	0.727
IP	0.380	0.114	0.236	0.178	0.384	0.099
PE	0.223	0.516	0.316	0.421	0.235	0.546
p (HW)	0.350	0.980	0.590	0.000*	0.050	0.607

H: Observed heterozygosity.
PIC: Polymorphism information content.
IP: Individualization potential.
PE: Power of exclusion.
p (HW): Significance of departure from HW equilibrium by Chi-square test.
*Deviation from HW equilibrium.

TABLE 2—*Allele frequency distribution among Chaturvedis.*

Bp	D6S1006	D6S1007	D7S2201	D8S592	D11S2371	D12S1300
100	…	…	0.04	…	…	…
104	…	…	0.11	…	…	…
108	…	…	0.39	…	…	…
112	…	…	0.44	…	…	…
114	…	…	…	…	…	0.01
118	…	…	…	…	…	0.47
122	…	…	…	…	…	0.20
126	…	…	…	…	…	0.04
130	…	…	…	…	…	0.25
134	…	…	…	…	…	0.01
142	…	…	…	…	…	…
143	…	…	…	…	…	…
147	…	…	…	…	…	…
151	…	…	…	0.30	…	…
155	…	…	…	0.39	…	…
159	…	…	…	0.23	…	…
163	…	…	…	0.05	…	…
167	…	…	…	0.02	…	…
171	…	…	…	0.01	…	…
192	0.19	…	…	…	0.13	…
195	0.19	…	…	…	…	…
196	…	…	…	…	0.26	…
198	0.61	…	…	…	…	…
200	…	…	…	…	0.44	…
201	…	…	…	…	…	…
204	…	…	…	…	0.09	…
208	…	…	…	…	0.05	…
286	…	0.04	…	…	…	…
290	…	0.49	…	…	…	…
294	…	0.32	…	…	…	…
298	…	0.15	…	…	…	…
302	…	…	…	…	…	…
306	…	…	…	…	…	…
H	0.510	0.700	0.771	0.800	0.702	0.653
PIC	0.491	0.568	0.554	0.647	0.653	0.606
IP	0.262	0.210	0.274	0.176	0.135	0.179
PE	0.295	0.363	0.350	0.445	0.461	0.404
p (HW)	0.750	0.630	0.070	0.810	0.700	0.620

H: Observed heterozygosity.
PIC: Polymorphism information content.
IP: Individualization potential.
PE: Power of exclusion.
p (HW): Significance of departure from HW equilibrium by Chi-square test.

TABLE 3—*Allele frequency distribution among Brahmins.*

Bp	D6S1006	D6S1007	D7S2201	D8S592	D11S2371	D12S1300
100	…	…	0.03	…	…	…
104	…	…	0.11	…	…	…
108	…	…	0.39	…	…	…
112	…	…	0.43	…	…	…
114	…	…	…	…	…	0.01
116	…	…	0.01	…	…	…
118	…	…	…	…	…	0.30
120	…	…	0.01	…	…	…
122	…	…	…	…	…	0.20
124	0.01	…	…	…	…	…
126	…	…	…	…	…	0.15
130	…	…	…	…	…	0.25
135	…	…	…	0.01	…	0.05
141	…	…	…	…	…	0.01
147	…	…	…	0.02	…	…
151	…	…	…	0.21	…	…
155	…	…	…	0.40	…	…
159	…	…	…	0.24	0.01	…
163	…	…	…	0.09	…	…
175	…	…	…	0.01	…	…
192	0.15	…	…	…	0.10	…
195	0.09	…	…	…	…	…
196	…	…	…	…	0.25	…
198	0.75	0.01	…	…	…	…
200	…	…	…	…	0.50	…
201	…	…	…	…	…	…
204	…	…	…	…	0.09	…
208	…	…	…	…	0.03	…
212	…	…	…	…	0.01	…
282	…	0.01	…	…	…	…
286	…	0.09	…	…	…	…
290	…	0.38	…	…	…	…
294	…	0.33	…	…	…	…
298	…	0.17	…	…	…	…
302	…	0.01	…	…	…	…
306	…	…	…	…	…	…
H	0.440	0.680	0.702	0.735	0.633	0.714
PIC	0.372	0.659	0.571	0.673	0.620	0.737
IP	0.397	0.139	0.223	0.140	0.173	0.099
PE	0.216	0.462	0.368	0.480	0.430	0.557
p (HW)	0.870	0.780	0.990	0.690	0.650	0.360

H: Observed heterozygosity.
PIC: Polymorphism information content.
IP: Individualization potential.
PF: Power of exclusion.
p (HW): Significance of departure from HW equilibrium by Chi-square test.