

全国高等学校配套教材
供基础、临床、预防、口腔医学类专业用

医学遗传学 实验指导

主编 左伋

 人民卫生出版社

全国高等学校配套教材
供基础、临床、预防、口腔医学类专业用

医学遗传学实验指导

主 编 左 伋

编 者 (以姓氏笔画为序)

王培林 (青岛大学医学院)

左 伋 (复旦大学上海医学院)

李晓雯 (郑州大学医学院)

刘 雯 (复旦大学上海医学院)

刘永章 (温州医学院)

杨康鹏 (延边大学医学院)

吴白燕 (北京大学医学部)

金雄吉 (延边大学医学院)

岳凤珍 (兰州大学医学院)

赵彦艳 (中国医科大学)

黄 辰 (西安交通大学医学院)

黄 健 (桂林医学院)

谭湘陵 (南通大学医学院)

人 民 卫 生 出 版 社

图书在版编目(CIP)数据

医学遗传学实验指导 / 左伋主编. —北京:人民卫生出版社, 2004.5

ISBN 7-117-06097-2

I. 医… II. 左… III. 医学遗传学—实验—高等学校—教材 IV. R394-33

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2004) 第032402号

医学遗传学实验指导

主 编: 左 伋

出版发行: 人民卫生出版社(中继线 6766666)

地 址: (100078)北京市丰台区东三环芳群园3区6号楼

网 址: <http://www.pmph.com>

E-mail: pmph@pmph.com

印 刷: 尚艺印装有限公司

经 销: 新华书店

开 本: 787×1092 1/16 32张

字 数: 110千字

版 次: 2004年5月第1版 2004年5月第1版第1次印刷

标准书号: ISBN 7-117-06097-2/R·6098

定 价: 8.00元

著作权所有, 请勿擅自用本书制作各类出版物, 违者必究

(凡属质量问题请与本社发行部联系退换)

前 言



尽管全国有许多医学院校的各类医学专业已开设了“医学遗传学”课程,但相应的“医学遗传学实验(或实习)课”却显得相对薄弱。一方面受现实条件的限制(包括课时、生数、实验室条件等等),以致于不能满足开设医学遗传学实验(实习)的实际需要;另一方面医学遗传学实验(实习)所涉及的范围广泛(宏观的内容可涉及人群或个体、微观的内容则可达细胞、分子),这使其在一个具体的教学实验室不易得到实施。然而“医学遗传学”课程本身的性质决定了实验(实习)教学在医学遗传学课程学习中具有重要的意义,因此,在可能的情况下,我们提倡应积极争取实验课的开设。

作为横跨基础医学与临床医学的桥梁课程,“医学遗传学”既带有基础医学实验的性质,也具有临床医学实习的特点,但在我国绝大多数医学院校的医学遗传学教学是由从事基础医学教学和研究的老师担任的,故无法实现医学遗传学所具有临床性质的教学。我们在编写这本《医学遗传学实验指导》时,试图兼顾基础和临床两个方面,意在鼓励有条件的学校加强基础医学与临床医学老师的合作,使医学遗传学教学走进病房、门诊,走进社区。

《医学遗传学实验指导》包括:遗传病的家系分析、群体遗传分析相关的实验、染色体分析相关的实验、基因检测相关的实验、医学遗传学综合实验和附录等六章,分别代表医学遗传学实验的群体、家系(家系)、细胞、分子等四个层次和一个综合性实验,每一个层次又包括若干个具体的实验,在使用本教材时,可根据实际情况,选择其中的一些实验作为代表进行教学;书后的附录包括了一些医学遗传学技术上的进展,供有兴趣的使用者学习时参考。

对于某一个具体的实验而言,每一个实验室可能有其自己的方法,本教材中所提供的只是一些基本的方法,在具体教学中,师生可根据自己的实际情况加以修改。

本教材作为全国高等医药规划教材《医学遗传学》(第四版)的配套教材,在编写过程中,得到了复旦大学上海医学院、桂林医学院、兰州大学医学院的大力支持,谨表衷心感谢。对教材中所存在的不当之处,希望大家及时指出,以便改进。

左 伋

2003年12月

目 录



第一章 遗传病的家系分析	1
实验 1-1 系谱分析	1
实验 1-2 Bayes 法在遗传咨询中的应用	4
第二章 群体遗传分析相关的实验	9
实验 2-1 人类的皮肤纹理分析	9
实验 2-2 PTC 尝味实验	13
实验 2-3 人类性状的遗传学分析	13
实验 2-4 遗传度、杂合度、多态信息量和吻合度测验	16
实验 2-5 遗传性疾病遗传方式的估计	18
第三章 染色体分析相关的实验	22
实验 3-1 人类染色体标本的制备	22
实验 3-2 染色体显带技术	24
实验 3-3 姐妹染色单体技术	26
实验 3-4 小鼠骨髓嗜多染红细胞微核检测	29
实验 3-5 荧光原位杂交	32
第四章 基因检测相关的实验	38
实验 4-1 人基因组 DNA 的提取	38
实验 4-2 聚合酶链反应	41
实验 4-3 点杂交技术	45
第五章 医学遗传学综合实验	51
第六章 附录	55
附录一 人类各号染色体的带型特点及鉴别要点	55
附录二 PCR 技术	59
附录三 SAGE 技术	61



附录四	基因芯片技术	63
附录五	SELDI 技术	65
附录六	RNAi 研究进展	67
附录七	MicroRNAs 研究新进展.....	69
附录八	医学遗传学暨相关学科数据库网址	71

第一章

遗传病的家系分析

遗传病的系谱分析是了解、研究和诊断遗传病的重要步骤,从先证者入手,尽可能多地调查其亲属的患病情况,这有助于判断疾病是染色体疾病还是基因病;是单基因还是多基因遗传;是显性还是隐性遗传;是常染色体还是性染色体遗传。事实上系谱分析也是发现疾病、认识疾病的开始。在采集系谱时,重点应记录家族史、婚姻史和生育史,另外对于收养、过继、近亲婚配和非婚生育等情况也应予以特别注意。

在进行家系系谱收集及分析时必须注意以下几个问题:①资料必须可靠,个体的文化程度、家系成员的分散程度、被调查者的年龄、记忆和判断能力等,都是影响资料准确度的因素;②涉及家庭成员的隐私问题,应说服被调查者积极配合;③对不同患者患病程度的度量应尽量准确一致,最好能提供医院的诊断资料,仅依某一个人的描述往往产生较大的偏差;④应尽可能地扩大家系范围,以便更准确地判断;⑤注意外显不全、延迟显性、新突变基因、动态突变、易位基因、基因组印迹等问题,还要充分考虑主基因和遗传背景、基因和环境综合作用等问题;⑥观察指标的不同,可能的遗传方式也不同。家系分析的结果对于发病风险率的计算将产生重要影响。

实验 1-1 系谱分析

一、实验目的

通过对遗传病的系谱分析,掌握单基因遗传病的四种传递方式及其特点,初步掌握系谱分析的方法,并培养学生综合分析能力。

二、实验原理

系谱分析(pedigree analysis)是了解遗传病的一个常用的方法。其基本程序是先对某家族各成员出现的某种遗传病的情况进行详细的调查,再以特定的符号和格式绘制成反映家族各成员相互关系和发生情况的图解,然后根据孟德尔定律对各成员的表现型和基因型进行分析。通过这样的分析,可以判断某种性状或遗传病是属于哪一种遗传病方式(单基因遗传、多基因遗传)。如果是单基因遗传,还可确定是显性、隐性或性连锁遗传。



三、实验内容

运用遗传规律,对所提供的各系谱针对所提出的问题进行分析讨论,并注意用医学遗传学理论解释系谱中出现的特殊现象,预测一些个体今后产生遗传病后代的可能性。

(一)苯丙酮尿症(PKU)是一种氨基酸代谢异常疾病,临床上表现为智能低下。关于下列系谱(图 1-1):①哪些个体是肯定的 PKU 疾病基因携带者? ② III₂ 是疾病基因携带者的概率是多少? ③ 如果 III₃ 和 III₄ 结婚,他们第一个孩子是 PKU 患者的概率是多少? 第二个孩子是 PKU 患者的概率又是多少? ④ PKU 发生的机制是什么?

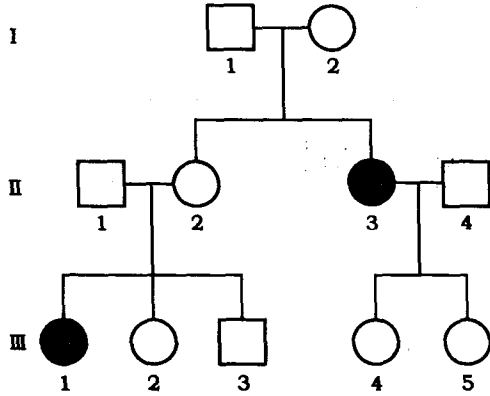


图 1-1 — PKU 家系系谱

(二)试指出下列三个系谱(图 1-2)中所显示的“疾病”的可能的和不可能的遗传方式,为什么?

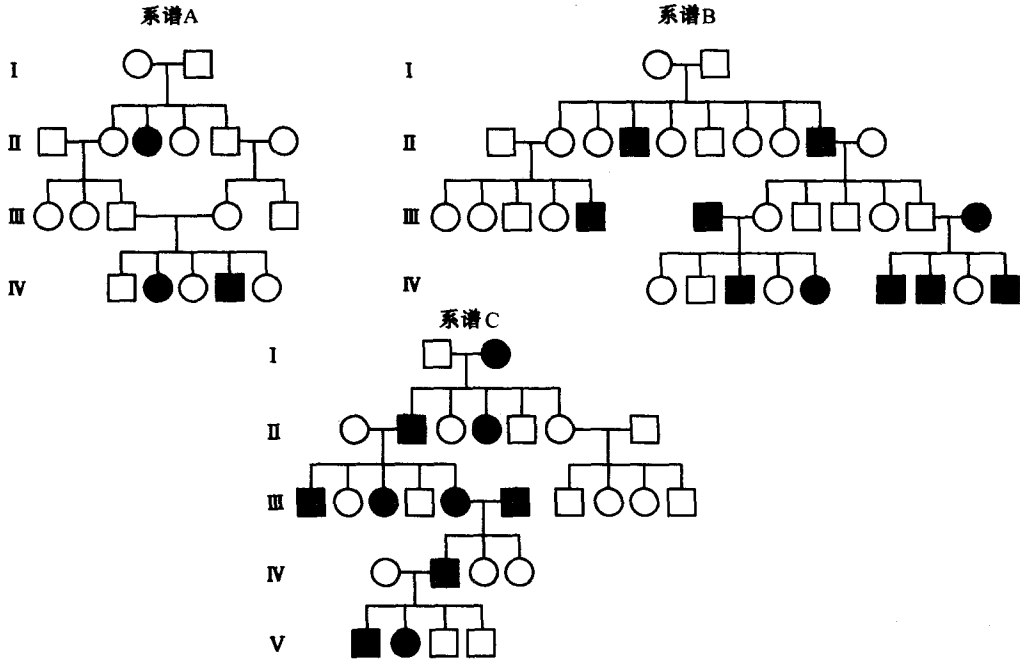


图 1-2 三例遗传病家系系谱

(三)下列系谱(图 1-3)中的双生子性状的遗传方式是什么?

(四)试指出下列系谱(图 1-4)中所显示的“疾病”的遗传方式,其判断依据是什么?

(五)人类的先天性耳聋呈常染色体隐性遗传,在以下系谱(图 1-5)中,假设有两个耳聋患者,每个人都是某一隐性突变的纯合子,他们婚后生有四个孩子,每个孩子的听力都

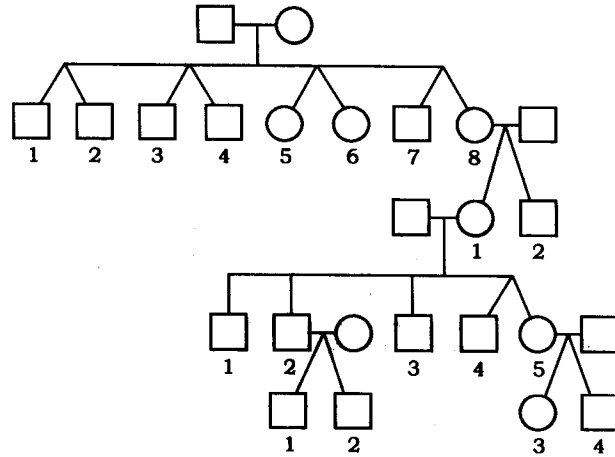


图 1-3 一例双生子家系系谱

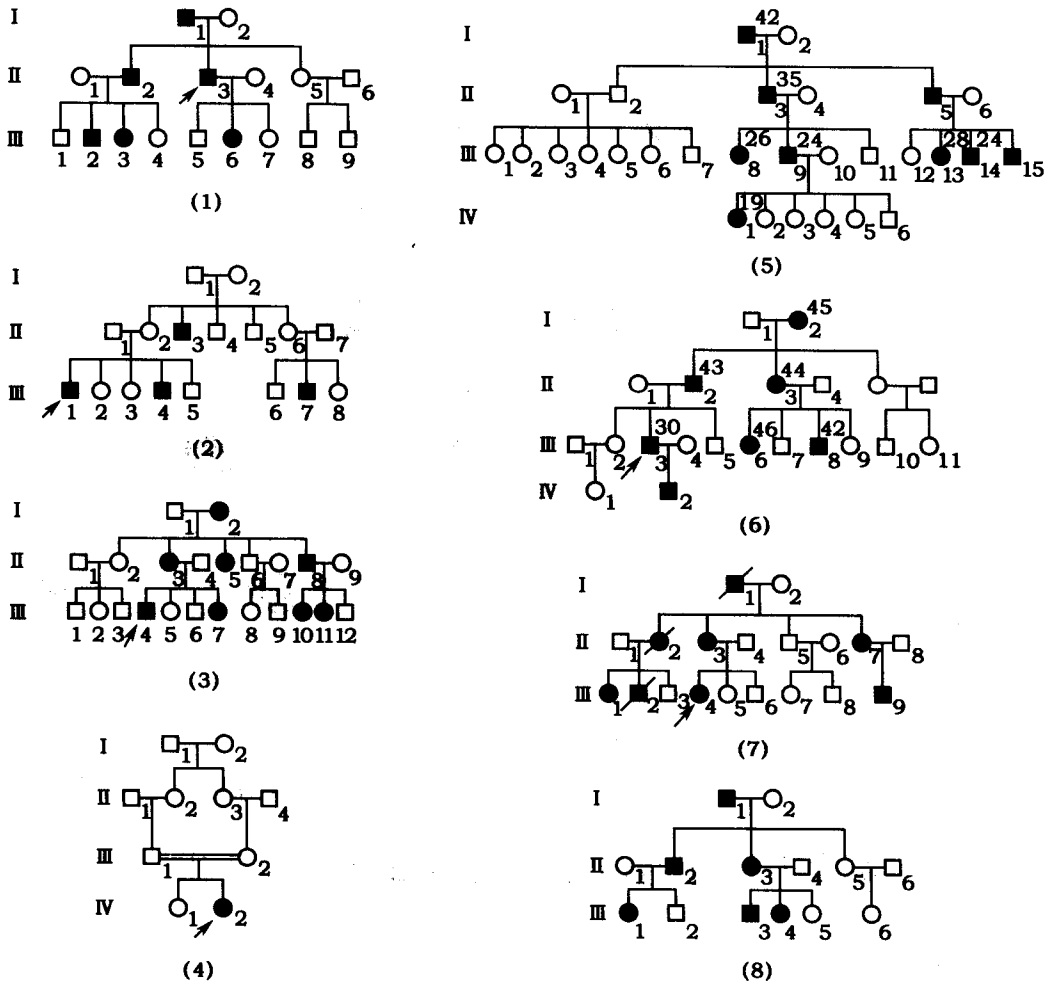


图 1-4 8 例遗传病家系系谱

是正常的。试解释之。

(六) 共济失调是一种神经系统疾病, 试指出以下系谱(图 1-6)中共济失调疾病的遗传方式。

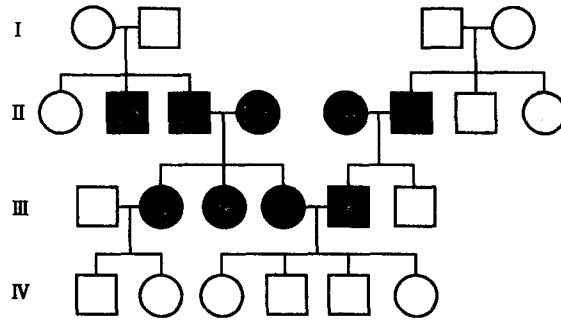


图 1-5 先天性耳聋家系系谱

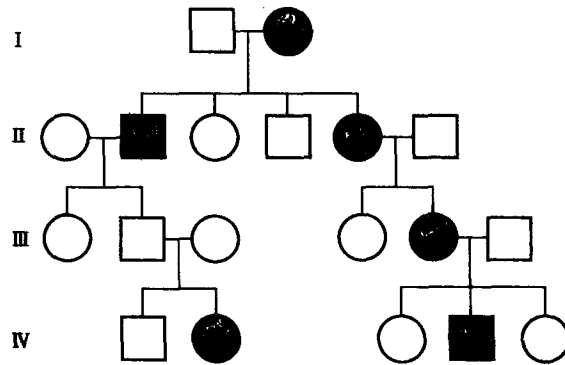


图 1-6 共济失调家系系谱

(七) a 是致病的隐性等位基因; 相应的正常等位基因为 A, 在以下系谱中(图 1-7): ①母亲的基因型是什么? ②父亲的基因型是什么? ③孩子的基因型是什么? ④疾病的遗传方式是什么? 子代中患者与正常孩子的比例是否是期望值?

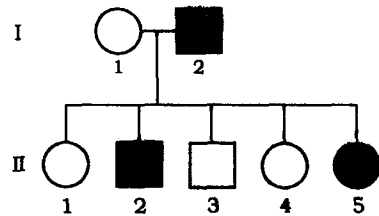


图 1-7 一遗传病家系系谱

四、实验结果

讨论结果写成实验报告交给老师。

(刘永章 左 俊)

实验 1-2 Bayes 法在遗传咨询中的应用

一、实验目的

掌握 Bayes 法在临床遗传咨询中应用。



二、实验内容

在预测单基因遗传病的发病风险时,如果不考虑患者家系中实际遗传情况,而仅按染色体分离与遗传方式计算,所获得的 $1/2$ 或 $1/4$ 的发病或再发风险,往往是不够准确的。1963年, Bayes 提出一种确认两种相斥事件相对概率的理论。当将这一理论应用于遗传咨询时,它不仅考虑该病的遗传规律和基因型,而且考虑到该患者家系中的具体发病情况。因此,应用 Bayes 定理能较准确地推算出单基因遗传病的发病风险或再发风险,因此临床上,已在遗传咨询中普遍应用这一计算方法。

(一) 应用 Bayes 定理计算时常用的几个概念

1. 前概率 指所研究事件的概率,不管其他任何信息。提示一个个体是携带者的可能性(概率)是多少,不是携带者的可能性(概率)是多少。

2. 条件概率 考虑到事件的真实性情况或特殊条件的概率,即一个个体如果是携带者,可根据该家系中遗传的参考信息,计算出有遗传病子女的概率和出生不是遗传病子女的概率。

3. 联合概率 即前概率与条件概率之乘积。

4. 后概率 两项联合概率的积,分别除去一项联合概率。

利用 Bayes 定理的计算程序,即可更准确估计出各种单基因遗传病的发病风险或再发风险。

(二) X 连锁隐性遗传病发病风险的估计

DMD 是一种 XR 遗传病,以男性发病为主,患儿的母亲为携带者。现以图 1-8 的一个 DMD 家系为例,利用 Bayes 定理计算 IV_1 将来发病风险如何。

如果按遗传规律计算, II_1 、 II_2 都已发病,表明这一家系中,致病基因不是新突变产生,而是隐性致病基因携带者 I_1 传来,即他们的母亲 I_1 为肯定携带者,因此, II_3 是携带者的概率为 $1/2$, III_5 是携带者的概率为 $1/4$, IV_1 发病的风险则是 $1/8$ 。

但是,如按 Bayes 定理计算,则结果有所不同。首先计算 II_3 是携带者的概率(表 1-1)。在不考虑其生育的情况下,她是携带者的前概率为 $1/2$ 。但是,从系谱中寻找参考信息时可见, II_3 已生出 III_1 、 III_2 、 III_3 、 III_4 四个无病的儿子,这就是一个重要信息,因此,

如果 II_3 是携带者,她连生四个儿子都无病的概率是 $1/2 \times 1/2 \times 1/2 \times 1/2 = 1/16$, 如果 II_3 不是携带者,她连生四个儿子都无病的概率是 $1(16/16)$, 它们的条件概率与条件概率相乘,即得出各自的联合概率,分别为 $1/32$ 和 $16/32$ 。将两项联合概率作为分母,将每项联合概率作为分子,即可得出各自的后概率,分别为 $1/17$ 和 $16/17$ 。由此表明, II_3 是携

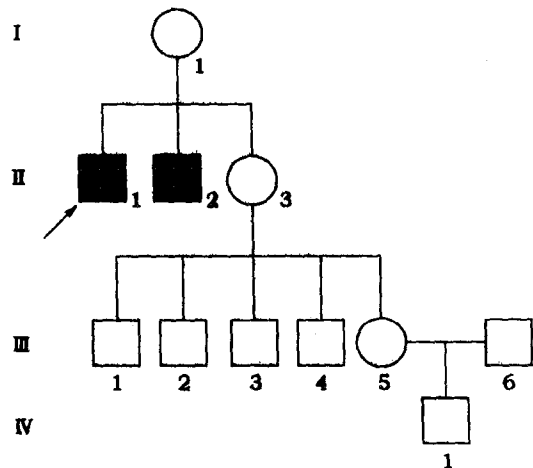


图 1-8 一个 DMD 系谱

带者的概率不是 1/2,而是降低为 1/17;相反, II₃ 不是携带者的概率也不是 1/2,而增高到 16/17。

表 1-1 图 1-8 中 II₃ 是(X^AX^a)或不是(X^AX^A)携带者的概率

	X ^A X ^a	X ^A X ^A
前 概 率	1/2	1/2
条 件 概 率	1/16	16/16
联 合 概 率	1/32	16/32
后 概 率	(1/32) ÷ (17/32) = 1/17	(16/32) ÷ (17/32) = 16/17

然后,再计算 III₅ 是携带者概率。由于 II₃ 是携带者的后概率为 1/17,因此 III₅ 的概率将为 1/17 × 1/2 = 1/34,从而可以估计 IV₁ 的将来发病风险为 1/34 × 1/2 = 1/68。

这表明按遗传规律计算和按 Bayes 法计算的 IV₁ 的发病风险,相互有较大的差异,由于 Bayes 定理考虑到了全面信息,所以其计算的结果更能反映家系子女发病的真实情况,预测的发病风险更为准确、可靠。

(三) 常染色体显性遗传病发病风险估计

Huntington 舞蹈病(HD)是一种晚发型的 AD 遗传病。现就下图(图 1-9)中一个 HD 家系,说明按 Bayes 法定理计算 III₁ 发病风险的计算程序。

I₁ 为杂合子患者(Aa),如按遗传规律计算 II₁ 为杂合子的概率为 1/2, III₁ 为杂合子且将来发病的风险为 1/4;如按 Bayes 法计算,应先计算 II₁ 为杂合子(Aa)的概率(表 1-2)。

II₁ 是杂合子和不是杂合子的前概率各为 1/2,但从该家系中找到一个重要信息,即 II₁ 已 40 岁但尚未发病。根据有关统计资料,HD 杂合子(Aa)在 40 岁时的外显率为 70%,20 岁时外显率为 10%,因此,II₁ 是杂合子,40 岁未发病的条件概率为 30/100; II₁ 不是杂合子,40 岁未发病的条件概率为 100/100,依次求出的联合概率分别为 30/200 和 100/200;后概率分别为 3/13 和 10/13。

表 1-2 II₁ 是(Aa)或不是(aa)杂合子的概率

	Aa	aa
前 概 率	1/2	1/2
条 件 概 率	30/100	100/100
联 合 概 率	30/200	100/200
后 概 率	3/13	10/13

然后,再计算 III₁ 是杂合子的概率(表 1-3)。III₁ 是杂合子的前概率是 1/2 × 3/13 = 3/26, III₁ 不是杂合子的前概率是 23/26。III₁ 是杂合子,20 岁未发病的概率是 90%; III₁ 不是杂合子,20 岁未发病的概率为 100%。依次求出的联合概率分别为 270/2600 和

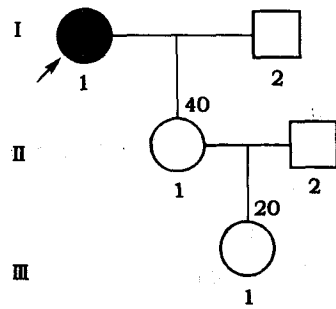


图 1-9 一个 Huntington 舞蹈病的系谱

2300/2600,后概率分别为 $270/2570=0.105$ 和 $2300/2570=0.895$ 。

表 1-3 图中 III₁ 是或不是杂合子的概率

	Aa	aa
前 概 率	3/26	23/26
条件概率	90/100	100/100
联合概率	270/2600	2300/2600
后 概 率	$270/2570=0.105$	$2300/2570=0.895$

因此,在此家系中, III₁ 将来的发病风险,如按遗传规律计算为 1/4,即 0.25;若按 Bayes 法计算则仅为 0.105,两者相差悬殊,即 Bayes 定理推算的发病风险为准确可靠。

(四) 常染色体隐性遗传病发病风险估计

现以肝豆状核变性为例,说明 Bayes 定理在常染色体隐性遗传病中的应用。

肝豆状核变性(HLD)是一种常染色体隐性遗传病。铜在细胞中的过量累积是细胞病变的原因,患者在发病的早期(细胞未发生不可逆的病理变化前)用排铜药治疗,可达到临床痊愈。然而,按遗传规律来测算 HLD 患者同胞的再发危险率(为 25%)的实际意义不大,临床生化检查(如血清铜、尿铜和血浆铜蓝蛋白的测定)在正常个体、HLD 基因携带者及 HLD 患者之间呈相互重叠(见表 1-4),单独应用其中的某一指标都不能提高再发危险率评估的正确性,Bayes 定理可综合每个生化指标所提供的信息,从而提高再发危险率评估的准确性。

表 1-4 HLD 三种不同性状在血浆铜蓝蛋白、血清铜和尿铜的分组中所占的比例

指标与分组	HLD 的三种不同状态		
	正常个体	杂合体	患者
血浆铜蓝蛋白($\mu\text{mol/L}$)			
<1.32	0.088(20)	0.0333(24)	0.991(106)
1.32~2.64	0.836(189)	0.583(42)	0.009(1)
>2.64	0.075(17)	0.083(6)	0.000(0)
合计	1.000(n=226)	1.000(n=72)	1.000(n=107)
血清铜($\mu\text{mol/L}$)			
<9.42	0.004(1)	0.233(14)	0.967(97)
9.42~15.7	0.290(65)	0.533(32)	0.030(3)
>15.7	0.705(158)	0.233(14)	0.010(1)
合计	1.000(n=224)	1.000(n=60)	1.000(n=101)
尿铜($\mu\text{mol}/24\text{h}$)			
<0.32	0.278(15)	0.147(5)	0.033(3)
0.32~1.28	0.630(34)	0.706(24)	0.044(4)
>1.28	0.093(5)	0.147(5)	0.923(84)
合计	1.000(n=54)	1.000(n=34)	1.000(n=91)



一家系如图 1-10 所示,先证者及兄妹均为 HLD 患者,现要评估先证者之弟 II₄ (目前临床正常)的再发危险率是多少? II₄ 现为 7 岁,根据发病年龄与发病风险关系曲线,知其发病风险率为 0.766;血浆铜蓝蛋白为 $1.15\mu\text{mol/L}$,根据表 1-4,这一数值为正常个体、杂合子和(症状前)患者的条件概率分别为 0.088、0.333 和 0.991;血清铜为 $13.0\mu\text{mol/L}$,根据表 3-9,这一数值为正常个体、杂合子和(症状前)患者条件概率分别为 0.290、0.533 和 0.030;尿铜为 $1.68\mu\text{mol/24h}$,根据表 1-3,这一数值为正常个体、杂合子和(症状前)患者的条件概率分别为 0.093、0.147 和 0.923;另外遗传指标酯酶 D 的分析显示 II₄ 个体为正常个体、杂合子和(症状前)患者的条件概率为 0.500、0.000 和 0.500(表 1-5)。根据 Bayes 定理的计算公式计算出 II₄ 个体为正常个体、杂合子和(症状前)患者的后概率,分别为 0.101、0.000 和 0.899,即 II₄ 个体再发危险率约为 90%,排除了其为杂合子的可能;该 II₄ 经 3 年随访后证实为 HLD 患者,并立即进行了相应治疗,使症状得以控制,维持正常的学习和日常生活。

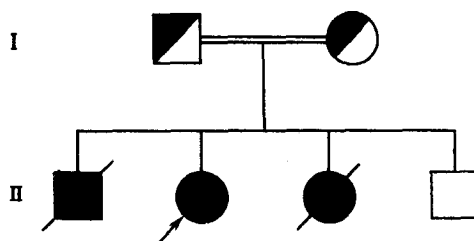


图 1-10 一个 HLD 系谱

表 1-5 II₄ 个体为正常个体、杂合子和(症状前)患者概率计算表

项目	正常个体	杂合子	(症状前)患者
前概率	0.250	0.500	0.250
条件概率			
血浆铜蓝蛋白	0.088	0.333	0.991
血清铜	0.290	0.533	0.030
尿铜	0.093	0.147	0.923
酯酶 D	0.500	0.000	0.500
年龄/发病风险	1.000	1.000	0.766
联合概率	0.0003	0.0000	0.0026
后概率	0.101	0.000	0.899

(五) 实例计算

一种常染色体显性遗传病的外显率为 60%,一个人的祖母患此病,他的父亲未患此病,他本人将来患此病的风险如何? 试按 Bayes 法计算之。

三、实验结果

讨论结果写成实验报告交给老师。

(刘 雯)

第二章

群体遗传分析相关的实验

遗传病特征之一在于具有家族性,所以确定患者家庭成员的基因型,并对患者的父母、近亲和远亲作再发风险率的估算是医学服务的重要目的。同时为了在医学服务或遗传咨询中正确地做出关于疾病的临床诊断和准确地估算出再发风险率,必须考虑特定基因型在不同群体可能存在的差异。因为同一遗传病在不同群体的致病基因分布上的差异,生殖适合度对群体中基因分布的影响在临床诊断和遗传咨询中都是很有价值的。因此通过遗传度、杂合度、多态信息容量和吻合度测验的计算,以及 Bayes 定理计算等方法可以预测患者亲属的再发风险,为遗传咨询提供有效依据。

另一方面,由于遗传性疾病目前多无有效的治疗措施,因此预防遗传病,降低遗传病在人群中的比例,即降低遗传病的群体负荷,是改进人类的遗传素质的关键。遗传负荷是评价一个群体易患某些疾病的指标之一,代表了遗传病在群体中的严重程度,通常用发生率来表示。发生率越高,群体中的遗传有害性越高,人类需要的对应措施越多。以直接法或间接法可测算每一世代每一基因位点的突变率,估算有害基因在群体中的频率,评价遗传病的群体负荷,从而采取有效的干预措施以提高群体的遗传素质具有相当的意义。

实验 2-1 人类的皮肤纹理分析

一、实验目的

1. 掌握皮纹分析的基本知识和方法。
2. 了解皮纹分析在遗传学中的应用。

二、实验原理

人体的手、脚掌面具有特定的纹理表现,简称皮纹。人类的皮肤由表皮和真皮构成。真皮乳头向表皮突起,形成许多排列整齐、平行的乳头线,此线又称嵴纹。嵴纹上有许多汗腺的开口。突起的嵴纹相互又形成凹陷的沟。这些凹凸的纹理就构成了人体的指(趾)纹和掌纹。目前,皮纹学的知识和技术,广泛应用于人类学、遗传学、法医学以及作为临床某些疾病的辅助诊断。



人体的皮纹既有个体的特异性,又有高度的稳定性。皮纹在胚胎发育第 13 周开始出现,第 19 周左右形成,出生后终生不变。而很多染色体疾病患者往往有特殊的皮纹,因此皮纹也可作为诊断某些遗传病的依据之一。

三、实验材料

放大镜、印台、印油、白纸、直尺、铅笔、量角器。

四、实验方法和步骤

观察自己指纹、掌纹、指褶纹和掌褶纹的类型。计数指嵴纹总数(TFRC)。测量双手的 atd 角并计算 t 距比。

将双手洗净、擦干,把全手掌在印台上均匀地涂抹上印油,五指分开按在白纸上。注意用力不宜过猛过重,不能移动手掌或白纸,以免所印皮纹重叠而模糊不清。

(一) 指纹观察

手指末端腹面的皮纹称为指纹。根据纹理的走向和三叉点的数目,可将指纹分为三种类型:弓形纹、箕形纹、斗形纹(图 2-1)。

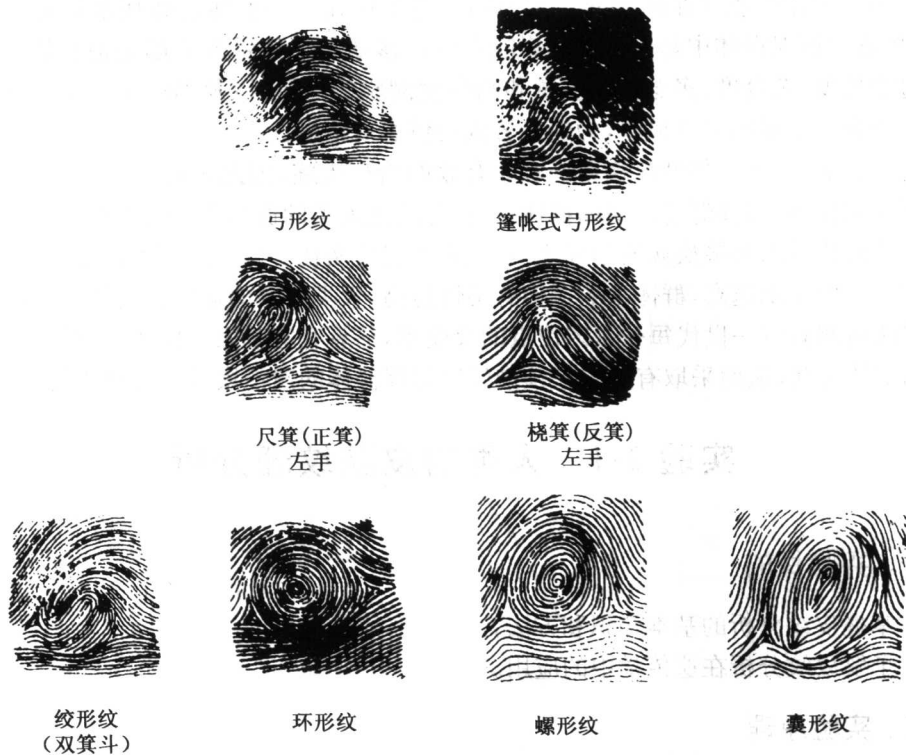


图 2-1 指纹的类型

1. 弓形纹(Arch, A) 嵴线由一侧至另一侧,呈弓形,无中心点和三叉点。根据弓形的弯度分为简单弓形纹和篷帐式弓形纹。

2. 箕形纹(loop, L) 俗称簸箕。在箕头的下方,纹线从一侧起始,斜向上弯曲,再回



转到起始侧,形状似簸箕。此处有一呈三方向走行的纹线,该中心点称三叉点。根据箕口朝向的方位不同,可分为两种:箕口朝向手的尺侧者(朝向小指)称正箕或尺箕;箕口朝向手的桡侧者(朝向拇指)称反箕或桡箕。

3. 斗形纹(whorl, W) 是一种复杂、多形态的指纹。特点是具有两个或两个以上的三叉点。斗形纹可分绞形纹(双箕斗)、环形纹、螺形纹和囊形纹等。

根据统计,指纹的分布频率因人种而异,存在种族、性别的差异。东方人尺箕和斗形纹出现频率高,而弓形纹和桡箕较少;女性弓形纹多于男性,而斗形纹较男性略少。

(二) 嵴纹计数

1. 指嵴纹计数 弓形纹由于没有圆心和三叉点,计数为零。箕形纹和斗形纹,则可从中心(圆心)到三叉点中心绘一直线,计算直线通过的嵴纹数。斗形纹因有两个三叉点,可得到两个数值,只计多的一侧数值。双箕斗分别先计算两圆心与各自三叉点连线所通过的嵴纹数,再计算两圆心连线所通过的嵴纹数,然后将三个数相加起来的总数除以 2,即为该指纹的嵴纹数(图 2-2)。

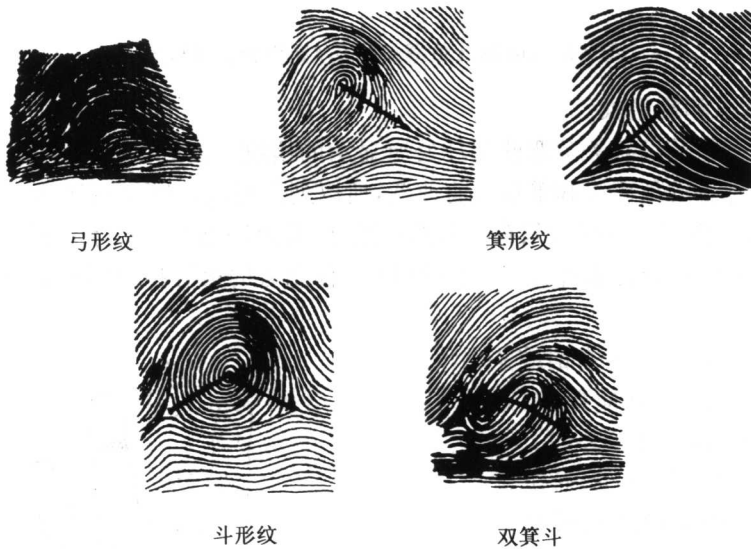


图 2-2 指纹的嵴纹计数

2. 指纹总数(TFRC) 为 10 个手指嵴纹计数的总和。我国男性平均值为 148 条,女性为 138 条。

(三) 掌纹观察

掌纹分为五部分:①位于拇指下方的大鱼际区;②位于小指下方的小鱼际区;③从拇指到小指的指根部间的指间区;④由 2、3、4、5 指基部的三叉点 a、b、c、d 及其各引出一条主线,即 A 线、B 线、C 线和 D 线(图 2-3);⑤atd 角:正常人手掌基部的大、小鱼际之间,具有一个三叉点,称轴三叉,用 t 表示,从指基部三叉点 a 和三叉点 d 分别画直线与三叉点 t 相连,即构成 atd 角。可用量角器测量 atd 角度的大小,并确定三叉点 t 的具体位置。三叉点 t 的位置离掌心越远,也就离远侧腕关节褶线越近,atd 角度数越小;而三叉点 t 的位置离掌心越近,离腕关节褶线越远,atd 角就越大。我国正常人 atd 角的平均值为 41° (图