



## The Minz Zhuang of Napo Country, Guangxi: Legacy of the Thai-Lao Migration South

ZHAO Qing<sup>1,2</sup>, PAN Shangling<sup>1</sup>, QIN Zhendong<sup>2</sup>, CAI Xiaoyun<sup>2</sup>, LU Yan<sup>2</sup>, XU Jieshun<sup>3</sup>, YIN Ruixing<sup>2</sup>, LI Shilin<sup>2</sup>, JIN Li<sup>2</sup>, LI Hui<sup>2</sup>

1 Department of Pathophysiology, Guangxi Medical University, Nanning 530021 China;

2 State Key Laboratory of Genetic Engineering and MOE Key Laboratory of Contemporary Anthropology, School of Life Sciences and Institutes of Biomedical Sciences, Fudan University, Shanghai 200433 China;

3 School of Ethnology and Sociology, Guangxi University for Nationalities, Nanning 530006 China.

**ABSTRACT:** The Thai-Lao people of the Indo-China Peninsula originated in Guangxi, China. These people migrated south and crossed through Napo County on their way across the China-Vietnam border. The Minz Zhuang (Hei-Yi Zhuang), indigenous to Napo, has been more successful than other Zhuang populations in preserving their customs and traditions. We studied the genetic diversities among Minz population Y chromosomes and mitochondria, and found that it is a typical Tai population. The Y chromosome STR haplotypes diversity decreases across populations from East Guangxi through Napo to Laos, supporting the southward migration hypothesis of the Thai-Lao people. The Minz sample also shares many haplotypes with the Laotian samples, suggesting that the emergence of the Minz resulted from the Thai-Lao southward migration.

**Key words:** Minz Zhuang; Tai ethnic group; Y chromosome; Mitochondrial DNA

## 广西那坡黑衣壮族是泰老民族南迁途中的遗留群体

赵青<sup>1,2</sup>,潘尚领<sup>1</sup>,覃振东<sup>2</sup>,蔡晓云<sup>2</sup>,陆艳<sup>2</sup>,徐杰舜<sup>3</sup>,尹瑞兴<sup>1</sup>,李士林<sup>2</sup>,金力<sup>2</sup>,李辉<sup>2</sup>

1 广西医科大学基础医学院, 南宁 530021; 2 复旦大学生命科学学院现代人类学教育部重点实验室, 上海 200433; 3 广西民族大学民族学与社会学学院, 南宁 530006

**摘要:** 中南半岛的泰老民族被认为是中国广西的壮傣族群南迁形成的。那坡县地处中越边境滇桂交界地区, 泰老民族南迁可能经过该地。那坡县的黑衣壮族是现在壮族群体中保留传统最多的, 很可能是壮傣群体南迁途中遗留的群体。本文研究了黑衣壮族的 Y 染色体和线粒体多样性。结果发现, 黑衣壮是典型的壮傣群体, 但又有一些来源复杂的成分。从广西东部往西南, 通过那坡, 一直到老挝, Y 染色体的多样性基本呈现降低趋势, 证实了壮傣的南迁。而黑衣壮族与老挝群体共享许多 STR 单倍群, 支持黑衣壮族是泰老民族南迁途中遗留群体的观点。

**关键词:** 黑衣壮族; 壮傣族群; Y 染色体; 线粒体

在中国南部数省和中南半岛数国分布着侗傣语系的上百个民族[1]。同一个语系的民族群体往往被认为有着相同的血统, 也就是遗传上的同源, 但也可能是不同起源的民族群体在语言上被同化的结果。侗傣语系中的大部分民族已被证明在遗传上是同源的[2]。语言学和体质人类学的研究结果也都表明, 中国的壮族和中南半岛的泰-老族群原是同族, 来自于百越分支的西瓯[3], 后因政治与自然环境的变化, 逐渐向东南亚的越南、老挝、泰国、滇南等地移民, 在与孟高棉语族群竞争中占了优势, 渐渐在东南亚繁衍开来, 形成现在的泰族、老龙族等等。

那坡县地处中越边境, 滇桂交界地区,

为泰老民族南迁所经之地。所以那坡本地的壮族是研究壮傣族群南迁的不可或缺的一环。本文用分子人类学的方法对那坡县的壮族支系——黑衣壮[4]的内部遗传结构进行分析, 以期了解黑衣壮是否为壮傣南迁中留下的一支。

### 一、材料与方法

#### 1. 群体样本

在广西壮族自治区那坡县随机采集了130份无可查亲缘关系的正常黑衣壮人血样, 其中男性样本63份, 女性样本67份。研究通过复旦大学生命科学学院伦理委员会审查, 所有研究对象都按规定签署了知情同意

表 1 黑衣壮族 Y 染色体单倍群频率分布

Tab.1. Y chromosome haplogroup frequencies of the Minz Zhuang

单倍群	C3*	D1	N1*	O*	O1a*	O2*	O2a*	O2a1	O3*	O3a3b1	O3a3c1	O3a3c*
终诊位点	M217	M15	LLY22g	M175	M119	P31	M95	M88	M122	M188	M117	M134
百分比	12.70	11.11	6.35	4.76	19.05	1.59	19.05	3.17	6.35	4.76	7.94	3.17

表 2 黑衣壮族线粒体 DNA 单倍群频率分布

Tab.2. mtDNA haplogroup frequencies of the Minz Zhuang

单倍群	A	B4a	B4c1*	B4c1b3	B5a	B5b	C	D*	D4	D5	F*	F1a*	F1a1*	F1a1a
频率	6.15	6.92	3.08	0.77	3.85	0.77	2.31	2.31	10.00	2.31	3.85	3.08	4.62	3.08
单倍群	F1a3	G*	G2	M*	M7*	M7a1	M7b*	M8*	N9*	N9a	R9*	R9b	R9c	Y
频率	0.77	2.31	6.15	7.69	4.62	0.77	6.92	0.77	0.77	3.85	0.77	2.31	8.46	0.77

书。采样采取静脉取血的方式, DNA 抽提使用经典的酚-氯仿法。

## 2. Y 染色体标记

在 63 份男性样本中对人群特异性的 Y 染色体非重组区 30 个位点用 Taqman 方法进行单倍型分型, 它们包括 M121、M117、M175、M15、M134、M119、M101、M50、P31、M122、M95、M176、M324、M88、M7、M188、M164、M159、M300、M128、P43、M46、M130、M8、M38、M347、M356、M217、LLY22g 和 M48。并对 5 个 Y 染色体 STR 位点(DYS389I、DYS390、DYS391、DYS392、DYS393)进行荧光扫描分型。

## 3. 线粒体(mt)DNA 标记

对所有 130 份样本进行了线粒体高变一区(HVS-1)测序。mtDNA HVS-1 用引物 L15974 和 H16488 扩增[5]。纯化后的 PCR 产物用荧光标记末端终止法延伸, 然后用 ABI 公司生产的 3130 测序仪进行测序分析(Applied Biosystems)。使用微测序的方法对线粒体 22 个多态位点进行分型, 位点包括: 3010、7598、663、10400、10310、4491、10646、4715、4833、8271 缺失、5301、13263、5417、14569、12705、9824、5178、7028、11719、4216、12308、15607。综合测序分析结果和微测序结果按照经典的 Kivisild 定义的 mtDNA 单倍群对每一个体进行分型[5,6]。

## 4. 统计分析

所有 Y-SNP 单倍型分型以文献[7]为标准。mtDNA 单倍型分型以文献[6]为标准。在分析中我们加入了文献报道的相关群体数据作为参照[2,8,9], 老挝群体为复旦实验室未发

表数据。使用 Arlequin 2.0 软件分析的各群体的 O1a\*和 O2a\*两个单倍群的 Y-STR 单倍型多样性, 使用 SURFER7.0 软件把各群体的单倍型多样性转化为地形图。用 Network4.201 软件分析 STR 单倍型结构, 用 5 个 STR 位点通过中点连接法 (Median-Joining) 构建 O1a\*和 O2a\*的网络结构图。

## 二、结果

### 1. Y 染色体单倍群分型

所有 63 份男性样本的 Y 染色体单倍型按照文献[7]分型标准检出 12 种单倍群(表 1)。黑衣壮人群主要的单倍群是: O1a\*、O2a\*、C3\*、D1。一般认为, O1a\*和 O2a\*是侗傣语系人群的高频单倍型[10]。从 Y 染色体单倍型的分布特点可以看出在父系遗传方面, 黑衣壮人群在遗传结构上是典型的侗傣族系的群体。而 C 和 D 单倍群的高频出现则由提示出群体中还有其他来源复杂的成分。

### 2. 线粒体单倍群分型

所有 130 份样本的线粒体单倍群分型以文献[6]为标准, 检出 28 种单倍群(表 2)。黑衣壮的高频单倍型是: D4、R9c、M\*、M7b\*、B4a。据文献报道, 侗傣语系人群 mtDNA 主要单倍型是 B4a、B5a、F1a、M7b1、M7b\*、M\*、R9a 和 R9b[2]; 苗瑶语系 mtDNA 单倍型则以 B4a、B5a、M\*、M7b\*、C、B4b1、M7b1、F1a、B4\*和 R9b 为主[11]。从这些数据可以看出, 黑衣壮人群的线粒体单倍型分布于这两个族群相似, 属于典型的中国南方原住居民。

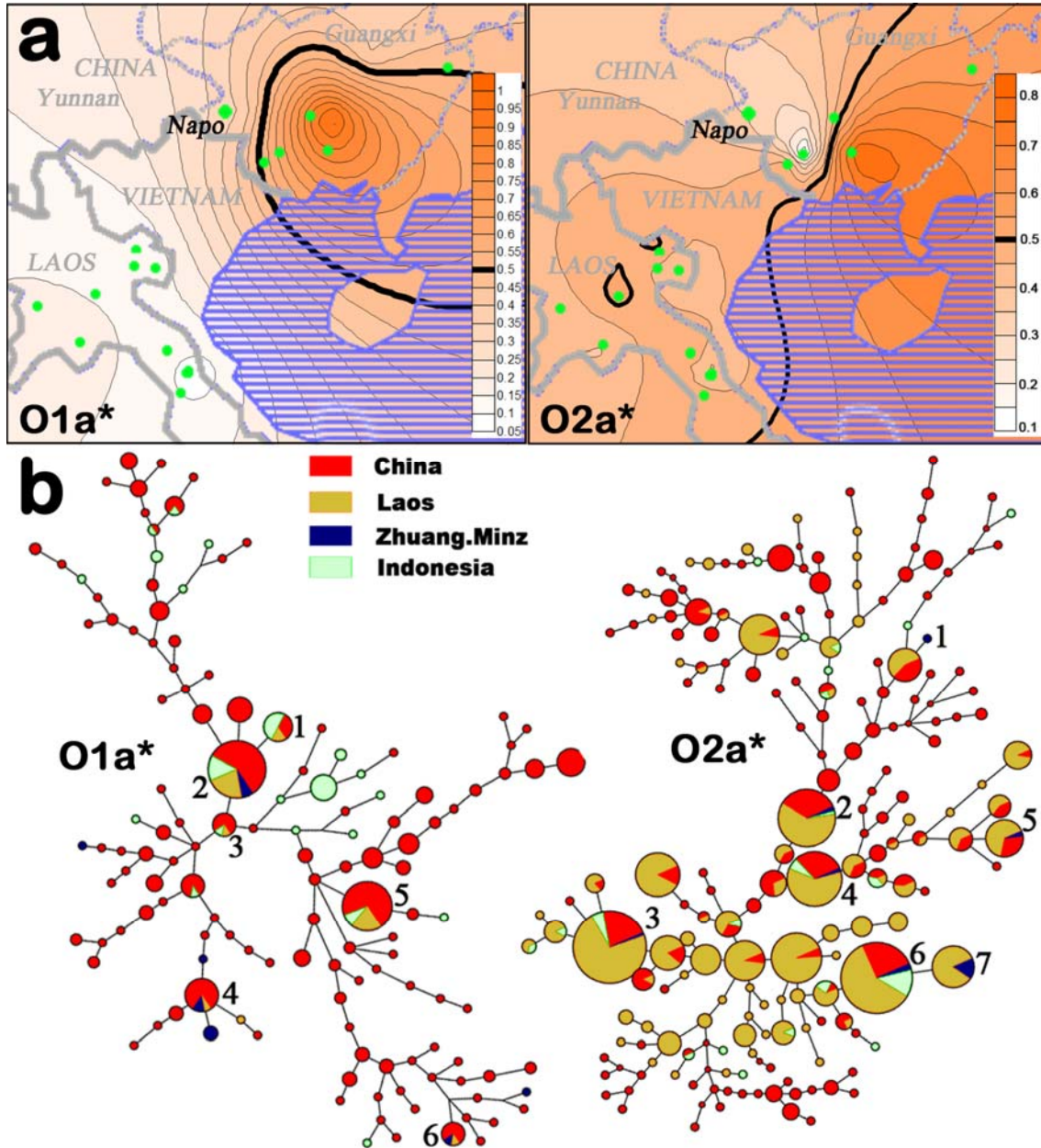


图 1 壮傣族群 Y 染色体单倍群 O1a\* 和 O2a\* 的 STR 单倍型多样性的地理分布图(a)及网络结构图(b)

Fig.1. Diversities of Y chromosome haplogroups O1a\* and O2a\* among the Zhuang-Tai populations. (a) diversity maps, (b) networks.

### 3. Y 染色体 STR 单倍型多样性分布

由于黑衣壮族群体中 Y 染色体单倍群 O1a\* 和 O2a\* 的频率最高, 而这两个单倍群又是壮傣族群的主要类群, 所以分析侗傣族群的迁徙必然需要依据这两个单倍群所包含的遗传信息。我们对两个单倍群分别计算了从广西到老挝的 15 个壮傣群体的 STR 单倍型多样性, 以比较广西和老挝各个群体的古老程度。并将多样性值在地图上转化为梯度分布图(图 1a)。同时, 为了比较各个群体之间

的 STR 单倍型的相似性, 我们又分别在 O1a\* 和 O2a\* 这两个具有代表性的单倍群中, 绘制了 5 个 STR 位点构成的单倍型的网络结构图(图 1b)。

从图 1a 中的多样性分布地图中可以看出, 在 O1a\* 内部的多样性峰值出现在广西东南部, 并且呈现向西南部渐变的过程。那坡壮族比广西其他地方壮族的多样性要低得多。老挝的相关民族的多样性就更加低了。这提示从广西到老挝的壮傣民族中, 携带



O1a\*的人群是从广西向老挝方向迁徙的。迁徙过程中由于遗传漂变,造成了多样性的一路降低。

在单倍群 O2a\*中,多样性也是在广西东南部出现峰值,并向西南部渐降。但在老挝又略有所升高。这一分布趋势与 O1a\*大体一致,除了老挝地区又有升高。O2a\*是一个比 O1a\*古老得多的单倍群,在东南亚多个族群中存在,并不像 O1a\*那样起源于侗傣族群。多样性在南迁以后重新略有升高的原因,可能是由于人群到达老挝后,与老挝土著的孟高棉人群发生了基因交流,吸收了当地的 O2a\*成分。

为了明确那坡黑衣壮与老挝壮傣群体有直接的亲缘关系,我们需要直接比较 STR 单倍型的相似性。观察图 1b 中的网络结构图发现,黑衣壮与老挝群体有大量相同的单倍型。O1a\*的网络结构中包括 6 个单倍型出现于老挝。其中,位置 4 和 6 处于最末梢,故而最具代表性,但是却都与黑衣壮族在一起,说明黑衣壮与老挝群体关系密切。而黑衣壮族出现在更多的末梢。这与黑衣壮族作为南迁中途的特征是相符的。O2a\*的网络中,由于老挝群体获得孟高棉的多样性,所以多样性很高,但是在黑衣壮族的位置 7 上,只与老挝共享单倍群,说明两者关系密切。

### 三、讨论

#### 1. 壮傣族群的南迁历史

壮傣族群(the Tai ethnic group)是现代百越族群(Tai-Kadai)的人口主体,目前人口接近一亿,分布于中国广东、广西、云南、贵州和东南亚的越南、老挝、泰国、缅甸、印度等国家。我国境内较大的民族有壮、傣、布依等。其语言属于侗傣语系侗傣语族壮傣语支[1]。百越族群在历史上的分布被史记描述为从“会稽”到“交趾”,即从江浙到越南北部。历史上记载的广西一带原来分布的是雒越族,后来又出现了西瓯族,最后两个民族就融合起来,又只剩下雒越族[12]。雒越居住在广西有非常悠久的历史,直到南越国灭亡以后,汉人的移民日渐增多。于是,一部分雒越族开始在战争等因素的压力下向东南亚的越南、老挝、泰国移民。他们到了东南亚后,

由于社会文化程度上的优越,在与孟高棉族群竞争中占了优势,渐渐在东南亚繁衍开来。

#### 2. 黑衣壮族是壮傣南迁中留下的一支

从语言学的角度上看,壮傣南迁在地名上势必是会留下一定踪迹。而从两广往西南进入越南西北部,直到老挝、泰国、云南西南部、缅甸北部,都有傣-泰-壮语式的地名[13]。这一路线与图 1a 中的多样性分布图趋势相一致。O1a\*内部多样性的峰值出现在广西东南部,并且往越南、老挝的方向呈现逐步降低的趋势。这提示壮族曾经向南迁移,通过越南北部和老挝一带。同样,在 O2a\*多样性分布图中,峰值出现也在广西东南部,靠近广东的地带,往西南部逐步降低。虽然由于吸收东南亚孟高棉族群的 O2a\*多样性,在老挝多样性又略有升高,但远远及不上广西东南部。因到达老挝的年代可能不太久远,最多始于汉末,与当地族群之间的基因交流还有限,所以多样性值只是略有升高。而图 1b 的网络结构图显示,黑衣壮与老挝群体共享许多单倍型,且黑衣壮族出现在更多的末梢中,这符合黑衣壮族做为壮族南迁中途群体的特征。此外,在 O2a\*中,由于老挝群体获得孟高棉的多样性,因此多样性比那坡黑衣壮群体高,但是在黑衣壮族的位置 7 上,只与老挝共享单倍群,这说明两个群体关系密切。故此,本项研究的结果支持黑衣壮族是壮傣南迁途中留下的一支群体的观点。

#### 致谢

感谢所有为本课题提供样本的志愿者。广西医科大学韦哲、连溯、王丽莎等同学参与了采样工作,林伟雄老师和罗晓秋等同学参与 DNA 抽提工作。本项目得到以下基金部分支持:国家社会科学基金项目(2004 No.05XMZ015),国家自然科学基金(39993420, 30890034, 30360038),广西社会科学基金(GSN0728160, GSY0542044);国家杰出青年科学基金(30625016),863 项目(2007AA02Z312)。

#### 参考文献

1. Gordon RG Jr(2005) Ethnologue: Languages of the World, 15th edn. Dallas, Texas: SIL International.
2. Li H, Wen B, Chen SJ, Su B, Pramoonjago P, Liu Y, Pan SL, Qin ZD, Liu W, Cheng X, Yang N, Li X, Tran D, Qian J, Lu D, Hsu M, Deka R, Marzuki S, Tan CC, Jin L (2008) Paternal Genetic Affinity between Western Austronesians and Daic Populations. BMC Evol Biol 8:146.

3. 范宏贵(2002)壮、泰、老、傣族的渊源研究.广西民族学院学报(哲学社会科学版).24(3):53-58.
4. 何毛堂,李玉田,李全伟(1999)黑衣壮的人类学考察.南宁:广西民族出版社.
5. Yao YG, Kong QP, Bandelt HJ, Kivisild T, Zhang YP (2002) Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese. *Am J Hum Genet* 70:635-651.
6. Kivisild T, Tolk HV, Parik J, Wang Y, Papiha SS, Bandelt HJ, Villems R (2002) The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree. *Mol Biol Evol* 19:1737-1751.
7. Karafet TM, Mendez FL, Meilerman MB, Underhill PA, Zegura SL, Hammer MF (2008) New Binary Polymorphisms Reshape and Increase Resolution of the Human Y Chromosomal Haplogroup Tree. *Genome Res* 18:830-838.
8. Gan RJ, Pan SL, Mustavich LF, Qin ZD, Cai XY, Qian J, Liu CW, Peng JH, Li SL, Xu JS, Jin L, Li H: the Genographic Consortium (2008) Pinghua Population as an Exception of Han Chinese's Coherent Genetic Structure. *J Hum Genet* 53:303-313.
9. Cheng J, Li H, Qin ZD, Liu WH, Lin WX, Yin RX, Jin L, Pan SL (2006) Y-chromosome Genotyping and Genetic Structure of Zhuang Populations. *Acta Genetica Sinica* 33:1060-1072 .
10. Li H, Cai XY, Winograd-Cort ER, Wen B, Cheng X, Qin ZD, Liu WH (2007) Mitochondrial DNA Diversity and Population Differentiation in Southern East Asia. *Am J Phys Anthropol* 134:481-488.
11. Wen B, Li H, Gao S, Mao XY, Gao Y, Li F, Zhang F, He Y, Dong Y, Zhang Y, Huang W, Jin J, Xiao C, Lu D, Chakraborty R, Su B, Deka R, Jin L (2004) Genetic Structure of Hmong-Mien Speaking Populations in East Asia as Revealed by mtDNA Lineages. *Mol Biol Evol* 22:725-734.
12. 宋蜀华(1991)百越.长春:吉林教育出版社.184-187.
13. 罗美珍(1986)从语言上看傣,泰,壮的族源和迁徙问题 民族研究 6:54-60.