

三江侗族与汉族的群体混合肤纹研究

李 辉¹ 程 栩¹ 潘尚领² 侯井榕³ 金 力¹

1. 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

2. 广西医科大学心血管病研究所, 医学科学实验中心、

病理生理学教研室, 广西 南宁 530021

3. 香港中文大学人类学系, 香港 新界沙田 999077

前言

肤纹是灵长类动物特有的一种加强触觉器官^[1],属于神经系统的衍生物,所以有很强的遗传性^[2]。但是由于肤纹特征表现形式的复杂性,对于肤纹的遗传学研究一直以来都进展缓慢。近年来,有些肤纹特征的遗传规律渐渐被发现。掌面的各种花纹频率和嵴纹数符合主基因的遗传规律^[3, 4],其中指间区纹的分布被证实服从一种多等位基因的主基因遗传模式^[5]。指纹嵴数也被证实是主基因遗传的,并在5号染色体和1号染色体找到了显著的连锁信号^[6]。但是更多的肤纹特征没有能够在家系分析中发现遗传规律,这可能是由于某些特征的遗传率不够高或者作用的基因过多造成的^[7]。以群体为单位分析不同群体混合过程中肤纹参数的变化可能为肤纹的遗传规律研究提供线索。

不同种族和民族的肤纹参数有不同程度的差异,这种差异被广泛应用于群体之间亲缘关系和遗传距离的度量^[8-10]。在中国的各个民族中,肤纹参数作为群体遗传指标被广泛地调查记录^[11],肤纹参数与民族的分类体现出非常明显的相关性^[12]。所以,各项肤纹参数在特定群体中是稳定地遗传的,并且以较慢的速度随着群体的演变而变化。在两个肤纹参数差异较大的民族群体

通婚混合而成的群体中，各项肤纹参数必然会发生一定的改变。这些参数在群体通婚中的变化可能抵消在家系分析中无法解析的过多因素。

本文分析了广西壮族自治区三江侗族自治县（以下简称三江县）的侗族和汉族通婚后代群体的各项肤纹参数的变化。侗族属于侗傣语族群体，属于中国南方的百越土著民族，现有人口约 296 万，三江县有侗族 19.2 万。而三江的汉族群体则是操粤方言的六甲人支系，是在较近的历史时期从中国北方迁来的群体^[13]。粤方言人群的人口大约 5200 万，其中三江县的六甲人大约有 3 万。两个群体原来的肤纹参数是有差异的^[11]。这两个群体历史上排斥通婚，只是在近年来才开始有通婚现象^[13]。所以是研究群体混合过程中肤纹参数变化的较好材料。

1 材料与方法

1.1 样本群体

在广西北部三江县采集汉族六甲人和侗族以及两个民族群体通婚后代的肤纹标本。总样本量为 379，各个子样本群体的样本量见表 1。所有的被调查人的年龄都在 12~16 岁，健康而且无亲缘关系。采样严格遵循知情同意的原则，所有的调查人和监护人都签署了知情同意书。采样使用油墨捺印法，把采样对象的指纹和掌纹印制到白色防酸纸上。

表 1 三江侗族和汉族子样本群体的指纹总频率（%）

父	母	性别	子样本号	样本量	筒弓 As	帐弓 At	桡箕 Lr	尺箕 Lu	筒斗 Ws	双箕斗 Wd
侗	侗	男	KKM	51	6.47	0.00	4.12	39.41	42.94	7.06
侗	侗	女	KKF	51	10.98	0.39	1.57	48.43	32.16	6.47
汉	汉	男	SSM	54	4.81	0.00	3.70	41.85	44.07	5.56
汉	汉	女	SSF	56	7.14	0.36	3.21	52.50	33.21	3.57
侗	汉	男	KSM	45	2.00	0.00	3.11	50.22	36.67	8.00
侗	汉	女	KSF	40	4.75	0.00	2.25	39.75	48.75	4.50

续表

父	母	性别	子样本号	样本量	筒弓 As	帐弓 At	桡箕 Lr	尺箕 Lu	筒斗 Ws	双箕斗 Wd
汉	侗	男	SKM	42	2.86	0.00	2.14	47.14	43.57	4.29
汉	侗	女	SKF	40	1.25	0.00	3.75	36.25	48.75	10.00

1.2 统计标准

对指纹标本统计各种指纹纹型的频率和指纹嵴数。对掌面的指间区和鱼际区统计各种真实花纹出现的频率，统计指间区嵴纹数，测量掌轴三叉位置。统计掌褶线类型频率。各种纹型分类标准和计算方法按照 Cummins 和 Midlo 的标准^[8, 10]。

1.3 分析方法

把样本群体按照不同性别以父母民族来源分成 8 个子样本进行比较分析，使用 SPSS13.0 软件基于各类肤纹参数对各个子样本进行聚类树分析、主成分分析和差异显著性成对分析^[12]。

2 结果

2.1 侗族和汉族群体混合中的指纹频率变化

在我们的分析中，指纹被分为 6 种纹型。表 1 中列出了各个子样本中各种纹型的十指总频率。各种纹型中尺箕和筒斗的频率最高，帐弓的频率最低。两个民族纯群体的筒弓频率显著高于通婚后代群体的筒弓频率 ($\chi^2=39.83$, $P<0.01$)，筒斗频率在通婚后代群体中也有显著降低 ($\chi^2=14.52$, $P<0.01$)。其他纹型在纯群体和通婚群体之间没有可见的差异。如果指纹纹型符合多基因模式，则弓纹和斗纹分别是不同基因座位上的不同等位基因的纯合基因型的表现型。因为通婚后代群体中基因型的杂合态会有所提高，弓纹和斗纹频率在通婚后代群体中显著降低，提示这两种纹型的出现可能需要更多基因座位的纯合基因型。

群体中各个手指上纹型分布并不均匀(表2)。最特殊的分布是复斗,在左手拇指上高频率出现,在其他手指上出现频率则比较低。右手的环指和中指上,弓型纹的出现频率比较低。群体间差异最明显的是右手食指的桡箕,在纯汉族群体中出现频率较高,但是在纯侗族群体中出现频率则较低。在两种不同通婚方式的后代群体中,右手食指桡箕的出现频率也有差异。侗父汉母的后代群体的右手食指桡箕出现频率与汉族群体基本一致,而汉父侗母的后代群体则与侗族群体基本一致。桡箕的遗传方式可能是指纹纹型中相对简单的一类。

表2 三江侗族和汉族群体混合的各手指指纹频率

子样本	L1						R1					
	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd
KKM	5.88	0.00	5.88	35.29	35.29	17.65	5.88	0.00	0.00	23.53	47.06	23.53
KKF	3.92	0.00	0.00	35.29	43.14	17.65	5.88	0.00	0.00	37.25	45.10	11.76
SSM	7.41	0.00	0.00	40.74	25.93	25.93	7.41	0.00	0.00	29.63	51.85	11.11
SSF	7.14	0.00	3.57	42.86	28.57	17.86	7.14	0.00	3.57	60.71	28.57	0.00
KSM	4.44	0.00	2.22	44.44	26.67	22.22	0.00	0.00	0.00	64.44	33.33	2.22
KSF	7.50	0.00	0.00	50.00	25.00	17.50	20.00	0.00	0.00	25.00	55.00	0.00
SKM	0.00	0.00	14.29	35.71	35.71	14.29	0.00	0.00	0.00	42.86	50.00	7.14
SKF	0.00	0.00	0.00	25.00	37.50	37.50	0.00	0.00	0.00	12.50	75.00	12.50
子样本	L2						R2					
	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd
KKM	11.76	0.00	11.76	29.41	41.18	5.88	17.65	0.00	0.00	47.06	35.29	0.00
KKF	11.76	3.92	5.88	35.29	35.29	7.84	17.65	0.00	1.96	41.18	33.33	5.88
SSM	11.11	0.00	3.70	29.63	55.56	0.00	11.11	0.00	18.52	29.63	37.04	3.70
SSF	7.14	0.00	7.14	46.43	39.29	0.00	10.71	0.00	14.29	42.86	32.14	0.00
KSM	4.44	0.00	11.11	22.22	44.44	17.78	0.00	0.00	17.78	55.56	26.67	0.00
KSF	0.00	0.00	0.00	27.50	72.50	0.00	0.00	0.00	22.50	47.50	27.50	2.50
SKM	14.29	0.00	0.00	28.57	42.86	14.29	7.14	0.00	7.14	35.71	50.00	0.00
SKF	0.00	0.00	25.00	25.00	37.50	12.50	0.00	0.00	0.00	37.50	50.00	12.50

续表

子样本	L3						R3					
	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd
KKM	11.76	0.00	5.88	47.06	35.29	0.00	0.00	0.00	0.00	52.94	41.18	5.88
KKF	13.73	0.00	0.00	56.86	25.49	3.92	13.73	0.00	0.00	64.71	15.69	5.88
SSM	0.00	0.00	3.70	48.15	40.74	7.41	0.00	0.00	3.70	59.26	29.63	7.41
SSF	10.71	3.57	0.00	46.43	35.71	3.57	7.14	0.00	0.00	67.86	21.43	3.57
KSM	2.22	0.00	0.00	57.78	22.22	17.78	0.00	0.00	0.00	80.00	17.78	2.22
KSF	0.00	0.00	0.00	27.50	70.00	2.50	0.00	0.00	0.00	72.50	25.00	2.50
SKM	0.00	0.00	0.00	64.29	35.71	0.00	0.00	0.00	0.00	64.29	28.57	7.14
SKF	12.50	0.00	12.50	25.00	37.50	12.50	0.00	0.00	0.00	62.50	37.50	0.00
子样本	L4						R4					
	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd
KKM	5.88	0.00	0.00	17.65	64.71	11.76	0.00	0.00	0.00	41.18	58.82	0.00
KKF	11.76	0.00	0.00	37.25	43.14	7.84	7.84	0.00	1.96	45.10	45.10	0.00
SSM	0.00	0.00	0.00	29.63	70.37	0.00	0.00	0.00	7.41	25.93	66.67	0.00
SSF	7.14	0.00	0.00	35.71	53.57	3.57	0.00	0.00	3.57	46.43	46.43	3.57
KSM	0.00	0.00	0.00	24.44	68.89	6.67	0.00	0.00	0.00	26.67	73.33	0.00
KSF	0.00	0.00	0.00	27.50	72.50	0.00	0.00	0.00	0.00	27.50	72.50	0.00
SKM	0.00	0.00	0.00	42.86	57.14	0.00	0.00	0.00	0.00	35.71	64.29	0.00
SKF	0.00	0.00	0.00	25.00	75.00	0.00	0.00	0.00	0.00	25.00	75.00	0.00
子样本	L5						R5					
	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd	As	At	Lr	Lu	Ws	Wd
KKM	0.00	0.00	11.76	47.06	35.29	5.88	5.88	0.00	5.88	52.94	35.29	0.00
KKF	11.76	0.00	3.92	64.71	17.65	1.96	11.76	0.00	1.96	66.67	17.65	1.96
SSM	0.00	0.00	0.00	70.37	29.63	0.00	11.11	0.00	0.00	55.56	33.33	0.00
SSF	7.14	0.00	0.00	67.86	21.43	3.57	7.14	0.00	0.00	67.86	25.00	0.00
KSM	0.00	0.00	0.00	60.00	28.89	11.11	8.89	0.00	0.00	66.67	24.44	0.00
KSF	0.00	0.00	0.00	57.50	42.50	0.00	20.00	0.00	0.00	35.00	25.00	20.00
SKM	0.00	0.00	0.00	64.29	35.71	0.00	7.14	0.00	0.00	57.14	35.71	0.00
SKF	0.00	0.00	0.00	62.50	37.50	0.00	0.00	0.00	0.00	62.50	25.00	12.50

注：L、R 分别代表左、右手，1-5 分别代表拇指到小指。

2.2 侗族和汉族群体混合中的肤纹定量参数变化

肤纹的定量参数是肤纹遗传研究中最为关注的部分，指纹嵴数和掌轴三角等都被证明有比较清晰的遗传规律^[3,4,6]。侗族的总指纹嵴数平均为 122.19，汉族平均为 117.95；而两族通婚后代群体中，总指纹嵴数平均为 139.88，高于任何一个纯群体数值（表 3）。这提示较高的指纹嵴数可能与相关基因的杂合态有关。

表 3 三江侗族和汉族群体混合的指纹嵴数

子样本	L5	L4	L3	L2	L1	R5	R4	R3	R2	R1	合计
KKM	12.82	14.59	13.29	11.06	14.76	12.06	13.94	12.53	10.82	15.88	131.75
KKF	10.35	12.25	10.84	9.31	13.45	9.47	12.67	9.39	9.65	15.25	112.63
SSM	11.81	14.26	12.93	11.56	14.41	9.89	14.44	12.22	11.22	15.96	128.70
SSF	10.21	11.64	10.75	9.43	10.68	9.32	13.36	9.96	9.89	11.96	107.20
KSM	14.22	14.56	13.33	11.44	15.44	11.22	15.33	12.00	13.22	16.56	137.32
KSF	15.25	19.00	15.50	13.75	11.50	10.75	19.00	14.50	12.75	9.75	141.75
SKM	12.57	14.71	12.86	12.21	16.21	10.36	14.21	12.43	12.93	17.79	136.28
SKF	13.00	15.75	12.25	13.63	16.88	13.13	15.63	13.13	13.88	16.88	144.16

掌面的定量指标在纯汉族和纯侗族之间并没有明显的差异（表 4），纯民族群体和民族通婚群体也没有明显的差异。由于在这几类参数上两个民族的相似，通婚可能引起的参数变化并没有体现。如果调查在这几类参数上有差异的其他民族的通婚数据，有可能会发现规律性的参数变化。

表 4 三江侗族和汉族群体混合的掌面定量参数

子样本	指间嵴数 a-bRC		掌轴三角 atd		掌轴百分比 tPD	
	L	R	L	R	L	R
KKM	34.00	34.94	41.88	42.53	17.85	18.22
KKF	33.33	34.25	41.69	41.90	18.35	26.41
SSM	35.78	36.70	41.37	41.70	17.44	18.24
SSF	35.00	36.93	43.46	42.46	21.57	20.73

续表

子样本	指间嵴数 a-bRC		掌轴三角 atd		掌轴百分比 tPD	
	L	R	L	R	L	R
KSM	35.56	35.89	38.11	37.67	14.94	14.05
KSF	33.50	38.00	44.50	46.00	23.19	25.22
SKM	35.86	39.07	43.93	44.64	21.77	22.16
SKF	36.63	34.75	40.75	40.13	17.64	18.41

2.3 侗族和汉族群体混合中的掌面纹型频率变化

掌面各个区域的真实花纹出现频率差异很大(表5)。在指间IV区出现真实花纹的频率最高,这与其他中国群体相似。右手的跨指间III&IV区真实花纹的出现频率在群体通婚中的变化形式与右手食指桡箕的频率变化非常相似,侗父汉母的后代群体继承了汉族群体的较高频率,而汉父侗母的后代群体则继承了侗族群体的较低频率。但是右手跨指间III&IV区真实花纹与右手食指桡箕的出现并没有相关性。这两种纹型在通婚后代群体中参数继承母方民族群体参数的现象非常有意义,可能意味着这两种纹型的出现与X染色体上的基因有关。

表5 三江侗族和汉族群体混合的掌面花纹频率

子样本	大鱼际 T		指间II区		指间III区		跨III&IV区		指间IV区		小鱼际 H	
	L	R	L	R	L	R	L	R	L	R	L	R
KKM	0.00	0.00	0.00	0.00	5.88	5.88	0.00	0.00	47.06	41.18	11.76	11.76
KKF	0.00	0.00	0.00	0.00	3.92	17.65	0.00	1.96	41.18	45.10	9.80	7.84
SSM	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	11.11	3.70	14.81	48.15	37.04	3.70	3.70
SSF	3.70	0.00	0.00	0.00	11.11	22.22	7.41	7.41	40.74	37.04	18.52	11.11
KSM	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	11.11	11.11	33.33	44.44	55.56	33.33	11.11
KSF	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.50	0.00	20.00	50.00	52.50	32.50	17.50
SKM	0.00	0.00	0.00	0.00	7.14	0.00	0.00	0.00	64.29	57.14	14.29	7.14
SKF	2.50	0.00	0.00	0.00	12.50	0.00	0.00	0.00	65.00	57.50	0.00	0.00

掌褶线的类型中,普通型占绝大多数(表6),所以群体间的差异并不大。

表 6 三江侗族和汉族群体混合的掌褶线类型频率

子样本	普通型 N		桥贯型 B		悉尼型 Sd		通贯(猿线)型 Sm	
	L	R	L	R	L	R	L	R
KKM	88.24	82.35	0.00	5.88	0.00	0.00	11.76	11.76
KKF	92.16	88.24	1.96	7.84	3.92	0.00	1.96	3.92
SSM	88.89	96.30	0.00	0.00	0.00	0.00	11.11	3.70
SSF	100.00	89.29	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	10.71
KSM	88.89	100.00	0.00	0.00	11.11	0.00	0.00	0.00
KSF	100.00	100.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
SKM	92.86	85.71	7.14	0.00	0.00	7.14	0.00	7.14
SKF	75.00	87.50	12.50	0.00	0.00	0.00	12.50	12.50

2.4 侗族和汉族群体及其通婚后代群体的肤纹聚类分析

鉴于各类肤纹参数的性质各不相同，我们把肤纹分为三大类：指纹纹型频率，定量指标参数和掌面花纹频率。在对子样本的聚类分析中，用这三类数据分别进行了分析，同时用了所有肤纹数据进行分析。图 1 是用最大邻接法分析得到的子样本的聚类树。全部数据、指纹纹型频率和肤纹定量指标参数分析得到的聚类树中，同一性别的纯民族子样本形成聚类，而同一民族来

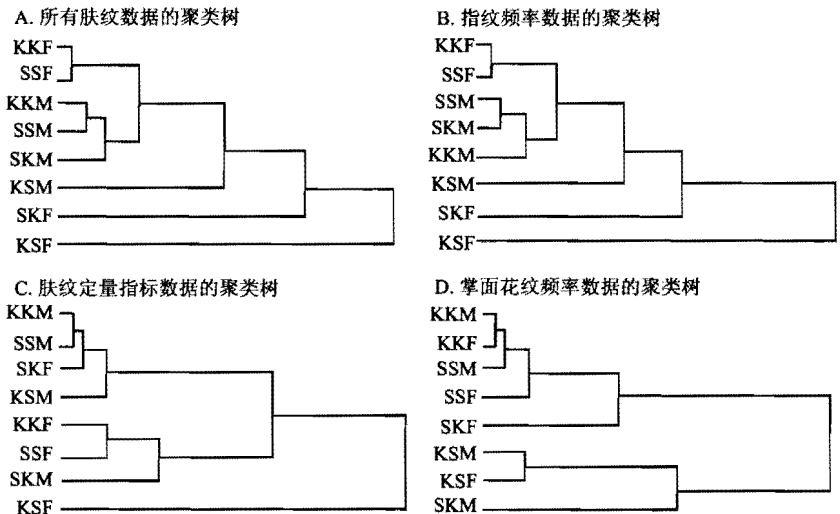
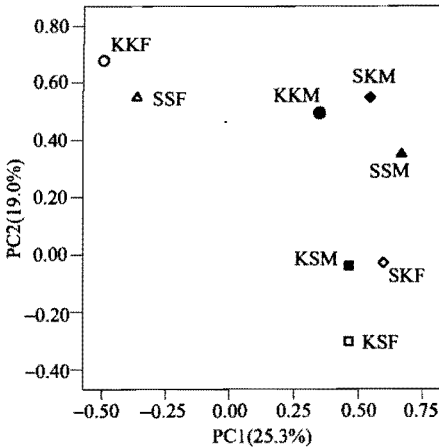


图 1 三江侗族和汉族群体混合子样本群体的完全关联聚类树

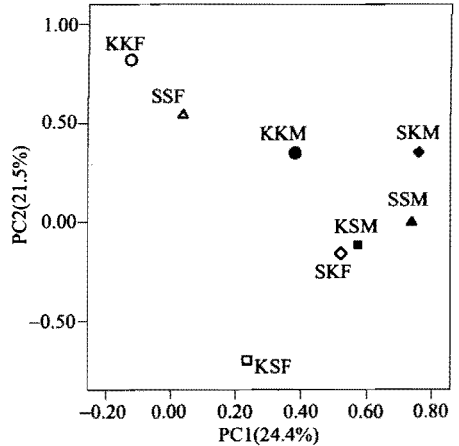
源的子样本却不形成聚类。即纯汉族或纯侗族的子群体并不靠近，而两个民族的女性却相互靠近，两族男性也相互靠近。相反，在掌面花纹频率数据得到的聚类树中，子样本却按照民族来源形成聚类，同一民族来源的男女子样本聚在一起。所以掌面花纹更能体现群体差异。通婚后代群体并不处于两个纯民族群体分支的中间位置，而是在纯民族聚类分支的外侧，说明群体通婚中的肤纹变化并不是简单的两群体参数的平均，而是产生更复杂的变化。

图 2 是用各类肤纹数据分析得到的子样本的主成分聚类图。主成分聚类图中可以更清楚地看到通婚后代群体的数据并不是纯民族群体的数据的平均，而是超出纯民族的数据范围。

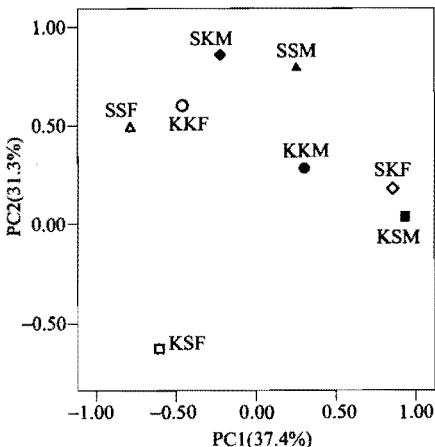
A. 所有肤纹数据的主成分图



B. 指纹频率数据的主成分图



C. 肤纹定量指标数据的主成分图



D. 掌面花纹频率数据的主成分图

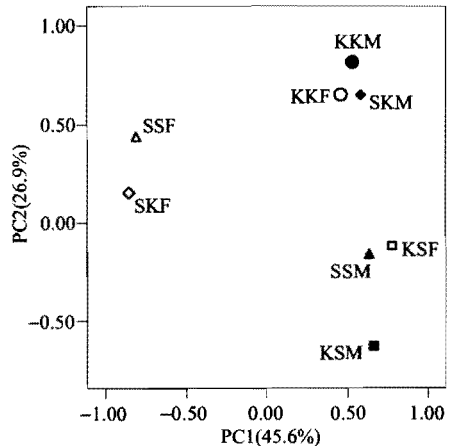


图 2 三江侗族和汉族群体混合子样本群体的主成分聚类图

2.5 侗族和汉族群体及其通婚后代群体的肤纹差异显著性

为了检测观察到的子样本之间数据差异的显著性，表 7 对各类数据进行了子样本的成对比较 t 检验。全部肤纹数据和指纹频率数据在各对子样本之间都没有显著性差异。同一民族来源的两性子样本之间没有显著性差异。肤纹定量指标在同一性别的不同民族来源子样本之间的差异显著性最多。女性掌面花纹频率的各种民族来源子样本之间差异也有较多显著性。参数在群体通婚中发生显著偏移可能是由于该参数的调控基因比较少，较易出现不同基因型从而出现不同的表型，所以肤纹定量指标和掌面花纹可能是遗传率较高而且调控基因较少的肤纹性状。

表 7 三江侗族和汉族群体混合子样本群体成对比较显著性 t 检验

比较子样本对	全部肤纹	指纹频率	肤纹定量指标	掌面花纹频率
KKM-KKF	0.905	1.000	0.243	0.807
SSM-SSF	0.752	1.000	0.182	0.159
KSM-KSF	0.920	1.000	0.058	0.353
SKM-SKF	0.312	1.000	0.264	0.084
KKF-SSF	0.585	1.000	0.895	0.072
KKF-KSF	0.523	1.000	0.005	0.238
KKF-SKF	0.659	1.000	0.081	0.028
SSF-KSF	0.641	1.000	0.001	0.708
SSF-SKF	0.513	1.000	0.070	0.001
KSF-SKF	0.345	1.000	0.244	0.025
KKM-SSM	0.969	1.000	0.753	0.955
KKM-KSM	0.522	1.000	0.406	0.083
KKM-SKM	0.484	1.000	0.005	0.313
SSM-KSM	0.429	1.000	0.447	0.050
SSM-SKM	0.428	1.000	0.001	0.455
KSM-SKM	0.837	1.000	0.034	0.312

3 讨论

在本文的分析中,有些肤纹参数在群体通婚中体现出了特殊的遗传规律,主要体现为在通婚后代群体中弓型和斗型指纹显著减少,指纹嵴数明显增加,右手的食指桡箕频率和跨指间III&IV区真实花纹频率都与母系来源群体趋于一致。这些肤纹特征基本与已报道发现的遗传规律或已有基因组定位的肤纹特征吻合。Grüneberg 于 1928 年提出了指纹的双因子遗传假说^[2]。他认为弓型和斗型指纹是由两个基因座位上的纯合等位基因调控形成的,特别是弓型指纹。但是由于当时对基因的认识程度有限,Grüneberg 在每一个基因座位上只假设有两种等位基因。实际上,在一个基因区段里面,可能有多个非同义的多态性位点,因而可以组合成多个等位基因单倍型,而不是仅仅两个等位基因。在多基因座位多等位基因的模式下,通婚群体的基因杂合度必然高于纯民族群体。如果弓型和斗型指纹的基因型分别是不同的纯合等位基因,那么在杂合度较高的通婚群体中,这两种纹形的出现频率必然会降低。而这正是我们观察到的现象。

另外,指纹嵴数的变化也可能与基因的杂合态有关。指纹嵴线是由胚胎的手指指垫萎缩形成的,嵴线的数目与这些指垫的下限程度和实践有很大关系^[14]。在指纹嵴线形成过程中任何遗传的调控或环境的影响都可能改变指纹嵴数。与指纹嵴数的相关基因被粗略定位在 5q14.1,这一区段包括几种调控基因表达的锌指基因^[6]。这些基因的不同的等位型必定在调控指纹嵴线表达上有细微的差异,锌指基因的杂合态势必造成指纹表达调控的复杂性,从而引起指纹嵴数的增加。

右手食指桡箕和跨指间III&IV区真实花纹的母性遗传迹象是非常值得深入探讨的现象。家系分析已发现指间III区和IV区真实花纹型符合多等位基因的主基因遗传模式,全基因组连锁分析发现在 7q22 发现了强连锁信号,靠近先天性缺指畸形 1 型基因 (SHFM1)^[5]。

在胚胎期的肤纹发育过程中,干扰纹线分枝发育的一些遗传因素或环境因素,会同时影响到一系列的肤纹形态的发育。指纹嵴数也受到性染色体相关基因表达的剂量效应影响。在 X 单染色体 (特纳氏综合征) 时指纹嵴数最

高,而在 X/Y 多倍体时最低^[5]。所以,肤纹特征对于分析发育过程中的扰动的时间和性质都有意义。

参考文献

- [1] 李辉,唐仕敏,姚建壮. 指间区纹在灵长类动物中的进化 [J]. 人类学学报, 2001, 20: 308-313.
- [2] Zhang H. Review of the Genetics Studies on Human Dermatoglyphy [J]. Communication on Contemporary Anthropology, 2007, 1: 88-91.
- [3] Gilligan SB, Borecki IB, Mathew S, Vijaykumar M, Malhotra KC, Rao DC. A family study of dermatoglyphic traits in India: segregation analysis of accessory palmar triradii and the atd angI [J]. Am J Phys Anthropol, 1987, 74: 117-123.
- [4] Gilligan SB, Borecki IB, Mathew S, Malhotra KC, Rao DC. A family study of dermatoglyphic traits in India: a search for major gene effects on palmar pattern ridge counts [J]. Am J Phys Anthropol, 1985, 68: 409-416.
- [5] Li H, Zhang HG, Jin L, Lu DR. Evolution Heredity and Gene-Localization of Interdigital Patterns [J]. J Genet Mol Biol, 2003, 14: 252-261.
- [6] Medland SE, Loesch DZ, Mdzewski B, Zhu G, Montgomery GW, Martin NG. Linkage analysis of a model quantitative trait in humans: finger ridge count shows significant multivariate linkage to 5q14.1 [J]. PLoS Genet, 2007, 3: 1736-1744.
- [7] Sengupta M, Karmakar B. Mode of inheritance of finger dermatoglyphic traits among Vaidyas of West Bengal, India [J]. Ann Hum Biol, 2004, 31: 526-540.
- [8] Cummins H, Midlo C. Fingerprints, Palms and Soles. Dover Publications Inc, 1976.
- [9] Sanna E. Dermatoglyphic distances and different linguistic groups in Sardinia [J]. Int J Anthropol, 1976, 1: 81-86.
- [10] LI H, Pan S, Donnelly M, Tran D, Qin Z, Zhang Y, Cheng X, Yin R, Lin W, Hoang V, Pham V, Qian J, Jin L. Dermatoglyph groups Kinh Vietnamese to Mon-Khmer [J]. Int J Anthropol, 2006, 21: 295-306.
- [11] Ding M, Zhang HG, Huang ML. Dermatoglyphics: Dermatoglyphic Parameters of 24 Ethnic Groups [M]. Kunming: Yunnan Science and Technology Press, 2001.
- [12] Liu YF, Li H, Jin JZ, Jin L. Exploration of Dermatoglyphic Statistics Based on Analysis

of Leme Bai Nationality [J]. *J Genet Mol Biol*, 2004, 15: 35-44.

- [13] 李辉, 侯井榕, 杨宁宁. 广西六甲人来源的分子人类学分析 [J]. 广西民族学院学报 (哲学社会科学版), 2002, 24 (5): 38-43.
- [14] Loesch, DZ. *Quantitative dermatoglyphics: classification, genetics, pathology* [M]. Oxford: Oxford University Press, 1983, 450 p.