

潮汕人与广府、客家人母系遗传背景差异的分析

李晓昀¹, 苏敏¹, 黄海花¹, 李辉², 田东萍¹, 高玉霞¹

- (1. 汕头大学医学院病理教学研究室, 广东省教育厅重点免疫病理实验室, 汕头广东 515031;
2. 复旦大学生命科学学院遗传工程国家重点实验室及现代人类学研究中心, 上海 200433)

摘要:目的 广东汉族3大民系即潮汕、广府和客家人都是内陆中原汉族移民的后裔, 本研究利用反映母系遗传的线粒体DNA(mtDNA)证据分析3大民系的遗传背景差异。方法 收集89份潮汕人血样和48份内陆中原河南太行山食管癌高发区人群血样, 构建每个个体的mtDNA单倍群; 广府和客家人的单倍群数据来自文献。将这3大民系人群的单倍群分布情况与河南太行山人群和南方原住民族人群进行比较分析。结果 河南太行山人主要由北方汉族主要单倍群构成, 广府和客家人则以南方原住民族主要单倍群为主, 潮汕人表现为北方汉族主要单倍群稍高于南方原住民族主要单倍群。基于单倍群频率的主成分分析显示, 河南太行山和潮汕人聚在一起, 客家和广府人则与南方原住民族群体聚在一起。结论 3大民系中, 只有潮汕人的中原汉族血统更纯正, 与河南太行山人群的关系最近, 这可能也是其为南方沿海食管癌高危人群的原因之一; 而客家和广府人则与南方原住民族在母系血统上有更多的交融。

关键词: 潮汕; 广府; 客家; mtDNA; 遗传背景

中图分类号: Q987 文献标志码: A 文章编号: 1671-8259(2010)06-0664-05

Analysis of matrilineal genetic background differences between Chaoshan population, Cantonese and Hakka

LI Xiaoyun¹, SU Min¹, HUANG Haihua¹, LI Hui², TIAN Dongping¹, GAO Yuxia¹

- (1. Department of Pathology, Key Immunopathology Laboratory of Guangdong Province, Medical College of Shantou University, Shantou 515031; 2. State Key Laboratory of Genetic Engineering and Center for Anthropological Studies, School of Life Sciences, Fudan University, Shanghai 200433, China)

ABSTRACT: Objective Three ethnic populations of Han inhabitants in Guangdong Province, namely, Chaoshan population, Cantonese and Hakka, descended from north central China Han immigrants. Here we analyzed their genetic background differences based on mitochondrial DNA (mtDNA) evidences reflecting matrilineal genetics. **Methods** Based on mtDNA variations, we inferred mtDNA haplogroups of 48 and 89 subjects from the Taihang and Chaoshan areas, respectively. mtDNA data of Cantonese and Hakka populations were quoted from published literature. We compared haplogroup distribution in the 3 ethnic populations with that in the Taihang Mountain population and the southern natives. **Results** The northern Han dominating haplogroups were predominant in the Taihang Mountain population, while Cantonese and Hakka populations had southern natives dominating haplogroups as their major haplogroups, and Chaoshan population possessed slightly higher frequency of northern haplogroups than southern haplogroups. The principal component analysis based on frequencies of mtDNA haplogroups showed that the Taihang Mountain population and Chaoshan population clustered together, and that Cantonese, Hakka and the southern natives clustered together. **Conclusion** Of the 3 ethnic populations, Chaoshan population alone possesses the purest lineage of north central China Hans, and shows the closest genetic affinity to the Taihang Mountain population, which might be one of the reasons why Chaoshan population alone has become esophageal cancer high risk population in the coast of southern China. Both Cantonese and Hakka populations show more gene flow from the southern natives in the maternal lineage.

KEY WORDS: Chaoshan; Cantonese; Hakka; mtDNA; genetic background

收稿日期: 2010-01-02 修回日期: 2010-04-08

基金项目: 国家自然科学基金国际合作重点项目(No. 30210103904); 广东省十五攻关项目(No. A1080203)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 30210103904) and the Grand Natural Science Fund of Guangdong Province (No. A1080203)

通讯作者: 苏敏, 教授, 博士生导师, E-mail: minsu@stu.edu.cn

作者简介: 李晓昀(1974), 女(汉族), 讲师, 博士, 主要从事食管癌的研究。

广东汉族 3 大民系, 分别是操潮汕、白话和客家方言的潮汕、广府和客家人。潮汕人居住地潮汕地区地处华南沿海闽粤两省交界处, 广府人以广州为中心分布于珠三角及周边地区, 客家人主要集中于广东和福建、江西的交界处。据历史记载, 中国南方古老的原住民主要是百越、荆蛮族群^[12], 而 3 大民系都是中原汉族在不同时期迁到广东不同地区后形成的。3 大民系中, 只有潮汕人是食管癌高发人群, 发病风险最高的潮汕南澳岛人群 1995~2004 年间的食管癌世界人口标化年发病率为 109.28/10 万^[3], 始终徘徊于世界食管癌高发区行列。而且潮汕食管癌发病率、家族聚集现象与病理类型和众所周知的食管癌高发区——内陆中原太行山区(山西、河南、河北交界处)基本类似^[47]。这是否提示 3 大民系虽然都是中原移民后裔, 但遗传背景上存在差异, 潮汕人和中原食管癌高发区人群间可能存在更近的遗传关系? 本研究选用已被广泛应用于人群进化和遗传关系研究的反映母系遗传背景的线粒体 DNA (mtDNA) 多态性标记, 将 3 大民系与中原太行山和南方原住民族人群的母系遗传背景比较, 分析他们的遗传背景差异。

1 材料与方法

1.1 材料 在知情同意原则下, 分别于 2002~2004 年间在潮汕地区和河南太行山区共采集 137 个相互间无亲缘关系的成年汉族男性个体的静脉血。具体采样包括: 潮汕人群血样 89 份, 来自潮汕地区操潮汕方言的南澳、澄海、潮阳、潮州; 河南太行山人群血样 48 份, 来自河南的食管癌高发区林县和新乡; 广府和客家人的数据由复旦大学生命科学院人类学研究室提供, 分别来自广州(68 个个体)和福建长汀客家人(54 个个体)。

1.2 线粒体多态性分析 常规苯酚抽提基因组 DNA。线粒体高变 1 区(HVS-1)用引物 L15974(序列为 TCCACCATTAGCACCCAAAG)和 H16488(序列为 AGGAACCAGATGTTCGGATACAG)进行 PCR 扩增, 扩增产物经虾碱酶(shrimp alkaline phosphatase, SAP)和核酸外切酶 I (Exonuclease I) 纯化后, 通过 Big-Dye 末端荧光标记试剂盒(美国 PE 公司)进行测序反应。测序反应产物经乙醇沉淀后用 ABI PRISM 3100 测序仪(美国 PE 公司)进行核苷酸序列测定。另外参照东亚人群线粒体单倍群系统树^[8], 选取线粒体编码区 6 个多态性位点(COII-tRNA Lys9bp 缺失、9824Hinfl、4831HhaI、5176AluI、10310Nla III、10397AluI), 它们包含了大多数中国人群 mtDNA 基因型。9 bp 缺失位点 PCR 产物直接用

35 g/L 的琼脂糖凝胶电泳检测; 其余位点 PCR 产物使用相应限制性内切酶酶切, 用 PCR-限制性片段长度多态性(PCR-RFLP)的方法进行基因分型。引物在上海生物工程公司合成, 限制性内切酶、虾碱酶和外切酶均购自纽英伦生物技术公司(New England Biolabs, USA)。

1.3 数据分析

1.3.1 mtDNA 单倍群推断 参照校对后的 mtDNA 剑桥标准序列(rCRS)^[9], 用 DNASTart 和 BioEdit7.0 软件对线粒体 HVS-I 区序列进行分析比对。根据东亚人群线粒体单倍群系统树^[8], 结合 HVS-I 区序列的某些特征性多态位点和编码区检测的 6 个多态位点, 推断所检测的潮汕和河南太行山区每个个体所属的 mtDNA 单倍群。所谓 mtDNA 单倍群是用来命名在 mtDNA 系统关系树中处于一个单系群位置上的一组 mtDNA, 它们共享一些特定突变, 是由一个最近共同祖先及其所有后代组成的一组 mtDNA^[10]。

1.3.2 统计学分析 分别统计所研究人群中 mtDNA 单倍群的频率分布情况, 并进一步总结北方汉族人群主要单倍群(A、C、D、G、M8a、Y 和 Z)和南方原住民族主要单倍群(B、F、R9a、R9b 和 N9a)在所研究人群中的分布。据文献报道^[114], 东亚北部的主要 mtDNA 单倍群 A、C、D、G、M8a、Y 和 Z 在中国北方汉族中的频率明显高于南方汉族, 是北方汉族人群的主要单倍群, 而南方原住民族的主要单倍群 B、F、R9a、R9b 和 N9a 在南方汉族的频率则比北方汉族明显高。

基于各人群单倍群频率分布情况, 用 SPSS11.5 软件进行主成分分析(principal component analysis, PC), 研究人群间母系亲缘关系的远近。在主成分分析中加入了 4 个百越族群(傣族 98 个个体、壮族 26 个个体、水族 30 个个体、仡佬族 39 个个体)和 4 个荆蛮族群(苗族 39 个个体、土瑶 41 个个体、八排瑶 35 个个体、盘瑶 32 个个体)共 8 个南方主要原住民族人群单倍群数据(由复旦大学生命科学院人类学研究室提供)。考虑到同一单倍群下的各亚群间有比较近的亲缘关系, 若各亚群作为独立的变量可能会导致分析结果的误差, 故主成分分析时将 B、D、F、M7 单倍群下的亚群各自合并一起分析。所谓主成分分析, 就是根据各观察变量间的相互关系, 用较少的综合指标即主成分来反应存在于各变量中的各类信息, 观察变量的总方差在各主成分上重新分配, 第一主成分(PC1)有最大方差, 其所包含的信息占总信息的比值最大, 后续主成分可解释的方差逐个减少。此外, 主成分值与单倍群频率间的相关分析也在 SPSS11.5 软件上进行。

2 结果

2.1 mtDNA 单倍群频率 潮汕人、代表广府人的广州人、代表客家人的福建长汀客家人和位于内陆中原的河南太行山人的 mtDNA 单倍群频率分布见表 1。为了更好地分析北方汉族人群主要单倍群(A、C、D、G、M 8a、Y 和 Z)和南方原住民族主要单倍群(B、F、R9a、R9b 和 N9a)在所研究人群中的分布,我们根据表 1 的数据将此两大类单倍群分布总结在表 2,其中

表 1 mtDNA 单倍群在 3 大民系与河南太行山人群的频率分布
Tab. 1 mtDNA haplogroup frequency distribution among the three ethnic populations and the Taihang Mountain population (%)

单倍群	潮汕人 (n= 89)	广州人 (n= 68)	长汀客家人 (n= 54)	河南太行山人 (n= 48)
A	7.87	0	0	6.25
B4	0	8.82	1.85	0
B4A	3.37	14.71	1.85	4.17
B4B1	3.37	5.88	1.85	2.08
B4C1	5.62	0	0	0
B5*	2.25	0	0	0
B5a	2.25	0	5.56	2.08
B5b	1.12	1.47	3.70	10.42
C	3.37	0	3.70	6.25
D*	5.62	8.82	9.26	16.67
D4a	6.74	0	0	0
D4b	1.12	0	0	0
D5	2.25	5.88	3.70	2.08
D5a	3.37	0	0	6.25
F*	3.37	4.41	3.70	2.08
F1a	3.37	17.65	14.81	6.25
F1b	2.25	1.47	5.56	2.08
F1	0	0	0	0
F1c	0	1.47	0	2.08
F2a	1.12	1.47	0	0
F2*	0	0	0	0
G*	5.62	1.47	1.85	10.42
M*	0	5.88	5.56	0
M7*	1.12	1.47	0	0
M7b	5.62	5.88	5.56	0
M7b1	2.25	2.94	5.56	0
M7b2	1.12	0	0	2.08
M7c	0	1.47	7.41	0
M8a	4.49	2.94	3.70	6.25
M9a	3.37	0	0	2.08
N*	1.12	1.47	0	0
N9a	3.37	1.47	5.56	4.17
M10	0	0	0	2.08
R*	0	1.47	0	0
R9a	4.49	1.47	0	0
R9b	1.12	0	0	0
R11	1.12	0	0	2.08
Y	3.37	0	1.85	2.08
Z	3.37	0	7.41	0

A 包括 M G*、N* 及 R11; 加* 的单倍群表示属于该单倍群的个体不能排除属于下一级某个亚群的可能性,但目前尚不能进一步明确。

B、D、F 频率为各自所包含的亚群合并后的频率。从表 2 可见河南太行山人的北方汉族人群主要单倍群合计频率(56.25%)明显高于其南方原住民族主要单倍群合计频率(35.42%),潮汕人的北方汉族主要单倍群合计频率(47.19%)稍高于南方原住民族主要单倍群合计频率(44.95%),而广州和长汀客家人均表现为南方原住民族主要单倍群合计频率(分别为 69.12%和 55.56%)明显高于北方汉族主要单倍群合计频率(分别为 19.12%和 31.48%)。

表 2 北方汉族人群主要单倍群和南方原住民族主要单倍群在人群中的频率分布

Tab. 2 The frequency distribution of northern Han dominant haplogroups and southern natives dominating haplogroups among the populations (%)

单倍群	潮汕人 n= 89	广州人 n= 68	长汀客家人 n= 54	河南太行山人 n= 48
A	7.87	0	0	6.25
C	3.37	0	3.70	6.25
D 合计	19.10	14.71	12.96	25
G*	5.62	1.47	1.85	10.42
M 8a	4.49	2.94	3.70	6.25
Y	3.37	0	1.85	2.08
Z	3.37	0	7.41	0
北方汉族人群主要单倍群合计	47.19	19.12	31.48	56.25
B 合计	17.98	30.88	14.81	18.75
F 合计	10.11	26.47	24.07	12.50
N9a	3.37	1.47	5.56	4.17
R9a	4.49	1.47	0	0
R9b	1.12	0	0	0
M 7b	5.62	5.88	5.56	0
M 7b1	2.25	2.94	5.56	0
南方原住民族主要单倍群合计	44.95	69.12	55.56	35.42

北方汉族人群主要单倍群包括 A、C、D、G*、M 8a; 南方原住民族主要单倍群包括 B、F、N9a、R9a、R9b、M 7b、M 7b 1。

2.2 mtDNA 单倍群频率的主成分分析 为了进一步研究 3 大民系人群与河南太行山及南方原住民族间的关系,我们进行了单倍群频率的主成分分析。图 1 为前 3 个主成分构建的三维主成分坐标图,该图解释了 89.02% 的总体方差。图 1 可见长汀客家人、广州人及除外苗族的南方原住民族群体聚集在主成分图的下方组成南方人群,在第 2 主成分(PC2)上和位于主成份图最上方的河南太行山人分开。潮汕人和苗族的位置介于南方人群和河南太行山人之间,但更靠近河南太行山人,在第 2 主成分(PC2)上与河南太行山人聚在一起。我们进一步做了前 3 个主成分值间以及主成分值和各单倍群间的相关分析(表 3),显示 PC2 与单倍群 D、G*、M 9a、M 10、和 R 11 频率呈

显著正相关, 而与 F 和 M7 呈显著负相关。

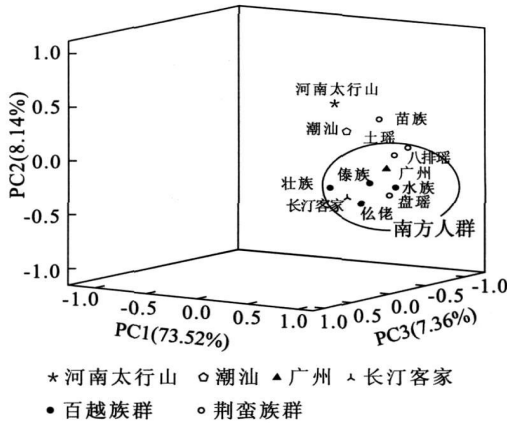


图 1 mtDNA 单倍群频率的主成分坐标图

Fig. 1 The principal component analysis of mtDNA haplogroups among all the populations

表 3 主成分值间以及主成分值和各单倍群间的相关分析 (表内数据代表相关系数)

Tab. 3 Correlation analysis among principal components and haplogroup frequency (figures represent correlation coefficients)

单位群	PC1	PC2	PC3
PC2	-0.6109*		
PC3	-0.2945	-0.0062	
A	-0.0968	0.3714	0.2919
B 合计	0.2583	0.1802	-0.9212*
C	-0.4996	0.3699	0.4630
D 合计	-0.6486*	0.7299**	0.6089*
F 合计	0.7043*	-0.6552*	-0.0506
G*	-0.3386	0.6561*	0.0845
M	-0.1117	0.0528	-0.4197
M7 合计	0.2727	-0.7389**	0.4394
M8a	-0.0912	0.2492	0.1566
M9a	-0.3807	0.6600*	0.4283
N	-0.1125	-0.3519	0.5477
N9a	-0.4316	0.1676	0.2907
M10	-0.6048*	0.6166*	0.2707
R	0.2530	-0.2865	-0.4676
R9a	0.2894	-0.3446	-0.4269
R9b	-0.2800	-0.1181	-0.0678
R9c	-0.4086	-0.1762	0.4158
R11	-0.5813*	0.7437**	0.4034
Y	-0.3326	0.5009	0.5729
Z	0.2005	-0.3733	0.4661

相关系数统计学检验, * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$ 。

3 讨 论

据历史记载, 汉族源于北方古老的华夏部落, 在

争夺黄河流域的中原地区的战争中, 打败蚩尤驱逐三苗, 占据了中原^[15]。秦统一中原后, 公元前 216 年开始向南方扩张, 击败当地土著, 秦军及其随军家属逐渐进入岭南, 开创了中原汉民大规模移民的先河。春秋战国时期, 潮汕原住民主要是百越中的闽越人, 现在的潮汕汉人主要由福佬和河佬两大群体构成, 意指由闽(福建)陟潮的中原汉族后裔, 主要来自河南、山西一带^[16]。广府人主要由早期中原汉族移民与本地古越族杂处同化而成, 既有古南越遗传, 更受中原汉文化哺育。客家先民, 来自进入岭南的中原移民, 在南迁过程与本地原住民族融合而形成客家民系。文波等的研究^[11]从分子遗传学水平证实汉族向南扩张主要源于北方汉族人群自北向南的迁徙, 在这一过程中, 汉族与南方原住民族间存在基因交流而混合有一定程度的南方原住民族血统。为了判断潮汕、广府、客家 3 大民系的中原汉族母系血统保留程度以及与南方原住民族母系血统交融程度, 我们将 3 大民系母系遗传背景与内陆河南太行山和南方原住民族人群比较, 分析 3 大民系的遗传背景差异。

mtDNA 单倍群频率分析显示, 与河南太行山人主要由北方汉族主要单倍群构成不同, 潮汕人表现为南北单倍群所占比例相近, 广州和长汀客家人则以南方原住民族主要单倍群为主。提示相对于河南太行山人, 3 大民系的母性基因库与南方原住民族血统有更多的交融, 尤以广州和长汀客家人为甚, 二者均表现为南方原住民族血统占优势, 但潮汕人仍然能保持其北方汉族血统稍高于南方原住民族血统。

主成分分析是常用的一种因子分析方法, 用来考察不同人群单倍群分布的相似程度, 两个群体在主成分图上位置越接近说明他们之间的亲缘关系越近。主成分分析结果显示, 虽然 3 大民系地理位置相近, 但潮汕人并未像长汀客家人和广州人一样与南方原住民族聚在一起, 而是和河南太行山人聚在一起, 提示潮汕人在母系遗传上与南方原住民族的基因交流程度要低于长汀客家人和广州人, 从而保持了更多的中原汉族母系血统, 在母系遗传背景上与河南太行山人的亲缘关系更近, 而长汀客家人和广州人则与南方原住民族关系密切。河南太行山人和潮汕人在第 2 主成分(PC2)上与长汀客家、广州人及南方原住民族分开, 相关分析(表 3)显示 PC2 与单倍群 D、G*、M9a、M10、和 R11 频率呈显著正相关。D 和 G* 是北方汉族主要单倍群, 它们在河南太行山和潮汕人中的频率均高于长汀客家人和广州人(表 2), 尤其 D 是河南太行山和潮汕人群共享的最高频率的单倍群, 而高频率的 D 单倍群是北方汉族人群的特征。因此, 相关

分析结果提示潮汕人群中较高频率的北方汉族主要单倍群是将其与河南太行山人聚在一起而与长汀客家和广州人分开的主要原因。主成分分析显示苗族与河南太行山人聚在一起,这可能与黄帝击败三苗占据中原后与遗留在中原的三苗有部分融合有关。

与我们研究结果相似,李辉等^[17]的研究表明,长汀客家人母系遗传背景与北方汉族差异颇大,可能是在荆蛮族核心上不断加入汉族移民形成的。黄淑娉等^[18]对3大民系的体质人类学研究提示,潮汕人的基因库里含有比较多的中原汉族遗传成份,而广府和客家人相似性比较大,与南方原住民族融合程度比较高。结合本研究结果,我们认为广府、潮汕、客家人群中,只有潮汕人的中原血统更纯正,与河南太行山人群的关系最近,这可能是为什么中国南方沿海地区生活环境和饮食习惯与北方截然不同,但3大民系中仅潮汕人为南方沿海食管癌高危人群的原因之一。而广府和客家人则与南方原住民族在母系血统上有更多交融。

潮汕地区东北与闽南接壤,东隔海峡与台湾相望,西北横亘的莲花山脉既是潮汕与兴梅客家地区的天然屏障,也是潮汕与珠江流域的分水岭,形成一个背山面海、内陆比较封闭、有很长海岸线的地理区域。相对隔离的地理环境再加上以往交通落后,潮汕人群较少与其他人群婚配,成为相对隔离人群,语言、文化、习俗角度考察认为该人群是目前中国古汉族文化继承保存最好的人群^[16,19]。

参考文献:

- [1] 费孝通. 中华民族多元一体格局 [M]. 北京: 中央民族大学出版社, 1999.
- [2] 葛剑雄, 吴松弟, 曹树基. 中国移民史 [M]. 福州: 福建人民出版社, 1997.
- [3] SU M, LIU M, TIAN DP, et al. Temporal trends of esophageal cancer during 1995-2004 in Nanao Island, an extremely high risk area in China [J]. *Eur J Epidemiol*, 2007, 22(1): 43-48.
- [4] 陈伟三, 杨合麟. 广东省南澳县 1987~1992 年食管癌流行病学特点 [J]. *癌症*, 1996, 15(4): 274-276.
- [5] SU M, TIAN DP, LI XY, et al. Family aggregation of carcinoma of esophagus and cardia in Chaoshan littoral region of China [J]. *Cancer Detect Preve*, 2004, S108 (abstract).
- [6] SU M, LI XY, TIAN DP, et al. Clinicopathologic analysis of esophageal and cardiac cancers and survey of molecular expression on tissue microarrays in Chaoshan littoral of China [J]. *World J Gastroenterol*, 2004, 10(15): 2163-2167.
- [7] 付承林, 苏敏, 田东萍, 等. 广东潮汕地区 16 954 例食管癌与食管胃交界恶性肿瘤临床分析 [J]. *中国肿瘤*, 2008, 17(5): 421-425.
- [8] KIVISILD T, TOLK HV, PARIK JR, et al. The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree [J]. *Mol Biol Evol*, 2002, 19(10): 1737-1751.
- [9] ANDREWS RM, KUBACKA I, CHINNERY PF, et al. Rearrangement and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA by Andrews [J]. *Nat Genet*, 1999, 23(2): 147.
- [10] TORRONI A, RICHARDS M, MACAULAY V, et al. mtDNA haplogroups and frequency patterns in Europe [J]. *Am J Hum Genet*, 2000, 66(3): 1173-1177.
- [11] WEN B, LI H, LU D, et al. Genetic evidence supports demic diffusion of Han culture [J]. *Nature*, 2004, 431: 302-305.
- [12] YAO YG, KONG QP, BANDELT HJ, et al. Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese [J]. *Am J Hum Genet*, 2002, 70(3): 635-651.
- [13] WEN B, LI H, GAO S, et al. Genetic structure of Hmong-Mien speaking populations in East Asia as revealed by mtDNA lineages [J]. *Mol Biol Evol*, 2005, 22(3): 725-734.
- [14] LI H, CAI XY, ELIZABETH R, et al. Mitochondrial DNA diversity and population differentiation in Southern East Asia [J]. *Am J Physical Anthropol*, 2007, 134: 481-488.
- [15] 李辉. 东亚人的遗传系统初识 [J]. *国立国父纪念馆馆刊(台北)*, 2002, 10: 123-136.
- [16] 黄赞发. 潮汕先民与先贤 [M]. 汕头: 汕头大学出版社, 2000: F30.
- [17] 李辉, 潘悟云, 文波, 等. 客家人起源的遗传学分析 [J]. *遗传学报*, 2003, 30(9): 873-880.
- [18] 黄淑娉. 广东汉族三大民系的文化特征 [J]. *广西大学学报: 哲学社会科学版*, 1998, 20(6): 68-69.
- [19] 黄挺. 潮汕文化源流 [M]. 广东高等教育出版社, 1999: F71.

(编辑 卓选鹏)