

·论 著·

淮海战役士兵遗骸的 Y 染色体遗传类型鉴定

王迟早¹,文少卿¹,石美森²,俞雪儿¹,万雪娇³,潘伊凌³,张云飞³,李 辉¹,谭婧泽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 200438; 2. 中国政法大学证据科学教育部重点实验室,北京 100088; 3. 上海科技馆自然史研究中心,上海 200127)

摘要:目的 鉴定淮海战役士兵遗骸的 Y 染色体遗传类型,为寻找其父系亲属提供线索。方法 采用古 DNA 的方法提取遗骸 DNA,使用 Yfiler 试剂盒进行 17 个 Y-STR 基因座的复合扩增,推测样本的单倍群,并根据最新 Y 染色体谱系树挑选 Y-SNP 位点进行精细分型,再基于 Y-SNP 和 Y-STR 数据进行共享单倍型分析,获得与遗骸遗传关系最近的现代个体信息。结果 8 份男性样本中的 17 个 Y-STR 基因座总共观察到 8 种 Y-STR 单倍型,进一步 Y-SNP 分析得出 6 种 Y-SNP 单倍群,分别是 O2a1-M95+、O1a1-P203+、O3*-M122+/M234-、D1-M15+、C3*-ST 和 R1a1-M17+。结论 本次对淮海战役士兵遗骸进行的 Y 染色体遗传类型鉴定对于推断陈年检材的地理来源具有一定的借鉴价值。

关键词:法医遗传学;Y 染色体;军事人员;个体识别;淮海战役

中图分类号:DF795.2 文献标志码:A doi: 10.3969/j.issn.1004-5619.2017.04.005

文章编号:1004-5619(2017)04-0357-06

Identification of Y-chromosomal Genetic Types for the Soldier's Remains from Huaihai Campaign

WANG Chi-zao¹, WEN Shao-qing¹, SHI Mei-sen², YU Xue-er¹, WAN Xue-jiao³, PAN Yi-ling³, ZHANG Yun-fei³, LI Hui¹, TAN Jing-ze¹

(1. MOE Key Laboratory of Contemporary Anthropology, School of Life Sciences, Fudan University, Shanghai 200438, China; 2. Key Laboratory of Evidence Law and Forensic Science, Ministry of Education, China University of Political Science and Law, Beijing 100088, China; 3. Natural History Research Center, Shanghai Science and Technology Museum, Shanghai 200127, China)

Abstract: Objective To identify the Y-chromosomal genetic types for the soldier's remains from Huaihai Campaign, and to offer a clue for search of their paternal relatives. **Methods** DNA of the remains were extracted by the ancient DNA extraction method. Yfiler kit was used for the multiplex amplification of 17 Y-STR loci. The haplogroups of the samples were speculated. Detailed genotyping of the selected Y-SNP was performed based on the latest Y-chromosome phylogenetic tree. Haplotype-sharing analysis was done based on the data of Y-SNP and Y-STR, the closest modern individual information to the genetic relationship of remains was gained. **Results** A total of 8 Y-STR haplotypes were observed on 17 Y-STR loci of 8 male individuals. Furthermore, 6 Y-SNP haplogroups were identified, which were O2a1-M95+, O1a1-P203+, O3*-M122+/M234-, D1-M15+, C3*-ST and R1a1-M17+. **Conclusion** Identification of Y-chromosomal genetic types for the soldier's remains from Huaihai Campaign shows a reference value on inferring the geographical origins of old materials.

Keywords: forensic genetics; Y chromosome; military personnel; personal identification; Huaihai Campaign

淮海战役是著名的三大战役之一,其胜利使长江中下游以北的广大地区获得解放,为解放军渡江作战

基金项目:国家自然科学基金资助项目(31222030,31371266);教育部科学技术研究资助项目(113022A);曙光计划资助项目(14SG05);复旦大学遗传工程国家重点实验室开放课题资助项目(SKLGE-1401);中国科学院计算生物学重点实验室开放课题资助项目

作者简介:王迟早(1990—),女,硕士研究生,主要从事分子人类学研究;E-mail:wangchizao@126.com

通信作者:李辉,男,教授,主要从事分子人类学研究;E-mail:LHCA@fudan.edu.cn

通信作者:谭婧泽,女,副教授,主要从事体质人类学研究;E-mail:jztan@fudan.edu.cn

奠定了基础,加快了全国解放的进程。在淮海战役中人民解放军共 70 多万人参战,仅华东野战军就伤亡 10.5 万人^[1]。近年来,我国政府逐步加大了国内外战争(如二战和朝鲜战争等)的遗骸搜寻和鉴定工作,旨在将烈士遗骨统一安葬,给予应有的尊重,并逐步完善对伤亡士兵及其亲属的抚恤体系。

根据人体遗骸的保存情况,法医学传统的个体识别方法有人脸识别、掌形识别、虹膜识别、文身和伤疤鉴定、指纹图谱^[2]、牙齿形态及咬痕鉴定^[3,4]、骨骼形态识别^[5]等。然而,在缺乏记录和难以辨认体表特征(如腐败、爆炸、火灾导致体表特征丧失,仅存少量骨骼)

的情况下,分子鉴定愈发显示出传统法医学手段难以超越的优势^[6]。如在2001年“9·11”恐怖袭击之后,技术人员通过提取牙髓中的DNA,为最终确定遇难者的身份做出了重要的贡献^[7]。另外,分子鉴定在陈年检材的个体识别方面也取得了卓越的成就,如法国国王路易十六^[8]、拿破仑^[9]、俄国罗曼诺夫朝沙皇^[10]、英王理查三世^[11]、曹操叔祖父曹鼎^[12]等遗骸的身份判定。

本研究检测的8份淮海战役士兵遗骸(牙齿)均来自上海科技馆(原上海自然博物馆)。前期预实验时遇到了一些困难:(1)由于样本年代较久,埋葬环境比较复杂,常规方法提取DNA效果较差;(2)提取出的DNA伴随的抑制剂较多,复合扩增时效果不太理想。针对上述问题,本实验将古DNA提取和纯化方法引入遗骸DNA处理中,获得检验结果后,运用单倍型数据推测样本的单倍群归属,再通过Y-SNP分型确定遗传类型,以测试较少的位点达到实验目的。此外,由于缺少可供样本比对的亲属参考数据库,本研究选择了Y-STR和Y-SNP父系遗传标记体系,期望利用Y染色体谱系,为寻找这些烈士的父系亲属提供线索。

1 材料与方法

1.1 样本预处理

取8份牙齿样本[分别来自8份淮海战役士兵遗骸,上海科技馆(原上海自然博物馆)],分别编号为xz55、xz56、xz100、xz121、xz122、xz143、xz144、xz154,用手术刀片刮净牙齿表面,浸泡于5% NaClO溶液15 min,70%乙醇溶液冲洗一遍。将样本置于超净台,紫外照射30 min,晾干。

1.2 DNA提取

用6750冷冻研磨机(美国SPEX公司)粉碎样品,参照硅胶法提取DNA^[13,14]。每个样品称取粉末200 mg,与10 mL提取液(0.45 mol/L EDTA,0.25 mg/mL蛋白酶K,pH=8.0)混合于50 mL离心管中,密封37℃150 r/min振摇过夜(16~24 h);5 000×g离心2 min,转移上清液至新的50 mL离心管,加入40 mL结合缓冲液(5 mol/L GuSCN,25 mmol/L NaCl,50 mmol/L Tris)和100 μL硅胶,浓盐酸调pH值至4.0,避光室温150 r/min震摇2~3 h;5 000×g离心2 min,弃上清液;1 mL结合缓冲液洗涤1次,1 mL洗涤液(50%乙醇溶液,125 mmol/L NaCl,10 mmol/L Tris,1 mmol/L EDTA,pH=8.0)洗涤3次,自然干燥,溶于100 μL溶解液(10 mmol/L Tris,pH=8.0),16 000×g离心2 min,吸取上清液80 μL。

1.3 DNA纯化

针对质量较差的样本[Nanodrop 2000分光光度计(美国Thermo Fisher Scientific公司)测定DNA浓

度低于5 ng/μL, D_{260}/D_{280} 低于1.6]^[15],使用QIAquick PCR纯化试剂盒(德国QIAGEN公司)对提取的DNA进行纯化。每个样品均进行两次独立DNA提取。

1.4 DNA扩增

1.4.1 Y-STR扩增

采用Yfiler试剂盒(美国Thermo Fisher Scientific公司)对8例样本的17个Y-STR基因座(*DYS19*、*DYS389*、*DYS389*、*DYS390*、*DYS391*、*DYS392*、*DYS393*、*DYS437*、*DYS438*、*DYS439*、*DYS448*、*DYS456*、*DYS458*、*DYS635*、*GATA H4*、*DYS385a/b*)进行PCR复合扩增。PCR产物纯化后在3730基因分析仪(美国AB公司)上进行毛细管电泳,用GeneMapper® ID 3.1软件对电泳产物进行分析比对。

1.4.2 Y-SNP扩增

参考最新的Y染色体谱系树^[16,17],挑选出包含21个SNP位点的5个检板(panel)。每个样本的实际检测位点将依据单倍型推测的结果,结合谱系树的拓扑关系,选取最少的测试集合。5个检板为:(1)核心检板,M145、P143、L15、M214、M45;(2)单倍群O检板,M175、M268、PK4、M95、M119、P203、M122、KL1;(3)单倍群C检板,M130、M217、P2613、F1396;(4)单倍群D检板,M174、M15;(5)单倍群R检板,M207、M17。基因分型采用SNaPshot(美国Thermo Fisher Scientific公司,SNaPshot®多重试剂盒)和荧光引物PCR相结合的方法,PCR产物纯化后在3730基因分析仪上分析。为确保实验的准确性和防止污染,均设置阳性对照和阴性对照。

1.5 数据分析

1.5.1 单倍群预测

使用Vadim Urasin's YPredictor(<http://predictor.ydna.ru/>)、Whit Athey's Haplogroup Predictor(<http://www.hprg.com/hapest5/>)以及本实验Y染色体数据库(每个个体同时包含Y-STR和Y-SNP信息)对8例样本进行单倍群预测。Vadim Urasin's YPredictor的预测基于遗传标记数值、突变速率、上游位点突变时间的差异;Whit Athey's Haplogroup Predictor的预测基于遗传距离和贝叶斯等位基因频率的方法^[18]。本实验室的Y染色体数据库^[19]包括37 754份Y-SNP(Y-STR)数据,预测原理基于贝叶斯等位基因频率法。

1.5.2 共享单倍型分析

利用Y染色体单倍型参考数据库(Y chromosome Haplotype Reference Database,YHRD)寻找与淮海战役士兵遗骸共享单倍型的个体,并通过本实验室Y染色体数据库进行共享单倍型分析。该数据库采取两步对比程序:第一步,检索相同单倍型;第二步,检索

所有三步突变以内的单倍型。

2 结果

2.1 单倍群推测和实验确认

8份遗骸的Y-STR数据见表1所示,共检测出8种Y-STR单倍型。其中两个样本检测出的等位基因较少,样本xz122检测出7个、xz143检测出8个,且DNA纯化后效果仍不理想,其余样本检测到的Y-STR基因座数量为10~15。

分别使用Vadim Urasin's YPredictor、Whit Athey's Haplogroup Predictor以及本实验室Y染色体数据库对样本的单倍型类型进行预测,并根据每种单倍群内部的拓扑关系和核心检板的分型情况,挑选2~4个微检板标记对每个样本做进一步的分型测试,确定8个样本分别属于4种Y染色体遗传类型,即单倍群C(C3*-ST)、D(D1-M15+)、O(O1a1-P203+、O2a1-M95+、O3*-M122+、M234-)和R(R1a1-M17+),结果见表2。

表1 淮海战役士兵遗骸Y-STR数据集

样本编号	DYS19	DYS389	DYS389b	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS437
xz55		14		24	10	12	14	15
xz56	16	13				11	13	14
xz100	15	12		23	11	14	13	14
xz121	13	14	16	24	11	13	14	14
xz122	15				9		13	13
xz143		14				13	12	15
xz144	16	13					13	
xz154	15	13		25			13	14

样本编号	DYS438	DYS439	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	GATA H4	DYS385a/b
xz55	10	13		15	17	22	11	
xz56	10		21	14	16	20	12	13/13
xz100	10	11	18	18	14	19	12	
xz121			18	14	18	22	9	13/18
xz122	11			16	18			
xz143			22	15		22	11	
xz144		11		15	19	21	11	15/15
xz154	11			15	16		12	12/12

表2 淮海战役遗骸样本的单倍群预测及SNaPshot分型情况

样本编号	DNA 纯化	检测的等位基因数量	单倍群预测		
			Vadim Urasin's Y Predictor (%)	Whit Athey's Haplogroup Predictor (%)	本课题组 Y SNP&STR 数据库 (%)
xz55	-	12/17	F(60)	I2b1(42.4)	O2a1(50)
xz56	-	12/17	I2(59)	I2a1(98.6)	C3*(100)
xz100	-	14/17	O1(100)	T(98)	O1a1(70)
xz121	-	15/17	O2(89)	T(61.3)	O2a1(50)
xz122	+	7/17	B2b(52)	E1b1a(84.3)	D1(70)
xz143	+	8/17	L2(53)	J2a1b(43.4)	O3*(60)
xz144	-	10/17	G2(61)	I2a(47.2)	O2a1(50)
xz154	-	11/17	P(56)	R1a(96.2)	R1a1(70)

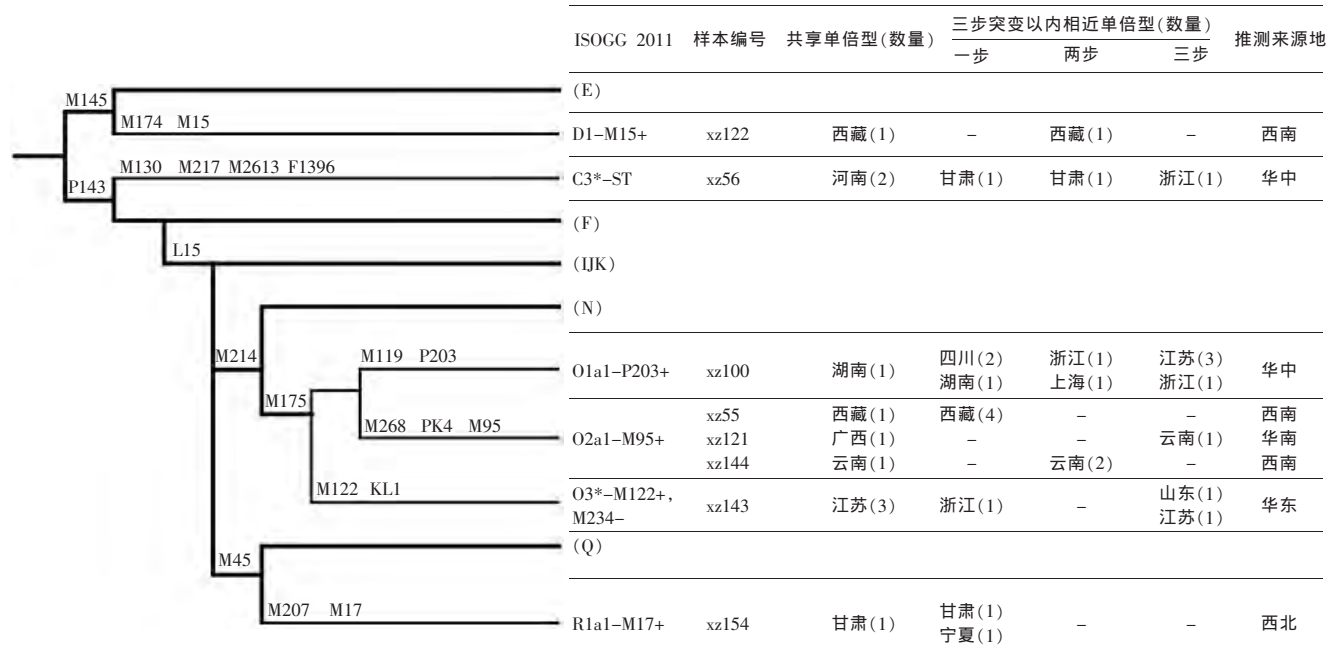
样本编号	核心检板	微检版
xz55	M214+	O 检板(M175, M268, PK4, M95)
xz56	P143+, L15-	C 检板(M130, M217, P2613, F1396)
xz100	M214+	O 检板(M175, M119, P203)
xz121	M214+	O 检板(M175, M268, PK4, M95)
xz122	M145+	D 检板(M174, M15)
xz143	M214+	O 检板(M175, M122, KL1)
xz144	M214+	O 检板(M175, M268, PK4, M95)
xz154	M45+	R 检板(M207, M17)

注:“+”表示DNA纯化;“-”表示未进行DNA纯化

2.2 共享单倍型分析

利用 YHRD 数据库进行共享单倍型分析,进一步在本实验室自有的数据库中进行比对,结合最新的

Y 染色体谱系树^[16,17]构建了谱系树。图 1 显示只含本次鉴定中各个样本遗传谱系的简化树,以及最终推测所检验的牙齿样本来源地。



注:“-”表示无数据

图 1 本研究相关的 Y 染色体谱系简化树及共享单倍群分析

3 讨论

Y 染色体上存在 SNP 和 STR 两种重要的遗传标记。Y-SNP 突变率低,不易受重组和回复突变影响,可反映人类历史上的单一突变事件且可鉴别 Y 染色体较久远的谱系关系,用于辨别遗传背景或某一地域中 Y 染色体的单倍群,反映群体历史^[16,20,21]。Y-STR 是 Y 染色体上另一类重要的遗传标记,较高的突变率可以填补 Y-SNP 留下的空缺,用以绘制进化的网络图及计算 Y-SNP 的产生时间等,故适合于研究短期进化事件和较近人群之间的遗传关系^[22,23]。将 Y-SNP 与 Y-STR 信息相结合,通过不同单倍群在不同民族中的频率分布和组合就可能找到各个民族特有的遗传标记,提示各现代人群间或多或少的血缘交流^[24-27],并推断未知 DNA 的来源和地理分布。近年来,本实验室将 Y 染色体 DNA 检测技术运用到多种科学问题的探索中,如研究不同族群的遗传结构^[28]、建立东亚人群的遗传历史^[29]、鉴定历史名人的遗传家系等^[12,30]。

本实验室建立了一套基于 Y 染色体分子鉴定技术的法医学个体识别新方法,本次成功地将该法运用于淮海战役士兵遗骸的鉴定。近期,该方法也被应用于中国赴缅远征军的遗骨鉴定,为寻找遗骨的父亲亲属提供了重要线索^[31]。在本次研究中,由于遗骸在未知

环境中保存了 60 多年,一些样本的 DNA 提取效果并不理想。我们参照古 DNA 提取的方法,增加了 DNA 纯化的步骤,提高了样本检测效率。

本研究检测了 8 份淮海战役士兵遗骸的 Y 染色体遗传类型,获得了 8 种 Y-STR 类型和 6 个主要的遗传类型,分别是 O2a1-M95+、O1a1-P203+、O3*-M122+、M234-、D1-M15+、C3*-ST、R1a1-M17+。其中 xz55、xz121、xz144 三个样本属于单倍群 O2a1-M95+。O2a1-M95+ 是 O2 下的主要支系,在华南、南方少数民族、中南半岛及印度门啞人群中分布较多^[32],为南亚语系诸族群的优势单倍群。样本 xz100 属于单倍群 O1a1-P203+,这是一个在中国东南沿海的侗傣和中国台湾原住民中高频出现的类型^[33],为澳泰族群中最为常见的单倍群。样本 xz143 属于单倍群 O3*-M122+、M324-。O3 单倍群是东亚最为常见的单倍群,在中国汉族中比例高达 50%~60%。单倍群 O3*-M122+、M234-在汉族人群中只占 1.7%^[17],远低于 O3 下的 3 大主要支系(O3a1c-002611、O3a2c1-M134 和 O3a2c1a-M117),且分布比较零散。样本 xz122 属于单倍群 D1-M15+,这是一个在东亚的藏缅、侗傣和苗瑶人群中广泛分布的类型^[28],在东亚的各个人群中也有着低频分布。样本 xz56 属于单倍群 C3*-ST,这是一个从西伯利亚到里海广泛分布的遗传类型,在蒙古和西伯利亚

人群中有着高频分布,由于其扩张年代较为晚近,有些研究认为该支系与蒙古扩张有关^[34]。样本 xz154 属于单倍群 R1a1-M17+,这一类型主要存在于欧洲及俄罗斯,尤其是东欧^[35],在我国西北也有一定分布。研究者认为该类型与印欧语人群相关,融入东亚的时间较为晚近^[36]。

我们发现基于西方欧亚人群的 Whit Athey's Haplogroup Predictor 准确性较差,数据集 Vadim Urasin's YPredictor 的预测结果可以接受,本实验室基于东亚人群的数据库效果最好。由此可见,数据库所采用的数据来源在单倍型预测中起着至关重要的作用。

在法医学个体识别鉴定中,直系亲属的遗传信息非常重要。由于缺乏亲属信息数据库,我们采用基于 Y-SNP 和 Y-STR 共享单倍型的分析,预测这些样本及其亲属的可能来源地。淮海战役中,人民解放军参战部队主要是华东野战军和中原野战军,华东野战军由原山东野战军和华中野战军合编而成^[37],中原野战军是以抗日战争时期的晋冀鲁豫边区八路军为基础逐步发展起来的^[38]。我们的推测结果和实际的兵源地相比,来自西北和华南地区的数据可能有所高估,原因在于本次检测的样本容量较小,存在一定的抽样误差。

近期,本实验室将建立一个整合烈士及其现代亲属 DNA 信息的网站,为烈士亲属寻找亲人遗骸提供技术支持。

参考文献:

- [1] 淮海战役纪念馆. 淮海战役历史经验述论[J]. 军事历史, 2002(4):14-18.
- [2] MUSTONEN V, HAKKARAINEN K, TUUNAINEN J, et al. Discrepancies in expert decision-making in forensic fingerprint examination[J]. Forensic Sci Int, 2015, 254:215-226.
- [3] PETJU M, SUTEERAYONGPRASERT A, THONGPUD R, et al. Importance of dental records for victim identification following the Indian Ocean tsunami disaster in Thailand[J]. Public Health, 2007, 121(4): 251-257.
- [4] SHIROMA C Y. A Comparison of Dental Chartings Performed at the Joint POW/MIA Accounting Command Central Identification Laboratory and the Kokura Central Identification Unit on Remains Identified from the Korean War[J]. J Forensic Sci, 2016, 61(1):59-67.
- [5] MANHART J, BITTORF A, BUTTNER A. Disaster victim identification-experiences of the "Autobahn A19" disaster[J]. Forensic Sci Med Pathol, 2012, 8(2): 118-124.
- [6] ANDELINOVIC S, SUTLOVIC D, ERCEG I I, et al. Twelve-year experience in identification of skeletal remains from mass graves[J]. Croat Med J, 2005, 46(4): 530-539.
- [7] BIESECKER L G, BAILEY-WILSON J E, BALLANTYNE J, et al. Epidemiology. DNA identifications after the 9/11 World Trade Center attack[J]. Science, 2005, 310(5751):1122-1123.
- [8] OLALDE I, SANCHEZ-QUINTO F, DATTA D, et al. Genomic analysis of the blood attributed to Louis XVI (1754-1793), king of France[J]. Sci Rep, 2014, 4:4666.
- [9] LUCOTTE G, THOMASSET T, HRECHDAKIAN P. Haplogroup of the Y Chromosome of Napoléon the First[J]. Journal of Molecular Biology Research, 2011, 1(1):12-19.
- [10] COBLE M D, LOREILLE O M, WADHAMS M J, et al. Mystery solved: the identification of the two missing Romanov children using DNA analysis[J]. PloS One, 2009, 4(3):e4838.
- [11] KING T E, FORTES G G, BALARESQUE P, et al. Identification of the remains of King Richard [J]. Nat Commun, 2014, 5:5631.
- [12] WANG C C, YAN S, YAO C, et al. Ancient DNA of Emperor CAO Cao's granduncle matches those of his present descendants: a commentary on present Y chromosomes reveal the ancestry of Emperor CAO Cao of 1800 years ago[J]. J Hum Genet, 2013, 58(4): 238-239.
- [13] ROHLAND N, HOFREITER M. Ancient DNA extraction from bones and teeth[J]. Nat Protoc, 2007, 2(7): 1756-1762.
- [14] XU Z, ZHANG F, XU B, et al. Mitochondrial DNA evidence for a diversified origin of workers building First Emperor of China[J]. Plos One, 2008, 3(10): e3275.
- [15] 李红杰. 中国北方古代人群 Y 染色体遗传多样性研究[D]. 吉林大学, 2012.
- [16] KARAFET T M, MENDEZ F L, MEILERMAN M B, et al. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree[J]. Genome Res, 2008, 18(5):830-838.
- [17] YAN S, WANG C C, LI H, et al. An updated tree of Y-chromosome Haplogroup O and revised phylogenetic positions of mutations P164 and PK4[J]. Eur J Hum Genet, 2011, 19(9):1013-1015.
- [18] ATHEY T W. Haplogroup prediction from Y-STR values using a Bayesian-allele-frequency approach[J]. Journal of Genetic Genealogy, 2006, 2:34-39.
- [19] WANG C C, WANG L X, SHRESTHA R, et al. Genetic structure of Qiangic populations residing in the western Sichuan corridor[J]. PLoS One, 2014, 9(8): e103772.

- [20] JOBLING M A, TYLER-SMITH C. Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution[J]. *Trends Genet*,1995,11(11):449-456.
- [21] UNDERHILL P A, SHEN P, LIN A A, et al. Y chromosome sequence variation and the history of human populations[J]. *Nat Genet*,2000,26(3):358-361.
- [22] WANG C C, WANG L X, SHRESTHA R, et al. Convergence of Y Chromosome STR Haplotypes from Different SNP Haplogroups Compromises Accuracy of Haplogroup Prediction[J]. *J Genet Genomics*, 2015,42(7):403-407.
- [23] XU H, WANG C C, SHRESTHA R, et al. Inferring population structure and demographic history using Y-STR data from worldwide populations[J]. *Mol Genet Genomics*,2015,290(1):141-150.
- [24] WANG C C, GILBERT M T, JIN L, et al. Evaluating the Y chromosomal timescale in human demographic and lineage dating[J]. *Investig Genet*,2014, 5:12.
- [25] KAYSER M, BRAUER S, WEISS G, et al. Reduced Y-chromosome, but not mitochondrial DNA, diversity in human populations from West New Guinea[J]. *Am J Hum Genet*,2003,72(2):281-302.
- [26] XUE Y, ZERJAL T, BAO W, et al. Male demography in East Asia: a north-south contrast in human population expansion times[J]. *Genetics*,2006,172(4): 2431-2439.
- [27] KARAFET T M, HALLMARK B, COX M P, et al. Major east-west division underlies Y chromosome stratification across Indonesia[J]. *Mol Biol Evol*,2010, 27(8):1833-1844.
- [28] WANG C C, LI H. Inferring human history in East Asia from Y chromosomes[J]. *Investig Genet*,2013, 4(1):11.
- [29] CAI X, QIN Z, WEN B, et al. Human migration through bottlenecks from Southeast Asia into East Asia during Last Glacial Maximum revealed by Y chromosomes[J]. *PloS One*,2011,6(8):e24282.
- [30] WANG C, YAN S, HOU Z, et al. Present Y chromosomes reveal the ancestry of Emperor CAO Cao of 1 800 years ago[J]. *J Hum Genet*,2012,57(3):216-218.
- [31] WEN S, TONG X, WANG C, et al. Y-chromosomes from skeletal remains of Chinese Expeditionary Force offer a clue to their paternal relatives[J]. *Science Bulletin*,2016,61(6):425-427.
- [32] KAYSER M, CHOI Y, VAN OVEN M, et al. The impact of the Austronesian expansion: evidence from mtDNA and Y chromosome diversity in the Admiralty Islands of Melanesia[J]. *Mol Biol Evol*,2008, 25(7):1362-1374.
- [33] WANG C C, WANG L X, SHRESTHA R, et al. Genetic structure of Qiangic populations residing in the western Sichuan corridor[J]. *Plos One*,2014,9(8): e103772.
- [34] ZERJAL T, XUE Y, BERTORELLE G, et al. The genetic legacy of the Mongols[J]. *Am J Hum Genet*, 2003, 72(3):717-721.
- [35] FECHNER A, QUINQUE D, RYCHKOV S, et al. Boundaries and clines in the West Eurasian Y-chromosome landscape: insights from the European part of Russia[J]. *Am J Phys Anthropol*,2008,137(1):41-47.
- [36] SEMINO O, PASSARINO G, OEFNER P J, et al. The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective[J]. *Science*,2000,290(5494):1155-1159.
- [37] 王辅一. 华东军区、第三野战军简史[M].北京:中共党史出版社,2002.
- [38] 欧阳青. 解放军王牌军功勋榜之第二野战军[J].*党史博览*,2013(3):32-37.

(收稿日期:2016-03-18)

(本文编辑:李 莉)