

Genetic Structure of Tujia as Revealed by Y Chromosomes

XIE Xuan-Hua, LI Hui, MAO Xian-Yun, WEN Bo, GAO Song, JIN Jian-Zhong, LU Da-Ru, JIN Li
(Center for Anthropological Studies, School of Life Sciences, Fudan University, Shanghai 200433, China)

Abstract: Tujia people call themselves "Bizika", which means aboriginal. Genetic study of Tujia is virtually absent. To characterize the genetic structure of Tujia, the distribution of 14 Y haplogroups was studied in Tujia populations sampled from Enshi, Hubei (31 males) and Jishou, Hunan (68 males). A total of eight haplogroups were observed in the Enshi and Jishou populations. The haplogroup frequencies of Tujia were compared with the frequencies of other related ethnic groups, including Northern Han, Southern Han, Tibetan-Burman speaking populations, Daic and Hmong-Mien. The principal component (PC) analysis was conducted and the PCs were plotted to explore the historical migrations. In addition, partial correlation analysis was performed to study the relationship between the first three PCs and the haplogroups. The PC2 revealed a cluster of Tujia groups including Longshan, Yongshun, and Enshi with Lahu, suggesting possible interaction between Tujia and the Di-Qiang groups. However, a similarity between Han and Tujia populations, though differentiated, were also observed. We postulated, by incorporating the results of archaeological and historical evidences, that the Ba people, the ancestors of the Tujia, might be related with Di-Qiang groups and inhabited the Tujia area initially before a substantial interaction with Han and other ethnic groups.

Key words: Tujia; Y chromosome haplogroups; Ancient Ba people; ethnic origin; principle component analysis

土家族源流的遗传学初探

谢选华, 李辉, 毛显赞, 文波, 高嵩, 金建中, 卢大儒, 金力

(复旦大学生命科学学院现代人类学研究中心, 上海 200433)

摘要: 通过分析湖北恩施、湖南吉首地区土家族两个人群样本, 利用 14 个 Y 染色体非重组区 (NRY) 单倍群分型技术对土家族的遗传结构进行了研究。分型结果结合其他地区土家族两个人群和相关民族群体进行主成分分析, 并将分析结果根据不同人群的地理分布展示在地图上。然后对各主成分和单倍群进行偏相关分析来探讨它们之间的相关性。结果显示土家族主体与汉族在父系结构上比较接近, 但依然有一定的区别。同时还发现龙山地区唯一保留土家语的土家族与氏羌族群有很明显的相关性, 这说明土家族最早的起源可能正是氏羌民族。实验结果表明, 恩施和吉首地区的大部分土家族与周边民族群体间的血缘交流频繁; 而龙山和永顺的土家族更能代表土家先民的遗传结构, 他们与西部氏羌族群密切相关。

关键词: 土家族; Y 染色体单倍群; 巴人; 人群起源; 主成分分析

中图分类号: Q986 **文献标识码:** A **文章编号:** 0379-4172(2004)10-1023-07

收稿日期: 2003-10-30; 修回日期: 2004-02-17

基金项目: 国家自然科学基金九五计划重大项目 (编号: 39993420) [Supported by Chinese National Natural Science Foundation (No. 39993420)]

作者简介: 谢选华 (1977-), 男, 硕士研究生, 研究方向: 分子人类学。E-mail: xiexuanhua@citiz.net; Tel: (021) 65642419

通讯作者: 金力 (1963-), 男, 教授, 研究方向: 分子人类学。E-mail: lijin@fudan.edu.cn; Tel: (021) 65642800

土家族人自称“毕兹卡”,意为当地人,以区别于从其他地方迁入的外族人。他们在历史上并没有单一的被确认的族称,直至1956年才被确认为单一民族,称为土家族。其近源是有多种因地而异的名号的“蛮”、“夷”;其远源一般认为是巴人;“土丁”、“土人”、“土民”或“土蛮”的称呼最早见于《宋史》。据2000年人口普查统计,土家族有802.81万人,主要分布在武陵山脉及其邻近地区,大半在鄂西南和湘西北,小半在渝东南和黔东北。土家族使用的语言属于汉藏语系藏缅语族土家语支^[1]。潘光旦^[2]最先提出土家族是巴人的后裔。尽管土家族是巴人后裔的看法已获得许多的认同,但对巴人来源的问题一直有较大分歧。任桂园^[3]总结了各种假说:巴蜀两族同源;巴族源于我国西部氏羌系统中的部落;巴族属于东夷部族体系;巴族是濮、越人融合了西方的氏羌部落发展而来;巴族是远古时代就已活跃在洞庭湖流域、鄂西地区的三苗族系中的一大支。

Y染色体非重组区(NRY)多态构成的单倍群在国际上被广泛用于人类起源和民族演化的研究^[4~12]。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属于某一民族特有的遗传标记,并提示各现代人群间或多或少的血缘交流^[13~18]。本研究通过检测土家族人群中Y染色体单倍群的分布来探讨土家族的起源及与其他民族的交流情况。本文涉及的恩施、吉首、永顺土家族汉化程度较高,龙山土家族是唯一使用土家语的群体^[19]。

1 材料和方法

1.1 样本

在土家族人聚居的湖北恩施和湖南吉首地区各随机采集31和68个无可查亲缘关系的正常土家族男子的血样。采样全部遵循知情同意的原则,签署了知情同意书。样品收集使用Whatman公司生产的FTA血样DNA采集卡,每个被研究个体的血样收集0.5 mL。样本冻存于-20℃冰箱备用。

1.2 Y染色体单倍群基因分型

在实验室中用打孔器在FTA卡上取出带血样的1.1 mm²纸片,使用Whatman公司生产的FTA

纯化洗液洗涤小纸片3次,每次200 μL,常温轻摇浸泡5 min;然后再用pH8.0的Tris-EDTA溶液(Tris:10 mmol/L,EDTA:1 mmol/L)同样清洗2次;60℃烘干备用。将烘干的小纸片直接作为模板进行两步PCR,再用特异的限制性内切酶进行酶切反应,结合琼脂糖凝胶电泳检测,确定不同个体的突变类型。所涉及单倍群和相应的多态位点使用适合东亚人群的定义方法^[9,16]。

1.3 数据分析

本研究中所确定的土家族Y染色体单倍群频率与文献报道的其他在语言、地理、文化上与土家相关的群体数据一同进行分析,包括各地的土家族(永顺、龙山)、北方汉(包括河南、河北、山东、山西、黑龙江和辽宁等地的汉族)、南方汉(包括湖北、湖南、四川、江西、安徽、浙江、江苏、上海、福建和云南等地的汉族)、藏缅语族(藏族、白族、纳西族、拉祜族、基诺族、彝族)、侗水语族(壮族、侗族^[13]、布依族^[15]、水族^[17])以及湖南的苗族、瑶族。其中,龙山土家、北方汉、南方汉、藏族、白族、纳西族、拉祜族、基诺族、彝族选自文献^[16],永顺土家和湖南苗瑶的数据待发表。数据采用美国芝加哥SPSS公司的SPSS10.0统计分析通用软件进行主成分分析(principle component analysis)^[20]来探讨土家族复杂的起源问题。在初步分析后,将关系较远的侗水语族和藏族去掉,再次进行主成分分析,然后根据各群体的地理分布使用Surfer7.0软件将第1、2、3主成分标示在地图上,观察这些主成分在地理上的分布特征。同时,对前3个主成分与各单倍群进行偏相关分析,找到与各主成分显著相关的单倍群。

2 结果

2.1 土家族及其他各族群体中Y染色体单倍群的分布

对恩施土家和吉首土家所有样本进行的实验结果表明,共检出8种单倍群(H7只在吉首土家中发现)。其中,H5、H6、H8的频率较高,其他几种单倍群(H1、H4、H9、H11)也占相当比重。将这两个群体的数据与文献报道的其他相关群体数据^[13,15~17]一起进行分析,结果见表1。

表 1 恩施土家、吉首土家和国内其他群体的 Y 染色体单倍群频率 (%)

Table 1 Y-SNP haplogroup frequency (%) of Tujia-Enshi, Tujia-Jishou and other related populations

群体	样本量	单倍群 Haplogroup													
		H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14
恩施土家	Tujia-Enshi	31	11.54		7.69	23.08	19.23		19.23	11.54		7.69			
吉首土家	Tujia-Jishou	68	14.71		2.94	10.29	23.53	5.88	26.47	7.35		8.82			
龙山土家	Tujia-Longshan	10	10				20	30	10		20		10		
白	Bai	13	15.4	7.7		15.4	30.8		30.8						
基诺	Jino	18	16.7		5.6	38.9	11.1		22.2		5.6				
拉祜	Lahu	13	15.4		30.8	15.4	15.4		15.4		7.7				
纳西	Naxi	18				77.78					16.67			5.56	
彝	Lolo	14		14.28		42.87	21.43		7.14		14.28				
北方汉	N. Han	82	8.54		2.44	21.95	29.27		23.17	9.76				4.88	
南方汉	S. Han	283	7.77	1.41	1.41	12.02	24.38	1.77	28.27	17.31		3.53	0.71	1.41	
藏族拉萨	Tibetan-Lhasa	46	8.7	23.91	17.39	4.35		4.35	34.78		2.17		2.17	2.17	
藏族康巴	Tibetan-Kamba	27		14.81	29.63	3.7	14.81	7.41	29.63						
侗	Kam	20	15				15		15	25	10	20			
水族	Shui	50			8	10			20	18		44			
壮族	Zhuang	29	3.6	3.6	7.1	3.6	3.6		25	17.9		25	10.7		
布依	Bouyei	45	7		4.4	17.7	4.4	2.2	2.2	4.4		46.7	11.1		

2.2 土家族与周边民族的 Y 染色体单倍群频率的初步比较

根据表 1 中的数据进行主成分分析,结果表明土家族与北方汉、南方汉和藏缅语族彝语支有较大的相关性,而与侗水语族的各支及藏族则分得较开(图 1)。

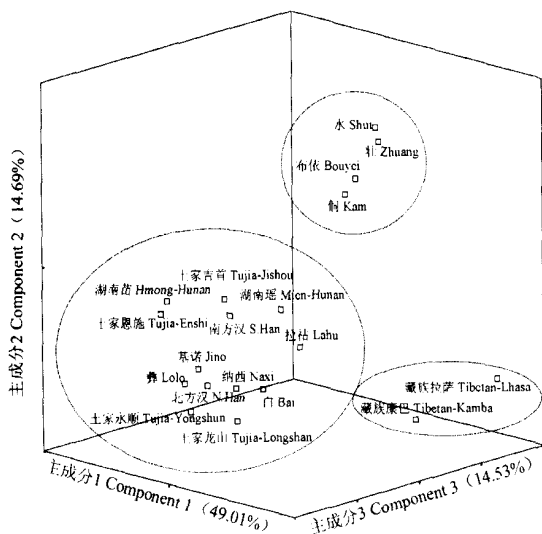


图 1 中国 16 个民族 Y 染色体单倍群主成分分析前 3 主成分三维散点图

Fig. 1 Plot of the first three principle component of the Y hoplogroups analyzed in 16 ethnic populations in China

2.3 土家族与汉藏语系各群体的 Y 染色体单倍群频率分析

为了更好地分析土家族与汉族和彝语支各民族的相互关系,将侗水及藏族群体去掉,做进一步的二次主成分分析。二次主成分分析的结果显示,前 3 个主成分已提取出将近 90% 的信息,说明它们已包含绝大部分信息。为了更清晰地观察各群体在不同主成分中的分布,将前 3 个主成分分别展示在两幅二维散点图中(图 2、图 3)。

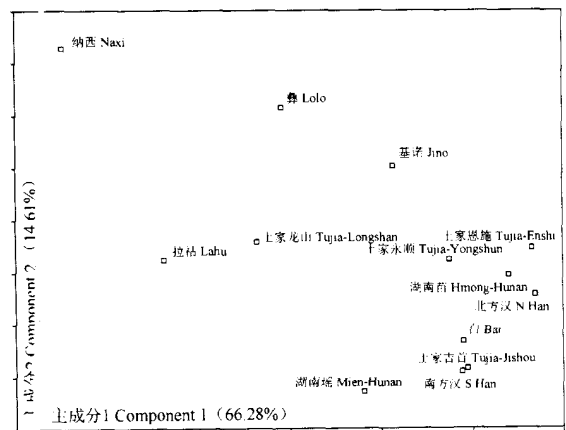


图 2 土家族及其他 9 个汉藏语系群体的主成分分析二维散点图(主成分 1, 2)

Fig. 2 Principle component map of Tujia and 9 other Sino-Tibetan populations (component 1, 2)

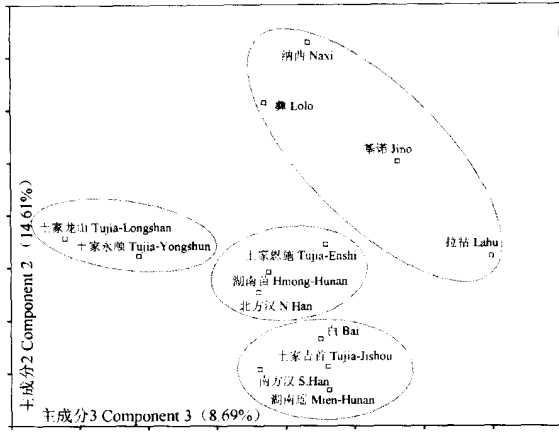


图3 土家族及其他9个汉藏语系群体的主成分分析二维散点图(主成分2,3)

Fig.3 Principle component map of Tujia and 9 other Sino-Tibetan populations (component 2,3)

从图2和图3中可以看出,氏羌系统的4个群体纳西、基诺、彝、拉祜首先被分开,显示他们与其他各支群体的分离时间较早。白族是个例外,原因可能是他们受汉族的影响较大。恩施土家与湖南苗和北方汉较接近,而吉首土家则与白、湖南瑶和南方汉

靠得较近。主成分2中恩施、永顺、龙山土家和拉祜族非常接近,而在主成分3中,龙山土家和永顺土家明显与其他各族均不相同。

2.4 土家族与汉藏语系群体前3个主成分在地理上的分布

使用 Surfer7.0 软件将主成分1、2、3标示在地图上,各族群体使用的地理位置见表2。北方汉和南方汉由于分布较广,分别取地理位置相对中心的郑州和南昌作为参照点。主成分1的影响力显然最大,可以将它理解为汉族的扩张。从图4中可以清晰地看到中原汉族向南、向西的扩张,在土家族聚居的地区,其影响力有所减弱,而对云南氏羌系的影响最弱。图5中主成分2可以理解为氏羌系统对周边人群的影响,拉祜族与土家非常相似,提示他们可能相关;吉首土家在主成分2上与其他土家族相差较大,可能是由于同当地的南方汉和瑶族通婚所致。图6中主成分3可以看作是其他某些民族对土家地区居民的影响,龙山土家和永顺土家明显与其他族群不同,说明他们所受的影响最小。

表2 各族群体的地理分布及相应的主成分分析前3主成分值

Table 2 Geographic distribution and component data of 13 populations

群体 Population	参照点 Location referred	东经 East longitude	北纬 North latitude	PC1	PC2	PC3
恩施土家 Tujia-Enshi	恩施 Enshi	109.00	31.20	0.966	0.089	0.114
吉首土家 Tujia-Jishou	吉首 Jishou	109.71	28.30	0.894	-0.372	0.122
永顺土家 Tujia-Yongshun	永顺 Yongshun	109.84	29.00	0.875	0.046	-0.426
龙山土家 Tujia-Longshan	龙山 Longshan	109.42	29.64	0.664	0.115	-0.642
白 Bai	大理 Dali	100.19	25.69	0.890	-0.269	0.099
基诺 Jino	景洪 Jinghong	100.79	22.00	0.813	0.404	0.325
拉祜 Lahu	澜沧 Lancang	99.97	22.55	0.563	0.045	0.596
纳西 Naxi	丽江 Lijiang	100.25	26.86	0.452	0.858	0.065
彝 Lolo	楚雄 Chuxiong	101.54	25.01	0.692	0.629	-0.061
北方汉 N. Han	郑州 Zhengzhou	113.65	34.76	0.969	-0.092	-0.079
南方汉 S. Han	南昌 Nanchang	115.89	28.68	0.889	-0.384	-0.075
湖南苗 Hmong-Hunan	吉首 Jishou	109.71	28.30	0.940	-0.017	-0.051
湖南瑶 Mien-Hunan	江华 Jianghua	111.79	24.97	0.781	-0.462	0.124

注:PC1、PC2、PC3表示主成分分析中提取信息量最高的主成分1、2、3。

Note:PC1,PC2,PC3 denote the first three informative principal component 1,2,3, respectively.

2.5 主成分1、2、3与各单倍群的偏相关分析

使用 SPSS10.0 统计分析软件进行前3个主成分与各Y染色体单倍群的偏相关分析,结果见表3。从表3中可见,主成分1与H6单倍群极显著正相

关;主成分2与H5极显著正相关,和H12、H14显著正相关,与H8极显著负相关;主成分3与H8单倍群极显著正相关,和H4正相关,而与H5极显著负相关;主成分2和3极显著负相关。

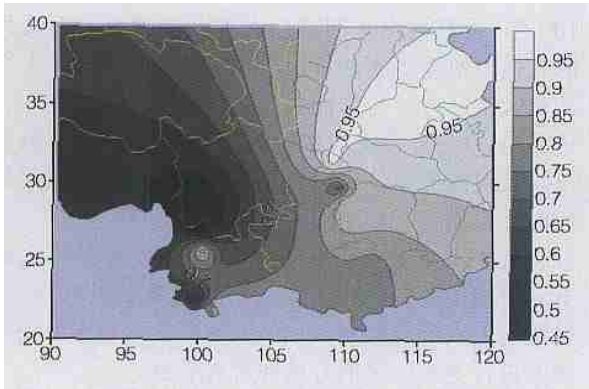


图4 第1主成分在地理上的分布

Fig. 4 Geographic distribution of component 1

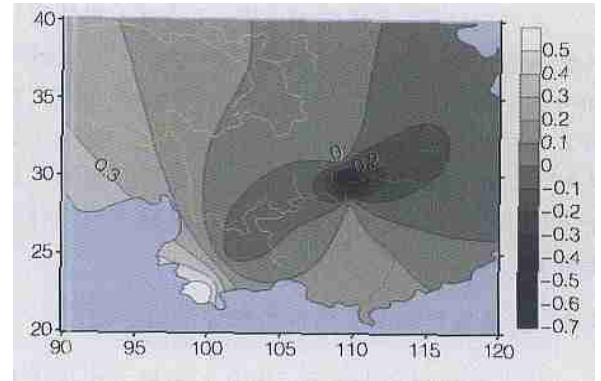


图6 第3主成分在地理上的分布

Fig. 6 Geographic distribution of component 3

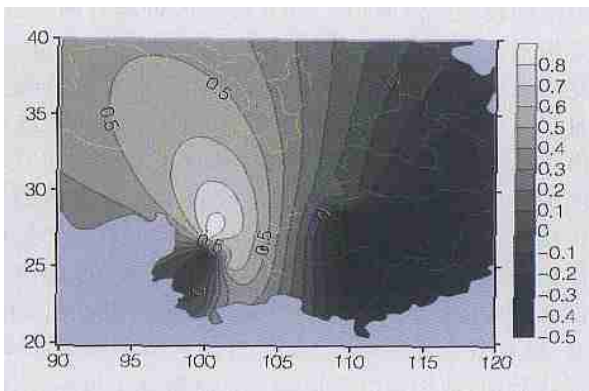


图5 第2主成分在地理上的分布

Fig. 5 Geographic distribution of component 2

3 讨论

3.1 土家族与汉族的遗传学结构比较

从实验结果来看,汉族与土家族主体的遗传结构无疑是很相近的,尤其是北方汉,这主要体现在主成分1上。从表2中可以看到,除了龙山土家,其余土家群体的第1主成分值均大于0.850,而北方汉和南方汉的第1主成分值分别为0.969、0.889;恩施土家(0.966)显然与北方汉更接近,而吉首土家(0.894)和永顺土家(0.875)则与南方汉更接近。

表3 前3个主成分与各单倍群的相关性

Table 3 Relationship between 14 haplogroups and three components

主成分 Principal component	单倍群 Haplogroups															
	PC1	PC2	PC3	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H11	H12	H13	H14
PC1	1.00	-0.59	0.06	0.41	0.08	-0.02	-0.22	-0.57	0.64	-0.36	0.50	0.23	-0.33	-0.49	0.34	-0.50
P value		0.05	0.84	0.18	0.79	0.94	0.50	0.05	0.02	0.25	0.10	0.46	0.30	0.11	0.28	0.10
PC2	-0.59	1.00	-0.85	-0.52	-0.17	0.24	-0.38	0.86	-0.22	0.34	-0.88	0.25	0.25	0.63	-0.16	0.60
P value	0.05		0.00	0.08	0.61	0.46	0.23	0.00	0.48	0.28	0.00	0.44	0.44	0.03	0.62	0.04
PC3	0.06	-0.85	1.00	0.37	0.16	-0.27	0.61	-0.68	-0.14	-0.19	0.75	-0.45	-0.09	-0.47	-0.04	-0.40
P value	0.84	0.00		0.23	0.62	0.39	0.04	0.01	0.66	0.56	0.01	0.14	0.77	0.13	0.89	0.20

注:表中阴影表示相应的主成分与单倍群显著正相关或负相关。

Note: Shadow area in the table indicates that the referred principle component and the haplogroup are significantly correlated.

上述结果与各地土家族的地理分布互相吻合,同时与文献学也能互相验证。据文献记载,早在商代后期,巴人就已经建立了自己部落式的方国——巴国。《华阳国志·巴志》记载:“周武王伐纣,实得巴蜀之师”。公元前611年,楚联合巴、秦灭庸国,巴国空前强大;之后,巴楚相争达数百年之久。公元前316年,秦灭巴国。清朝后期,统治者开始施行“改土归流”政策,大批汉人和苗人涌入土家族聚居的地区,造成较大的混血^[21]。可见土家族与汉族的交流

早在远古时期就已经开始,到清朝后期,这种交流更是空前频繁。考古学上的发现也支持这一推论:在如今土家族聚居的地区,现已被确认的原始文化有“城背溪文化”(距今7420±100年)、“大溪文化”(距今6300~5000年)、“屈家岭文化”(距今5020±235~4600年)、“石家河文化”(距今4600~4000年)和“梁家魏子文化”(距今4700~4000年)等等。在这些遗址中,总能或多或少地看到中原文化的影响。

总之,从父系遗传结构上看,汉族对土家族主体

的影响总体上是非常大的,这一点也得到了文献学和考古学方面的印证。但是,土家族与汉族在主成分 2 和主成分 3 上又有较大的区别。这说明,土家族和汉族的遗传结构同中有异,由于基因交流形成的共同点是主要的,但各自又有其起源不同而体现的差异。

3.2 土家族与氏羌系族群的遗传结构比较

从主成分图 2 上来看,龙山土家与云南氏羌在主成分 1、2 上靠得最近。在主成分 2 上,拉祜族又与 3 个土家族群体(龙山、永顺、恩施)极为相似。结合图 5 可以发现,氏羌与土家族(吉首土家除外)的共性要比其与汉族和其他南方群体的共性大得多。土家族从其他学科的研究中被认为与氏羌的关系更明显。在语言学上,龙山的土家语和氏羌各民族的其他语种同属于汉藏语系藏缅语族,甚至长期以来都与彝语、白语、拉祜语、基诺语、纳西语等同属于彝语支^[1]。而他们在地理上相距较远,造成这种现状的原因是相互影响的可能性不大,而更可能是起源上的同源性。同样遗传结构上土家族和西部氏羌民族的共性也更可能是起源上的同源性。而数据表明,操土家语的龙山土家比操汉语的其他地区土家群体在遗传结构上更接近西部氏羌民族,这也可能正是因为龙山土家群体保留了更纯的土家族原初遗传结构,由于与其他民族交流较少,原来的氏羌类型语言也得以保留。

3.3 土家族与苗瑶的关系

本实验结果表明,湖南瑶族与吉首土家相近,但与其他地区土家的关系不大;湖南苗族在主成分 2 上与其他土家相似,提示当地土家族与苗族可能有较大的血缘交流。实际上,自清代统治者实行“改土归流”政策后,大量苗族流民涌入土家族聚居区,极有可能造成较大的基因交流^[21]。这一点还需要更详细的材料加以探讨。

3.4 土家族的起源问题

从 Y 染色体单倍群的分布和频率上看,尽管土家族与汉族比较相似,但依然保留了一些他们共有的特征,这在主成分 2、3 上体现得特别明显。从考古学上看,被认为是早期巴人文化的直接承接于“梁家魏子文化”的清江香炉石遗址(距今 3520 ±130 年)在夏商交接期就已存在。再结合上面提到的其

他原始文明遗址,可见早在新石器时代的土家族地区就已有与仰韶文化、龙山文化相媲美的先进文明,这一点是无庸置疑的。因此,认为土家族源出汉族很难成立,巴人的祖先很可能是与中原汉族同时存在而又不尽相同的一个群体。

关于土家源于氏羌的假说,从本实验结果来看有一定的迹象。现代土家族与氏羌民族的共性,很可能与巴人的起源直接相关。继续收集更多的氏羌样本进行更进一步的分析非常有必要。

综合 3 个主成分在地理上的分布可以看到当外族的影响到达今湘、鄂、渝、黔四省毗邻的地区时总是受到较大的阻碍(图 4~6),原因可能有两个:一是当地复杂的山地结构使外来的人群无法适应;二是当地自古就已经有了居民,使外来的人群很难立足。龙山、永顺土家与其他群体的显著差异可能是由于地理隔离或缺乏认同感等原因所导致的相对封闭的环境。因此,他们很可能代表了土家先民的遗传构成。综合以上所有信息,可以对土家族的起源做出如下假设:作为土家族先民的巴人(可能源于西北方向的氏羌系)较早时期就已经来到今鄂、湘、渝、黔 4 省交界的地区,商代时部落渐渐强盛起来;商代后期,他们建立了巴国。这就解释了恩施、永顺和龙山土家在主成分 2 上的相似性,以及龙山、永顺土家在主成分 3 上的特异性。公元前 316 年,秦灭巴国后,其余部南迁至湘西、鄂西、渝东南,少部分沿乌江到达贵州东北部。在历史上,他们与汉人和当地其他少数民族融合,共同形成了后来的土家族人。恩施、永顺和吉首土家与汉族在主成分 1 上的相似性,以及湖南苗族与土家在主成分 2 上的相似性可能就是这些基因交流存在的证据。

本研究中所用的 Y 染色体 SNP 单倍群是比较粗放的,随着遗传学技术的发展和更多突变位点的发现,我们必然能建立起更为细致的系统发生树。结合越来越完整的样本收集,进一步的研究工作必然能揭示更多关于土家族源流的问题。

致谢:本文样品采集得到湖北民族学院的谭志松、刘论文、田发刚等老师及土家族学生,吉首大学李鹏博士等人的大力协助,谨此致谢。

参考文献(References):

[1] GRIMES B F. Ethnologue: Languages of the World (Fourteenth

- Edition). Dallas: International Academic Bookstore, 2002.
- [2] PAN Guang-Dan. "Tujia" and Ancient Ba People in Southwest Hunan. In *Ethnological Corpora of Pan Guang-dan* [C]. Beijing: Press of Nationality, 1995.
潘光旦. 湘西北的“土家”与古代巴人. 见: 潘光旦民族研究文集. 北京: 民族出版社, 1995.
- [3] REN Gui-Yuan. The Culture of the Grant Wu Mountain. Chongqing: Chongqing University Press, 2001, 1~97.
任桂园. 大巫山文化. 重庆: 重庆大学出版社, 2001, 1~97.
- [4] Thomson R, Pritchard J K, Shen P, Oefner P J, Feldman M W. Recent common ancestry of human Y chromosomes: evidence from DNA sequence data. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2000, 97(13): 7360~7365.
- [5] Hammer M F. A recent common ancestry for human Y chromosomes. *Nature*, 1995, 378: 376~378.
- [6] Stumpf M P, Goldstein D B. Geological and evolutionary inference with the human Y chromosome. *Human Evolution: Migrations*. *Science*, 2001, 291: 1738~1742.
- [7] Underhill P A, Shen P, Lin A A, Jin L, Passarino G, Yang W H, Kauffman E, Bonne-Tamir B, Bertranpetit J, Francalacci P, Ibrahim M, Jenkins T, Kidd J R, Mehdi S Q, Seielstad M T, Wells R S, Piazza A, Davis R W, Feldman M W, Cavalli-Sforza L L, Oefner P J. Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nature Genetics*, 2000, 26: 358~361.
- [8] Underhill P A, Passarino G, Lin A A, Shen P, Mirazon L M, Foley R A, Oefner P J, Cavalli-Sforza L L. The phylogeography of Y chromosome Binary haplotypes and the origins of modern human populations. *Ann Hum Genet*, 2001, 65: 43~62.
- [9] Jin L, Su B. Natives or immigrants: Modern human origin in East Asia. *Nature Reviews Genetics*, 2000, 1(2): 126~133.
- [10] Ke Y H, Su B, Song X F, Lu D, Chen L, Li H, Qi C, Marzuki S, Deka R, Oefner P, Underhill P A, Xiao C, Shriver M S, Lell J, Wallace D, Wells R S, Seielstad M, Zhu D, Huang W, Chakraborty R, Chen Z, Jin L. African origin of modern humans in East Asia: A tale of 12 000 Y chromosome. *Science*, 2001, 292(5519): 1152~1154.
- [11] Ke Y H, Su B, Li H Y, Chen L F, Qi C J, Guo X J, Huang W, Jin J Z, Lu D R, Jin L. Y-Chromosome evidence for no independent of modern human in China. *Chinese Science Bulletin*, 2001, 46(11): 935~937.
- [12] Su B, Xiao J H, Underhill P, Deka R, Zhang W, Akey J, Huang W, Shen D, Lu D, Luo J, Chu J, Tan J, Shen P, Davis R, Cavalli-Sforza L L, Chakraborty R, Xiong M, Du R, Oefner P, Chen Z, Jin L. Y-Chromosome evidence for a northward migration of modern humans into Eastern Asia during the last Ice Age. *Am J Hum Genet*, 1999, 65(6): 1718~1724.
- [13] Su B, Jin L, Underhill P, Martinson J, Saha N, McCarvey ST, Shriver M D, Chu J, Oefner P, Chakraborty R, Deka R. Polynesian origins: insights from the Y chromosome. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2000, 97: 8225~8228.
- [14] LI Hui, HOU Jing-Rong, YANG Ning-Ning. A molecular anthropologic study on the origin of Liujia People in Guangxi. *Journal of Guangxi University for Nationalities*, 2002, 24(5): 38~43.
李辉, 侯井榕, 杨宁宁. 广西六甲人来源的分子人类学分析. *广西民族学院学报(哲学社会科学版)*, 2002, 24(5): 38~43.
- [15] LI Yong-Nian, ZUO Li, WEN Bo, KE Yue-Hai, HUANG Wei, JIN Li. Origins and migrations of Bouyei People in China— from Y chromosome and mitochondrion. *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29(3): 196~200.
李永念, 左丽, 文波, 柯越海, 黄薇, 金力. 中国布依族人的起源及迁移初探——来自Y染色体和线粒体的线索. *遗传学报*, 2002, 29(3): 196~200.
- [16] Su B, Xiao C J, Deka R, Seielstad MT, Kangwanpong D, Xiao J, Lu D, Underhill P, Cavalli-Sforza L L, Chakraborty R, Jin L. Y chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas. *Hum Genet*, 2000, 107: 582~590.
- [17] LI Hui, YANG Ning-Ning, HUANG Xing-Qiu, CHEN Li, JIN Jiar-Zhong, JIN Li, LU Da-Ru. A genetic and anthropological study of Beigao population and its implication in identification of its ethnicity. *J Chinese University of Nationalities*, 2002, 11(2): 108~116.
李辉, 杨宁宁, 黄兴球, 陈莉, 金建中, 金力, 卢大儒. 广西融水北高村人的遗传学和体质人类学特征. *中央民族大学学报(自然科学版)*, 2002, 11(2): 108~116.
- [18] KE Yue-Hai, SU Bing, XIAO Jun-Hua, CHEN Hua, HUANG Wei, CHEN Zhu, CHU Jiar-You, TAN Jiar-Zhen, JIN Li, LU Da-Ru. Y-chromosome haplotype distribution in Han Chinese populations and modern human origin in East Asians. *Science in China (Series C)*, 2001, 44: 225~232.
柯越海, 宿兵, 肖君华, 陈华, 黄薇, 陈竺, 褚嘉祐, 谈家桢, 金力, 卢大儒. Y染色体单倍型在中国汉族人群中的多态性分布与中国人群的起源及迁移. *中国科学(C辑)*, 2000, 30(6): 614~619.
- [19] HE Jun-Fang. Discussion of the switchover of ethnic language in China. *Ethnic Study*, 1999(3): 45~52.
何俊芳. 也论我国民族的语言转用问题. *民族研究*, 1999(3): 45~52.
- [20] Cavalli-Sforza L L, Menozzi P, Piazza A. The history and geography of human genes. Princeton: Princeton University Press, 1994.
- [21] ZHU Sheng-Zhong. Distribution and transition of ethnic groups in Tujia area during Ming and Qing dynasties. *Journal of Hubei University for Nationalities (Phylo Socie)*, 2001, 19(3): 51~55.
朱圣钟. 明清鄂西南土家族地区民族的分布与变迁. *湖北民族学院学报(哲学社会科学版)*, 2001, 19(3): 51~55.
- [22] Grimes B F. *Ethnologue: Languages of the World* (Fourteenth Edition). Dallas: International Academic Bookstore, 2002.

(责任编辑:陈晓芳)