

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2013.00168

广西仫佬族 Y 染色体和 mtDNA 的遗传结构分析

王晓庆¹, 王传超², 邓琼英¹, 李辉²

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

摘要: 文章对我国广西仫佬族 91 个无关男性个体 Y-STR、Y-SNP、mtDNA HVS- I 和 mtDNA-SNP 等进行检测分型, 探索仫佬族的分子遗传结构。结果显示: Y 染色体单倍群 O1a1-P203 和 O2a1*-M95 在仫佬族中为高频单倍群, 利用 Y-STR 构建的 N-J 树中仫佬族与侗族聚类, 说明在父系遗传上仫佬族与侗族遗传关系较近; mtDNA 中 F1a、M*、B4a、B5a 等 4 类单倍群高频出现, 体现出仫佬族在母系遗传方面具有典型的东亚南方群体特征。17 个 Y-STR 位点和 mtDNA HVS- I 具有丰富的遗传多态性, 在群体遗传学和法医学方面具有应用前景。

关键词: 仫佬族; Y-STR; Y-SNP; mtDNA; 遗传结构

Genetic analysis of Y chromosome and mitochondrial DNA polymorphism of Mulam ethnic group in Guangxi, China

WANG Xiao-Qing¹, WANG Chuan-Chao², DENG Qiong-Ying¹, LI Hui²

1. Department of Anatomy, Guangxi Medical University, Nanning 530021, China;
2. MOE Key Laboratory of Contemporary Anthropology, School of Life Sciences, Fudan University, Shanghai 200433, China

Abstract: In order to study the molecular genetic structure of Mulam ethnic group in Guangxi, China, Y chromosome and mitochondrial DNA(mtDNA) polymorphisms were genotyped. High frequencies of the Y chromosome haplogroups O1a1-P203 and O2a1*-M95 were found in Mulam, exhibiting a pattern similar to the neighboring indigenous populations, especially the Daic populations. MtDNA lineages F1a, M*, B4a, B5a, M7b, and N9a were found in Mulam, which always present at high frequencies among the populations of East Asia. Mulam exhibits genetic characteristics of southern Chinese in both paternal and maternal lineages. Multiplex detection of the 17 Y-STR loci and mtDNA HVS-I revealed the distribution of highly genetic diversity in Mulam, which would have potential application in population genetics and forensic practice.

Keywords: Mulam ethnic group; Y-STR; Y-SNP; mtDNA; genetic structure

Y 染色体非重组区(Non-recombination portion of the Y chromosome, NRY)存在两种遗传标记——短串联重复序列(Short tandem repeat, STR)和单核苷酸

多态(Single nucleotide polymorphism, SNP), 前者突变率高, 多态性丰富^[1], 后者突变率稳定, 具有群体特异性^[2]。由于 Y 染色体 NRY 区域严格遵循父系遗传

收稿日期: 2012-05-07; 修回日期: 2012-08-01

基金项目: 广西自然科学基金资助项目(编号: 2011GXNSFA018240)资助

作者简介: 王晓庆, 硕士, 专业方向: 体质人类学。E-mail: wwxq1023@163.com

通讯作者: 邓琼英, 副教授, 博士, 研究方向: 体质人类学。E-mail: yingzideng@sina.com

网络出版时间: 2012-10-10 14:37:53

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20121010.1437.001.html>

传、不重组等特点,因此在法医父权鉴定、家系识别及群体遗传学方面有重要的应用价值^[3]。线粒体DNA(Mitochondrial DNA, mtDNA)分高变区和编码区,高变区突变率高,信息量丰富,但存在平行进化和回复突变的可能,我们通过检测编码区SNPs位点来弥补该缺点,两者结合可有效对线粒体进行单倍群分型^[4],可用于人群母系起源、进化的研究。

广西罗城是全国唯一的仫佬族自治县,据第六次全国人口普查仫佬族人口约为 20.74 万人,而生活在罗城的仫佬族人口占全国仫佬族人口的 90%以上。仫佬语属侗傣语系侗水语支,与侗、水、毛南语等相近^[5]。本文选择 Y-STR、Y-SNP、mtDNA HVS- I 和 mtDNA-SNP 等 4 种遗传标记探讨仫佬族的遗传结构,为我国仫佬族群体的人类学、法医学及群体遗传学研究提供基础数据。

1 材料和方法

1.1 材料

根据“知情同意”的原则,在广西罗城仫佬族自治县随机选取 3 代以上均为仫佬族的健康男性个体 91 人,抽取静脉血 2 mL,枸橼酸钠抗凝,-20℃保存,酚-氯仿法提取 DNA。

1.2 方法

1.2.1 Y 染色体标记

对 48 例样本采用 Y-filer 试剂盒(ABI 公司)检测 Y 染色体的 17 个 STR 位点: *DYS19*、*DYS389I*、*DYS389II*、*DYS390*、*DYS391*、*DYS392*、*DYS393*、*DYS437*、*DYS438*、*DYS439*、*DYS448*、*DYS456*、*DYS458*、*DYS635*、*GATA_H4*、*DYS385a* 和 *DYS385b*。PCR 产物纯化后在 ABI 3730 测序仪(Applied biosystems, Carlsbad, CA)上进行毛细管电泳,用 GeneMapper ID 3.1 软件对电泳产物进行比对分型。

对最新 Y 染色体谱系树上的东亚所能见到的所有单倍群^[6]采用 SNaPshot (ABI 公司)和荧光引物 PCR 相结合的方法进行分型。选取的 SNP 位点主要有单倍群 Corset: M130, P256, M1, M231, M168, M174, M45, M89, M272, M258, M242, M207, M9, M96, P125, M304, M201, M306; 单倍群 O: M175, M119, P203, M110, M268, P31, M95, M176, M122, M324, M121, P201, M7, M134, M117, 002611, P164, L127 (rs17269396), KL1 (rs17276338), 各位点的扩增引物

和 PCR 引物均是本实验室自主设计的。PeakScanner 软件读取实验结果。

1.2.2 mtDNA 标记

用引物 L15947 和 R16488 对所有样本的线粒体高变 I 区(mtDNA HVS- I)进行 PCR 扩增,扩增产物经一次纯化后采用 Sanger 测序法原理,用 BigDye Terminator Sequencing (PE 公司)试剂盒延伸后进行二次纯化并测序。

根据 Yao 等^[7]和 Kivisild 等^[8]构建的东亚人群特异线粒体单倍群方法,选择 mtDNA 编码区 22 个 SNP 位点(3010、7598、663、10400、10310、4216、4491、12308、10646、11719、4715、4833、8271、5301、70287、13263、14569、5417、5178、12705、15607、9824),采用 SNaPshot 方法对 91 例样本进行单倍群分型。

1.2.3 数据处理

17 个 Y-STR 基因座的等位基因频率与单倍型频率用直接计数法计算,单倍型多样性 HD(Haplotype diversity)以及基因多样性 GD(Gene diversity) = $n(1 - \sum P_i^2) / (n-1)$ (P_i 为单倍型频率或等位基因频率, n 为样本数)^[9]。用 Arlequin 3.5 软件^[10]计算仫佬族与其他群体的 F_{st} 遗传距离和平均基因多样性值,用 MEGA 4.0 软件^[11]根据 F_{st} 值用 Neighbor-Joining 法绘制系统进化树。以文献^[6]为标准将所有 Y-SNP 分型并统计各单倍群频率。

用 DNASTAR-Seqman 软件将 mtDNA HVS- I 测序结果与 rCRS(revised Cambridge Reference Sequence)^[12] 序列比对, Bioedit 处理比对结果, Variation viewer 软件(复旦)统计变异位点。计算偶合概率 $P = \sum \chi^2$ (χ 为单倍型频率), 变异度 $h = (1 - \sum \chi^2) n / (n-1)$, 其中 n 为样本数^[13]。按文献^[8]的方法进行 mtDNA-SNPs 分型,统计其频数及频率。

2 结果与分析

2.1 Y-STR 单倍型与 Y 染色体分型

在 17 个位点上共发现 92 个等位基因,基因多样性 GD 值为 0.874 ~ 0.284,多样性最高的是 *DYS385a/b*,最低的为 *DYS438*,等位基因频率最高的是 *DYS438* 的等位基因 10(83.33%),具体的频率分布见表 1。在 48 例样本中共检出由 17 个 Y-STR 基因座构成的单倍

表 1 广西仫佬族 17 个 Y-STR 的等位基因频率及基因多样性

基因座	等位基因	频率(%)	GD	基因座	等位基因	频率(%)	GD		
<i>DYS19</i>	13	4.17	0.7704	<i>DYS389II</i>	26	2.08	0.6525		
	14	14.58			27	2.08			
	15	22.92			28	18.75			
	16	37.5			29	54.17			
	17	16.67			30	16.67			
	18	4.16			31	6.25			
<i>DYS390</i>	21	2.08	0.6755	<i>DYS392</i>	11	16.67	0.6871		
	23	43.76			12	2.08			
	24	27.08			13	37.5			
	25	27.08			14	39.58			
<i>DYS393</i>	8	2.08	0.6223	<i>DYS439</i>	8	2.08	0.5062		
	9	2.08			11	66.67			
	12	10.42			12	22.92			
	13	54.17			13	8.33			
	14	29.17			<i>DYS448</i>	15		4.17	0.594
	15	2.08				17		2.08	
<i>DYS438</i>	10	83.33	0.2837	<i>DYS458</i>	14	2.08	0.7704		
	11	16.67			15	2.08			
<i>DYS456</i>	13	2.08	0.7243	<i>DYS458</i>	16	31.25	0.7704		
	14	29.17			17	22.93			
	15	37.5			18	27.08			
	16	25			19	14.58			
	17	4.17			<i>DYS437</i>	13		2.08	0.3777
	18	2.08				14		77.08	
<i>GATA_H4</i>	8	2.08	0.6924	<i>DYS437</i>	14.5	2.08	0.3777		
	9	4.17			15	18.76			
	10	16.67			<i>DYS635</i>	19		14.58	0.711
	11	18.75				20		4.17	
	12	50			21	50			
	<i>DYS385</i>	13/19			2.08	0.8741		22	10.42
13/14		31.25	23	12.5					
14/17		4.17	24	6.25					
14/18		12.5	25	2.08					
13/16		8.33	<i>DYS389I</i>	10	2.08		0.5213		
12/20		6.25		11	2.08				
16/19		4.17	12	31.26					
16/20		6.25	13	62.5					
13		2.08	14	2.08					
13/18		4.17	<i>DYS391</i>	9	6.25		0.5505		
11/18		2.08		10	56.25				
15/16		4.17		11	37.5				
12/13		2.08							
11/12		2.08							
13/15	6.25								
15	2.08								

注：GD 为基因多样性。

型 44 种, 两种单倍型观察到 2 次, 只有一种单倍型观察到 3 次, 单倍型多样性 HD 值为 0.9956。15 个位点(不包含 *DYS385a/b*)的平均基因多样性为 0.609220 ± 0.316562 。

选取广西的壮族、瑶族、彝族、京族、侗族(上海复旦大学生命科学院现代人类学教育部重点实验室未发表数据)^[14]和宁夏回族^[15]、云南白族^[16]等少数民族及山西汉族^[17]、浙江汉族^[18]、山东汉族^[19]、台湾汉族^[20]等主要汉族群体与仫佬族进行比较, 由于 *DYS385a/b* 易发生重组, 本研究在计算遗传距离时只采用其他 15 个位点的数据。12 个群体的遗传距

离结果显示仫佬族与瑶族、彝族距离较远, 与京族、浙江汉族距离较近, 而侗族与壮族、仫佬族距离较近(表 2)。N-J 进化树显示仫佬族与侗族聚为一类, 广西壮族和瑶族聚为一类(图 1)。

按照 YCC^[7]的分型方法, 42 例样本可分为 10 个单倍群, 其中 O1a1-P203 和 O2a1*-M95 分别占 30.96% 和 28.58%, 其他单倍群频率均不足 10%(表 3)。

2.2 mtDNA HVS- I 多态性与 mtDNA 单倍群分型

91 例样本的 mtDNA HVS- I 测序结果与 rCRS 序列比对共发现 75 处、368 个碱基突变, 有较高突

表 2 12 个群体的遗传距离矩阵(对称轴上是 P 值, 对称轴下是 F_{st} 值)

	仫佬族	广西京	广西壮	广西瑶	广西彝	云南白	山西汉	山东汉	宁夏回	广西侗	台湾汉	浙江汉
仫佬族	\	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
广西京	0.06	\	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
广西壮	0.08	0.04	\	+	+	+	+	+	+	+	+	+
广西瑶	0.17	0.11	0.08	\	+	+	+	+	+	+	+	+
广西彝	0.18	0.12	0.20	0.27	\	+	+	+	+	+	+	+
云南白	0.07	0.02	0.03	0.10	0.14	\	+	+	+	+	+	+
山西汉	0.06	0.03	0.04	0.09	0.16	0.03	\	+	+	+	+	+
山东汉	0.08	0.04	0.06	0.12	0.18	0.04	0.01	\	+	+	+	+
宁夏回	0.05	0.04	0.06	0.11	0.14	0.04	0.01	0.03	\	+	+	+
广西侗	0.13	0.13	0.11	0.21	0.25	0.13	0.13	0.15	0.14	\	+	+
台湾汉	0.06	0.03	0.04	0.09	0.19	0.03	0.01	0.03	0.03	0.15	\	+
浙江汉	0.05	0.01	0.03	0.08	0.16	0.01	0.01	0.03	0.03	0.12	0.01	\

“+” : $P < 0.05$ 。

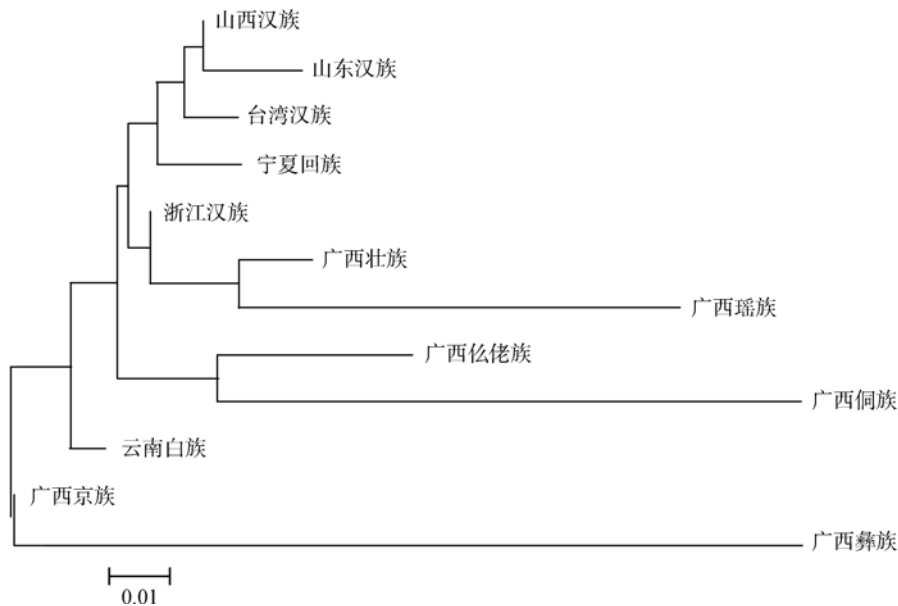


图 1 12 个群体的系统发生树

表 3 广西仫佬族 Y 染色体单倍群频率分布(%)

单倍群	C*	O1a1	O1a2	O2a1a	O2a1*
SNP 位点	M130	P203	M110	M88	M95
频率	2.38	30.96	9.52	4.76	28.58

单倍群	O3a1c	O3a2c1a	O3a2c1*	N*	N1
SNP 位点	002611	M117	M134	M231	LLY22g
频率	7.14	2.38	7.14	2.38	4.76

变频率的部位分别是 16223(47.25%), 16189(29.67%) 和 16362(29.67%), 突变的主要形式是碱基转换, 占 95.11%, 其中 T→C 突变为 45.65%, C→T 突变 34.24%, 碱基颠换占 4.89%。基因多样性 h 为 0.9847, 偶合概率 P 为 0.0261。

根据东亚人群线粒体单倍群系统^[9]对仫佬族进行单倍群分型, F1a、M*、B4a、B5a、N9a、M7b*、M7b1 是主要单倍群, 详细频数分布见表 4。91 例样

表 4 广西仫佬族 mtDNA HVS- I 突变位点及单倍群分布

单倍群	高变 I 区(16000+)	频数	单倍群	高变 I 区(16000+)	频数
A	223 274 290 319 362	1	F3	93 260 278 298 355 362	1
B4a	189 217 261	1		239 260 298 355 362	1
	189 217 261 291	1		93 260 298 355 362	1
	189 217 261 295	1		93 111 192 249 298 355 362 390	1
	189 217 274 289 301	1	G2a	223 224 227 278 348 362	1
	189 217 218 261	1	M*	129 223 274 311 362 381	1
	189 213 217 261 292	2		184 223 311	2
B5a	189 262 266A	1		189 223 298 327	1
	189 266A	5		93 193 223 311 357	1
	189 262 266A	1		93 104 111 223 235 362	1
B5b	189 243 304 309 390	1		189 223 311 318T	1
C	189 223 298 327	1		223 311 362 381	1
	92 173 223 298 327	1		223 297	1
	189 223 298 327 384	1		223 234 316 362	1
D*	92 223 362	1		223 269 271 368	1
	189 223 362	1		193 209 223 293T 295	1
D4	223 362	1	M12	172 223 290 311	2
	223 249 362	1		223 234 287 290 362	1
D5a	189 223 266 362	1	M7a	209 223 362	1
F*	260	1	M7b*	129 220C 223 297 390	1
	103 260 298 327 355 362	1		129 223 297	1
	189 217 218 233	1		189 223 297	2
	304	1	M7b1	129 192 223 297	2
F1a	129 172 304	1		129 189 192 223 297	2
	108 111 129 162 172 304	2	M7c1	223 295 362	1
	129 172 304 355 361T	1	M8a	184 223 298 319 344	1
	129 172 304	1	M9e	209 223 362	3
	108 129 162 172 304	2	N9a	94 223 257A 261 292	1
	129 172 293 304	2		172 223 257A 261 311	2
	129 162 172 304	1		223 257A 261 311	1
	129 172 304 463T	1		126 218 231 266	1
	129 162 172 304 399	1	R*	243 304 319 346	1
			R9	304 362	1
F1b	189 304	1	R9b	304 309 390	1
F1c	111 129 266 304	1	R9c	157 256 266 304 311 335	1
F3	93 111 192 249 263 298 355 362 390	1		157 243 304	1
	93 260 278 298 355 362	1	T	304 311	1
	220C 227 298 362	2	合计		45
合计		46			

本的 mtDNA HVS- I 序列已提交至 GenBank, 登陆号是 JX429513~JX429603。

3 讨论

位于广西北部的罗城县是全国唯一的仫佬族自治县, 仫佬族主要聚居在以东门镇和四把镇为中心的地区, 向四周辐射。早前因史料文献有限, 学术界对仫佬族的族源问题分歧很大, 有源僚、源壮等说法, 近年来随着科学研究不断深入, 学术界已基本达成共识, 认为仫佬族来源于百越族群。今天所称的“仫佬”来自清代《天河乡土志》中的“姆佬”, 在乾隆以前, “伶”的称呼中包含“姆佬”。《广西通志》记载到“宜山伶, 性习、居处、服饰及婚葬, 略与壮同。”仫佬族保留了侗水语支中最古老的族称, 是伶人中古老的一支。《大清一统志》中“伶人又名僚, 俗名姆佬。”《广西通志》又道“宜山姆佬即僚人”。可见“伶人”从“僚”发展而来, 据史料记载仫佬的源头最多可追溯到百越^[21]。

近年来, 随着分子生物学技术的迅猛发展, 许多群体的 Y 染色体单倍群相继界定, 某些民族表现出显著的单倍群特异性, 例如 O3-M122 是汉藏族群的主要单倍群, 而 O1-M119 和 O2-M95 则是侗傣族群的高频单倍群^[22, 23]。李辉等^[24]对广西罗城仫佬族 Y 染色体的研究表明其单倍群主要为 H9(M119)-5%、H10(M110)-25%、H11(M95)-30%, 属百越民族系统的侗水族群。本研究中 O1a1-P203 和 O2a1*-M95 在仫佬族中的频率达到 59.54%, 表明仫佬族是典型的侗傣族群, 同时近 17% O3 的存在说明仫佬族与当地南方汉族有频繁的基因交流。本研究的进化树结果显示仫佬族在遗传结构上与侗族有较近的亲缘关系, 这与之前李辉的研究结果相吻合^[25], 也与白耀天等^[26]的报道一致, 该报道认为壮傣、侗水两群体分化于原始母权社会晚期, 之后侗水群体分化为侗族、水族、仫佬族等群体。

母系遗传方面, 仫佬族的 mtDNA 中 B、M7、F 和 R 四类单倍群频率达到了 61.5%, 与侗傣群体相近 (66.4%), 但比南亚 (48.9%) 和苗瑶 (58.9%)^[27] 更高, 只有较少的 A、D、M8 等在北方群体频率较高的单倍群, 也体现出典型的东亚南方群体的特征。

在法医学方面, 17 个 Y-STR 位点的单倍型多样性 HD 值达到 0.9956, 线粒体高变 I 区基因多样性 h

为 0.9847, 随机抽取两个个体具有相同单倍型的偶合概率 P 只有 0.0261, 说明这两种遗传标记具有丰富的遗传多样性, 可为仫佬族个体识别、父权鉴定等提供有价值的遗传学基础数据。

参考文献(References):

- [1] Jobling MA, Pandya A, Tyler-Smith C. The Y chromosome in forensic analysis and paternity testing. *Int J Legal Med*, 1997, 110(3): 118-124. DOI
- [2] Su B, Xiao JH, Underhill P, Dekka RJ, Zhang WL, Akey J, Huang W, Shen D, Lu D, Luo JC, Chu JY, Tan JZ, Shen PD, Davis R, Cavalli-Sforza L, Chakraborty R, Xiong MM, Du RF, 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. DOI
- [3] 王传超, 严实, 李辉. 姓氏与 Y 染色体. 现代人类学通讯, 2010, (4): 27-34. DOI
- [4] Yao YG, Kong QP, Bandelt HJ, Kivisild T, Zhang YP. Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese. *Am J Hum Genet*, 2002, 70(3): 635-651. DOI
- [5] 王均, 郑国乔. 仫佬语简志. 北京: 民族出版社, 1980: 1-5. DOI
- [6] Karafet TM, Mendez FL, Meilerman MB, Underhill PA, Zegura SL, Hammer MF. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome Res*, 2008, 18(5): 830-838. DOI
- [7] Yao YG, Nie L, Harpending H, Fu YX, Yuan ZG, Zhang YP. Genetic relationship of Chinese ethnic populations revealed by mtDNA sequence diversity. *Am J Phys Anthropol*, 2002, 118(1): 63-76. DOI
- [8] Kivisild T, Tolk HV, Parik J, Wang YM, Papiha SS, Bandelt HJ, Villems R. The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree. *Mol Biol Evol*, 2002, 19(10): 1737-1751. DOI
- [9] Nei M. Phylogenetic analysis in molecular evolutionary genetics. *Annu Rev Genet*, 1996, 30(1): 371-403. DOI
- [10] Excoffier L, Lischer HE. Arlequin suite ver3. 5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour*, 2010, 10(3): 564-567. DOI
- [11] Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4. 0. *Mol Biol Evol*, 2007, 24(8): 1596-1599. DOI
- [12] Andrews RM, Kubacka I, Chinnery PF, Lightowlers RN, Turnbull DM, Howell N. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial

- DNA. *Nat Genet*, 1999, 23(2): 147. [DOI](#)
- [13] Tajima F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 1989, 123(3): 585–595. [DOI](#)
- [14] 冯冬亮, 刘长晖, 梁祚仁, 刘超. 广西 4 个少数民族 17 个 Y-STR 基因座的多态性分析. *遗传*, 2009, (9): 921–935. [DOI](#)
- [15] Guo H, Yan JW, Jiao ZP, Tang H, Zhang QX, Zhao L, Hu N, Li HF, Liu YC. Genetic polymorphisms for 17 Y-chromosomal STRs haplotypes in Chinese Hui population. *Leg Med*, 2008, 10(3): 163–169. [DOI](#)
- [16] 黄玉静, 王健康, 陈燕祥, 李景, 李貌, 何玮, 曾发明, 程宝文. 云南白族群体 Y-STR 及 Y-SNP 关联性探讨. *中国法医学杂志*, 2011, (4): 280–284. [DOI](#)
- [17] 石美森, 百茹峰, 傅博. 山西汉族 17 个 Y-STR 基因座遗传多态性及遗传关系. *遗传*, 2011, 33(3): 228–238. [DOI](#)
- [18] Wu WW, Pan LP, Hao HL, Zheng XT, Lin JF, Lu DJ. Population genetics of 17 Y-STR loci in a large Chinese Han population from Zhejiang Province, Eastern China. *Forensic Sci Int Genet*, 2011, 5(1): 11–13. [DOI](#)
- [19] Yan JW, Tang H, Liu YC, Jing YT, Jiao ZP, Zhang QX, Gao JW, Shang LP, Guo H, Yu J. Genetic polymorphisms of 17 Y-STRs haplotypes in Chinese Han population residing in Shandong province of China. *Leg Med*, 2007, 9(4): 196–202. [DOI](#)
- [20] Hwa HL, Tseng LH, Ko TM, Chang YY, Yin HY, Su YN, Lee JC. Seventeen Y-chromosomal short tandem repeat haplotypes in seven groups of population living in Taiwan. *Int J Legal Med*, 2010, 124(4): 295–300. [DOI](#)
- [21] 温远涛. 仫佬族族源新探. *广西民族研究*, 2010, (2): 131–135. [DOI](#)
- [22] Shi H, Dong YL, Wen B, Xiao CJ, Underhill PA, Shen PD, Chakraborty R, Jin L, Su B. Y-chromosome evidence of southern origin of the East Asian-specific haplogroup O3-M122. *Am J Hum Genet*, 2005, 77(3): 408–419. [DOI](#)
- [23] Kumar V, Reddy AN, Babu JP, Rao TN, Langstieh BT, Thangaraj K, Reddy AG, Singh L, Reddy BM. Y-chromosome evidence suggests a common paternal heritage of Austro-Asiatic populations. *BMC Evol Biol*, 2007, 28(7): 47. [DOI](#)
- [24] 李辉. 百越族群遗传结构分析的初步思路. *现代人类学国际研讨会论文集*. 上海, 2002, (4): 89–94. [DOI](#)
- [25] Li H, Wen B, Chen SJ, Su B, Pramoongjago P, Liu YF, Pan SL, Qin ZD, Liu WH, Cheng X, Yang NN, Li X, Tran D, Lu D, Hsu MT, Dekka R, Marzuki S, Tan CC, Jin L. Paternal genetic affinity between Western Austronesians and Daic populations. *BMC Evol Biol*, 2008, 15(8): 146. [DOI](#)
- [26] 白耀天, 李富强. 壮侗水群体分化年代考. *广西民族研究*, 2006, (4): 148–154. [DOI](#)
- [27] Li H, Cai XY, Winograd-Cort ER, Wen B, Cheng X, Qin ZD, Liu WH, Liu YF, Pan SL, Qian J, Tan CC, Jin L. Mitochondrial DNA diversity and population differentiation in southern East Asia. *Am J Phys Anthropol*, 2007, 134(4): 481–488. [DOI](#)