

## 应用30个常染色体STR位点研究中国6个民族群体的遗传关系

俞建昆1, 褚嘉档1, 钱亚屏1, 孙浩1, 史磊1, 史荔1, 初正韬1, 杨昭庆1, 林克勤1, 陶玉芬1, 黄薇2, 金力3

1. 中国医学科学院医学生物学研究所; 昆明 650118; 2. 中国人类基因组上海研究中心; 上海 201203; 3. 复旦大学遗传学研究所; 上海 200433

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 利用30个荧光标记的人类常染色体STR位点的引物, 对中国白族、纳西族、土族、撒拉族、山东汉族、畲族6个民族进行了多重PCR扩增, 产物在ABI377测序仪上进行变性聚丙烯酰胺凝胶电泳和基因扫描及分型, 然后用Shriver的Dsw法计算遗传距离, 用Neighbor-Joining法和UPGMA法构建了系统发生树, 结合有关资料分析了它们之间的遗传关系。结果揭示: 撒拉族与土族的遗传距离较接近, 为0.033, 但与其他4个民族的距离则较远, 均大于0.12; 土族与纳西族和山东汉族的距离较近, 分别为0.038、0.063; 白族与山东汉族的距离最近, 仅为0.007, 而与纳西族相近却有0.075的距离, 与土族的距离也较远, 为0.112; 纳西族和山东汉族之间存在着0.100的遗传距离; 畲族与其他5个民族群体的距离均超过了0.12, 关系较远。在构建的系统发生树中, 纳西族、撒拉族和土族聚成一簇, 汉族、白族聚成一簇, 畲族单独为一枝。这一结果与它们的地理分布和民族历史基本上是一致的, 并可为结合历史和考古资料综合分析这6个民族的起源、迁移、形成和发展提供遗传学依据。

**关键词** [STR](#) [民族群体](#) [基因扫描](#) [基因分型](#) [遗传距离](#)

分类号

### Abstract

### Key words

DOI:

通讯作者

### 扩展功能

#### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(291KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

#### 服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

#### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“STR”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [俞建昆](#)
- [褚嘉档](#)
- [钱亚屏](#)
- [孙浩](#)
- [史磊](#)
- [史荔](#)
- [初正韬](#)
- [杨昭庆](#)
- [林克勤](#)
- [陶玉芬](#)