

中国甘肃青海5个民族群体STR基因座遗传多态性及其应用研究

陈腾^{1,2}, 金天博^{1,2}, 辛娜^{1,2}, 赖江华^{1,2}, 李生斌^{1,2,*}

(西安交通大学 1. 医学院法医系; 2. 环境与疾病相关基因教育部重点实验室, 西安 710061)

[摘要] 目的: 研究中国甘肃青海地区5个少数民族群体(土族、撒拉族、东乡族、保安族、裕固族)STR基因座的遗传多态性及其应用。方法: 选择9个STR基因座(*D3S1358*, *VWA*, *FGA*, *TH01*, *TPOX*, *CSF1PO*, *D5S818*, *D13S317*, *D7S820*), 采用STR复合扩增及荧光标记STR基因扫描技术, 用ABI377全自动测序仪进行基因分型, 同时检测5个少数民族群体的606个健康无关个体血液样本, 计算5个少数民族群体的多态信息量、杂合度、个体识别力以及非父排除率等遗传多态性指标。结果: 9个STR位点的基因型在5个少数民族群体中的分布均符合Hardy-Weinberg平衡定律。5个少数民族群体9个STR位点的多态信息量范围在0.6054~0.8735之间; 杂合度在0.6158~0.8736之间; 个体识别力在0.7964~0.9691之间; 非父排除率在0.4610~0.8838之间。采用基于基因频率的聚类分析发现, 甘肃青海地区的土族、撒拉族、保安族及东乡族在起源上较为接近, 而裕固族则相对较远; 5个民族群体与中国南北方民族各群体之间有明显的基因交流现象。结论: 在5个少数民族群体中, 9个STR位点均为高度多态性遗传性标记, 可用于群体遗传学、法医学等领域的研究, 具有较高的应用价值。

[关键词] 群体遗传学; 短串联重复序列; 遗传多态性; 聚类分析

[中图分类号] R587.1 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1672-7347(2006)06-0877-06

Genetic polymorphisms and application of 9 STR loci of 5 ethnic groups in Gansu and Qinghai

CHEN Teng^{1,2}, JIN Tian-bo^{1,2}, XIN Na^{1,2}, LAI Jiang-hua^{1,2}, LI Sheng-bin^{1,2,*}

(1. Department of Forensic Science, Medical School of Xi'an Jiaotong University; 2. Key Laboratory of Environment and Genes Related Diseases, Ministry of Education, Xi'an 710061, China)

Abstract: **Objective** To examine the genetic polymorphism of 9 STR loci in 5 ethnic groups (including Tu, Sala, Dongxiang, Baoan and Yugu) in Gansu and Qinghai, and to evaluate its application. **Methods** Nine STR loci (*D3S1358*, *FGA*, *TH01*, *D7S820*, *VWA*, *CSF1PO*, *D5S818*, *D13S317* and *TPOX*) were selected as genetic markers. With STR compound amplification and genescan methods, in which STR loci were marked by fluorescence, the genotype of 5 ethnic groups were examined in 606 unrelated individuals by ABI 377 sequencer. These parameters, such as polymorphism information content (PIC), heterozygosity (H), discrimination power (DP) and probability of paternity exclusion (PPE) were calculated. **Results** The genotype frequencies of the 9 STR loci were in accordance with Hardy-Weinberg equilibrium. PIC was within 0.6054~0.8735, H was within 0.6158~0.8736, DP was within 0.7964~0.9691, and PPE was within 0.4610~0.8838. Cluster analysis based on allele frequencies in genesis showed Tu, Sala, Dongxiang and Baoan ethnic groups were very close, but Yugu was a little bit far. There were obvious gene exchanges among the populations in north and south of China. **Conclusion** All the 9 STR loci are highly poly-

收稿日期: 2005-07-04 作者简介: 陈腾(1965-), 男, 陕西富平人, 副教授, 博士, 主要从事法医学、人类遗传学研究。

* 通讯作者, E-mail: shbinlee@mail.xjtu.edu.cn

基金项目: 国家自然科学基金(39970401); 陕西省科技攻关项目(2004K09-G12)

morphic in the 5 ethnic groups, which can be useful genetic markers in forensic medicine and population genetics.

Key words: population genetics; short tandem repeat; genetic polymorphism; cluster analysis

[J Cent South Univ (Med Sci), 2006, 31(6):0877-06]

任何一个遗传标记位点在应用于实践之前,均应当充分认识和了解该基因位点的染色体定位、突变率、群体遗传学资料、检测分析结果的可重复性与稳定性^[1-2]。我国甘肃青海地区生活着土族、裕固、东乡、保安和撒拉族等40多个少数民族,其中东乡、裕固、保安3个民族为甘肃特有的少数民族,这些族群之间相对隔离,且有着特殊的历史背景和地理环境,但有关民族群体DNA多态性的研究资料缺乏,无疑会对研究中华民族群体起源、人群遗传差异、法医学个体识别、民族特有疾病谱等带来不利的影响^[3]。有鉴于此,本研究采用荧光标记STR复合扩增及基因扫描测序技术,对甘肃、青海地区5个少数民族群体(土族、撒拉族、东乡族、保安族、裕固族)的9个STR多态性位点(D3S1358, VWA, FGA, TH01, TPOX, CSFIPO, D5S818, D13S317, D7S820)进行分析研究,旨在为开展我国人类基因组多样性研究及法医学个体识别、中国人群体遗传学等应用研究提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 样本采集 在青海省互助土族自治县、甘肃省临夏州积石山县、青海省循化撒拉族自治县、甘肃省肃南裕固族自治县及甘肃省临夏州、东乡县等地(表1),随机抽取5个少数民族群体身体健康的无关个体共606人,每人抽取EDTA抗凝血2 mL,每个供血个体均追溯3代以上家族史,以确定其民族代表性。西安汉族、锡伯族、景颇族、朝鲜族、蒙古族、藏族、彝族、黎族、白族、广东汉族、壮族、乌兹别克、哈萨克、柯尔克孜、回族等15个群体9个STR位点的群体遗传资料均为本实验室既往研究所得。

1.2 DNA提取及定量 取血样50 μ L,快速盐析法提取DNA,异丙醇沉淀纯化,置于通风橱挥干,加TE缓冲液50 μ L备用,用琼脂糖凝胶电泳法定量后加去离子水稀释至0.5~1.0 mg/L。

1.3 PCR复合扩增 反应总体积12.5 μ L,其中样本DNA 1.5 μ L, Master Mix 11 μ L。PCR反应条件:用PE9700进行DNA扩增,95 $^{\circ}$ C预变性11

min, 95 $^{\circ}$ C变性1 min, 59 $^{\circ}$ C复性1 min, 72 $^{\circ}$ C延伸1 min, 28个循环,最后60 $^{\circ}$ C延伸45 min,扩增产物-20 $^{\circ}$ C保存备用。

表1 实验样品来源

民族	样本量	人口数 (2000年 人口普查)	采样地点	所属语系
土族	120	241 198	青海省互助土族自治县	阿尔泰语系蒙古语族
保安族	120	16 505	甘肃省临夏州积石山县	阿尔泰语系蒙古语族
撒拉族	125	104 503	青海循化撒拉族自治县	阿尔泰语系突厥语族
裕固族	120	13 719	甘肃省肃南裕固族自治县	西部裕固族为阿尔泰语系突厥语族;东部的裕固族为阿尔泰语系蒙古语族
东乡族	121	513 805	甘肃省临夏州、东乡县	阿尔泰语系蒙古语族

1.4 扩增产物电泳 用ABI377全自动测序仪进行电泳及检测。配制4.25%聚丙烯酰胺凝胶,胶厚0.2 mm,电泳缓冲液为1 \times TBE。预电泳30 min,或使胶板温度上升至40 $^{\circ}$ C,将稀释后的扩增产物1.5 μ L以及0.5 μ L的含分子量内标(Genescan-350ROX)及蓝色葡聚糖的上样缓冲液2 μ L充分混合后,95 $^{\circ}$ C变性2~5 min后立即放置于冰浴至加样。等位基因Ladder也同时变性。胶板第一道及第96道加等位基因Ladder,第2道加阳性对照,其余道加样本,上样量1 μ L。电泳条件:电压3 000 V,电流60 mA,功率200 W,时间3 h。

1.5 电泳信息收集 用Genescan软件对胶图进行扫描,Genotyper2.5软件进行等位基因分型。

1.6 数据处理 采用SPSS11.5软件等对实验数据进行统计学分析,并对20个群体进行聚类分析。计算多态信息量(polymorphism information content, PIC)、杂合度(heterozygosity, H)、个体识别力(discrimination power, DP)、非父排除率(probabilities of paternity exclusion, PPE)等群体遗传指标。用 χ^2 检验进行Hardy-Weinberg平衡吻合度检验及种族间遗传差异比较。各指标计算公式如下^[4]:

$$H = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2, PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \sum_{i=1}^n \sum_{j=i+1}^n 2P_i P_j^2$$

(n 为该位点等位基因数目, P_i 和 P_j 为第 i 和 j 个等位基因频率)。

$$DP = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2, PPE = \sum_{i=1}^n P_i(1 - P_i)^4$$

(n 为该位点基因型的数目, P_i 为第 i 个基因型频率)。

2 结 果

2.1 Hardy-Weinberg 平衡检验 对甘肃青海地区 5 个少数民族群体的 9 个 STR 位点基因型的观察值和期望值进行 χ^2 检验, 结果显示各基因位点的群体基因型分布符合 Hardy-Weinberg 平衡定律。

2.2 5 个少数民族群体 9 个 STR 位点的遗传学多态性指标分布 5 个少数民族群体 9 个 STR 位点的 PIC 分布范围在 0.6054 ~ 0.8735 之间; H 分布范围在 0.6158 ~ 0.8736 之间; DP 分布范围在 0.7964 ~ 0.9691 之间; PPE 分布范围在 0.4610 ~ 0.8838 之间; 其中 TPOX 位点的 PIC, H, DP 和 PPE 在 5 个群体中均为最低值(表 2)。

2.3 20 个群体的聚类分析结果 甘肃青海地区土族、撒拉族、保安族及东乡族在起源上较为接近, 而裕固族则相对较远; 5 个民族群体与中国南北方民族各群体之间有明显的融合现象(图 1)。

表 2 甘肃青海地区 5 个少数民族群体遗传学指标

	基因座	东乡族	土 族	撒拉族	保安族	裕固族
多态信息量(PIC)	D3S1358	0.7161	0.7089	0.6997	0.7194	0.705
	VWA	0.7705	0.7871	0.7624	0.7970	0.7954
	FGA	0.8268	0.8735	0.8675	0.8418	0.7959
	THO1	0.6918	0.6888	0.6468	0.674	0.7496
	TPOX	0.6271	0.6353	0.6352	0.6471	0.6054
	CSFIPO	0.699	0.6569	0.6869	0.7017	0.7143
	D5S818	0.7235	0.7436	0.7217	0.7217	0.7744
	D13S317	0.7901	0.8043	0.8081	0.7827	0.817
	D7S820	0.7602	0.7771	0.7752	0.7881	0.7523
杂合度(H)	D3S1358	0.7238	0.7156	0.7118	0.7296	0.7091
	VWA	0.7826	0.7985	0.7794	0.8088	0.8036
	FGA	0.8268	0.8736	0.8677	0.8419	0.7959
	THO1	0.6988	0.6963	0.6533	0.6804	0.7617
	TPOX	0.6413	0.6452	0.6435	0.6578	0.6158
	CSFIPO	0.7238	0.686	0.7069	0.721	0.7306
	D5S818	0.7497	0.7671	0.7491	0.7488	0.7921
	D13S317	0.7997	0.8135	0.8157	0.7908	0.8258
	D7S820	0.7783	0.7916	0.7897	0.8022	0.7745
个体识别率(DP)	D3S1358	0.875	0.856	0.865	0.8704	0.876
	VWA	0.9186	0.9257	0.9113	0.9324	0.9207
	FGA	0.9411	0.9691	0.9629	0.9529	0.9269
	THO1	0.8602	0.8632	0.8342	0.8524	0.8926
	TPOX	0.8156	0.7964	0.8142	0.8218	0.8226
	CSFIPO	0.8826	0.8504	0.8672	0.8668	0.8900
	D5S818	0.8995	0.9084	0.9008	0.8810	0.9211
	D13S317	0.9303	0.9289	0.9336	0.9151	0.9407
	D7S820	0.9146	0.9197	0.9277	0.9228	0.9039
非父排除率(PPE)	D3S1358	0.6077	0.5722	0.5802	0.5949	0.6133
	VWA	0.7192	0.7410	0.7028	0.7614	0.7288
	FGA	0.7938	0.8838	0.8630	0.8306	0.7519
	THO1	0.5857	0.5856	0.5295	0.5554	0.6523
	TPOX	0.4769	0.461	0.4824	0.5048	0.5017
	CSFIPO	0.5767	0.5015	0.5005	0.5577	0.6016
	D5S818	0.6217	0.6480	0.6107	0.6137	0.6735
	D13S317	0.7396	0.7417	0.7580	0.6634	0.7748
	D7S820	0.6870	0.7219	0.6854	0.7030	0.6643

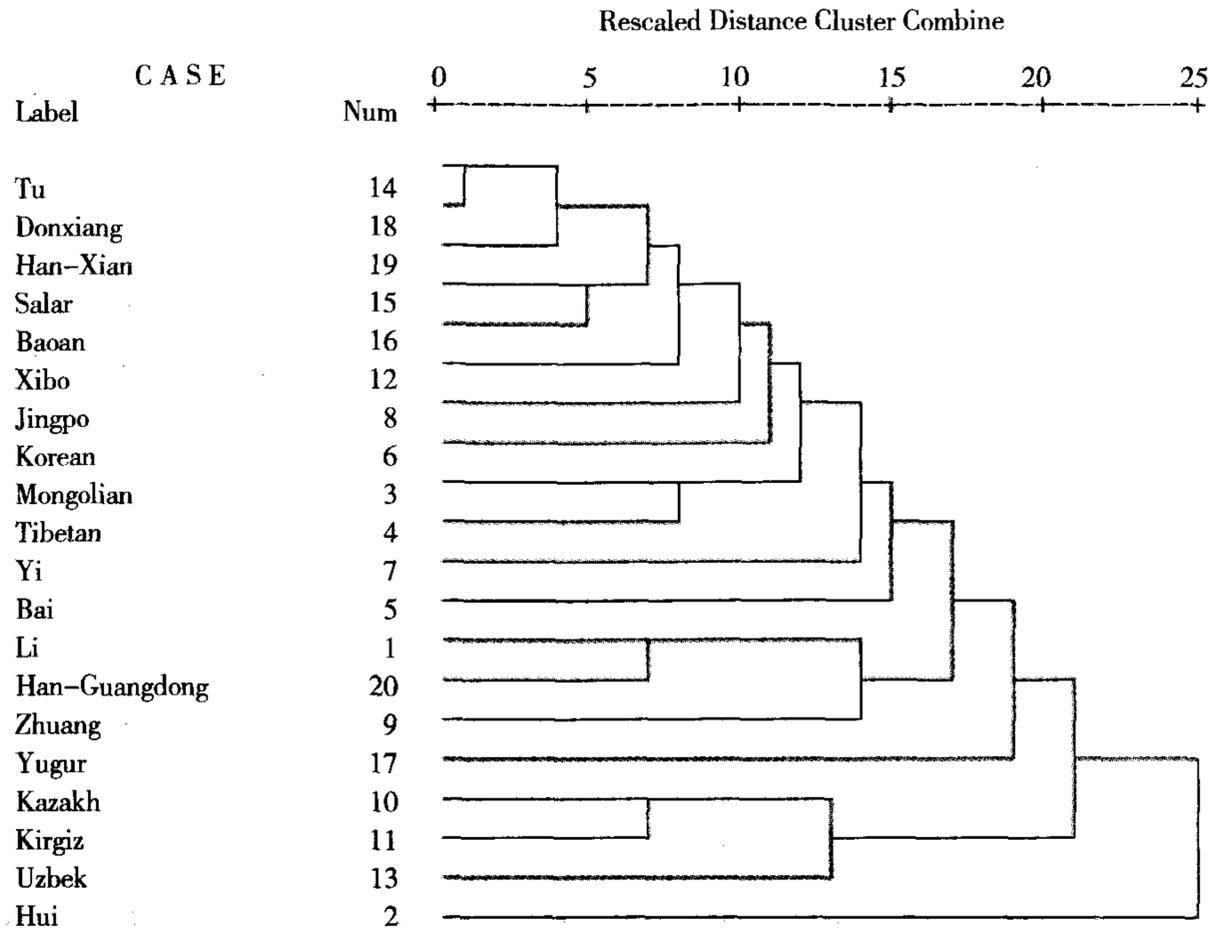


图1 20个群体的聚类分析结果

Fig.1 Clustering results of 20 populations based on 9 STR loci

3 讨 论

人类基因组多样性计划(human genome diversity project, HGDP)的主要任务之一就是搜集、整理不同民族群体的DNA遗传标记的整套基因频率数据,进而与其他国家的人群进行比较和分析,筛选对研究不同群体遗传结构有用的遗传标记,提取对研究DNA多态性在生物进化中的作用和意义,建立少数民族、某些遗传病患者及其家系基因组文库,搜集人体基因分离、同源性分析及基因定位等诸多领域有意义的遗传信息。因此,有关民族群体遗传多态性的研究将继续成为后基因组计划的重要研究内容之一^[3]。

我国有56个已经识别的民族和205种语言,具有丰富的生物遗传资源,是进行基因组多样研究的理想地区,研究结果不仅对研究中国不同民族与人群中疾病的易感性与抵抗性、对药物和环境因子的敏感性与抵抗性有关基因的多态性等具有重要意义。同时,中国人类基因组多样性的研究也对了解中华民族的源与流,以及现代人的起源等重大问题具有重要的现实和历史意义。

从生物学的角度对一个群体进行研究,选择合适的遗传标记是一项很重要的工作。STR是一种在特定位置上的DNA片段,广泛存在于人类基因组中,具有高度多态性和高度的杂合度、多态信息量,并以孟德尔共显性遗传。以往的研究证实,

STR在不同种族、人群之间的杂合度和等位基因频率分布有一定的差异,因此可以作为一种遗传标记(genetic marker, GM)应用于人类群体遗传学及法医学的研究^[5-6]。

本研究所选的9个STR位点为美国CODIS(Combined DNA Index System, CODIS)所推荐的遗传标记系统,9个STR基因位点中,不但其核心序列数目不同,而且既有简单重复序列,又有复杂重复结构,这些标记已于1997年8月被国际法医遗传学会(International Society of Forensic Genetics, ISFG)认可,并进入到了国际遗传学数据库(Genetic Databank, GDB)。

遗传标记的多态性程度及其应用价值一般可用H, PIC, DP和PPE来衡量。一般情况下, H能客观反映出群体的遗传变异情况,平均杂合度越大,表明群体内的遗传变异越大; PIC则能反映出某一个遗传标记所包含或所能提供的遗传信息容量,当 $PIC > 0.5$ 时,就表明该遗传标记具备高度的可提供遗传信息性,当 $0.5 > PIC > 0.25$ 时,表明该遗传标记能比较合理地提供遗传信息,而当 $PIC < 0.25$ 时,表明该遗传标记可提供遗传信息性较差^[7]。本研究结果显示,甘肃青海地区5个少数民族群体的H均大于0.6158, PIC在VWA, FGA, D5S818, D13S317及D7S820位点均大于0.7217,其中FGA位点达0.7959以上, PIC值最小的基因位点为TPOX,但大于0.6054,基本符合

“高度多态性遗传性标记”的要求,充分提示该9个STR位点在5个群体中具有较大的遗传差异,在人类群体遗传学及法医学、医学中具有很大的应用价值,也是适合开展我国以上5个少数民族群体研究的多态性位点。

DP和PPE则反映了遗传标记在法医学个体识别及亲权判定中的能力。一般当 $DP > 0.8$, $PPE > 0.5$ 时,则属于高度多态性标记,具有较高应用价值^[8]。本次研究结果显示,5个少数民族群体所选的9个STR基因座 $DP \geq 0.8142$ (只有土族的TPOX位点例外,为0.7964), $PPE \geq 0.5017$ (东乡族、土族及撒拉族的TPOX位点除外,分别为0.4769,0.4610及0.4824)。说明本研究所选的9个STR遗传标记符合高度多态性的要求。其中多态性分布较好的位点中以FGA最为突出,除裕固族以外,PIC,H,DP及PPE在5个少数民族群体中均为最高值,提示该位点在该5个少数民族群体中多态性分布十分理想,适合以上群体的遗传学研究应用。

综上所述,本研究所选择的9个STR遗传标记在5个群体中的 $PIC \geq 0.6054$, $H \geq 0.6158$, $DP \geq 0.7964$, $PPE \geq 0.4610$,其中D3S1358,VWA,FGA,D5S818,D13S317及D7S820位点为“高度多态性遗传性标记”,TPOX,THO1及CSFIPO为“较高多态性遗传标记”,均可用于群体遗传学、法医学等领域的研究,且具有较高应用价值。

本研究同时发现,9个STR基因位点中,TPOX位点较为独特,在甘肃青海地区的5个少数民族群体中,该位点的PIC,H,DP及PPE在5个少数民族群体中均为最低值,提示该位点在该5个少数民族群体中多态性分布较差,分析其原因可能与种族及民族遗传差异有关。

Anker等^[9]报道,在73例高加索人个体中发现了6个等位基因,片段长度为106~130bp,认为TPOX属于具有较高鉴别能力的遗传标记系统。国内的研究也表明,TPOX位点在等位基因的数目及各个等位基因的频率分布在不同民族中有差异,且有人种差异,TPOX属于较高鉴别能力的遗传标记,在法医学及人类遗传学研究中具有重要意义^[10]。杜志淳等^[11]对2500名个体进行基因分型的研究结果表明,THO1和TPOX基因座在多态性分布方面较差(H分别为0.6430和0.6296,PPE分别为0.4046和0.3701),但也符合法医学应用的要求。本研究的结果虽然和以上等人的一

致,但从以上及本研究结果,可认为出现这种情况的另外一种可能原因为THO1和TPOX基因位点是针对南非黑人群体的多态性标记,用于我国人群有不适之处;另一方面,也反映出不同人种及群体在这个位点上确实存在遗传差异,如果能寻找和选择多态性比THO1和TPOX更好、更加适合我国人种的基因位点作为建立我国犯罪数据库及人类群体遗传学等研究的遗传标记,才有可能使STR基因座在各方面的研究中发挥出更大的作用。

以往的研究表明,与遗传关系较远的群体相比,STR基因位点的遗传分析能为遗传关系较近的群体提供更为可靠的遗传信息^[12-13],因此,STR是用于研究遗传关系较近群体的理想遗传标记,本文所研究的5个少数民族群体根据以往的历史学等资料证实,在起源上均和蒙古族关系密切^[14-16],而且地理位置及语系相同,因此,是运用STR遗传标记研究其遗传关系的理想群体。

聚类分析是基于基因频率的一种显示群体间、人种间的遗传差异和进化特征的形式,是研究群体遗传关系的有效手段^[17]。本研究结果显示,5个少数民族群体中,土族、撒拉族、东乡族、保安族在起源上较为接近,这和其地理位置分布及其它历史资料相符合。裕固族虽然是甘肃特有民族,但在遗传分析结果上,却同甘肃青海的其他4个少数民族群体的关系较远,这可能与该民族在历史上曾有过西迁,然后和当地其他民族逐渐融合而形成有关,这一点,从其所属语系上也有所反映(表1)。

我国的民族群体传统上分为南北两大部分,但本研究的聚类分析显示,两大部分并不是截然分开,他们之间有明显的融合现象。云南的景颇族在历史上曾有过南迁(从康藏高原),在聚类分析时也是首先和西北的汉族、锡伯族、东乡族、土族聚类,而这一点,从广东汉族的聚类上也显示了出来,即广东的汉族不是首先和西安汉族最先聚类,而是和云南的白族、彝族较近,其次才和北方民族如西安汉族、东乡族、保安族、撒拉族及东北的朝鲜族等民族聚类,这一现象支持我国不同地区汉族人口和当地的少数民族广泛融合并发生了基因交流的观点,但是与报道的中华民族群体以长江为界南北分群的说法不一致^[18]。尽管作者的研究所涉及的民族群体样本量还不够大、基因位点也不够多,而且所选择的民族群体主要来自云南和西北,但来自同一地区的不同起源的民族群

体在亲缘关系远近方面还是有所体现,因此可认为以地域划分的我国民族群体的说法是值得商榷的,还有待于进一步的研究去证实。

Shriver 等^[19]认为,对于用 STR 进行的遗传分析,如果要降低位点数目及其样本量对计算遗传距离及聚类分析带来的影响,增加多态性位点数目的作用要较增加样本数量的作用要大得多。当每个群体的样品数大于 25 个时,其对遗传距离的影响就不是很显著。因此,要降低用 VNTR 分析所确定的遗传距离的变化程度时,最有效的方法就是增加多态性位点的数目。因此,本课题所研究的无关个体的样本量明显超过了 25 个(均在 120 个以上),但用 9 个 STR 位点来分析以上各个群体间的遗传距离还远远不够。可如果要增加多态性位点的数目,则研究费用和工作量会大大增加,所以用生物学的遗传标记来分析人类的起源、进化和迁徙还有许多的工作要做。

实际上,采用不同的遗传标记可能提出不同的关于人类起源与进化的理论,没有一种遗传标记可以单独准确地追踪人类迁移而产生的巨大变化,任何一种基于单一遗传标记所构建的系统树都不大可能绝对地指出人类的真正起源,只有结合尽可能多的遗传标记和群体数才可能再现人类的实际进化过程^[3]。目前,本实验室正在对所获得的民族群体样本进行线粒体 DNA, X 及 Y 染色体遗传多态性等的研究,希望研究结果在整体水平上对进一步阐明我国各民族群体间的遗传关系有所贡献。

参考文献:

- [1] Hammond H A, Jin L, Zhang Y, et al. Evaluation of 13 short tandem repeat loci for use in identification applications [J]. *J Am J Hum Genet*, 1994, 55(2): 175-189.
- [2] Kimpton C P, Oldroyd N J, Watson S K, et al. Validation of highly discriminating multiplex short tandem repeat amplification systems for individual identification [J]. *Electrophoresis*, 1996, 17(8): 1283-1293.
- [3] 杜若甫. 中国人群体遗传学 [M]. 北京: 科学出版社, 2004: 412-489.
- [4] 陈雪玲, 范桂香, 黄辰, 等. 新疆哈萨克族群体三个 STR 位点遗传多态性 [J]. *西安医科大学学报*, 2001, 22(4): 295-297.
- [5] Kimpton C P, Oldroyd N J, Watson S K, et al. Validation of highly discriminating multiplex short tandem repeat amplification systems for individual identification [J]. *Electrophoresis*, 1996, 17(8): 1283-1293.
- [6] Chen T, Shengbin L. Genetic polymorphism at nine STR loci in two ethnic groups of China [J]. *Forensic Science International*, 2004, 146(1): 53-55.
- [7] 袁文涛, 徐红岩, 赵进英, 等. 微卫星位点在基因组扫描中的信息表现 [J]. *中华医学遗传学杂志*, 2000, 17(2): 65-71.
- [8] 陈腾, 张琳琳, 赖江华, 等. 中国东乡族 9 个 STR 基因座遗传多态性研究 [J]. *遗传*, 2002, 24(3): 247-250.
- [9] Anker R, Steinbrueck T, Keller H D. Tetranucleotide repeat polymorphism at the human thyroid peroxidase (HTPO) locus [J]. *Hum Mol Genet*, 1992, 1(2): 137-148.
- [10] 邹浪萍, 杨燕, 褚嘉佑, 等. 多重 PCR 检测 CSF1PO, TPOX 和 TH01 基因座在中国汉族中的多态性 [J]. *遗传学报*, 1998, 25(3): 199-204.
- [11] 杜志淳, 李莉, 林源, 等. 中国“罪犯 DNA 数据库” STR 基因座研究 [J]. *中国法医学杂志*, 2000, 15(2): 65-68.
- [12] Nei M, Takezaki N. The root of the phylogenetic tree of human population [J]. *Mol Bio Evol*, 1996, 13(1): 170-176.
- [13] 俞建昆, 褚嘉佑, 钱亚屏, 等. 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 [J]. *遗传学报*, 2001, 28(8): 699-706.
- [14] 高自厚. 论裕固族源流的两大支系 [J]. *西北民族研究*, 1995, 1(16): 102-110.
- [15] 郝瑞生, 戴玉景, 薄岭. 青海撒拉族体质特征研究 [J]. *人类学学报*, 1995, 14(1): 32-39.
- [16] 谢小东, 王勋陵, 安黎哲. 从群体遗传的 DNA 线索看东乡族族源问题 [J]. *民族研究*, 2002, 1(1): 35-39.
- [17] 金天博, 高雅, 阎春霞, 等. 应用 STR 研究广西地区少数民族的群体遗传学关系 [J]. *中南大学学报(医学版)*, 2004, 29(6): 619-622.
- [18] 杜若甫, 肖春杰, Cavalli-Sforza L L. 用 38 个基因座的基因频率计算中国人群间遗传距离 [J]. *中国科学(C 辑)(SCIENCE IN CHINA, series C)*, 1998, 28(1): 83-89.
- [19] Shriver M D, Jin L, Boerwinkle E, et al. A novel measure of genetic distance for highly polymorphic tandem repeat loci [J]. *Mol Biol Evol*, 1995, 12(5): 914-920.

(本文编辑 傅希文)