

中国 28 个民族群体 Y 染色体 DYS287 位点的遗传多态性

陈 阳, 褚嘉祐[#], 俞建昆, 于 亮, 孙 浩, 林克勤, 陶玉芬,
史 磊, 黄小琴, 石铁流*, 傅松滨**

(中国医学科学院 中国协和医科大学 医学生物学研究所遗传室, 昆明 650118)

摘要: 目的 研究我国 9 个省 28 个民族群体 Y 染色体 DYS287 位点的遗传多态性。方法 应用 Touchdown PCR 技术扩增 1 006 个 DNA 样品的 Y 染色体 Alu 序列多态性 (YAP) + 片断, 琼脂糖凝胶电泳分离检测。结果 藏族 YAP + 频率为 36.7%, 土族 23.8%, 彝族 18.4%, 普米族 11.3%, 塔吉克族 7.4%, 白族 6.7%, 基诺族 5.1%, 山东汉族 4%, 仫佬族 2.7%, 毛南族 1.3%, 甘肃汉族、云南汉族、壮族、傣族、黎族、怒族、傈僳族、纳西族、拉祜族、独龙族、哈尼族、畲族、维吾尔族、撒拉族、柯尔克孜族、东乡族、佤族及朝鲜族的 YAP + 频率均为 0。结论 YAP + 频率在部分汉藏语系民族 (藏、彝、普米、基诺、白族) 中频率较高。在历史学、语言学上被认为来源于中亚的民族 (土族、塔吉克族) 中 YAP + 频率也较高。而起源于百越民族的少数民族 (仫佬族、毛南族) YAP + 频率值得进一步探讨。

关键词: Y 染色体; Y 染色体 Alu 序列多态性; 遗传多态性

中图分类号: Q347 文献标识码: A 文章编号: 1000-503X(2006)02-0196-06

Polymorphism of DYS287 on Y Chromosome in 28 Ethnic Populations of China

CHEN Yang, CHU Jia-you[#], YU Jian-kun, YU Liang, SUN Hao, LN Ke-qin, TAO Yu-fen,
SHI Lei, HUANG Xiao-qin, SHI Tie-liu*, FU Song-bin**

(Department of Genetics, Institute of Medical Biology, CAMS and PUMC, Kunming 650118, China)

ABSTRACT: Objective To investigate the polymorphism of DYS287 among 28 ethnic populations in 9 provinces of China. **Method** YAP element was detected by Touchdown PCR amplification and 2% agarose gel electrophoresis. **Results** YAP + frequencies in these ethnic populations were as follows: Zang 36.7%, Tu 23.8%, Yi 18.4%, Pumi 11.3%, Tajik 7.4%, Bai 6.7%, Jino 5.1%, Shandong Han 4%, Mulao 2.7%, and Maonan 1.3%. The rest ethnic populations in our study, including Gansu Han, Yunnan Han, Zhuangzu, Daizu, Lizu, Nuzu, Lisu, Naxi, Lahu, Dulong, Hani, Shezu, Weiwuer, Sala, Kerkizi, Dongxiang, Vazu, and Korea didn't carry YAP + element. **Conclusions** Zangzu, Tuzu, Yizu, Pumi, Jino, and Baizu, which belong to Sino-Tibetan language family, carry a high YAP + frequency. Sala, Tuzu, and Tajik, regarded as Central Asia by origin in history and linguistics, also have a high YAP + frequency. Mulao and Maonan, which origin from "Baiyue" ancient ethnic groups, also have a considerable YAP + frequency.

Key words: Y chromosome; Y chromosome Alu insertion polymorphism; polymorphism

Acta Acad Med Sin, 2006, 28(2): 196 - 201

基金项目: 美国中华医学基金会基金资助项目 (04-805)、国家高技术研究发展计划项目 (863项目) (2002AA231051, 2002BA711A08)、高等学校优秀青年教师教学科研奖励计划 Supported by the China Medical Board (04-805), the National High Technology Research and Development Program of China (2002AA231051, 2002BA711A08), and Teaching and Research Award Program for Outstanding Young Teachers in Higher Education Institutions of MOE. P. R. C.; * Center of Bioinformatics, Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 200031; ** Laboratory of Medical Genetics, Harbin Medical University, Harbin 150086; # Corresponding author Tel: 0871-8334326, Fax: 0871-8334483, E-mail: chujy@public.km.yn.cn

东亚地区是人类进化和迁徙过程中的一个重要节点, 研究东亚人群的遗传结构和相互遗传关系, 对追溯这一地区的民族渊源乃至现代人类的起源都有重要的意义。我国地处东亚中心, 人口和民族群体众多, 对国内群体的遗传多态性进行分析, 无疑对东亚人群的起源和迁移路线的研究具有重要价值, 同时也可了解我国各地区人群的遗传结构及其分布特点积累资料, 为研究各民族或群体间的相互关系及源流问题提供依据。

Y 染色体特异区 DNA 多态在人类群体遗传学研究中具有重要位置, 能提供独特的群体遗传学数据^[1]。它呈严格的父系遗传, 在减数分裂时不发生重组, 研究所需有效个体数是常染色体有效个体数的 1/4, 24 个个体以上的频率数据即为有效。并且, Y 染色体的变异比常染色体和线粒体 DNA 的变异具有更明显的地域聚集性。因此, Y 特异区 DNA 多态特别适用于研究涉及到不同地域的迁徙的问题^[2]。目前, Y 染色体的研究数据已经为民族群体的起源与迁移及民族间的亲缘关系提供了很有价值的线索^[3~5]。

YAP 是位于 Y 染色体长臂 Yq11 的 DYS287 位点的一个 Alu 序列插入多态 (Y chromosome Alu insertion polymorphism, YAP), 是 Y 特异区的一个双等位基因位点, 可用于鉴定稳定的遗传谱系关系。不同人群中 YAP 多态性是由于携带 YAP+ 位点的祖先群体与不携带 YAP+ 位点的群体发生基因交流形成的。Hammer 等^[6]的研究显示, YAP+ 在非洲和非洲以外人群之间基因频率有明显差异, 表明 YAP 并非固有, 很有可能是近期独特的一次性插入造成的稳定多态因子, 仅有数万年历史。

本研究有选择地选取分布于我国的东部 (山东)、东南部 (福建)、南部 (海南)、西南部 (云南、广西)、西部 (甘肃、青海、新疆) 以及东北部 (黑龙江) 共 9 个省的具有代表性的 28 个民族群体的 1 006 个个体, 对他们的 DYS287 位点进行多态性分析。

对象和方法

对象 根据“知情同意”的原则, 收集我国山东、福建、海南、云南、广西、甘肃、青海、新疆及黑龙江省共 9 个省的 26 个少数民族 (含 28 个群体) 1 006 个个体的外周血。每个民族群体的样本均

来自民族聚居地, 采血对象均追溯三代以上家族史以确保其代表性, 每一健康个体抽取静脉血 5 ml, 用 EDTA 或肝素钠抗凝。民族群体相关信息见表 1。其中 745 份血样在采集 24 h 内经 EB 病毒转化为永生细胞株。

DNA 提取 745 份基因组 DNA 以常规的“酚-氯仿法”提取自 EB 病毒转化的永生细胞株。261 份 DNA 用 OMEGA 血 DNA 抽提试剂盒 (Omega Bio-Tek, USA) 提取基因组 DNA。

PCR 扩增及电泳产物检测 YAP 引物序列^[7]: YAPa: 5' CAGGGGAAGATAAAGAAATA 3'; YAPb: 5' ACTGCTAAAAAGGGGATGGAT 3'。10 μ l 反应体系包括: 25 ~ 40 ng 基因组 DNA, 10 \times PCR buffer, 0.1 μ mol/L 引物, 0.25 U Taq (Takara, China), 1.6 mmol/L MgCl₂, 1.6 mmol/L dNTP。PCR 反应条件: 94 预变性 2 min; 然后在 94 变性 20 s, 59 退火 1 min, 72 延伸 1 min 的条件下进行 14 次循环, 每次循环退火温度递降 0.5 $^{\circ}$ C; 再在 94 变性 20 s, 52 退火 1 min, 72 延伸 1 min 的条件下进行 14 次循环; 最后 72 延伸 5 min。每次 PCR 反应均设立阴性对照和空白对照。PCR 产物用 2% 的琼脂糖凝胶电泳检测。YAP+ 的扩增片段为 455 bp, YAP- 的片段为 150 bp。

结 果

各民族群体的采样地点、群体采样地、采样地经纬度、民族所属的语系、语族及 YAP+ 频率数据在 28 个民族群体中分布见表 1。按语系语支亲缘关系分类的 YAP+ 频率见表 2。YAP+ 的电泳检测结果见图 1。

本研究分别从中国西北、西南及东部 3 个采样点采得的汉族样品的 YAP+ 平均频率为 1.12%。属于汉藏语系藏缅语族的民族: 藏族、普米族、彝族、哈尼族、傈僳族、纳西族、拉祜族、怒族、独龙族、基诺族、白族的 YAP+ 平均频率为 7.26%; 属于汉藏语系壮侗语族民族: 壮族、傣族、黎族、仫佬族、毛南族的平均频率为 0.50%; 属于汉藏语系苗瑶语族的畲族 YAP+ 频率为 0。阿尔泰语系蒙古语族的平均频率为 1.78%, 阿尔泰语系突厥语族的平均频率为 4.76%, 属于南亚语系孟—高棉语族的佤族为 0, 属于印欧语系伊朗语族的塔吉克族 YAP+ 频率为 7.40% (表 2)。

各民族的 YAP + 频率分别为：藏族 36.7%、土族 23.8%、彝族 18.4%、普米族 11.3%、塔吉克族 7.4%、白族 6.7%、基诺族 5.1%、山东汉族 4%、甘肃汉族 0、云南汉族 0、佤族 2.7%、毛南族 1.3%，壮族、傣族、黎族、怒族、傈僳族、纳西族、拉祜族、独龙族、哈尼族、畲族、维吾尔族、撒拉族、柯尔克孜族、东乡族、佻族及朝鲜族均为 0

(表 1)。综观这 28 个民族群体的 YAP + 频率与采样地经纬度的关系，可以看到 YAP + 频率呈现自西北西南向东部递减的趋势。从各民族群体的语言系属关系来看，汉藏语系藏缅语族和印欧语系伊朗语族具有最高的 YAP + 频率，分别为 7.26% 和 7.40%。汉藏语系苗瑶语族和南亚语系孟—高棉语族的则具有最低的 YAP + 频率，均为 0 (表 2)。

表 1 28 个采样群体相关信息及 YAP + 频率

Table 1 Correlative information of 28 ethnic populations and their YAP + frequency

| Population | Sample number | Sample place | Latitude | Longitude | Language family | Language subfamily | YAP + frequency (%) |
|--------------|---------------|--------------------------|----------|-----------|-----------------|--------------------|---------------------|
| Tibetan | 30 | Zhongdian, Yunnan | N 27.78 | E 99.72 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 36.7 |
| Tu | 21 | Huzhu, Qinghai | N 36.80 | E 101.90 | Altaic | Mongol | 23.8 |
| Yi | 38 | Ninglang, Yunnan | N 27.20 | E 100.80 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 18.4 |
| Pumi | 44 | Lanping, Yunnan | N 27.28 | E 100.82 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 11.3 |
| Tajike | 27 | Tashikuergan Xinjiang | N 37.77 | E 75.22 | Indio-European | Iranian | 7.4 |
| Bai | 30 | Dali, Yunnan | N 25.34 | E 100.13 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 6.7 |
| Jino | 39 | Jinghong, Yunnan | N 22.01 | E 100.48 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 5.1 |
| Shandong Han | 25 | Zouping, Shandong | N 36.89 | E 117.75 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 4 |
| Gansu Han | 28 | Wuwei, Gansu | N 37.90 | E 102.60 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 0 |
| Yunnan Han | 36 | Kunming, Yunnan | N 24.05 | E 102.73 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 0 |
| Mulao | 37 | Luocheng, Guangxi | N 24.70 | E 108.90 | Sino-Tibetan | Zhuang-Dong | 2.7 |
| Maonan | 76 | Huangjiang Guangxi | N 24.80 | E 108.20 | Sino-Tibetan | Zhuang-Dong | 1.3 |
| Zhuang | 45 | Tianyang, Guangxi | N 23.75 | E 106.90 | Sino-Tibetan | Zhuang-Dong | 0 |
| Dai | 42 | Jinghong, Yunnan | N 22.01 | E 100.48 | Sino-Tibetan | Zhuang-Dong | 0 |
| Li | 30 | Baisha, Hainan | N 19.23 | E 109.44 | Sino-Tibetan | Zhuang-Dong | 0 |
| Nu | 36 | Fugong, Yunnan | N 26.90 | E 98.20 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 0 |
| Lisu | 38 | Fugong, Yunnan | N 26.90 | E 98.20 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 0 |
| Naxi | 34 | Lashi, Yunnan | N 27.30 | E 100.30 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 0 |
| Lahu | 33 | Jinghong, Yunnan | N 22.01 | E 100.48 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 0 |
| Dulong | 47 | Gongshan, Yunnan | N 27.73 | E 98.65 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 0 |
| Hani | 44 | Menghai, Yunnan | N 21.95 | E 100.05 | Sino-Tibetan | Tibeto-Buman | 0 |
| She | 26 | Fuan, Fujian | N 27.10 | E 119.65 | Sino-Tibetan | Miao-Yao | 0 |
| Weiwuer | 36 | Yili, Xinjiang | N 44.40 | E 84.80 | Altaic | Turki | 0 |
| Sala | 45 | Xunhua, Qinghai | N 35.80 | E 102.40 | Altaic | Turki | 0 |
| Kerkezi | 24 | Wuqia, Xinjiang | N 39.70 | E 75.18 | Altaic | Turki | 0 |
| Dongxiang | 29 | Dongxiang, Gansu | N 35.60 | E 103.30 | Altaic | Mongol | 0 |
| Wa | 30 | Lancang, Yunnan | N 22.0 | E 99.90 | Austro-Asiatic | Mon-Khmer | 0 |
| Chaoxian | 36 | Mudanjiang, Heilongjiang | N 44.60 | E 129.58 | Altaic | Korea | 0 |

YAP: Y chromosome A lu insertion polymorphism; N: north; E: east

表 2 不同语系群体的平均 YAP + 频率

Table 2 Average frequency of YAP + in different language family

| Language family | Language subfamily | Sample number | YAP + average frequency (%) |
|-----------------|--------------------|---------------|-----------------------------|
| Sin-Tibetan | Han | 89 | 1.12 |
| Sin-Tibetan | Tibeto-Buman | 413 | 7.26 |
| Sin-Tibetan | Zhuang-Dong | 230 | 0.50 |
| Sin-Tibetan | Miao-yao | 26 | 0.00 |
| Altaic | Mongol | 50 | 1.78 |
| Altaic | Turki | 105 | 4.76 |
| Altaic | Korea | 36 | 0.00 |
| Indio-European | Iran | 27 | 7.40 |
| Austro-Asiatic | Mon-khmer | 30 | 0.00 |

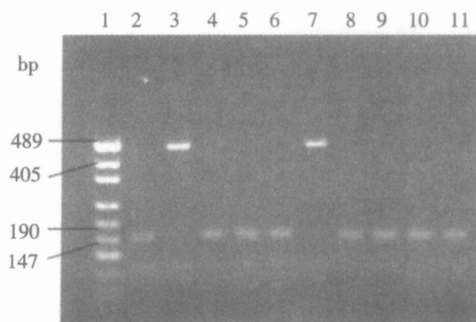


图 1 PCR 产物凝胶电泳检测

Fig 1 Detection of PCR products with 2% agarose gel
1. PUC19/MSP I DNA marker; 2, 4-6, 8-11. YAP- (150 bp); 3, 7. YAP+ (455 bp)

讨 论

本研究所选取的 9 个采样省的地理位置：山东、福建、海南、云南、广西、甘肃、青海、新疆、黑龙江具有明确的群体遗传学研究意义。黑龙江省在地理位置上与北亚地区接近；山东省濒临渤海，与朝鲜半岛、勘察加半岛和库页岛及隔海相望的日本列岛联系紧密；东南亚则被认为是非洲起源的现代人类进入东亚地区的第一站^[6]。福建、海南两省可能是现代人类进入中国大陆后向北迁移的前哨站之一；云南、广西两省是中国少数民族种类及数量最多的省份，早在新石器时代，这两省就已经是众多部落的共同杂居区。广西是我国最大的壮侗语族少数民族的聚居地。云南省由于著名的“藏彝走廊”的存在，从远古时代起就成为西北、西南地区民族的迁徙、分化、演变的重要通道。甘青地区的氏羌系民族南下，云、桂等地的壮—侗语族、孟—高棉语族的诸民族北上。云南省的特殊地理条件，又使得许多少数民族间的隔离程度很高，形成许多隔离群体，这对于研究民族起源迁移具有特殊意义；西北的青海、甘肃、新疆三省是古丝绸之路的必经之地，是联系东亚与中亚、欧洲之间的咽喉要地，它们既是以丝绸贸易为主的商贸通道，也是古代游牧民族的迁徙通道。因此，对这九个省的民族群体间 DYS287 多态位点所呈现的特征值得进行深入探讨。

YAP + 频率的高低可以部分印证这些民族群体间语言学上的亲缘关系（表 2）。我国的 56 个民族使用的语言属于汉藏、阿尔泰、澳亚、南岛及印欧五大语系，以及藏缅、壮侗、苗瑶、突厥、蒙古、满通古斯、孟高棉、印尼、斯拉夫、伊朗 10 大语族。本研究所选择的群体涵盖了我国除南岛语系外的所有 4 个语系的 8 个语族，具有比较强的代表性^[8]。

本研究共涉及汉藏语系藏缅语族的 12 个民族：汉、藏、普米、彝、哈尼、傣、纳西、拉祜、怒族、独龙、基诺、白族。其中，分别从山东、云南、甘肃 3 个采样点采集的汉族样品 YAP + 平均频率为 1.12%，与目前国内相关报道 0 ~ 2.5% 基本吻合^[9,10]。藏族（36.7%）、彝族（18.4%）、普米族（11.3%）、白族（6.7%）、基诺族（5.1%）都发现了较高的 YAP + 等位基因频率，其他几个藏缅语族民族群体 YAP + 为 0，这与文献报道^[9,11,12]藏族

13.3% ~ 49%，彝族 8% ~ 15%，白族 0 ~ 6.25% 基本吻合。对于藏族 YAP + 频率的差别，有学者认为藏区边缘的藏族群体 YAP + 频率是由于与外族的交流而降低的^[13]。基诺族 YAP + 频率为 5.1%，他们很可能与带有较高 YAP + 频率的民族亲缘关系较近，如藏族、彝族、白族。Su 等^[14]认为汉藏语系民族的具有共同的起源，其祖先氏羌氏族的一支通过藏彝走廊向西、南迁徙进入喜马拉雅地区，并由此产生了汉藏语系内的汉语语族和藏缅语族的分化；藏族此后同来自中亚的古老人群融合，形成在 Y 染色体上包含东亚和中亚两个人群特点的多起源组合。在东亚地区，藏族群体与日本人具有相似的 YAP + 频率，据此 Hammer 等^[11]曾推测：新石器时代，有一支与日本的绳纹人群有较近亲缘关系的群体从北亚地区携带 YAP + 元件向南迁入西藏地区定居，随后与那里的古氏羌部落渐渐融合，形成现代的藏族。Hammer 的假说需要更多位点的分析来证实。有研究显示普米族的 YAP + 频率高达 72.3%^[12]，而本研究中普米族 YAP + 频率为 11.3%，故我们仍认为藏族是中国 YAP + 频率最高的民族。

根据历史记载，我国西南地区的少数民族起源于氏羌、百越、百濮（孟—高棉）诸部落^[15]。本研究起源于氏羌部落的傣、哈尼、纳西、拉祜、独龙及怒族 YAP + 频率均为 0。推测上述这些民族群体可能是由氏羌部落中未携带 YAP + 的那些古代部落演化而来的。这些人口较少并且由于所处的特定地理环境造成严重地理隔绝而与外族基因交流甚少的民族，由于很少的祖先群体未携带 YAP + 元件，就会表现出比较明显的“奠基者效应”。

古称“百越”的民族多演化为今天属汉藏语系壮侗语族民族，如壮、傣、毛南、仡佬、畲族。“百越”群体与中亚、北亚的民族群体的亲缘关系相对于“氏羌”部落要远得多，但是民族起源于“百越”的仡佬、毛南民族却分别有 2.7% 和 1.3% 的 YAP + 频率。无论从地理分布还是族源考证来看，仡佬和毛南族的亲缘关系都很近，从 YAP + 的频率的接近也可以看出。但是同为“百越”的其他几个民族如壮、傣、黎、畲族的 YAP + 频率却均为 0。DYS287 位点的 Alu 序列插入（YAP +）被认为是起源于中亚^[16]，目前的一些研究也表明北亚群体、日本的冲绳岛人及阿伊努人也携带着很高的 YAP + 频率^[17,18]。

起源于古代“百越部落”的仡佬、毛南的 YAP +

元件来自哪里?本研究初次检测了45个毛南族样品,得到的YAP+阳性频率为2.2%。从理论上讲,Y染色体上SNP位点研究需要的有效群体很小,研究样本数大于24频率数据即有效。但是为了增加本数据的信度与效度,我们进一步增加毛南族的研究样本量至76,YAP+阳性个体仍为1人,YAP+频率为1.3%。毛南族的YAP+问题,值得我们用更多位点的数据并结合民族学、考古学、体质人类学资料作进一步探讨。

本研究佉族YAP+频率并为0,与文献报道一致^[12]。

本研究结合文献报道^[5,9,10,12,13],可以看出,YAP+频率在民族间表现出比较明显的差异,相同民族不同地区的群体间也存在差异,甚至采样地区接近的同一个民族也会表现出比较明显的差异。这一方面可能是由于特定采样点的样本代表性差异造成,另一方面也说明民族的起源迁移问题的复杂性,只有随着各个多态位点数据的积累以及结合其他学科,如民族学、考古学、体质人类学等领域的发现进行综合分析才能够逐渐理清民族间的脉络关系。

采自西部和西北部的7个群体:土族、塔吉克族、撒拉族、东乡族、维吾尔族、柯尔克孜族以及甘肃汉族中,除甘肃汉族外,其他6个少数民族的祖先都曾经是在丝绸之路上生活的游牧民族。从历史记载看,这些民族的族源均与中亚关系密切^[19]。但仅从YAP+频率来看,土族23.8%、塔吉克族7.40%,其他4个民族均为0,表现出极大的差异。

土族的YAP+频率为23.8%。民族学领域比较公认的土族是由融合了藏、汉、蒙古等民族成分的“吐谷浑人”形成的。从YAP+频率来看土族似乎与YAP+携带率很高的藏族有过较多的基因交流。塔吉克族携带7.42%的YAP+频率。塔吉克族是源于中亚操伊朗语的民族^[14]。文献报道毗邻伊朗的巴基斯坦群体YAP+频率为2.2%~8.2%^[20],与塔吉克族的YAP+频率相近,可以视为塔吉克族中亚来源的标志。

撒拉族、维吾尔族、柯尔克孜族、东乡族的YAP+频率均为0。这从另一方面说明,尽管YAP+来源于中亚,但对某些群体而言,可能“奠基者效应”占据了优势。尤其有些民族,例如,撒拉族、东乡族由于民族习惯很少与异族通婚,在这些甚少与其他民族发生基因交流的群体,YAP+频率可保持接近于0。这有待进一步更多位点的调查提供更详

细的资料。

参 考 文 献

- 1 Tyler-Smith C. Y-chromosomal DNA Markers. In: Papiha SS, Deka R, Chakraborty R, eds. Genomic diversity: applications in human population genetics. New York: Kluwer Academic/Plenum Publishers, 1999. 65-73.
- 2 Seielstad MT, Minch E, Cavalli-Sforza LL. Genetic evidence for a higher female migration rate in humans. *Nat Genet*, 1998, 20 (3): 278-280.
- 3 Ke Y, Su B, Song X, *et al*. African origin of modern humans in east Asia: a tale of 12, 000 Y chromosomes. *Science*, 2001, 292 (5519): 1151-1153.
- 4 柯跃海, 宿兵, 金力, 等. Y染色体遗传学证据支持现代中国人起源于非洲. *科学通报*, 2001, 46 (5): 411-414.
- 5 柯跃海, 宿兵, 卢大儒, 等. 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): 614-620.
- 6 Hammer MF. A recent insertion of an Alu element on the Y chromosome is useful marker for human population studies. *Mol Bio Evol*, 1994, 11 (5): 749-761.
- 7 Hammer MF, Horai S. Y chromosome DNA variation and the peopling of Japan. *Am J Hum Genet*, 1995, 56: 951-962.
- 8 郭大烈, 董建忠. 中华民族知识通览. 昆明: 云南教育出版社, 2000. 534-535.
- 9 许丽萍, 徐玖瑾, 杜若甫, 等. 中国10个人群中Y染色体Alu序列的多态分布. *科学通报*, 1998, 43 (8): 843-846.
- 10 张勇, 张贵寅, 李璞, 等. 中国东北汉族及3个少数民族DYS19和DYS287多态性研究. *人类学学报*, 1998, 17 (3): 237-241.
- 11 Hammer MF, Spurdle AB, Karafet T, *et al*. The distribution of human Y chromosome variation. *Genetics*, 1997, 145 (3): 787-805.
- 12 石宏, 董永利, 肖春杰, 等. 中国云南25个少数民族Y染色体DYS287位点的地理多态性. *中国科学 (C辑)*, 2002, 32 (4): 373-378.
- 13 钱亚屏, 初正韬, 褚嘉祐, 等. 中国云南省五个民族DYS287位点多态性的调查. *中华医学遗传学杂志*, 1999, 16 (6): 381-382.
- 14 Su B, Xiao C, Jin L, *et al*. Y chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas. *Human Genetics*, 2000, 107 (11): 582-590.
- 15 尤中. 云南民族史. 昆明: 云南大学出版社, 1994. 2-11.

- 16 Qian Y, Qian B, Jin L, *et al.* Multiple origins of Tibetan Y chromosomes. *Hum Genet*, 2000, 106(4): 453-454.
- 17 Toshikatsu S, Keiko T, Tatsushi T, *et al.* Genetic variations on the Y chromosome in the Japanese population and implications for modern human Y chromosome lineage. *J Hum Genet*, 1999, 44 (4): 240-245.
- 18 Tajima A, Hayami M, Tokunaga K, *et al.* Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages. *J Hum Genet*, 2004, 49(4): 187-193.
- 19 郝文明. 中国民族. 北京: 中央民族大学出版社, 2001. 747-748.
- 20 Qamar R, Ayub Q, Khaliq S, *et al.* African and Levantine origins of Pakistani YAP + Y chromosomes. *Hum Biol*, 1999, 71 (5): 745-755.

(2005-06-05 收稿)

· 快 讯 ·

荷兰《医学文摘》数据库及波兰《哥白尼索引》正式收录 《中国医学科学院学报》

经通告及检索, 荷兰《医学文摘》数据库 (EMBASE) 及波兰《哥白尼索引》(Index of Copernicus, IC) 于 2006 年正式收录《中国医学科学院学报》。

荷兰《医学文摘》数据库 (EMBASE) (<http://www.elsevier.com/homepage/sah/spd/site/index.html>) 是国际上重要的生物医学和药理学数据库, 其与美国生物医学文献联机数据库 (Medline/PubMed)、美国《生物学文摘》(Biological Abstract, BA) 数据库、美国《化学文摘》(Chemical Abstract, CA) 数据库并称为世界四大医学检索工具。EMBASE 收录了世界上 70

个国家/地区 4 000 余种生物医学期刊, 主要涵盖了欧洲及亚洲的生物医学期刊, 与美国生物医学文献联机数据库 (Medline/PubMed) 联合使用, 可以获取最新的高质量生物医学和药理学信息。

波兰《哥白尼索引》(IC) (<http://journals.indexcopernicus.com>) 是新创建的生物医学数据库, 主要收录世界范围内的生物医学期刊, 目前该数据库仅收录了 33 种中国生物医学期刊。