

22 个 Y-SNP 在贵州满族人群的分布*

张秀秀^{1,2***}, 国学红^{1,2}, 喻艳琴^{1,2}, 朱卫芳³, 张 婷^{1,2}, 王婵娟^{1,2}, 单可人^{1,2},
何 燕^{1,2****}, 吴昌学^{1,2****}

(1. 贵州医科大学 地方病与少数民族疾病教育部重点实验室, 贵州 贵阳 550004; 2. 贵州医科大学 贵州省医学分子生物学重点实验室, 贵州 贵阳 550004; 3. 宿迁子渊司法鉴定所, 江苏 宿迁 223800)

[摘 要] 目的: 调查贵州满族人群 Y 染色体上 22 个单核苷酸多态性(SNP)位点的分布情况, 并探讨该人群与其他民族群体的遗传关系。方法: 采用 SNaPShot 法对 70 例贵州满族男性个体 22 个 Y-SNP 位点进行复合扩增检测, 用直接计数法计算等位基因频率、单倍型频率与单倍群频率, 运用 SPSS 24 软件进行主成分分析; 根据单倍群频率用 Arlequin 3.5 软件计算 13 个群体的遗传距离(F_{st})值, 并根据 F_{st} 值用 MEGA 7.0 软件中的 Neighbor-Joining 法绘制系统进化树。结果: 贵州满族群体 22 个 Y-SNP 位点的基因多样性值(GD)为 0.028 6~0.492 3, 22 个 Y-SNP 位点所组成的单倍型共检出 11 种, 单倍型多样性值(HD)为 0.740 4; 与已报道的中国 12 个民族人群单倍群分布频率比较, 贵州满族与其他群体的 F_{st} 值介于 0.162 8~0.497 2, 其中贵州满族与新疆锡伯族之间的遗传距离最小(0.162 8), 与内蒙鄂伦春族之间的遗传距离最大(0.497 2); 主成分分析和聚类分析的结果基本一致。结论: 从父系遗传角度分析, 贵州满族既受其他民族基因融合的影响, 又保留了北方民族的特征。

[关键词] 满族; 贵州; Y 染色体; 单核苷酸多态性; 遗传多态性

[中图分类号] R34-33 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1000-2707(2019)04-0386-07

DOI:10.19367/j.cnki.1000-2707.2019.04.003

Distribution of 22 Y-SNP in Guizhou Manchu Population

ZHANG Xiuxiu^{1,2}, GUO Xuehong^{1,2}, YU Yanqin^{1,2}, ZHU Weifang³, ZHANG Ting^{1,2},
WANG Chanjuan^{1,2}, SHAN Keren^{1,2}, HE Yan^{1,2}, WU Changxue^{1,2}

(1. Key Laboratory of Endemic and Ethnic Diseases, Ministry of Education, Guizhou Medical University, Guiyang 550004, Guizhou, China; 2. Key Laboratory of Molecular Biology, Guizhou Medical University, Guiyang 550004, Guizhou, China; 3. Suqian Ziyuan Judicial Identification Office, Suqian 223800, Jiangsu, China)

[Abstract] **Objective:** To investigate polymorphic features of 22 single nucleotide polymorphisms (SNPs) on the Y chromosome of Manchu Population in Guizhou and explore the genetic relationship between this population and other ethnic populations. **Methods:** A total of 22 Y-SNP loci in 70 Manchu male individuals in Guizhou were detected by SNaPShot method. The allele frequency, haplotype frequency and haploid frequency were calculated by direct counting method. SPSS 24 software was used for principal component analysis. The genetic distance (Fistation Index, F_{st}) values of 13 populations were calculated by Arlequin 3.5 software according to the haplogroup frequency, and the phylogenetic tree was drawn by Neighbor-Joining method according to the F_{st} value using MEGA7.0 software. **Results:** The genetic diversity (GD) of 22 Y-SNP loci in Guizhou Manchu Population was 0.028 6~0.492 3. 11 haplotypes were detected, and the haplotype diversity value was 0.740 4. The F_{st} genomic distance between Guizhou Manchu and other groups in China was from 0.162 8 to 0.497 2. The smallest F_{st} genetic distance was Sibe ethnic group in XinJiang (0.162 8), and the largest F_{st} ge-

*[基金项目] 国家自然科学基金资助(31560306); 贵阳市科技计划项目基金资助[(2017) 5-9]

** 贵州医科大学 2016 级硕士研究生

*** 通信作者 E-mail: annieheyang@gmc.edu.cn; 348921576@qq.com

网络出版时间:2019-04-26 网络出版地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/52.1164.R.20190425.2119.003.html>

netic distance was Oroqen ethnic group in Inner Mongolia (0.497 2). The results from principal component analysis and cluster analysis are basically the same. **Conclusion:** From the perspective of paternal inheritance, Guizhou Manchu is influenced by the genetic fusion of other ethnic groups and retains the characteristics of the northern people.

[**Key words**] Manchu population; Guizhou; Y chromosome; single nucleotide polymorphism; genetic polymorphism

按语言学分类满族属阿尔泰语系满-通古斯语族群,起源于东北最古老的民族肃慎^[1],其主体称谓经历了肃慎、挹娄、勿吉、靺鞨、女真和满族^[2]。公元 1644 年,满族建立了清朝。清初,因平定明王朝残部反清势力和吴三桂叛清,清军两次入黔(公元 1648 年和 1680 年),并于战后聚居在贵州毕节黔西、金沙、大方三县结合部^[3],400 余年来以“小聚居”形式与当地其他世居民族“大杂居”在一起。单核苷酸多态性(SNP)是在基因组水平上由单个核苷酸变异引起的 DNA 序列多态性,且具有遗传稳定,灵敏度高等优点^[4]。Y 染色体非重组区 SNP 位点称为 Y-SNP,在遗传学上同一染色体上进行共同遗传的多个基因座上等位基因的组合称为单倍型。在群体遗传学中,祖先单倍型与所有后代单倍型合称为一个单倍群,一个家族的所有 Y 染色体理论上都属于一个单倍群。Y 染色体单倍群具有人群和地理区域差异,在人类学的背景下,可推断未知样本的种族或地理来源^[5-7],或人群进化、迁徙及相关历史活动^[8],可有效评估群体的遗传结构^[9]。因此,本文采用 SNaPShot 法对 70 例贵州满族男性个体 22 个 Y-SNP 位点进行基因分型,探讨世居贵州满族人群的父亲遗传特征,报告如下。

1 材料和方法

1.1 样本收集及 DNA 标化

根据知情同意原则,从课题组已经建立的贵州世居少数民族 DNA 样本库中,筛选出 70 例贵州满族男性 DNA 样本,入选标准为 3 代内无族外通婚史,个体间无亲缘关系。每份 DNA 样本用 Thermo Scientific™ NanoDrop Lite 分光光度计定量后,取少量标化为 20 mg/L 作为实验的模板, -40 ℃ 保存备用。

1.2 Y 染色体基因分型

1.2.1 多重 PCR 扩增及提纯 依照国际系谱遗传协会(international society of genealogy, ISOGG)在网站 <https://isogg.org/tree/index.html> 上发布的 Y

单倍群系统进化树,以其基本分支 C- O 及其亚簇为主,筛选出 M145、RPS4Y711、M89、M9、M214、M175、M119、P31、M95、SRY465、47Z、M122、M324、P201、M159、M7、M134、M133、M217、M48、M407、P53.1 共 22 个 Y-SNP 为研究靶点,参考文献[10]分成 4 组(I、II、III、IV 组)进行 PCR 扩增(引物序列及分组情况见表 1)。体系包括 20 mg/L 的模板 DNA 1.5 μL、引物 MIX 15 μL、10 nmol/L dNTP 3.0 μL、10 × Buffer 2.5 μL、Taq DNA 聚合酶 0.5 μL、1 mmol/L 甜菜碱 1.0 μL(其作用表现为富含 GC 模板的 PCR 扩增和提高 Taq DNA 聚合酶的稳定性)、5 mmol/L MgCl₂ 1.0 μL、500 mg/L 牛血清蛋白(BSA)0.5 μL。循环条件为 95 ℃ 10 min, 95 ℃ 30 s、58 ℃ 30 s、72 ℃ 30 s,循环 35 次; 72 ℃ 7 min,产物置 4 ℃ 保存。纯化:第 I、II 组 PCR 产物各取 1 μL 混合,加入 1 000 U/L 虾碱酶(shrimp alkaline phosphatase, SAP)1 μL 和 1 000 U/L 大肠杆菌核酸外切酶 I (exonuclease, Exo I) 1 μL, 37 ℃ 70 min 后 75 ℃ 15 min,即得纯化后的多重 PCR 产物,4 ℃ 保存,充当单碱基扩增时 A 组的模板。第 III、IV 组扩增产物也如法纯化,充当单碱基扩增时 B 组的模板。

1.2.2 SNaPShot 单碱基扩增及纯化 分 A、B 两组进行单碱基扩增(分组情况及引物信息见表 2)。体系包括模板 0.75 μL、SNaPShot Mix 1.25 μL、单碱基扩增引物 MIX 0.5 μL。循环条件为 96 ℃ 10 s, 50 ℃ 5 s、60 ℃ 30 s,循环 28 次,产物 4 ℃ 保存。纯化:单碱基扩增产物加入 1 000 U/L 的 SAP 0.5 μL,混匀,瞬时离心,37 ℃ 70 min 后 75 ℃ 15 min 灭活酶,即得纯化后的 SNaPShot 单碱基延伸产物,4 ℃ 保存。

1.2.3 ABI 3130 毛细管电泳检测 纯化的单碱基延伸产物 0.5 μL、GeneScan-120LIZ Size Standard 0.05 μL 和 Hi-Di™ 甲酰胺 9.45 μL,混匀、离心并用 ABI 3130 遗传分析仪(applied biosystems)进行毛细管电泳分析,ABI 3130 Genetic Analyzer Data Collection Software v3.0 进行数据收集。

1.3 数据统计分析

用直接计数法计算 22 个 Y-SNP 等位基因频率、单倍型频率与单倍群频率。单倍型多样性(HD)和基因多样性(genetic diversity, GD)根据公式 HD 或 $GD = n(1 - \sum Pi^2)/(n - 1)$ (Pi 为单倍型

频率或单倍型频率, n 为样本数)计算。运用 SPSS 24 软件进行主成分分析(principle component analysis, PCA), 根据单倍群频率用 Arlequin3.5 软件计算 13 个群体的遗传距离 Fst 值, MEGA 7.0 软件根据 Fst 值用 Neighbor-Joining 法绘制系统进化树。

表 1 筛选出的 22 个 Y-SNP 位点的多重 PCR 引物和 SNaPShot 单碱基扩增引物
Tab.1 The sequences of Multiplex PCR primers and SNaPShot microsequencing primers for 22 SNPs on Y-chromosome

位点	多重 PCR		单碱基扩增	
	分组	上游引物	下游引物	引物
M145	I	gcctccacgactttctctagac	aggttctctcccactcct	A (t) ₂₅ ctagacaccagaaagaaaggc
RPS4Y ₇₁₁		cagggcataaacccttggat	gtggccagcctcttatctctc	(t) ₄₇ agggcataaacccttggatttc
M89		agcttctctggattcagctctc	caggatcaccagcaaaggtag	(t) ₅₁ caactcaggcaaatgagagat
M9		ggacctgaaatacagaactgc	cgttgaacatgtctaaattaagaaaa	(t) ₁₉ aacggcctaagatggttgaat
M214		cactggaaagaaaaagaatgctg	agcctgggagacagtgctgag	(t) ₂₅ tggttacttctgttcgtttatttttc
M175		acccaaatcaactcaactcca	tgatacctttgtttctgttcattctt	(t) ₃₈ gcacatgccttctcacttctc
M119	II	caaaccgcagtgctatgtgt	atgggttattccaattcagca	(t) ₂₃ ggttattccaattcagcatacaggc
P31		tggggaacaggtaggtggta	gtgtgagactccatcgcaaa	(t) ₁₂ aggttacataaataagggttttttggttg
M95		gggatcaaatggagttcctg	gcctacaggttggaaggcta	(t) ₇ tgaggataaggaaagactaccatattagt
SRY ₄₆₅		atcccgcttcggtactctg	tcttgagtgtgtggctttcgt	(t) ₅₆ cctgtgtccagttgcacttc
47Z		tctctgaccttgctgattcg	tcattgacatgggctggact	(t) ₃₄ tgggctggacttgggtgctca
M122		cttagttgccttttggaaatgaa	gctttattcagattttcccctga	(t) ₄₄ ttcagattttcccctgagagc
M324	III	tgatttgatctacctgcccttt	aagggaacaaattgatttccag	B (t) ₃₃ (a)2tgatctacctgcccttctct
P201		tgtgtgtgtcaagttgtgtg	tgggtgcagttaagcaatga	(t) ₃₆ agatcttggtaagtcatlttgatctcag
M159		ttcagccttctcttggtacttttta	tcctctggagtcgaagagtg	(t) ₁₂ agttttattattgatgcaagccctaa
M7		caaagggcgatgaatcattcct	tgatccaattatttccattgtgtt	(t) ₉ attaaatlttgtagttgagttactgttctctt
M134		atcaaaccagaaagggttaaaga	gagatacttttgatccccacca	(t) ₃₁ agaaaaggccaggaaagtat
M133		aaggctgggcttttctgaag	gattgtctggttgtggggaa	(a) ₃₄ ctttctgaagcaaataccagcttttaaaaaaaa
M217	IV	ggagaatgaaaaagttgggtg	aagctgctgtggctttcacc	(t) ₂₂ agaatgaaaaagttgggtgacac
M48		tcccttccactcttagcttgac	ctgaggggcaactaltaaggca	(t) ₃₇ gacaattaggattaagaatatgat
M407		ctgaaagtggggacagatcat	tggcactaaatcaacttctcctt	(t) ₁₁ gcactaaatcaacttctccttgg
P53.1		caacgaggctgcaggcttta	gaaccaatcccaccctatca	(t) ₂₅ caccctatcactatgctgtctc

2 结果

2.1 贵州满族人群 22 个 Y-SNP 的遗传多态性

采用 SNaPShot 法对贵州满族人群 22 个 Y-SNP 位点进行复合扩增检测, 结果发现, 所分析的 22 个 Y-SNP 位点中, P53.1 位点较为特殊、测出结果均为 C/T 相同双峰, 无多态性, 因此仅纳入其它的 21 个 Y-SNP 位点进行分析, 通过直接计数法获得其它的 21 个 Y-SNP 位点等位基因频率(图 1)、基因多样性(图 2)和单倍型频率(表 2), 分析发现除了 47Z、RPS4Y711、SRY465、

M407、M159、M7、M217、M48 位点没有多态性(GD = 0.000 0), 其余 13 个 SNP 位点均具有遗传多态性, Y-SNP 突变频率为 0.014 3 ~ 0.971 4、GD 值为 0.028 6 ~ 0.492 3。22 个 Y-SNP 位点单倍型共检出 11 种(其中有 3 个单倍型是唯一单倍型), 频率为 0.014 3 ~ 0.371 4, HD 值为 0.740 4。依照国际系谱遗传(international society of genealogy, ISOG)网站 <https://isogg.org/tree/index.html> 上发布的 Y 单倍群系统进化树进行单倍群的划分, 通过直接计数法获得单倍群频率(见表 3 第 1 行)其中单倍群 O * 频率高达 0.942 4。

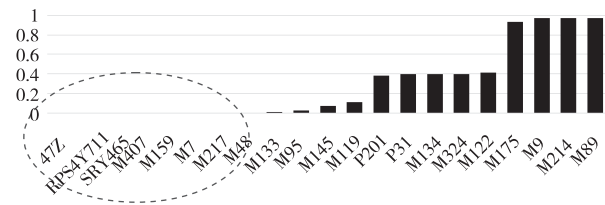


图 1 贵州满族人群 21 个 Y-SNP 的基因频率
Fig. 1 The frequencies of 21 Y-SNPs loci in Manchu population from Guizhou

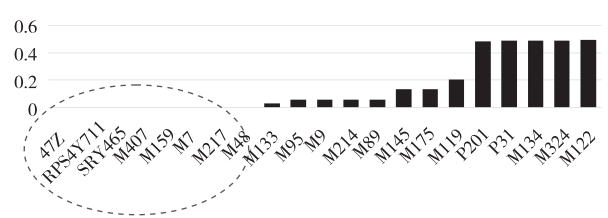


图 2 贵州满族人群 21 个 Y-SNP 的基因多样性
Fig. 2 Genetic diversity values of 21 Y-SNPs loci in Manchu population from Guizhou

表 2 贵州满族人群 21 个 Y-SNP 组成的 11 种单倍型频率分布 (n=70)

Tab. 2 11 haplotype frequency distribution of the 21 Y-SNPs loci in Manchu Population from Guizhou

Y-SNP 位点	单倍型										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
RPS4Y711	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
M217	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
M48	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
M407	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
M145	A	G	G	A	G	G	G	A	G	G	G
M89	T	T	T	T	T	T	T	C	T	T	T
M9	G	G	G	G	G	G	G	C	G	G	G
M214	C	C	C	C	C	C	C	T	C	C	C
M175	A	T	A	A	T	A	A	T	A	A	A
M119	C	A	A	A	A	A	A	A	C	A	A
P31	T	T	T	T	T	T	C	T	T	T	C
M95	C	C	C	C	C	C	T	C	C	C	C
SRY465	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
47Z	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G
M122	T	T	C	C	T	C	T	T	T	C	T
M324	G	C	C	C	G	G	G	G	G	C	G
P201	T	T	C	C	T	T	T	T	T	C	T
M159	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
M7	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
M134	C	T	T	T	C	C	C	C	C	T	C
M133	T	T	G	T	T	T	T	T	T	T	T
频率	0.014 3	0.014 3	0.014 3	0.028 6	0.028 6	0.028 6	0.028 6	0.028 6	0.100 0	0.342 9	0.371 4

2.2 贵州满族与 12 个少数民族的群体遗传学分析

2.2.1 贵州满族与 12 个少数民族的主成分分析

将本次研究结果与已有文献报道的 12 个中国少数民族人群的单倍群频率进行比较(表 3),运用 SPSS 24 软件进行主成分分析(图 3),在主成分分析三维图上可以看到壮侗语族(水族、布依族、仡佬族)聚为一簇,苗瑶语族(畲族、苗族、瑶族)聚为一簇、满-通古斯语族(锡伯族、鄂伦春族、辽宁满族)与突厥语族(维吾尔、柯尔克孜族、哈萨克族)聚为一簇,而本研究的贵州满族单独为一簇。

2.2.2 贵族满族与 12 个少数民族的系统进化树

贵州满族和中国 12 个少数民族人群间的 F_{st} 值分布情况见表 4。基于 13 个人群单倍群分布频率用 Arlequin 3.5 软件计算出群体间的遗传距离 F_{st} 值,结果显示 13 个群体间的 F_{st} 值为 0.0313 ~

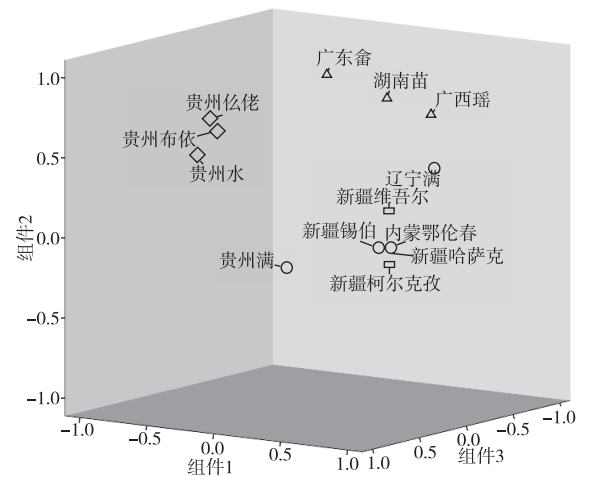


图 3 贵州满族和中国 12 个少数民族人群 Y 染色体主成分分析

Fig. 3 The principal component analysis of Y chromosome of Guizhou Manchu and 12 ethnic minority populations in China

表 3 贵州满族和中国 12 个少数民族 Y 染色体单倍群频率

人群	语族	<i>n</i>	C	D	F	K	N01	O	O1a	O1b	O1b1a1a	O2	O2a	O2a2b1	other
贵州满族	满－通古斯	70		0.028			0.028		0.114	0.371	0.028		0.028	6 0.400	
新疆锡伯族 ^[11]	满－通古斯	32	0.125			0.093		0.218	0.125			0.062		0.156	0.219
新疆维吾尔族 ^[11]	突厥语族	50	0.040	0.020		0.180		0.060				0.040		0.000	0.680
新疆柯尔克孜族 ^[11]	突厥语族	45	0.088			0.022		0.044						0.044	0.800
新疆哈萨克族 ^[11]	突厥语族	41	0.585	0.024	40.048	0.024								0.073	0.268
内蒙鄂伦春族 ^[12]	满－通古斯	23	0.913			0.087						0.000		0.000	
辽宁满族 ^[12]	满－通古斯	52	0.269		0.019	0.212			0.038			0.231		0.154	
广东畲族 ^[12]	苗瑶语族	51							0.020		0.353	0.569		0.059	
广西瑶族 ^[12]	苗瑶语族	60	0.200	0.017		0.200			0.017		0.033	0.483		0.050	
湖南苗族 ^[12]	苗瑶语族	57	0.053	0.070					0.070		0.105	0.596		0.105	
贵州布依 ^[12]	壮侗语族	45	0.067		0.044	0.178			0.044		0.578	0.044		0.044	
贵州水 ^[12]	壮侗语族	50			0.080	0.100			0.180		0.440			0.200	
贵州仡佬 ^[12]	壮侗语族	30							0.067		0.700	0.133		0.100	

表 4 贵州满族和中国 12 个少数民族人群间的 *Fst* 值

Tab.4 <i>Fst</i> values of Guizhou Manchu and 12 ethnic minority populations in China														
	贵州 满族	新疆锡 伯族	新疆维吾 尔族	新疆柯尔 克孜族	新疆哈 萨克族	内蒙鄂伦 春族	辽宁 满族	广东 畲族	广西 瑶族	湖南 苗族	贵州布 依族	贵州 水族	贵州 仡佬族	
贵州满族		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
新疆锡伯族	0.162 8		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
新疆维吾尔族	0.378 6	0.154 2		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
新疆柯尔克孜族	0.447 0	0.249 8	0.034 4		+	+	+	+	+	+	+	+	+	
新疆哈萨克族	0.325 8	0.150 9	0.298 9	0.362 8		+	+	+	+	+	+	+	+	
内蒙鄂伦春族	0.497 2	0.384 9	0.584 7	0.691 1	0.142 2		+	+	+	+	+	+	+	
辽宁满族	0.204 2	0.079 9	0.295 6	0.403 1	0.140 8	0.281 4		+	+	+	+	+	+	
广东畲族	0.345 1	0.265 0	0.439 8	0.537 8	0.417 2	0.590 3	0.206 9		+	+	+	+	+	
广西瑶族	0.288 7	0.156 0	0.340 7	0.450 3	0.254 9	0.397 4	0.034 3	0.116 6		+	+	+	+	
湖南苗族	0.302 3	0.212 8	0.404 6	0.499 1	0.361 8	0.529 0	0.138 6	0.042 5	0.047 7		+	+	+	
贵州布依族	0.304 5	0.224 3	0.393 1	0.498 1	0.347 9	0.519 0	0.224 9	0.221 8	0.265 7	0.303 3		+	-	
贵州水族	0.195 8	0.151 7	0.354 5	0.445 2	0.315 4	0.490 2	0.187 7	0.221 7	0.251 8	0.266 1	0.032 6		+	
贵州仡佬族	0.351 5	0.307 7	0.482 9	0.577 3	0.448 3	0.641 3	0.321 9	0.219 9	0.340 6	0.330 3	0.031 3	0.068 9		

注：“+”为 $P < 0.05$ ，“-”为 $P \geq 0.05$ ；对称轴上对应的 P 值，对称轴下是 Fst 值

0.691 1, 贵州满族与其他群体的 Fst 值介于 0.162 8 ~ 0.497 2, 其中贵州满族与新疆锡伯之间的遗传距离最小(0.162 8), 与内蒙鄂伦春族之间的遗传距离最大(0.497 2), 根据 13 个群体之间的遗传距离构建的系统进化树见图 4。

3 讨论

为了探讨迁入并世居贵州的满族人群的父亲系遗传特征, 本研究选择了 Y 染色体非编码区的 22

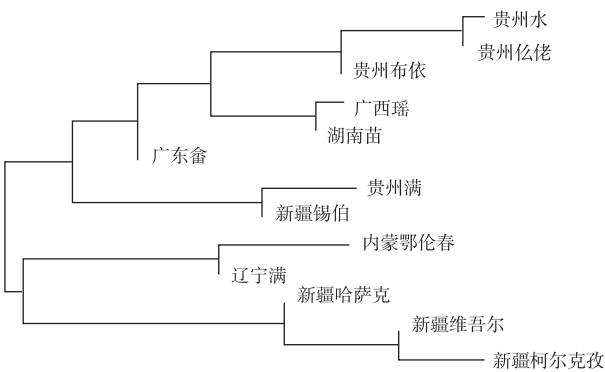


图 4 用邻接方法(NJ)构建的贵州满族和中国 12 个少数民族人群系统进化树

Fig. 4 The phylogenetic tree of Guizhou Manchu and 12 ethnic minority groups in China

个 Y-SNP 位点作为靶点,对 70 例贵州满族无关男性个体进行基因分型,并对结果进行相关统计分析。基因多样性分析结果显示,22 个 Y-SNP 位点中,P53.1 位点测出结果均为双峰,可能是由于该位点所在片段在其他基因片段中有重复片段,Hueles 等^[13]在报道中称两峰现象是由于第一次扩增时产生了两种不同的扩增产物,而杜宏等^[14]人推测该位点是被检测人群中的序列差异而出现双峰现象,究其原因还需进行进一步研究,其他 21 个 Y-SNP 位点均得到较好的分型结果,47Z、RPS4Y711、SRY465、M407、M159、M7、M217、P53.1、M48 等 9 个 Y-SNP 位点无多态性(GD = 0.000 0),具有遗传多态性的 13 个 Y-SNP 位点的突变频率为 0.014 3~0.971 4,GD 值为 0.028 6~0.492 3。21 个 Y-SNP 位点所组成的单倍型共检出 11 种,频率为 0.014 3~0.371 4,HD 值为 0.740 4,可以看出 GD 值和 HD 值都很低。影响群体遗传结构的因素有很多,包括人群的迁徙、自然环境、地理的隔离。提示贵州满族迁入贵州时人群数量有限,经过长期的迁移后到达新的领域适应新环境时容易发生遗传漂变,遵循适者生存原则,经过长时间的积累会出现奠基者效应。同时,由于贵州境内山峦起伏,地貌类型复杂,交通不便,相对封闭,与外界很少交流,导致 Y-SNP 的遗传多样性比原始民族低很多,因此可能出现瓶颈效应,导致贵州满族人群的 GD 值和 HD 值都很低。接下来对其进行单倍群相关性分析,O2a2b1 与 NO1 ($R = 0.826, P = 0.001$)、O1a ($R = 0.723, P = 0.005$)、O1b ($R = 0.826, P = 0.001$)、O2a ($R = 0.826, P = 0.001$)为显著正相关。在本研究的贵州满族 70 个

男性个体中,单倍群 O * 频率高达 0.942 4,符合单倍群 O * 在中国人群中呈高频分布^[15]。

为了说明贵州满族与其他民族间的关系,本研究选取了已有报道的中国不同语族的 12 个少数民族与贵州满族的单倍群频率进行主成分分析。在主成分分析三维图上可以看到壮侗语族(水族、布依族、仡佬族)聚为一簇,苗瑶语族(畲族、苗族、瑶族)聚为一簇、满-通古斯语族(锡伯族、鄂伦春族、辽宁满族)与突厥语族(维吾尔、柯尔克孜族、哈萨克族)聚为一簇,而本研究的贵州满族单独为一簇。从语言学上分类,贵州满族属于满-通古斯语族,从地理分布上来看,贵州满族已世居南方(贵州省);但在主成分分析中,该人群既不与满-通古斯语族民族聚在一起,又不与贵州其他民族聚在一起,提示可能贵州满族从其起源地开始逐渐向外迁徙的同时,不断地与其他民族发生基因交流,进入贵州之后因为时间、语言、地理等原因虽与贵州其他少数民族发生基因交融,但仍然一定程度保留了本民族的基因特点,形成了独特的遗传结构。课题组前期对 9 个人群线粒体 DNA 的单倍群频率进行主成分分析显示,贵州满族与南方民族聚为一簇,母系和父系遗传标记得到结果并不一致^[16]。推测从北方迁徙到贵州的满族可能主要是通过与当地其他民族的女性通婚,而子女则主要随父亲保留了满族的族源,从而形成了贵州满族人群在母系遗传上与当地民族发生了基因交融、而父系遗传结构则较大程度的保留了北方满族特性的群体遗传学特征。

根据 13 个人群单倍群计算出群体间的遗传距离 F_{st} 值,由遗传距离矩阵绘制遗传进化树。遗传距离矩阵显示贵州满族与其他少数民族均有统计学意义($P < 0.05$),13 个群体之间的 F_{st} 在 0.031 3~0.691 1,贵州满族与其他群体的 F_{st} 值介于 0.162 8~0.497 2,其中贵州满族与新疆锡伯族之间的遗传距离最小(0.162 8),提示贵州满族与新疆锡伯族亲缘关系较近,这与百茹峰等^[17]选择 11 个 Y-STR 基因座对 24 个群体的分子遗传学关系进行分析显示满族与锡伯族的遗传距离最小(0.012 4)的结果一致。在进化树的分析中壮侗语族聚为一支,然后与苗瑶语族聚为一大支,满-通古斯语族与突厥语族聚为一大支,贵州满族与新疆锡伯族聚为一支,进化树分析和主成分分析结果基本一致。

综上所述,从父系遗传结构分析,贵州满族既

固有北方民族特点,又受到其他族群的影响,形成了父系独特的遗传特点,这与满族复杂的民族演化进程相符。

4 参考文献

- [1] 孙大志,李欧.长白山人参故事的民俗因素研究[J].人参研究,2017,29(4):47-52.
- [2] 吕金玲.浅析先秦至唐时期肃慎族系的葬俗文化演变[J].开封教育学院学报,2017,37(1):237-238.
- [3] 贵州省地方志编纂委员会.贵州省志民族志(下)[M].贵州民族出版社,2002.
- [4] OCHIAI E, MINAGUCHI K, NAMBIAR P, et al. Evaluation of Y chromosomal SNP haplogrouping in the HID-Ion AmpliSeq™ Identity Panel[J]. Leg Med, 2016, 22: 58-61.
- [5] CHOI S S, PARK K H, NAM D E, et al. Y-chromosome haplogrouping for Asians using Y-SNP target sequencing[J]. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 2017, 6: e235-e237.
- [6] BRITO P, CARVALHO M, GOMES V, et al. Y-SNP analysis in an Angola population[M]. Holden-Day, 2011.
- [7] KWON S Y, LEE H Y, LEE E Y, et al. Confirmation of Y haplogroup tree topologies with newly suggested Y-SNPs for the C2, O2b and O3a subhaplogroups. [J]. Forensic Sci Int Genet, 2015, 19: 42-46.
- [8] GAUDÊNCIO S, COSTA H A, AMORIM A, et al. Y-SNPs genetic variation in the caucasian population living in southern Portugal[J]. Forensic Science International Genetics Supplement, 2015, 5: e344-e345.
- [9] INÁCIO A, COSTA H A, SILVA C V D, et al. Study of y-SNPs genetic markers with forensic interest and ancestry informative power in palop's immigrant populations in lisboa[J]. Forensic Science International Genetics Supplement, 2015, 5: e3-e4.
- [10] PARK M J, LEE H Y, KIM N Y, et al. Y-SNP mini-plexes for east asian y-chromosomal haplogroup determination in degraded DNA. [J]. Forensic Science International Genetics, 2013, 7(1): 75.
- [11] 寿维华. 中国西北丝绸之路地区民族群体的 Y 染色体多态性研究[D]. 昆明:云南大学, 2008.
- [12] 文波. Y 染色体、mtDNA 多态性与东亚人群的遗传结构[D]. 上海:复旦大学, 2004.
- [13] HURLES M E, VEITIA R, ARROYO E, et al. Recent male-mediated gene flow over a linguistic barrier in Iberia, suggested by analysis of a Y-chromosomal DNA polymorphism[J]. American Journal of Human Genetics, 1999, 65(5): 1437.
- [14] 杜宏,张林,周斌,等. 微测序技术检测 12 个 Y-SNP 及其遗传多态性[J]. 法医学杂志, 2006, 22(2): 125-129.
- [15] 陈雪云. 云南景颇族人群 Y 染色体遗传多态性研究[D]. 昆明:昆明医科大学, 2015.
- [16] 任凌雁. 贵州 9 个世居少数民族 mtDNA 遗传多态性研究[D]. 贵阳:贵阳医学院, 2013.
- [17] 百茹峰,石美森,白璐. 24 个群体 11 个 Y-STR 基因座单倍型遗传关系的聚类分析[J]. 国际遗传学杂志, 2010, 33(5): 257-262.

(2019-01-16 收稿,2019-03-23 修回)

中文编辑:刘平;英文编辑:张启芳