

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2009.00818

新疆阿勒泰地区图瓦人与邻近人群遗传关系初探

张永科¹, 陈争¹, 范安², 张亚男³, 武艳平⁴, 赵倩君⁴, 周璨林⁵, 毛新民⁵, 藏玉亮⁶,
叶尔哈孜·扎尔胡马尔⁶, 哈森别克·马力克⁶, 哈布德力·达拉拜依⁶, 卡马力亚·托塔哈孜⁶, 梁
玲⁶, 古力努尔·叶尔肯⁶, 马月辉⁴, 饶绍奇^{2,7}

1. 中山大学中山医学院医学遗传学教研室, 广州 510080;
2. 中山大学公共卫生学院医学统计与流行病学系, 广州 510080;
3. 中山大学附属第三医院不育与性医学科, 广州 510080;
4. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193;
5. 新疆医科大学生物教研室, 乌鲁木齐 830054;
6. 新疆阿勒泰地区疾病预防控制中心, 阿勒泰市 836000;
7. 首都医科大学生物医学工程学院, 北京 100069

摘要: 在中国新疆阿勒泰地区哈纳斯景区内, 生活着一个特殊的人群——新疆图瓦人。他们在 50 年代初期第一次民族识别过程中被认定为蒙古族, 但他们自认为与蒙古人具有不同的历史渊源。为了探讨新疆图瓦人的族源问题和阐明其与邻近人群的遗传学关系, 文章采集了新疆阿勒泰地区 150 份男性图瓦人样本, 对其 Y 染色体非重组区的 14 个标记位点进行了分型, 构建了 11 种单倍型群。结果显示, 新疆图瓦人具有高频率的 K*-M9 和 Q*-M242 单倍型群, 这两个单倍型群在俄罗斯图瓦人中也具有较高的频率, 而在蒙古人群和哈萨克人群中的频率则较低。主成分分析和多维尺度分析均显示新疆图瓦人与蒙古人和哈萨克人遗传上相隔较远。系统分子进化分析也表明新疆图瓦人位于与周围人群相隔较远的分化枝上。依据这些结果, 文章认为新疆图瓦人是与邻近人群如蒙古人和哈萨克人有较大遗传差异的人群。

关键词: 图瓦人; Y 染色体; SNPs; 单倍型群; 系统分子进化分析

Genetic relationships between Tuva population and the neighboring populations in the Altai Region of Xinjiang Uygur Autonomous Region

ZHANG Yong-Ke¹, CHEN Zheng¹, FAN An², ZHANG Ya-Nan³, WU Yan-Ping⁴,
ZHAO Qian-Jun⁴, ZHOU Can-Lin⁵, MAO Xin-Min⁵, ZANG Yu-Liang⁶, Yerhaz ZARHUMAR⁶,
Hasenbek MALIK⁶, Habudely DALABAY⁶, Kamaliya TUOTAHAZ⁶, LIANG Ling⁶,
Gulinur YERKEN⁶, MA Yue-Hui⁴, RAO Shao-Qi^{2,7}

收稿日期: 2008-09-25; 修回日期: 2009-05-31

基金项目: 国家自然科学基金项目 (编号: 30830104, 30640028, 30570424); 中山大学 985“百人计划”科研启动基金项目 (编号: 3171310); 广东省自然科学基金项目 (编号: 8251008901000007)资助

作者简介: 张永科(1982-), 男, 硕士研究生, 专业方向: 医学遗传学。Tel: 020-87330206; E-mail: yongkeezhang@hotmail.com

通讯作者: 陈争(1958-), 男, 硕士, 副教授, 研究方向: 医学分子和细胞遗传学。Tel: 13129383515; E-mail: zhengchen1958@yahoo.com.cn;

饶绍奇(1962-), 男, 博士, 教授, 研究方向: 统计遗传学与遗传流行病学, 生物信息学及复杂疾病系统生物学。Tel: 020-87332513;

E-mail: raoshaoqi@mail.sysu.edu.cn

致谢: 感谢居住在哈纳斯风景区的图瓦人为本研究提供样本, 感谢新疆阿勒泰市哈纳斯风景管理区及禾木乡和铁列克乡政府的支持。

1. Department of Medical Genetics, Zhongshan Medical College, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510080, China;
2. Department of Medical Statistics and Epidemiology, School of Public Health, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510080, China;
3. Department of Infertility & Sexology, the Third Affiliated Hospital of Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510080, China;
4. Institute of Animal Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China;
5. Department of Biology, Xinjiang Medical University, Urumqi 830054, China;
6. Center for Disease Control and Prevention (CDC), Aletai 836000, China;
7. School of Biomedical Engineering, Capital University of Medical Sciences, Beijing 100069, China;

Abstract: In the Hanasi scenic spot of the Altai Region, Xinjiang Uygur Autonomous Region, China, there is a special population known as Xinjiang Tuvinians for short. These Tuvinians were classified as Mongolians in the early 1950s by the National Ethnic Affairs Commission of China, but they claimed that they have an independent origin. To resolve this dispute and their genetic relationships with the people in the neighboring regions, we randomly selected 150 male Tuvinians in the Altai Region. Fourteen Y chromosomal markers were genotyped and eleven haplogroups were constructed. The frequencies of the haplogroups K*-M9 and Q*-M242 were higher in Xinjiang Tuvinians or Tuvinians in the Tuva Republic than those in the other populations (e.g., Mongolians and Kazakh). Principal component analysis, multi-dimensional scaling analysis and further phylogenetic tree analysis revealed that the Xinjiang Tuvinians were far separated from Mongolians and Kazakh. Based on these results, we proposed that Xinjiang Tuvinians are genetically distinct from Mongolians and Kazakh.

Keywords: Tuvinian; Y chromosome; SNPs; haplogroup; phylogenetics analysis

图瓦人是一个古老的人群, 现主要分布在俄罗斯图瓦自治共和国境内、蒙古人民共和国科布多河流域库苏古尔湖附近, 以及我国新疆阿勒泰地区^[1]。新疆图瓦人在第一次民族识别过程中被认定为蒙古族, 但他们自认为与蒙古人存在较大区别, 其历史渊源仍是个未解之谜。据史料记载, 图瓦(tuva)亦称“土瓦”或“德瓦”、“特瓦(tyiva)”、“库库门恰克”, 图瓦人又称“都波人”、“萨彦乌梁海人”、“唐努乌梁海人”等, 历史悠久^[2]。国外(主要是俄国)旧称“索约特人(soyot)”、“唐努图瓦人”^[1, 3]。在我国史书中最早见于公元 7 世纪, 《隋书·铁勒传》: “北海南则都波等, 虽姓氏各别, 总谓为铁勒”^[4]。新疆阿勒泰地区喀纳斯河谷地带是图瓦人在我国的主要聚集地, 目前新疆图瓦人主要分布在 3 个村: 白哈巴、禾木和喀纳斯, 共有约 2 000 人。关于新疆图瓦人的来源, 有几种假说。有学者认为新疆图瓦人的祖先来自于成吉思汗西征时遗留的部分老、弱、病、残士兵; 也有观点认为, 新疆图瓦人是若干年前从西伯利亚迁移而来的, 与现在俄罗斯图瓦共和国图瓦人属同一人群^[3, 5]。虽然如此, 新疆图瓦人的历史渊源及与其他邻近人群之间的遗传学关系至今仍悬而未决。

用分子遗传学方法探讨人类学问题, 这是多年

来一直不断发展的领域, 为研究群体的起源和进化开辟了新的途径^[6, 7]。Y 染色体含有人类基因组最大的非重组区段, 由于它本身具有丰富的多态性, 而且它们出现再次和回复突变的机率非常低, 因而特别适合用于鉴定父系遗传连锁关系, 被广泛应用于追踪群体遗传学的起源研究中^[8, 9]。其中, Y 染色体上的单核苷酸多态性标记(SNPs)组成的单体型是研究群体父系祖先迁徙史最理想的材料^[10, 11]。

本研究选取了新疆阿勒泰地区 150 份男性图瓦人样本, 利用 Y 染色体上 14 个标记位点构建了 11 种单倍型群, 结合最近已发表的对新疆图瓦人聚集地周围的蒙古人、哈萨克人、维吾尔人以及俄罗斯图瓦人、布里亚特人、藏族、北方汉族等的研究资料, 运用多种统计学分析方法探讨新疆图瓦人与邻近人群的遗传关系。

1 材料和方法

1.1 样本采集及 DNA 提取

本研究所取 150 份样本来自新疆阿勒泰地区图瓦人聚集的 3 个村, 分别是布尔津县的禾木村(51 人)和喀纳斯村(51 人)、哈巴河县的白哈巴村(48 人)。取样在当地卫生行政部门的支持配合下采取知情同意的原则, 随机选取身体健康、相互之间无亲缘关系

的个体。每个个体抽取外周血 5 mL, EDTA 抗凝, 常规酚-氯仿法抽提 DNA。

1.2 Y 染色体标记单倍型分型

鉴定每个样本 Y 染色体上的 14 个标记位点, 这些标记位点在中亚和南西伯利亚地区人群中具有广泛代表性, 包括 11 个单核苷酸多态位点(M130, C to T; M48, A to G; M89, T to C; M9, G to C; M45, A to G; M46, T to C; M119, T to G; M122, C to T; M173, A to C; M242, C to T; M174, T to C), 一个 *Alu* 插入多态(YAP), 一个 5 bp 缺失(M175, Del TTCTC) 和一个单碱基缺失(M17, Del G)。YAP 的 PCR 产物通过 1.5%~2% 的琼脂糖凝胶电泳直接观察结果; M17 位点利用 DHPLC 进行检测, 测序确定单倍型; 其他 12 个多态性位点则利用 PCR-RFLP 方法分型, 若 SNPs 多态不能形成酶切位点, 则在引物设计时引入错配碱基, 以形成酶切位点^[10, 11]。反应体系为 20 μ L, 包括 10 \times Buffer 2 μ L, dNTP 0.2 mmol/ μ L, 引物各 0.5 μ mol/L, MgCl₂ 2 mmol/L, 20~50 ng 模板 DNA、*Taq* DNA 聚合酶 0.5 U (TaKaRa)。PCR 扩增条件为: 94 预变性 3 min, 94 变性 30 s, 按各引物复性温度复性 30 s, 72 延伸 45 s, 35 次循环, 最后 72 延伸 5 min。酶切结果通过 1.5%~2% 的琼脂糖凝胶电泳直接观察结果。引物由上海英骏生物技术有限公司合成, 限制性内切酶购自 TaKaRa 和 New England Biolabs 公司。

1.3 数据分析

由 14 个 Y 染色体标记构建的单倍型群依据 YCC^[12] 确定。与新疆图瓦人相关的 15 个人群的单倍型群资料选自最近发表的文献和网上的相关数据^[13~17]。由 AMOVA 推导的分子变异和人群之间的 F_{ST} 值由 ARLEQUIN version 3.0 软件(<http://anthropologie.unige.ch/arlequin>)计算。NJ 树选用 Mega 4.0 软件构建^[18]。主成分分析结果由 spss14.0 软件(<http://www.spss.com>)分析得到。

2 结果与分析

2.1 Y 染色体单倍型群频率分布

表 1 列出了所构建的图瓦人以及其他邻近人群的 Y 染色体单倍型群及其频率。从中可以看出, 新疆

图瓦人单倍型群 K^* 和 Q^* 的频率较高 (频率分别是 42.0% 和 25.0%)。单倍型群 K^* 在南西伯利亚人群中 (俄罗斯图瓦人, 47.0%; 蒙古人, 25.0%) 及中亚的某些人群 (维吾尔人, 19.0%) 中具有广泛的分布^[15]。单倍型群 Q^* -M242 在新疆图瓦人中的频率为 25.0%, 但是当把 3 个图瓦村的图瓦人分开来进行单倍型群频率分析的时候, 可以看出只有白哈巴村图瓦人这一单倍型群具有很高的频率 (63.0%)。单倍型群 C^* 和 $C3c$ 是蒙古人 (频率分别为 13.0% 和 46.0%) 和哈萨克人 (频率分别为 9.0% 和 57.0%) 特异性的单倍型群。而在邻近的新疆图瓦人中, 这一单倍型群的频率却非常低 (分别为 4.0% 和 6.0%)。

2.2 主成分分析和多维尺度分析

图 1 中给出了 Y 染色体单倍型群频率的主成分分析结果, 其中前 3 个主成分共解释了 50.58% 的总体变异。从前 3 个主成分定义的拓扑结构图中可以看出, 本研究中所选的 17 个人群可以划分成 3 个聚类, 分别是: 聚类 A: 新疆图瓦人、俄罗斯图瓦人、维吾尔族、乌兹别克人 (Samarkand); 聚类 B: 蒙古人、哈萨克人、塔吉克人 (Koiant)、俄罗斯人 (Tashkent)、北方汉族、满族、藏族、布里亚特人、图法拉人、叶尼塞鄂温克人; 聚类 C: 美洲土著人。第二主成分将聚类 A 和聚类 B 分开, 由于它与单倍型群 P^* 和 Q^* 显著相关 ($r=0.714$, $P<0.05$; $r=0.711$, $P<0.05$), 提示这两个单倍型群频率的差异是将聚类 A 和 B 分开的主要原因。第一和第三主成分共同将聚类 A 和聚类 C 分开。第一主成分与单倍型群 $O3^*$ 显著相关 ($r=0.898$, $P<0.05$)。对于图瓦 3 个村来说, 白哈巴村在分布上与其他两个村图瓦人有所分离, 介于聚类 A 和 C 之间。

我们还利用 F_{ST} 遗传距离 ($P<0.05$) 做了多维尺度分析, 见图 2。从散点图的结果可以看出, 新疆图瓦人 (Tuva-China) 与俄罗斯图瓦人 (Tuvinians) 比较接近, 这与主成分分析的结果一致。另外, 蒙古人与哈萨克人、维吾尔人有着相近的遗传关系, 而与图瓦人的遗传关系较远。

2.3 系统进化分析

根据单倍型群频率分布数据利用 Mega 4.0 软件对新疆图瓦人及其他相关人群的系统进化结构进行

表 1 图瓦人和其他邻近群体的 Y 染色体单倍型群频率分布

人群	样本量	单倍型群														HD
		C* M130	C3c M48	F* M89	K* M9	N* M175	P* M45	N3* M46	O3* M122	R1* M173	R1a1* M17	Q* M242	DE YAP	O1a* M119	D* M174	
新疆图瓦人	150	0.04	0.06	0.05	0.42	0.05	0.05	0.03	0.05	0.01	0.01	0.25				0.7009
图瓦人(禾木)	51	0.04	0.08	0.06	0.52	0.08	0.04	0.02	0.04	0.02	0.02	0.10				0.6523
图瓦人(喀纳斯)	51	0.08	0.06	0.06	0.59	0.06	0.04	0.02	0.04			0.06				0.5725
图瓦人(白哈巴)	48		0.04	0.04	0.15		0.06	0.04	0.02	0.02		0.63				0.5780
北方汉族 ^a	42	0.10			0.07	0.19	0.07		0.52					0.05		
满族 ^a	101	0.09	0.08		0.02	0.01	0.01		0.43					0.03		
西藏藏族 ^c	50	0.04			0.12				0.40				0.28			
俄罗斯图瓦人 ^b	42	0.10	0.07		0.47		0.17	0.02		0.02	0.14					
蒙古人 ^b	24	0.13	0.46	0.08	0.25						0.04		0.04			
哈萨克人 ^b	54	0.09	0.57	0.02	0.11		0.06	0.02		0.06	0.04		0.02			
维吾尔人 ^b	41	0.15	0	0.12	0.19		0.07	0.02			0.22		0			
乌兹别克人(Samarkand) ^b	45	0.16	0.02	0.13	0.15		0.07			0.11	0.13		0.02			
塔吉克人(Koiant) ^b	22	0.05	0.05	0.03	0.05						0.64					
俄罗斯人(Tashkent) ^b	89			0.03	0.06			0.13		0.07	0.47		0.03			
蒙古人(Khoton) ^a	40		0.10						0.03		0.83					
蒙古人(Uriankhai) ^a	60	0.25	0.33		0.05		0.08	0.08	0.07		0.07		0.02			
布里亚特人 ^c	238	0.64		0.02	0.09			0.19		0.01	0.02					
图法拉人 ^c	32	0.06			0.03			0.25		0.13	0.13					
叶尼塞鄂温克人 ^d	31		0.58					0.10			0.10			0.03		
美洲土著人 ^d	30	0.03					0.33					0.63				

注: 表 1 中引用人群的资料来自: ^aKatoh等, 2005^[18]; ^bNasidze等, 2005^[14]; ^cDerenko等, 2007^[15]; ^dLell等, 2002^[13]; ^eBo等, 2004^[16]。

重建, 构建了人群的邻接(NJ)系统进化树(图 3)。结果显示, 新疆图瓦人与俄罗斯图瓦共和国图瓦人处在同一进化枝上, 说明他们遗传关系较近; 新疆图瓦人与俄罗斯图瓦人均与蒙古人处于不同的进化枝上, 提示新疆图瓦人与蒙古人遗传关系较远。

综上所述, 多种遗传统计分析方法从不同的侧面支持新疆图瓦人与蒙古人和哈萨克人存在较大的遗传差别。

3 讨论

3.1 新疆图瓦人与俄罗斯图瓦共和国图瓦人具有相似的遗传结构

单倍型群K*在俄罗斯图瓦人中频率为 47.0%, 是

其特征性的单倍型群; 同样, 在本研究中, 新疆图瓦人单倍型群K*频率较高, 为 42.0%, 提示两者的遗传结构组成具有相似性。主成分分析中新疆图瓦人与俄罗斯图瓦人共同分在A组, 且相关性明显。多维尺度分析和系统进化分析均说明新疆图瓦人与俄罗斯图瓦人具有遗传上的相似性。在系统进化分析构建的进化树中, 新疆图瓦人与俄罗斯图瓦共和国图瓦人处在相近的进化枝上, 两者间的进化关系较近。所以我们认为新疆图瓦人是从南西伯利亚的叶尼塞河上游萨颜岭以北地区迁移到今天的喀纳斯河谷地带的。历史上这样的迁移是时常发生的。战争、灾荒、瘟疫或是逐草而居的游牧生活习惯, 都可能是促使他们迁移的原因^[10, 19, 20]。新疆图瓦人虽然与周

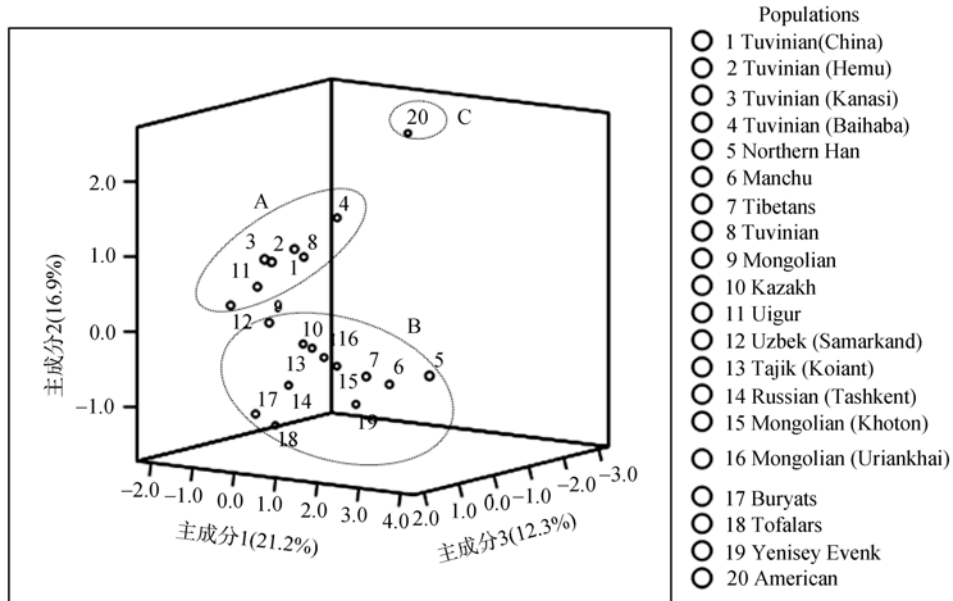


图 1 Y 染色体主成分分析

Tuvinian(China): 新疆图瓦人, 分为禾木村(Hemu)、喀纳斯村(Kanasi)和白哈巴村(Baihaba)图瓦人; Tuvinian: 俄罗斯图瓦人; Uigur: 维吾尔人; Uzbek(Samarkand): 乌兹别克人(Samarkand); Mongolian: 蒙古人, 还有 Khoton 和 Uriankhai 蒙古人; Kazakh: 哈萨克人; Tajik(Koiant): 塔吉克人(Koiant); Russian(Tashkent): 俄罗斯人(Tashkent); Northern Han: 北方汉族; Manchu: 满族; Tibetans: 藏族; Buryats: 布里亚特人; Tofalars: 图法拉人; Yenisey Evenk: 叶尼塞鄂温克人; American: 美洲土著人。

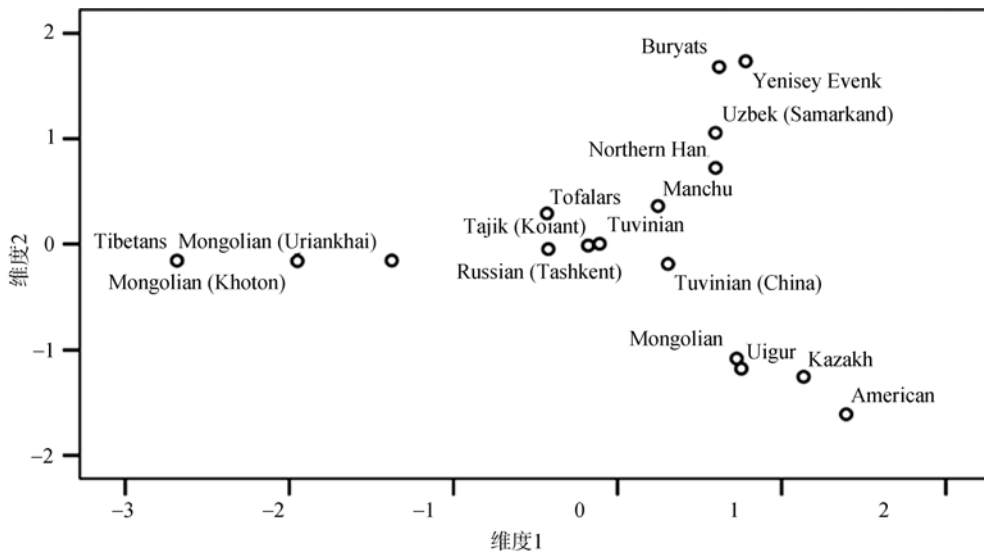


图 2 图瓦及邻近群体多维尺度分析
人群名称参见图 1 注。

围的蒙古族人和哈萨克族人居住在同一地区, 但较少通婚, 保留了相对完整的遗传特征。

3.2 新疆图瓦人和蒙古人的遗传关系较远

蒙古人特异的单倍型群C*和C3c^[21, 22]在新疆图瓦人中的频率比较低。虽然新疆图瓦人也使用蒙古

语, 信奉萨满教, 且其体质特征和蒙古人也相似, 但是遗传分析显示他们具有不同的Y染色体单倍型群分布, 遗传关系较远。第二主成分将聚类A和聚类B分开, 由于它与单倍型群P*和Q*显著相关($r=0.714$, $P<0.05$; $r=0.711$, $P<0.05$), 提示这两个单倍型群频率的差异是将聚类A和B分开的主要原因。

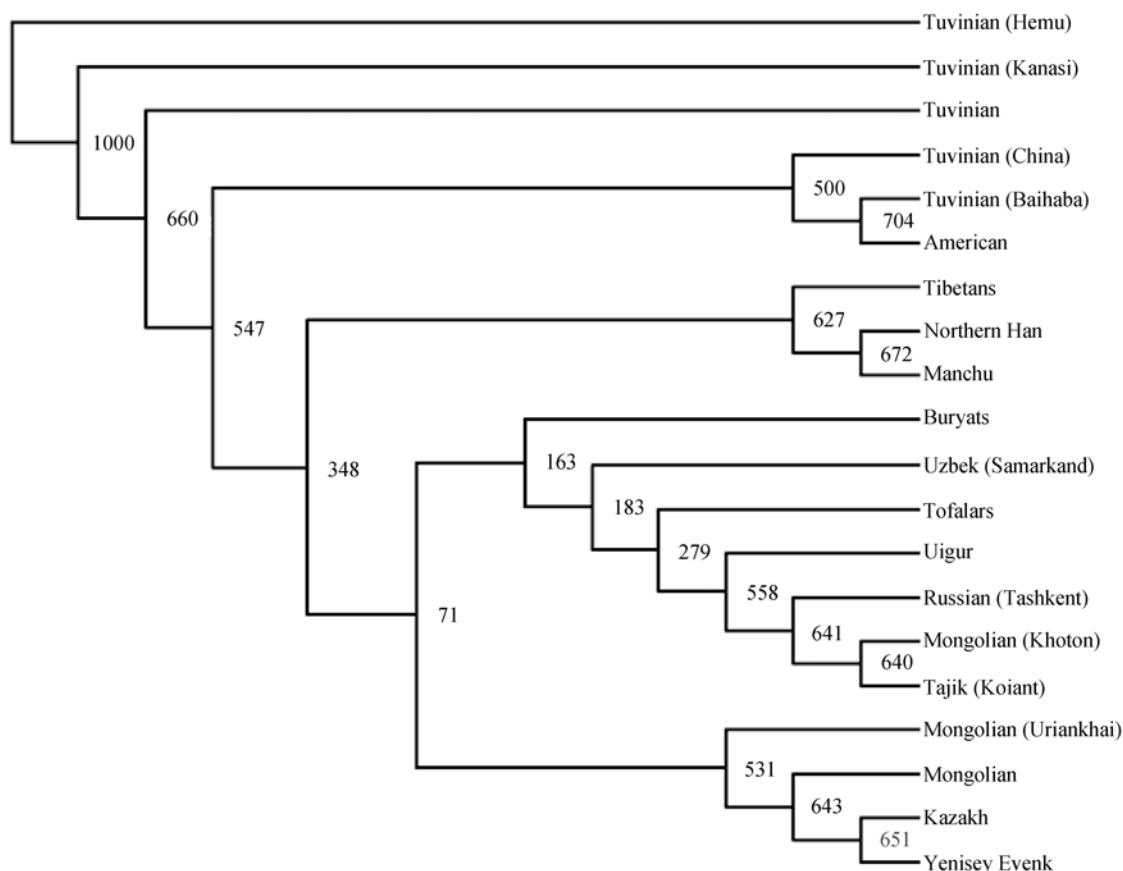


图 3 用邻接方法(NJ)构建的人群系统进化树
Bootstrap 值(重复数=1000)已在图中给出。人群名称参见图 1 注。

因。多维尺度分析和系统进化分析也提示新疆图瓦人与蒙古人(和哈萨克人)处在相隔较远的位置上。在系统进化分析构建的进化树中,显示中亚的人群之间的 Bootstrap 置信值较低。这可能与以下原因有关:(1)中亚人群多是游牧民族,相互间基因交流较多,基因频率可能受到了影响;(2)我们分析的数据来自于不同的研究,造成有些位点资料不是很完整;(3)再则,多数研究的样本量较小,系统进化分析的统计效能偏低。

3.3 新疆阿勒泰地区 3 个图瓦村的图瓦人可能具有不同的来源

禾木和喀纳斯村图瓦人与俄罗斯图瓦人具有相似的 Y 染色体单倍型群分布,表现在单倍型群 K* 频率较高。与此不同的是,白哈巴村图瓦人单倍型群 Q* 频率显著增高,这也是新疆图瓦人单倍型群 Q* 频率较高的原因。从主成分分析结果可以看出,白哈巴村图瓦人与新疆图瓦人有轻微的分,介于聚类

A 和 C 之间,表明新疆 3 个图瓦村的图瓦人之间存在 Y 染色体单倍型群分布的差别,说明他们可能具有不同的来源。系统进化分析结果支持新疆图瓦 3 个村之间的遗传差别,但这种差别还有可能是由于该群体中个别男性的单倍型不平衡迁移造成,也不能排除由抽样误差引起。

新疆图瓦人的祖先早在隋朝以前就居住在今天的贝加尔湖以南,游牧在叶尼塞河上游、萨颜岭以北的广大区域,因而《隋书·铁勒传》中记载:“北海南则都播等”^[4],“北海”即是指今天的贝加尔湖。此后,新疆图瓦人先后受到匈奴、鲜卑和突厥的控制。公元 12 世纪前后,成吉思汗统一了蒙古诸部落,之后便开始向周围扩张,首先征服的就是“秃巴思”部落,即新疆图瓦人^[5],他们可能是早先从叶尼塞河上游萨颜岭以北地区游牧到新疆阿勒泰地区的。

本研究认为,新疆图瓦人与蒙古人和哈萨克人具有遗传关系上的较大差别,但与俄罗斯图瓦人在

Y 染色体单倍型群分布上有很大相似性。另外,新疆图瓦人 3 个村具有不同的 Y 染色体单倍型群分布,这是一个值得今后探讨的问题。

参考文献(References):

- [1] 丁淑琴. 俄罗斯境内的图瓦人. 社科纵横, 2003, 18(6): 88.
- [2] 凌申. 图瓦村——森林中的伊甸园. 大自然, 2006, 1(3): 56.
- [3] 贺继宏. 图瓦人考. 新疆地方志, 2001, 4(6): 42–44.
- [4] 魏徽. 隋书. 北京: 中华书局, 1973.
- [5] 程适良. 新疆阿尔泰山山区的图瓦人. 中央民族大学学报(哲学和社会科学版), 1994, 35(6): 39–42.
- [6] Cann RL, Stoneking M, Wilson AC. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 1987, 325(6099): 31–36.[\[DOI\]](#)
- [7] Garrigan D, Hammer MF. Reconstructing human origins in the genomic era. *Nat Rev Genet*, 2006, 7(9): 669–680.[\[DOI\]](#)
- [8] Cavalli-Sforza LL. The human genome diversity project: past, present and future. *Nat Rev Genet*, 2005, 6(4): 333–340.
- [9] Stumpf MP, Goldstein DB. Genealogical and evolutionary inference with the human Y chromosome. *Science*, 2001, 291(5509): 1738–1742.[\[DOI\]](#)
- [10] Su B, Xiao J, Underhill P, Deka R, Zhang W, Akey J, Huang W, Shen D, Lu D, Luo J, Chu J, Tan J, Shen P, Davis R, Cavalli-Sforza L, Chakraborty R, Xiong M, Du R, 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.[\[DOI\]](#)
- [11] Underhill PA, Shen P, Lin AA, Jin L, Passarino G, Yang WH, Kauffman E, Bonne-Tamir B, Bertranpetit J, Francalacci P, Ibrahim M, Jenkins T, Kidd JR, Mehdi SQ, Seielstad MT, Wells RS, Piazza A, Davis RW, Feldman MW, Cavalli-Sforza LL, Oefner PJ. Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nat Genet*, 2000, 26(3): 358–361.[\[DOI\]](#)
- [12] Y Chromosome Consortium. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups. *Genome Res*, 2002, 12(2): 339–348.[\[DOI\]](#)
- [13] Lell JT, Sukernik RI, Starikovskaya YB, Su B, Jin L, Schurr TG, Underhill PA, Wallace DC. The dual origin and Siberian affinities of native american Y chromosomes. *Am J Hum Genet*, 2002, 70(1): 192–206.[\[DOI\]](#)
- [14] Nasidze I, Quinque D, Dupanloup I, Cordaux R, Kokshunova L, Stoneking M. Genetic evidence for the Mongolian ancestry of Kalmyks. *Am J Phys Anthropol*, 2005, 128(4): 846–854.[\[DOI\]](#)
- [15] Derenko MV, Maliarchuk BA, Wozniak M, Denisova GA, Dambueva IK, Dorzhu CM, Grzybowski T, Zakharov IA. Distribution of the male lineages of Genghis Khan's descendants in northern Eurasian populations. *Genetika*, 2007, 43(3): 422–426.
- [16] Bo W, Hong S, Ling R, Huifeng X, Kaiyuan L, Wenyi Z, Bing S, Shiheng S, Li J, Chunjie X. The origin of Mosuo people as revealed by mtDNA and Y chromosome variation. *Sci China C Life Sci*, 2004, 47(1): 1–10.[\[DOI\]](#)
- [17] Katoh T, Munkhbat B, Tounai K, Mano S, Ando H, Oyungerel G, Chae GT, Han H, Jia GJ, Tokunaga K, Munkhtuvshin N, Tamiya G, Inoko H. Genetic features of mongolian ethnic groups revealed by Y-chromosomal analysis. *Gene*, 2005, 346: 63–70.[\[DOI\]](#)
- [18] Kumar S, Tamura K, Nei M. Mega3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Brief Bioinform*, 2004, 5(2): 150–163.[\[DOI\]](#)
- [19] Su B, Jin L, Underhill P, Martinson J, Saha N, McGarvey ST, Shriver MD, Chu J, Oefner P, Chakraborty R, Deka R. Polynesian origins: Insights from the Y chromosome. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2000, 97(15): 8225–8228.[\[DOI\]](#)
- [20] Cinnioglu C, King R, Kivisild T, Kalfoglu E, Atasoy S, Cavalleri GL, Lillie AS, Roseman CC, Lin AA, Prince K, Oefner PJ, Shen P, Semino O, Cavalli-Sforza LL, Underhill PA. Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Hum Genet*, 2004, 114(2): 127–148.[\[DOI\]](#)
- [21] Changchun Y, Li X, Xiaolei Z, Hui Z, Hong Z. Genetic analysis on Tuoba Xianbei remains excavated from Qilang mountain cemetery in Qahar right wing middle banner of Inner Mongolia. *FEBS Lett*, 2006, 580(26): 6242–6246.[\[DOI\]](#)
- [22] Balanovsky O, Rootsi S, Pshenichnov A, Kivisild T, Churnosov M, Evseeva I, Pocheshkhova E, Boldyreva M, Yankovsky N, Balanovska E, Vilems R. Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context. *Am J Hum Genet*, 2008, 82(1): 236–250.[\[DOI\]](#)