

客家人的红细胞血型分布^{①②③}

郝露萍 杜若甫

(中国科学院遗传研究所, 北京 100101)

关键词 红细胞血型; 基因频率; 遗传距离; 客家人; 汉族

内 容 提 要

对父母双方上溯三代均为客家人的广东梅县 200 名(其中男 89 人, 女 111 人)健康学生进行了红细胞血型 ABO, MNSs, Rh, Kidd, Duffy, Diego, Xg, Lewis 及 P 等系统的分布调查。结果显示, 客家人的基因频率 $S=0.0250$, $NS=0$, $PI=0.0917$ 和 $Fy^b=0.0300$, 都是汉族人群中最低的。其它基因频率为 $r=0.6632$, $p=0.1863$, $q=0.1505$; $m=0.5250$, $n=0.4750$, $MS=0.0250$, $Ms=0.5000$, $Ns=0.4750$, $s=0.9750$; $C=0.6575$, $D=1.0000$, $E=0.1515$, $CDe=0.6226$, $cDE=0.1200$, $cDe=0.2189$, $CDE=0.0389$; $Jk^a=0.4642$, $Jk^b=0.4881$, $JK=0.0477$; $Fy^a=0.9700$; $Di^a=0.0202$, $Di^b=0.9798$; $Xg^a=0.3633$, $Xg^b=0.6367$; $P2=0.9083$ 。发现了国内第二例 $Jk(a-b-)$ 表型, 未发现 MNS 型, NS 型, NSs 型, CCDEE 型, CcDEE 型, $Fy(a-)$ 型和 $Rho(-)$ 型。Lc(a+b-) 型 29 人, Lc(a+b+) 型 2 人, Lc(a-b+) 型 67 人, Lc(a-b-) 型 102 人。客家人与国内 19 个群体的遗传距离计算结果表明, 与客家人遗传距离最近的是福建汉族、湖南苗族、贵州汉族及广西侗族, 其次为河南汉族、黑龙江汉族、陕西汉族、福建畲族及上海汉族, 而与云南白族、辽宁满族、甘肃汉族、广西瑶族、广西壮族、内蒙汉族及四川彝族的遗传距离较远。与客家人遗传距离最远的是湖南土家族、海南苗族及海南黎族。

一、前 言

客家是汉族中一个特殊的群体。客家人广布于中国九个省大约 250 个县市。据估计, 1982 年底国内外共有客家人四千五百万左右。国内的客家人主要聚居在广东省, 而在广东省内又以梅县地区最为集中。

对客家人的研究是中华民族迁徙史和文化史研究的一个重要领域。早在 1936 年, 我国语言学家罗常培先生就提出, 应加强对客家的研究, 并提出对客家的研究应称为“客家学(Hakkaology)”(张卫东等, 1989)。它涉及社会人文科学的多种领域, 需要各方面社会力量和专家学者的通力合作。为探讨客家人的来源, 已有不少关于客家人民俗习惯、语言、建筑学的研究及文章。为从人类学角度研究客家人的来源及与其它地区汉族及某些少

①收稿日期: 1992-06-10

②本文为国家自然科学基金资助项目。

③河南血站金世保同志参加了血样采集工作, 北京阜外医院血库史淑华等同志参加了实验工作, 本室金锋、袁义达同志核算了部分数据, 特此致谢。

数民族(如瑶、壮、苗等)的关系。我们于 1990 年 3 月对广东梅县 200 名客家人进行了九个红细胞血型系统的分布调查。它们是: ABO, MNSs, Rh, Kidd, Duffy, Diego, P, Lewis 和 Xg 血型系统。

二、材料和方法

取样对象: 广东梅县卫生学校学生 200 人(男 89 人, 女 111 人)。被调查者的父母双方上溯三代均为客家人。从每人各取静脉血 5 毫升, 离心, 除去血浆, 红细胞用生理盐水洗涤三遍后配成 3%—5% 的红细胞悬液, 进行定型实验。实验在取血后一周内完成。

试剂: 抗 A 与抗 B 为北京市红十字血液中心产品, 效价均为 1:128 以上。其余抗血清及抗人球蛋白血清均为德国 Biotest 产品。试验方法均按各抗血清试剂的说明书。

计算方法: 基因频率和单倍型频率的计算按 Mourant(1976)的方法。遗传距离(D)按 Nei(1978)的方法计算。

三、结果与分析

ABO, MNSs, Rh, Kidd, Duffy, Xg 六个红细胞血型系统在广东梅县客家人中的分布见表 1。这六个系统经 χ^2 检验, 证实其期望值与观察值均吻合良好。

ABO 血型系统

ABO 血型系统在全国各地的分布特点是, 北方汉族 $q > p$, 西南及东南地区 $p > q$, 两广、福建 r 值高于 0.6。广东梅县 ABO 系统分布的特点是 r 值高于 0.6, 为 0.6632, 是国内报道汉族中的较高值。此外, $p > q$, 符合我国南方人群特点。

MNSs 血型系统

目前国内已有的关于 MNSs 系统在汉族人中分布的报道表明, m 基因频率在南方和西南地区汉族中较高, 其次是东北地区, 最低的为上海。梅县客家人的 m 基因频率大于 n 基因频率, 符合南方汉族的特点。中国汉族人的 S 基因频率均小于 0.1, 尤其香港的广东人最低, 为 0.0111(Mourant *et al.*, 1976)。梅县客家人的 S 基因频率也很低, 为 0.0250。在 MN 与 Ss 的基因连锁中, 中国人群一般与世界上大部分其他人群一样, N 与 S 的组合机率小于 M 与 S 的组合机率。梅县客家人的 NS 单倍型频率是汉族人中的最低值, 为零。在少数民族中, NS 等于零的情况见于内蒙的鄂伦春族、鄂温克族(郝露萍等, 待发表)和广西巴马的瑶族(金锋等, 1993)。

Rh 血型系统

用 -C, -c, -D, -E 和 -e 五种抗血清对客家人进行了 Rh 分型。在梅县 200 名客家人中未发现 Rho 阴性者。据报导 Rho 阴性率在汉族人中大约为 0.3%(赵桐茂, 1987)。Rh 系统在梅县客家人中分布的一个特点是在 200 人中有 10 人为 ccDce 型, 占 5%; 相对应的 cDe 单倍型频率为 0.2189, 是汉族人群中的最高值。Rh 系统 D 阳性的四个单倍型频率在客家人中的分布从大到小依次为 CDe > cDe > cDE > CDE。而在其他汉族人中的分布顺序为 CDe > cDE > cDe > CDE。在少数民族中, ccDce 表型频率高的有新疆的锡伯族(17.67%)、乌孜别克族(11.81%)、塔塔尔族(13.16%)、柯尔克孜族(50.89%)(赵桐茂,

1987)和甘肃的保安族(12.7%)(黄雅君等, 1988)。但所有这五个少数民族的 Rh 系统分布调查结果, 其期望值与观察值吻合度都不好, $P < 0.05$, 其原因尚不得而知。

表 1 广东客家人 ABO, MNSs, Rh, Kidd, Duffy, Xg 血型系统的分布

血型系统	表型	观察值		期望值		χ^2	单倍型或 基因频率
		人数	%	人数	%		
ABO	A	15	7.50	11.22	5.61	1.2735	$r = 0.6632$
	B	53	26.50	56.36	28.18	0.2003	$p = 0.1863$
	O	41	20.50	44.46	22.23	0.2693	$q = 0.1505$
	AB	91	45.50	87.96	43.98	0.1051	
	合计	200	100.00	200.00	100.00	1.8482	$df = 1, P > 0.1$
MNSs	MMSS	1	0.50	0.12	0.06	6.1250	$m = 0.5250$
	MNSS	0	0.00	0.00	0.00	0.0000	$n = 0.4750$
	NNSS	0	0.00	0.00	0.00	0.0000	$S = 0.0250$
	MMSs	2	1.00	5.00	2.50	1.8000	$s = 0.9750$
	MNSs	6	3.00	4.75	2.38	0.3289	$MS = 0.0250$
	NNSs	0	0.00	0.00	0.00	0.0000	$NS = 0$
	MMss	54	27.00	50.00	25.00	0.3200	$M_s = 0.5000$
	MNss	90	45.00	95.00	47.50	0.2632	$N_s = 0.4750$
	NNss	47	23.50	45.13	22.56	0.0775	
合计	200	100.00	200.00	100.00	8.9146	$df = 5, p > 0.1$	
Rh	CCDee	81	40.50	77.52	38.76	0.1562	$C = 0.6575$
	CcDee	39	19.50	54.52	27.26	4.4180	$c = 0.3425$
	ccDee	10	5.00	9.58	4.79	0.0184	$D = 1.0000$
	CCDEe	10	5.00	9.58	4.79	0.0184	$d = 0$
	CcDEe	42	21.00	33.26	16.63	2.2967	$E = 0.1515$
	ccDEe	15	7.50	10.50	5.25	1.9286	$e = 0.8485$
	CCDEE	0	0.00	0.30	0.15	0.3000	$CDe = 0.6226$
	CcDEE	0	0.00	1.86	0.93	1.8600	$cDE = 0.1200$
	ccDEE	3	1.50	2.88	1.44	0.0050	$cDe = 0.2189$
	合计	200	100.00	200.00	100.00	11.0013	$df = 5, p > 0.05$
Kidd	Jk(a+b-)	55	27.50	51.96	25.98	0.1779	
	Jk(a+b+)	84	42.00	90.64	45.32	0.4864	$Jk^a = 0.4642$
	Jk(a-b+)	60	30.00	56.94	28.47	0.1644	$Jk^b = 0.4881$
	Jk(a-b-)	1	0.50	0.46	0.23	0.0339	$Jk = 0.0477$
	合计	200	100.00	200.00	100.00	1.4626	$df = 1, p > 0.1$
Duffy	Fy(a+b-)	188	94.00	188.18	94.09	0.0001	
	Fy(a+b+)	12	6.00	11.64	5.82	0.0111	$Fy^a = 0.9700$
	Fy(a-b+)	0	0.00	0.18	0.09	0.1800	$Fy^b = 0.0300$
	合计	200	100.00	200.00	100.00	0.1912	$df = 1, p > 0.5$
Xg		男	36	32.33		0.4166	
	Xg(a+)	女	63	66.00		0.1364	$Xg^a = 0.3633$
		男	53	56.67		0.2377	
	Xg(a-)	女	48	45.00		0.2000	$Xg = 0.6367$
	合计		200	200.00		0.9907	$df = 2, p > 0.5$

Kidd 血型系统

在 200 名客家人中, 发现一例 $Jk(a-b-)$, 这是继河南郑州后在中国发现的第二例 $Jk(a-b-)$ 。 $Jk(a-b-)$ 型在世界人群中的分布有明显的人种特点。即在白人与黑人中罕见, 而以极低的频率存在于黄种人中。 Kidd 系统在中国人群中的分布, 似乎是北方 Jk^a 基因频率较高, 大部分高于 Jk^b 基因频率, 而南方人群的 Jk^a 基因频率则小于 Jk^b 。梅县客家人的 Jk^a 也小于 Jk^b 。

Duffy 血型系统

Duffy 系统在中国人群中的分布特点是有较多的 $Fy(a+)$ 型, 而 $Fy(a-)$ 型极少。在国内已调查的 38 个群体中, 有 15 个群体都未发现 $Fy(a-)$ 型。大部分中国人的 Fy^a 基因频率都大于 0.9。梅县客家人的 Fy^a 基因频率(0.9700)是汉族人群中迄今的最高值。在 200 名客家人中, 未发现 $Fy(a-)$ 型, 也未发现 $Fy(b\pm)$ 型。

Xg 血型系统

在中国人群中 Xg^a 基因频率都小于 Xg 。客家人的 Xg^a 基因频率为 0.3633。由于 Xg 血型系统在中国人群中分布的资料尚不多, 因此 Xg 血型系统在中国人群中分布的其它特点, 还有待于进一步的调查之后才能看出。

Lewis 血型系统

在所调查的 200 人中有 $Le(a+b-)$ 型 29 人, 占 14.5%; $Le(a+b+)$ 型 2 人, 占 1.0%; $Le(a-b+)$ 型 67 人, 占 33.5%; $Le(a-b-)$ 型 102 人, 占 51.0%; $Le(a+)$ 表型的比例为 15.5%。未调查 ABH 分泌型。中国汉族人 $Le(a+)$ 的频率在 7.94%(福建)(郝露萍等, 1990b)至 24.5%(甘肃)(郝露萍等, 1990a)之间。梅县客家人的 $Le(a+)$ 频率在汉族人群中居中。

Diego 血型系统

Diego 血型系统在世界人群中的分布有明显的人种特点, 即在白人和黑人中罕见, 而以较低的频率存在于黄种人中。我们用 Di^a 一种抗血清在 200 名客家人中调查, 发现 $Di(a+)$ 型 8 人, 占 4%; $Di(a-)$ 型 192 人, 占 96%。 Di^a 基因频率为 0.0202, Di^b 基因频率为 0.9798。国内有关 Diego 血型系统的分布也几乎全部是用抗 Di^a 一种抗血清进行调查的结果。 Di^a 基因频率在汉族人中的最高值为华北汉族的 0.0567(袁义达等, 1982), 最低值为河南汉族的 0.0151(郝露萍等, 1990a), 在少数民族中, 已发表的 Di^a 基因频率最高值为西藏藏族的 0.0545(艾琼华等, 1988b; 兰炯采等, 1987a), 最低值为云南哈尼族的 0.0071(Jin *et al.*, 1987)。梅县客家人的 Di^a 频率在中国人群中居中也居中。

P 血型系统

在 200 人中发现 $P_1(+)$ 型 35 人占 17.50%, $P_1(-)$ 型 165 人, 占 82.5%。 P_1 基因频率为 0.0917, P_2 基因频率为 0.9083。 P 血型系统有 5 种表型, 它们是 P_1 , P_2 , P_1^K , P_2^K 和 p 。我们对 200 人的 P 血型分布调查只使用了抗 P_1 一种血清, 所以实际上在 $P_1(-)$ 型的 165 人中, 从理论上讲应当包括 P_1^K , P_2^K , P_2 和 p 四种表型, P_2 基因频率 0.9083 中也应包括 P_1^K , P_2^K 和 p 三种基因频率, 而实际上 P_1^K , P_2^K 和 P 在人群中的频率很低, 可以将其忽略不计。 P_1 基因频率在中国汉族人群中的最高值为甘肃的 0.2584(郝露萍等, 1990a), 最低值即为本文所调查的客家人的 0.0917。在少数民族中, 有个别群体的 P_1 基因频率较高, 例如, 新疆维吾尔族的 P_1 基因频率高达 0.4174(袁义达等, 1984a)。

四、讨 论

关于客家人的来源, 现在比较集中于以下说法: 客家人的祖先在公元前三世纪前后居住在长江以北, 黄河两岸, 即东至今安徽寿县, 南至今河南新蔡、宝丰一带, 西至今河南灵宝以南, 北到今山西长治。以后由于天灾人祸和外族入侵, 从公元 300 多年起, 被迫南迁。其迁徙路线大概为, 中原 → 皖赣一带 → 赣南、闽西北至粤东北地带。由于平原地带已有人居住, 客家人被迫居住到粤北、粤东的广大山区。据调查, 客家人保留着其祖先传下来的风俗习惯、生活方式以及为人处世的观念, 他们所讲的语言, 也保留着古汉语音韵, 成为汉语中一种特殊的方言——客家话。

关于梅县地区客家人的源流, 有人对梅州 115 个客家姓氏的来源进行考察后, 认为梅县地区客家先民来自陕西、甘肃、河南、河北、山东、山西、江苏、浙江、湖北、安徽和江西。据《太平寰宇记》记载, 梅地“主为畬、瑶、客为汉族”。有些学者认为, 在客家先民定居梅县地区后, 先是与原来居住在该地区的畬、苗、黎和瑶族融合, 以后又与满族融合(吴柄奎, 1987)。以上关于客家人源流的观点系来自历史记载, 当地客家人的族谱分析, 民间传说及对客家人和有关少数民族民俗习惯、语言特点的分析。

现在, 越来越多的遗传标记被用于人类学研究。由于遗传标记是以基因为基础的, 而基因的 DNA 结构又非常稳定, 受环境影响小。在一个座位上的基因每代突变率一般在 10^{-6} 左右。因此, 人类的遗传基因成了人类学研究中的一个新工具。我们用 8 个红细胞血型座位点上的 23 个基因(单倍型)频率分析了广东梅县客家人与 8 个汉族群体及 11 个少数民族群体之间的遗传距离(D)(表 2)。这 19 个群体是: 福建汉族(郝露萍等, 1990b)、贵州汉族(郝露萍等, 1989b)、河南汉族(郝露萍等, 1990a)、陕西汉族(郝露萍等, 1989c)、上海汉族(上海生物制品研究所, 1977; 卢月香等, 1984; 史明真等, 1986)、黑龙江汉族(郝露萍等, 1989a)、内蒙汉族(郝露萍等, 1990a)、甘肃汉族(郝露萍等, 1990a)、湖南苗族(金锋等, 1986)、福建畬族(郝露萍等, 待发表)、辽宁满族(艾琼华等, 1988a; 艾琼华等, 1988b)、广西壮族(上海生物制品研究所, 1974; Yuan *et al.*, 1984)、广西瑶族(金锋等, 1993)、海南苗族、海南黎族(徐文龙, 1982; 尾本惠市, 1987)、湖南土家族(金锋等, 1985)、广西侗族(袁义达等, 1984b)、四川彝族(兰炯采等, 1987b; 艾琼华等, 1988a; 艾琼华等, 1988b)和云南白族(Jin *et al.*, 1987)。

表 2 客家人与 19 个人群的遗传距离(D) (10^{-4})

民族地区	汉 福建	苗 湖南 吉首	汉 贵州	侗 广西 三江	汉 河南	汉 黑龙 江	汉 陕西	畬 福建 罗源	汉 上海	白 云南 剑川
遗传距离(D)	57	80	82	82	103	110	117	120	123	160
民族地区	满 辽宁 岫岩	汉 甘肃	瑶 广西 巴马	汉 内蒙	彝 四川 布拖 石棉	壮 广西 武鸣	土家 湖南 吉首	苗 海南 琼中	黎 海南 保亭	保亭

表 2 表明:

1. 与梅县客家人遗传距离最近的是福建汉族、贵州汉族、湖南苗族和广西侗族。客家人与这四个群体的遗传距离都小于 0.01。

从历史记载的客家人迁徙路线分析, 客家先民在公元 880—1126 年间就到了江西、福建一带, 以后逐渐移到现在居住地。客家人和江西汉族之间的遗传距离因目前没有江西汉族的有关基因频率, 而无法计算, 但我们的遗传距离分析却证实客家人与福建汉族的遗传距离确实很近。

贵州汉族绝大部分也是陆续从北方迁去的, 尤其以从湖南、湖北、江西、河南等地迁去为多。也就是说是从客家人起源与迁移所经过的地区去的。

湖南苗族与客家人的遗传距离较近, 但海南岛苗族与客家人的遗传距离却甚远。这说明同是苗族, 湖南吉首的苗族与海南岛的苗族的遗传结构却有一定的差异, 可能他们分开较早, 在分开以后几百甚至上千年的发展过程中, 彼此间已有相当大的分化, 存在较大的遗传差异, 因此表现在与客家人的遗传距离上差异甚大。

值得指出的是, 在有关客家人源流的文章中从未提到侗族, 但是我们的分析结果表明, 侗族与客家的遗传距离却很近, 和湖南苗族、贵州汉族相同, 这是值得十分注意的。其原因有待今后进一步分析与探索。

2. 与梅县客家人的遗传距离较近的群体是河南汉族、黑龙江汉族、陕西汉族、福建畬族和上海汉族。他们与客家人的遗传距离都小于 0.13。

梅县客家人自己认为祖先来自河南。从我们的调查结果看, 除在地理位置上离梅县较近的福建和贵州的汉族外, 遗传距离最近的汉族就是河南汉族。

在清朝中叶与末叶, 由于“京旗移垦”和“开禁放垦”, 河北、山东及中原地带大量汉族人流向黑龙江省。这可能是黑龙江省与广东梅县的地理位置虽较远, 但黑龙江省汉族与广东客家人的遗传距离却不太远的原因。

陕西汉族与客家人的遗传距离较近是可以理解的。因为客家先民居住地包括现陕西省。

梅县客家人与福建罗源县的畬族人的遗传距离也较近。关于畬族的族源, 史学界有不同的观点。一种是外来学说。认为畬族先民在公元二世纪—五世纪还居住在长江中游, 后南迁至广东, 又从广东迁徙至福建。第二种是土生学说。认为畬族是早年居住在闽、粤、赣交界处的百越人的后代(施联朱, 1987)。客家人与畬族的遗传距离较近, 说明不论在畬族南迁过程中, 还是在粤、闽、赣长期居住的过程, 与客家人相互间有过较多的基因流动。

客家人与上海汉族的遗传距离也较近。这或许是因为客家先民也有一小部分来自苏北等地, 另一方面, 上海居民是近二、三百年来, 自各地迁入的, 尤其从江浙、安徽、湖北和湖南等长江流域迁来的也不少。

3. 客家人与云南白族、辽宁满族、甘肃汉族、内蒙汉族、广西瑶族及四川彝族的遗传距离均较远, 而与广西壮族、湖南土家族、海南苗族及海南黎族等民族遗传距离均甚远。值得着重讨论一下的是瑶族。据宋代记载, 梅县地区“主为畬瑶, 客为汉”, 所以很多学者都认为瑶族与畬族同样与客家人有很大程度上的融合。而实际上, 我们的结果显示畬族和

客家人遗传距离很近, 而广西巴马的瑶族和客家人的遗传距离则较远。对于瑶族和畲族的关系, 史学界及有些民族学者认为畲、瑶或同源、或畲为瑶的一支, 或据史籍记载: “畲、瑶并称, 甚至说畲族就是瑶族”(施联朱, 1987)。在清代, 粤、闽两省地方志中, 也多认为畲民是“瑶族”或“瑶人”。清末以来编修的畲族宗谱和祖图中, 畲族人往往也自称为“瑶人”或“瑶家”(施联朱, 1987)。我们认为这里提到的瑶(徭)可能并非指现在我们所说的瑶族, 而是对少数民族的一种泛称。但也不能完全排除客家与其邻近的瑶族分支血缘可能较近, 因为瑶族有很多分支。但至少可以认为, 客家人由于在长达六、七百年间与畲族长期杂处的结果, 融进了较多的、先于其居住在梅县地区的畲族血统, 而与现居住在广西巴马的瑶族遗传距离较远。今后如能对湖南和广东的瑶族也进行红细胞血型多位点的分布调查来进行验证, 则可对客家人、畲族与瑶族之间的关系有更多的了解。

总之, 通过对广东梅县客家人 9 个红细胞血型系统分布的调查及其与 8 个汉族群体、11 个少数民族群体遗传距离的计算, 可以看出, 客家人与福建汉族的遗传距离最近, 同时, 客家先民从现今河南一带南迁过程中及定居现居住地后, 与现今湖南的苗族、广西侗族以及福建畲族的先民可能有较大程度的融合。与贵州、河南、黑龙江及上海汉族的遗传距离较近, 而与甘肃及内蒙地区的汉族遗传距离较远。此外, 与现在云南的白族、辽宁的满族、广西巴马的瑶族、四川的彝族及广西武鸣的壮族遗传距离也较远。而与湖南的土家族及海南的苗族和黎族遗传距离则最远。

有人考察了梅州 115 个客家姓氏来源后, 曾推测客家先民居住地还包括河北、山东、山西、湖北、安徽和江西等省。但迄今尚无这些地区汉族的多个位点的红细胞调查资料。虽然以上地区中有几个地区有 1—2 个位点的调查资料, 但用过少的位点数据计算出来的遗传距离可靠性太差。本文利用了国内目前仅有的 8 个地区汉族人群(另有一份广东地区汉族的资料, 因未注明调查对象是否也包括客家人而未利用)和一些少数民族有多位点的调查资料。如有条件, 我们非常希望能对河北、山东、山西、湖北、安徽、江西等地区继续进行多位点的红细胞血型分布的调查。

参 考 文 献

- 上海生物制品研究所, 1974. 广西壮族 ABO、MN、P、Rh 分泌型、Hp 型分布. 新医学, 5(11): 546—550.
- 上海生物制品研究所血型组, 1977. 血型与血库. 上海人民出版社, 上海.
- 卢月香等, 1984. 上海地区汉族居民的 Rh 基因复合体分布. 上海医学, 7(4): 210—212.
- 史明真等, 1986. 上海地区 110 名汉族 12 个红细胞血型系统 3 个血清蛋白型的调查. 上海医学, (8): 449—453.
- 兰炯采等, 1987a. 藏族 ABO、Duffy、Lutheran、Lewis、Diego 和 Xg 血型的分布. 中华血液学杂志, 8(8): 487—489.
- 兰炯采等, 1987b. 四川地区彝族 ABO、Duffy、Lewis、Kidd 和 Diego 血型系统的分布. 中华血液学杂志, 8(2): 93—95.
- 艾琼华等, 1988a. 中国彝族、藏族和满族中 ABO、MNSs、Lewis 血型分布和 ABH 分泌型的分布. 人类学学报, 7(1): 47—51.
- 艾琼华等, 1988b. 中国彝族、藏族和满族中 Kidd、Duffy、Kell、Xg、Rh、Diego 和 P 血型的分布. 人

- 类学学报, 7(3): 191—199.
- 吴柄奎, 1987. 客家考探. 客家民俗, (2): 3, (3): 3.
- 张卫东、王洪友, 1989. 客家研究(第一集). 同济大学出版社, 上海.
- 金锋等, 1985. 湘西土家族四种红细胞血型系统表型分布. 中国科学院遗传研究所研究工作年报《1984》: 110.
- 金锋等, 1986. 湘西苗族五种红细胞血型系统的分布. 中国科学院遗传研究所研究工作年报《1985》: 75.
- 金锋等, 1993. 广西巴马瑶族红细胞血型及ABH分泌型的基因频率. 人类学学报, 12(2): 166—174.
- 赵桐茂, 1987. 人类血型遗传学. 科学出版社, 北京.
- 施联朱, 1987. 畲族研究论文集. 民族出版社, 北京.
- 袁义达等, 1982. 华北汉族Kell、Kidd、Diego、Duffy、Lutheran和Xg血型系统的分布. 遗传学报, 9(5): 395—401.
- 袁义达等, 1984a. 新疆维吾尔族的红细胞血型系统的研究. 中华血液学杂志, 5(5): 305—309.
- 袁义达等, 1984b. 侗族九个红细胞血型系统和ABH分泌型的分布. 人类学学报, 3(3): 277—284.
- 徐文龙, 1982. 海南岛地区各民族ABO、MN血型之研究. 人类学学报, 1(1): 72—77.
- 黄雅君等, 1988. 对保安族居民的ABO、MN、P、Rh血型调查. 中华血液学杂志, 9(2): 737—738.
- 郝露萍等, 1989a. 红细胞血型十九种抗原在黑龙江汉族人群中的分布. 人类学学报, 8(1): 26—31.
- 郝露萍等, 1989b. 贵州汉族八个红细胞血型系统的分布. 人类学学报, 8(3): 274—277.
- 郝露萍等, 1989c. 陕西汉族八个红细胞血型系统的分布. 中华血液学杂志, 10(6): 315—316.
- 郝露萍等, 1990a. 内蒙、甘肃、河南地区汉族红细胞血型的分布. 中国科学院遗传研究所研究工作年报《1989》: 115—116.
- 郝露萍等, 1990b. 福建汉族8个红细胞血型系统的分布. 遗传学报, 17(4): 249—253.
- 尾本惠市, 1987. 中日合作海南岛少数民族人类学和语言学考察报告. 东京: 日本东京大学.
- Jin, F. *et al.*, 1987. Distribution of red cell blood group systems in Bai and Hani in China. *Gene Geography*, 1(1): 163—168.
- Mourant, A.E. *et al.*, 1976. *The Distribution of the Human Blood Groups and other Polymorphisms*. Ed. 2, Oxford University Press, Oxford.
- Nci, M., 1987. The theory of genetic distance and evolution of human races. *Jap. J. Hum. Genet.*, 23: 341—369.
- Yuan, Y.D. *et al.*, 1984. The distribution of eight blood group systems and ABH secretion of Mongolia, Korean, Zhuang nationalities in China. *Ann. Biol.*, 11(5): 377—388.

THE DISTRIBUTION OF RED CELL BLOOD GROUPS IN HAKKAS

Hao Luping Du Ruofu

(*Institute of Genetics, Academia Sinica, Beijing, 100101*)

Key words Red cell blood groups; Han; Hakka; Gene frequency; Genetic distance

Abstract

The distribution of red cell blood group systems, including ABO, MNSs, Rh, Kidd, Duffy, Diego, Xg, Lewis and P was investigated on 200 healthy Hakka students whose parents and grandparents are Hakkas too. The frequencies of 14 alleles and 11 haplotypes of 10 blood group loci showed that the gene frequencies $S(0.0250)$, $NS(0)$, $P(0.0917)$ and $Fy^b(0.0300)$ in Hakka appeared to be the lowest among Han subpopulations. Other gene frequencies were as follows: $r = 0.6632$, $p = 0.1863$, $q = 0.1505$; $m = 0.5250$, $n = 0.4750$, $MS = 0.0250$, $Ms = 0.5000$, $Ns = 0.4750$, $s = 0.9750$; $C = 0.6575$, $D = 1.0000$, $E = 0.1515$, $CDe = 0.6226$, $cDE = 0.1200$, $cDe = 0.2189$, $CDE = 0.0389$; $Jk^a = 0.4642$, $Jk^b = 0.4881$, $Jk = 0.0477$; $Fy^a = 0.9700$; $Di^a = 0.0202$, $Di^b = 0.9798$; $Xg^a = 0.3633$, $Xg = 0.6367$; $P2 = 0.9083$. A $Jk(a-b-)$ type was found. At the same time, no MNS, NS, NSs, CCDEE, CcDEE, $Fy(a-)$ and $Rh_0(-)$ types were observed. The Lewis system showed the following phenotype distribution: $Le(a+b-)$ 29 (14.5%), $Le(a+b+)$ 2 (1.0%), $Le(a-b+)$ 67 (33.5%) and $Le(a-b-)$ 102 (51.0%).

The genetic distance between Hakka and 19 populations in China showed that the Hakka is genetically close to Han in Fujian and Guizhou, Miao in Hunan and Dong in Guangxi, and quite close to Han in Henan, Heilongjiang, Shaanxi, Shanghai and Shezu in Fujian. At the same time, the Hakka is genetically far from Han in Inner Mongolia and Gansu, as well as Zhuang and Yao in Guangxi, Yi in Sichuan, Bai in Yunnan and Man in Liaoning, and has the farthest genetic distance with Li and Miao in Hainan, and Tujia in Hunan.