

我国汉族人群的乙二醛酶 I 遗传多态性

李实喆 杜若甫

(中国科学院遗传研究所人类群体遗传实验室,北京 100101)

关键词 汉族;乙二醛酶;遗传多态性

内 容 提 要

用琼脂糖平板凝胶电泳技术分析了我国六个城市的汉族共 1238 人的红细胞乙二醛酶 I 的遗传多态性。每个汉族人群的受检人数和 GLO1*1 基因频率分别为: 郑州 200 人(0.1023), 哈尔滨 195 人(0.1103), 呼和浩特 210 人(0.1259), 贵阳 204 人(0.1373), 兰州 210 人(0.1476), 西安 199 人(0.1508)。中国不同地区汉族人群之间的 GLO I 基因频率分布存在显著性差异, 但这种差异明显小于中国不同少数民族之间的差异。

乙二醛酶 I (GLO I, E. C.: 4.4.1.5) 基因在人群中分布的多态性是德国人 J. F. Kompf 等 1975 年在西德人群中首先发现的 (Kompf, *et al.*, 1975)。在对中国人进行的 GLO I 多态性研究中, 迄今已报道了 20 多个少数民族的结果 (Goedde, *et al.*, 1984; 李实喆等, 1987; 赵桐茂等, 1987; 洪涛等, 1988; 李伯令等, 1989), 而对汉族的研究仅见江苏及北京汉族的报道 (赵桐茂等, 1987; 李伯令等, 1989)。汉族是世界上人口最多而且分布广泛的民族, 为了深入研究其 GLO I 基因分布, 我们调查了我国六个城市中汉族人群的 GLO I 遗传多态性。

一、材料与方 法

在下列城市中随机取样数分别为: 郑州 220 人, 哈尔滨 195 人, 呼和浩特 210 人, 贵阳 204 人, 兰州 210 人, 西安 199 人。受检者均身体健康, 彼此无近亲血缘关系, 其上两代祖先皆为当地汉族。取样方法, 样本处理以及表型分析技术详见另文 (李实喆等, 1987)。

二、结果与讨论

六个汉族人群的 GLO I 表型分布及基因频率列于表 1。各个人群的表型观察值均符合 Hardy-Weinberg 定律 ($P > 0.05$)。以六个汉族人群 1238 个体计算的 GLO1*1 等位基因频率为 0.1292 ($\chi^2 = 0.7056$, $0.500 > P > 0.250$)。在六个汉族人群中, 西安和郑州两个人群之间 GLO I 基因频率有显著性差异 ($0.05 > P > 0.01$), 其它人群之间的差异不显著。不同地区汉族人群之间 GLO I 基因分布的显著性差异, 反映出汉族内

表 1 我国不同地区汉族人群的 GLO I 表型分布和基因频率

地区	受检人数	表型分布(%)			基因频率		χ^2	>P>
		1	2-1	2	GLO1*1	GLO1*2		
郑州	220	3(1.36)	39(17.73)	178(80.91)	0.1023	0.8977	0.2632	0.750 0.500
哈尔滨	195	4(2.05)	35(17.95)	156(80.00)	0.1103	0.8897	1.4167	0.250 0.100
呼和浩特	210	4(1.91)	46(21.90)	160(76.19)	0.1259	0.8741	0.1059	0.750 0.500
贵阳	204	5(2.45)	46(22.55)	153(75.00)	0.1373	0.8627	0.4707	0.500 0.250
兰州	210	5(2.38)	52(24.76)	153(72.86)	0.1476	0.8524	0.0551	0.900 0.750
西安	199	3(1.51)	54(27.14)	142(71.35)	0.1508	0.8492	0.7129	0.500 0.250

部的遗传异质性。但是 GLO I 基因在不同地区汉族人群中的分布范围 GLO 1*1 0.1633 (赵桐茂等, 1987) 至 0.1023 (本文), 却小于该基因在我国少数民族之间的分布范围 GLO 1*1 0.2466 (洪涛等, 1988) 至 0.0463 (赵桐茂等, 1987 年)。这显示出 GLO I 基因分布在同一民族内部不同人群之间的差异程度, 一般小于不同民族之间的差异程度。之所以形成这种情况, 显然, 我国少数民族在地理上和文化上的隔离程度大都超过汉族不同地区人群之间的隔离程度, 而且各民族所处的生态环境差异也更大, 因而造成民族之间等位基因频率差异的各种因素如遗传漂变, 自然选择等的作用强度差异也较大。而汉族不同地区的人群差异较小, 这些差异可能主要由于不同地区汉族与其它邻近的少数民族之间基因流动所致。西安汉族人群与我国西、北部的回、蒙、维吾尔等 GLO 1*1 频率较高的民族发生基因交换的机会较中原地区的郑州汉族人群多, 这可能是形成两地汉族人群 GLO I 基因分布差异较大的原因之一。

(1990 年 3 月 26 日收稿)

参 考 文 献

- 李实喆, 杜若甫, 1987. 中国少数民族乙二醛酶 I 的遗传多态性. 遗传与疾病, 4: 65—68.
- 李伯令等, 1989. 中国 20 个民族中 PGM₁ 及其亚型 EsD、GLO I、AK、ADA 和 6-PGD 酶型分布调查. 遗传学报, 16: 151—158.
- 赵桐茂等, 1987. 我国汉族、布依族、水族、苗族、藏族、东乡族、京族、壮族人群红细胞乙二醛酶 I 的多态性研究. 中华血液学杂志, 8: 452—453.
- 洪涛, 赵修竹, 1988. 维吾尔族乙二醛酶 I 多态性研究. 人类学学报, 7: 280—281.
- Goedde, H. W., et al., 1984. Population genetic studies in three Chinese minorities. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 64: 277—284.
- Kompf, J.F., et al., 1975. Polymorphism of red cell glyoxalase I (E. C.: 4.4.1.5). A new genetic marker in man. *Humangenetik*, 27: 141—143.

POLYMORPHISM OF HUMAN RED CELL GLYOXALASE I IN HAN POPULATIONS OF CHINA

Li Shizhe Du Ruofu

(Human Population Genetics Laboratory, Institute of Genetics, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101)

Key words

Han; Glyoxalase; Genetic polymorphism

Abstract

The polymorphism of human red cell glyoxalase I was studied in Han subpopulations from six cities by agarose gel electrophoresis. The frequency of GLO1*1 gene and the number of testes in each subpopulation are as follows: Zhengzhou 0.1023(220), Harbin 0.1103(195), Huhhot 0.1259(210), Guiyang 0.1373(204), Lanzhou 0.1476(210) and Xi'an 0.1508(199). A significant difference of frequencies of GLO I gene was found between the Zhengzhou and Lanzhou Han subpopulations. The difference of gene frequencies between Han subpopulations is evidently smaller than that between ethnic groups in China.