

Analysis of the APACHEII Score of the Patients Following Heart Valve Replacement

Qiu Hanfan, Liao Chongxian, Chen Daozhong

(Department of Cardiovascular Surgery, Union Hospital, Fujian Medical University, Fuzhou, 350001)

Objective A trial was conducted in 145 patients following heart valve replacement, the acute physiology and chronic health evaluation II (APACHEII) score was used to quantify the severity of illness and to judge the outcome. **Methods** In this trial, the APACHEII score of 145 cases was calculated, then the complication rate and the mortality were computed on the basis of this score. **Results** The mean(\pm error) APACHEII score of these patients was 13.86 ± 6.00 . The score in three groups was significantly different, the patients in the death group had higher score than those in the complication group ($P < 0.05$) and the score in the control group was lower than in the complication group ($P < 0.01$). The complication rate and the mortality rose gradually when the APACHEII score increased from 5 to 34. **Conclusion** The patients following heart valve replacement would be well served by APACHEII for quality assurance or outcome.

Key words heart valve replacement; outcome; acute physiology and chronic health evaluation II score system

(收稿: 1997- 10- 07)

根据基因频率探讨畲族的起源*

卓孝福¹ 郭永建¹ 尹学念² 戴庚孙¹ 徐玖瑾³ 杜若甫³

目的 根据基因频率探讨畲族的起源. **方法** 根据畲、侗、回、白、土家、苗、彝、藏、满、瑶、哈尼、布依、蒙古、朝鲜、壮、维吾尔及汉族(漳州、成都、哈尔滨、贵阳)等 20 个人群的 $AcP1$ 、 $6-PGD$ 、 ADA 、 $AK1$ 、 $PGM1$ 基因座的基因频率, 计算基因分化系数和群体之间的标准遗传距离 (D), 根据人群之间的 D 值进行聚类分析. **结果** 基因分化系数为 0.81%. 畲和维吾尔及藏族的 D 值较大, 分别为 0.0157 和 0.0117. 畲和汉(漳州)及回族的 D 值最小, 都为 0.0008. 畲族和其他人群间的 D 值在 0.0014~ 0.0099 之间. 畲和苗、汉族(漳州)较先聚类, 和瑶族较后聚类, 和维吾尔族最后聚类. **结论** 畲族可能源于古代“南蛮”.

关键词 畲族; 基因频率; 遗传距离; 聚类分析

本文根据 16 个少数民族人群和 4 个汉

族人群(共 20 个人群)的酸性磷酸酶 ($AcP1$)、6 磷酸葡萄糖酸脱氢酶 ($6-PGD$)、腺苷脱氨酶 (ADA)、腺苷酸激酶 ($AK1$)、磷酸葡萄糖变位酶 1 ($PGM1$) 等 5 个基因座的基因频率分析中国人群遗传变异的分布和各

* : 福建省卫生厅畲族人口健康素质抽样调查专项基金资助项目 (94032)

1. 福建医科大学检验系 (福州 350004) 2. 吉林医学院免疫学教研室 3. 中国科学院遗传研究所

人群间的标准遗传距离 (D),进行聚类分析,探讨畲族的起源

1 材料和方法

1.1 材料 笔者调查的畲族和中国科学院遗传研究所报道的侗、回、白、土家、苗、彝、藏、满、瑶、哈尼、布依、蒙古、朝鲜、壮、维吾尔及汉族(漳州、成都、哈尔滨、贵阳)共 20 个人

群的 AcPI 6-PGD ADA AK1和 PGM1基因座的基因频率(表 1)^[1,2]。畲族调查对象的选择及其 AcPI 6-PGD ADA AK1和 PGM1等基因座的基因频率的检查方法^[1]与中国科学院遗传研究所调查的 19个人群所采用的相同。

1.2 方法

表 1 中国 20 个人群 AcPI 6-PGD ADA AK1和 PGM1的基因频率

民族	地区	人数	AcPI		6-PGD		ADA		AK1		PGM 1			
			A	B	A	B	1	2	1	2	1A	1B	2A	2B
1. 畲	福建福安市	126	0. 1825	0. 8174	0. 9683	0. 0278	0. 9881	0. 0119	1. 0000	0. 0000	0. 5357	0. 1627	0. 1587	0. 1429
2. 侗	广西三江县	201	0. 2164	0. 7835	0. 9279	0. 0721	0. 9550	0. 0450	1. 0000	0. 0000	0. 5550	0. 1900	0. 1650	0. 0906
3. 回	宁夏同心县	218	0. 2018	0. 7958	0. 9381	0. 0619	0. 9390	0. 0610	0. 9977	0. 0023	0. 5120	0. 1746	0. 1818	0. 1316
4. 白	云南剑川县	180	0. 1863	0. 8137	0. 9387	0. 0613	0. 9265	0. 0735	0. 9975	0. 0025	0. 4899	0. 1884	0. 2236	0. 0980
5. 土家	湖南吉首县	200	0. 2250	0. 7750	0. 9150	0. 0850	0. 9700	0. 0300	1. 0000	0. 0000	0. 5609	0. 1041	0. 2157	0. 0914
6. 苗	湖南吉首县	202	0. 2376	0. 7624	0. 9356	0. 0644	0. 9680	0. 0320	1. 0000	0. 0000	0. 5275	0. 1875	0. 1325	0. 0925
7. 彝	四川布拖县	209	0. 1962	0. 8038	0. 9014	0. 0986	0. 9378	0. 0622	1. 0000	0. 0000	0. 5287	0. 0861	0. 2606	0. 0981
8. 藏	西藏拉萨市	199	0. 1925	0. 8075	0. 7764	0. 2236	0. 9453	0. 0547	0. 9975	0. 0025	0. 5754	0. 1231	0. 2387	0. 0553
9. 满	辽宁岫岩县	203	0. 1965	0. 8035	0. 8818	0. 1182	0. 9515	0. 0485	0. 9974	0. 0026	0. 6658	0. 1097	0. 1607	0. 0561
10. 瑶	广西巴马县	201	0. 2275	0. 7725	0. 9851	0. 0149	0. 9810	0. 0190	1. 0000	0. 0000	0. 4275	0. 1808	0. 2250	0. 1675
11. 哈尼	云南元江县	215	0. 3512	0. 6488	0. 9233	0. 0767	0. 9864	0. 0136	1. 0000	0. 0000	0. 5890	0. 1324	0. 2283	0. 0502
12. 布依	贵州镇宁县	212	0. 3104	0. 6896	0. 9410	0. 0590	0. 9416	0. 0584	1. 0000	0. 0000	0. 6263	0. 1340	0. 1364	0. 0933
13. 蒙古	内蒙呼和浩特市	200	0. 2275	0. 7725	0. 8679	0. 1281	0. 9529	0. 0471	0. 9843	0. 0157	0. 6807	0. 0817	0. 1856	0. 0520
14. 朝鲜	吉林延吉市	211	0. 1846	0. 8154	0. 8863	0. 1137	0. 9468	0. 0532	1. 0000	0. 0000	0. 6905	0. 0762	0. 1881	0. 0452
15. 壮	广西武鸣县	180	0. 2837	0. 7163	0. 9361	0. 0639	0. 9573	0. 0427	1. 0000	0. 0000	0. 5693	0. 1386	0. 1683	0. 1238
16. 维吾尔	新疆乌鲁木齐市	214	0. 4186	0. 5814	0. 9057	0. 0943	0. 9346	0. 0654	0. 9650	0. 0350	0. 5257	0. 1869	0. 1822	0. 1051
17. 汉 1	福建漳州市	205	0. 2181	0. 7794	0. 9461	0. 0539	0. 9760	0. 0240	0. 9976	0. 0024	0. 5676	0. 1427	0. 1720	0. 1106
18. 汉 2	四川成都市	200	0. 1995	0. 8005	0. 9212	0. 0788	0. 9508	0. 0492	1. 0000	0. 0000	0. 6263	0. 1388	0. 1461	0. 0842
19. 汉 3	黑龙江哈尔滨市	194	0. 2062	0. 7938	0. 9330	0. 0644	0. 9613	0. 0387	1. 0000	0. 0000	0. 6211	0. 0851	0. 1830	0. 1108
20. 汉 4	贵州贵阳市	198	0. 1980	0. 7986	0. 9188	0. 0812	0. 9657	0. 0343	1. 0000	0. 0000	0. 6089	0. 1213	0. 1436	0. 1213

AcPI 酸性磷酸酶; 6-PGD 6磷酸葡萄糖酸脱氢酶; ADA: 腺苷脱氨酶; AK1: 腺苷酸激酶; PGM 1: 磷酸葡萄糖变位酶.

1.2.1 基因分化系数 (G_{ST})和 D 值 G_{ST}和 D 值按照 Nei 公式^[3]用 386 微型计算机计算.

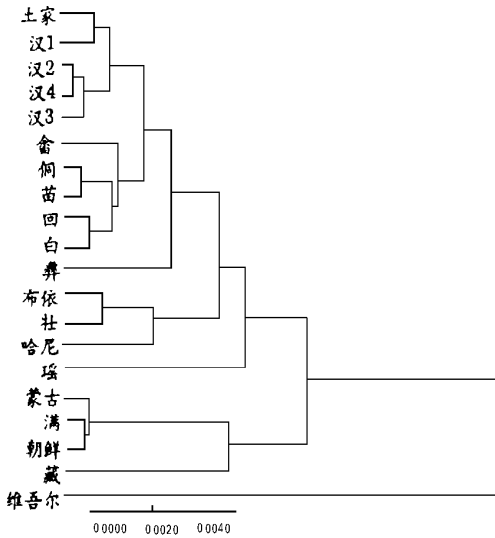
1.2.2 聚类分析 根据 20 个群体所有组合之间的 D 值作为距离测度,采用未加权的配群法^[3],绘制 20 个中国人群的系统树.

2 结 果

2.1 基因分化系数 20 个群体的群体内平均杂合性为 0. 2374,总群体杂合性为

0. 2394,群体间杂合性为 0. 0019, G_{ST}为 0. 81%。

2.2 D 值和聚类分析 在畲族与 19 个中国人群间的 D 值(表 2)中,畲和维吾尔及藏族间 D 值较大,分别为 0. 0157 和 0. 0117;畲和漳州汉及回族间 D 值最小,都为 0. 0008;畲族和其他人群间 D 值在 0. 0014~ 0. 0099 之间。在 20 个中国人群的系统树(附图)上,畲和苗、漳州汉族较先聚类,和瑶族较后聚类,和维吾尔族最后聚类



附图 中国 20个群体的系统树

3 讨论

对人群间的血缘关系及其起源,可以从历史、考古、语言、文化、体质特征、基因频率等各方面进行研究,而且各方面可以互相印证和补充^[4]。可是历史和考古受现存资料及所发掘的化石与文物的限制,资料往往不全,或记载失真。语言和文化则很易受战争征服、渗透同化等影响。不同起源的人群在相同的条件下,可以朝着相同的方向进化,形成相同的体质特征。而基因在自然界以一定的频率发生变异,所产生的变异体大部分是中性的,只有小部分受环境因子选择的影响,呈稳定的相传。因此根据基因频率研究人群间的血缘关系具有特殊的重要性。

人类的遗传变异可以分作两部分。一部分是由群体内部的遗传多态现象造成的,另一部分则是由群体间的差异造成的^[5]。 G_{ST} 是衡量群体间在多个基因座上遗传分化程度的指标,反应群体间的基因差异^[3]。20个群体5个基因座的 G_{ST} 为0.81%。如果将这20个群体作为中国人群随机样本,那么 G_{ST} 值(0.81%)就意味着从现有的红细胞酶基因座的遗传资料估算,群体间的基因差异仅占中国人总的遗传差异的0.81%,而99.19%的差异是由各人群内部的遗传多态现象造成

的。这一结果和翁自力等^[5]从8个民族15个基因座计算的 G_{ST} (0.019)及徐玖瑾等^[2]从11个汉族人群3个基因座计算的 G_{ST} (0.4%)基本一致。笔者得到的人群间的差异仅占中国人群总遗传差异量的大约1%的结论是十分有意义的,它说明人类绝大多数的遗传变异存在于各人群内部的遗传多态性中,而不是各人群之间。

遗传距离是用基因频率的函数表示的群体间的遗传差异。从遗传学来看,遗传距离的最适宜的测度应是单位长度DNA的核苷酸数或密码子的差数。通常用纯密码子的差数来估算D值^[3]。在畲族与19个其他民族人群间的D值中,畲和维吾尔族间D值最大,为0.0157,其次是畲和藏族,为0.0117,说明畲和维吾尔及藏族间的纯密码子差数相差最大,亲缘关系最远。在20个群体系统树上也表明畲和维吾尔及藏族间的亲缘关系最远。畲和汉(漳州)、回族间的D值最小,都为0.0008,后两个人群间的D值也较小,为0.0009,说明这三个人群间的纯密码子差数相差较小,亲缘关系较近。畲和维吾尔、蒙古、满、朝鲜、藏、彝族间的D值较大。后六者是典型北方民族或起源于北方的民族^[6-8]。畲族和她们的亲缘关系较远,这和系统树上的关系基本一致。畲和白、侗、土家、苗、瑶、布依、壮族间的D值较小,她们是典型的南方民族^[6-8],畲族和她们的亲缘关系较近。畲族和4个汉族人群的D值较小,这可能是畲族人群融入了汉族(漳州)血缘的缘故。畲和回族间的D值仅为0.0008,其原因有待于探讨,因为畲族是南方民族,而回族是北方民族。

有关畲族的起源问题,基本上有三种说法:畲、瑶同源说,晋时代的“武陵蛮”说,“南蛮”说和越南后裔说^[9]。在畲族和19个群体间的D值中畲和漳州汉族间的D值最小,这说明畲族人群可能融入了相当部分的漳州地区汉族的血缘。在地理距离上闽东北地区离漳州地区较远,分别居住两地的畲族和漳州地区汉族人群通婚的可能性较小。闽东北地区的畲族人群融入了相当部分的汉族(漳州)的血缘,可能是畲族人群的祖先较长时间

居住在该地区的缘故^[9]。这和“武陵蛮”说、“南蛮”说关于畲族自广东潮州凤凰山向东北一带人烟稀少的山区迁徙时,经过漳州地区并在该地区停留较长时间一致^[9]。畲和瑶族的 D 值 (0.0027) 大于畲和侗、回、白、土家族及 4 个汉族人群间的 D 值,苗和瑶族的 D 值 (0.0038) 大于苗和侗、回、白、土家、布依、壮族及 4 个汉族间的 D 值,说明畲、苗和瑶族间的基因频率及纯密码子差数相差较大。系统树显示瑶族较后与畲、苗族聚类。这些和畲、瑶族同源于汉、晋时代的“武陵蛮”说相佐。因此笔者认为畲族可能源自古代“蛮”或“南蛮”。

参考文献

1 卓孝福,郭永建,戴庚孙,等.畲族 Ge, PGM1, AcP1, 6-PGD, ADA 和 AK1 的遗传多态性.人类学学报, 1997;

16: 262
2 徐玖瑾,谭 茜,杜若甫.汉族 9 个人群 AcP1, ESD 及 6-PGD 的遗传多态性.人类学学报, 1997; 16: 159
3 Nei M (著),王家玉 (译).分子群体遗传学与进化论.北京:农业出版社, 1983: 116~ 242
4 袁义达,杜若甫.中国十七个民族间的遗传距离的初步研究.遗传学报, 1983; 10: 398
5 翁自力,袁义达,杜若甫.中国 14 个民族红细胞血型座位的遗传分化.遗传学报, 1990; 17: 260
6 张 志,赵 红,杜若甫.五个汉族及三个少数民族人群的腺苷脱氨酶分布.人类学学报, 1990; 9: 86
7 江应梁 (主编).中国民族史 (中、下册).北京:民族出版社, 1993 (中册): 492~ 522, 524~ 525; (下册): 216~ 240, 260~ 374
8 陈仁彪,叶根跃,庚镇城.我国大陆主要少数民族 HLA 多态性聚类分析和频率分布对中华民族起源的启示.遗传学报, 1993; 20: 389
9 施联朱 (主编).畲族研究论文集.北京:民族出版社, 1986: 6~ 15, 34~ 52, 213~ 218

The Origin of She Ethnic Group

Zhuo Xiaofu¹, Guo Yongjian¹, Yin Xuenian², et al

(1. Faculty of Laboratory Medicine, Fujian Medical University, Fuzhou, 350004

2. Department of Immunology, Jilin Medical College, 132001)

Objective To study the origin of She ethnic group according to gene frequency.
Methods Using gene frequencies in locus of AcP1, 6-PGD, ADA, AK1, and PGM1 in She ethnic group studied by us and other 19 Chinese populations previously reported by institute of genetics, chinese academy of sciences, we calculated the coefficient of gene differentiation and the standard genetic distances of 20 Chinese populations and constructed the phylogenic tree of these populations. **Results** The coefficient of gene differentiation was 0.81% in 20 Chinese populations. There was the minimum standard genetic distance that was 0.0008 between She ethnic group and Han group in Zhangzhou city or Hui ethnic group, the maximum 0.0157 between She and Weiwuer ethnic group, the second large 0.0117 between She and Zang ethnic group. The standard genetic distances were from 0.0014 to 0.0099 between she ethnic group and other Chinese populations. She ethnic group was cluster together with Mao or Han population in Zhangzhou city firstly, with Yao ethnic group secondly and Weiwuer ethnic group. **Conclusion** The most of genetic variations exist within the polymorphism of populations studied, but not between them. The She ethnic group may be originated from the ancient southern Man.

Key words She ethnic group; gene frequency; standard genetic distance; cluster analysis

(收稿: 1997- 07- 29 修回: 1998- 04- 08)