



新疆塔里木盆地早期铁器时代人群的母系遗传结构分析

崔银秋, 高诗珠, 谢承志, 张全超, 王海晶, 朱泓, 周慧*

吉林大学边疆考古研究中心古 DNA 实验室, 长春 130023;

吉林大学生命科学学院, 长春 130023;

吉林大学药学院, 长春 130021

* 联系人, E-mail: zhouhui@jlu.edu.cn

2009-07-10 收稿, 2009-09-04 接受

国家自然科学基金(批准号: 30871349)、国家基础科学人才培养基金特殊学科点项目(批准号: J0530184)和 2009 年度吉林大学基本科研业务费资助项目(编号: 2008JC004)资助

摘要 对古丝绸之路南线塔里木盆地的圆沙、山普拉、扎滚鲁克和尼雅 4 处遗址(2000 a BP 左右)进行了人类遗骸的线粒体 DNA (mtDNA) 数据分析。单倍型类群在塔里木盆地古人群的分布表明其是一个由已经分化的东西方谱系融合产生的混合人群, 其中西部欧亚谱系的来源中有来自于近东和伊朗地区的成分; 东部欧亚谱系的主体成分来自于北亚和东北亚, 但同时含有少量东南亚起源成分, 表明东部的来源较广, 融合过程也较复杂。塔里木盆地古人群的母系遗传结构与现代新疆人群已经十分接近, 暗示早期铁器时代是现代新疆人群形成的重要时期。

关键词

古 DNA

早期铁器时代

母系遗传结构

塔里木盆地

迁徙

塔里木盆地地处古丝绸之路的南线, 是东西方交流的重要通道。这一地域历史上存在大量的人群迁徙活动, 使塔里木盆地人群的起源和文明的形成, 成为国际学术界关注的一个热点问题。近年来, 大量的中亚和新疆的现代人群的线粒体、Y 染色体及常染色体的数据均表明该地域的遗传组成是已经分化了的西方和东方谱系的融合体^[1~4], 然而, 早期人群迁徙所留下的遗传印记会被后来的迁徙事件所掩盖, 仅仅依据现代人的数据很难解析人群的迁徙和混合历史。古代遗存中的 DNA 分子可以为早期人类的起源、迁徙和融合提供新的信息^[5]。尤其是对经历了复杂多样的迁徙过程的区域, 不同时期的古代样本的单倍型分布特征和遗传关系分析可以成为解决这一地域人群源流问题的最有效途径。对哈萨克草原游牧人群的古 DNA 研究已经为重建该地区人群迁徙历史及了解其历史上复杂混合模式提供了重要信息^[6]。由于拷贝数高、母系遗传、缺少重组及变异速度相对较快等特点使线粒体 DNA 在人类进化、迁徙和人群

历史研究, 尤其是基于古代人类遗骸的人类遗传研究方面具有较为广泛的应用。

对于塔里木盆地文明的形成和发展, 考古学界普遍认为来自 3 个不同地域的文化及其代表人群起了重要的作用: 第一种是源于塔里木盆地北部的俄罗斯-哈萨克大草原的游牧文化, 这些文化包括青铜时期的克尔木齐文化、阿凡纳谢沃文化和较晚的安德罗诺沃文化等。目前的考古学证据表明这些文化对早期塔里木盆地文明的起源和发展起了举足轻重的作用^[7]; 第二种是东部文化, 如青铜时代东部青海、甘肃的羌人文化(如四坝文化), 丝绸之路建立后的汉文化, 以及后期东北亚、北亚起源的文化^[8]; 第 3 种是青铜时代来自塔里木盆地西部的中亚西南部的绿洲文化, 其代表是巴克特里亚-马吉安那文化^[9], 绿洲文化很可能向东翻过帕米尔高原到达塔里木盆地对其南缘的绿洲农业文明产生了一定的影响^[10]。早期铁器时代是丝绸之路建立和发展鼎盛时期, 在这段时间里, 东西方各种文化在塔里木盆地的交流更加

引用格式: 崔银秋, 高诗珠, 谢承志, 等. 新疆塔里木盆地早期铁器时代人群的母系遗传结构分析. 科学通报, 2009, 54: 2912~2919

Cui Y Q, Gao S Z, Xie C Z, et al. Analysis of the matrilineal genetic structure of population in the early Iron Age from Tarim Basin, Xinjiang, China. Chinese Sci Bull, 2009, 54: 3916—3923, doi: 10.1007/s11434-009-0647-8

频繁,对塔里木盆地人群遗传结构的形成起着至关重要的作用.对于这一时期的塔里木盆地古代居民的人种来源, Han^[11]认为有 3 种体质特征的人群存在:原始欧洲类型、地中海东支类型和来自东亚和北亚的蒙古人种.

本实验室自 2006 年先后对圆沙、山普拉、扎滚鲁克和尼雅 4 处遗址进行人类遗骸的线粒体 DNA 分析^[12~15],这些遗址的地理位置均处于塔里木盆地的南缘,是古代沿丝绸之路的西域南道上的重要交通驿站,之间的距离相距不到百公里,年代又都在 2000 a BP 左右,处于早期铁器时代,更为重要的是这几处遗址所展示的文化有相同之处,人类遗骸的体质特征也相近,均属于地中海东支类型.基于这 4 处遗址的地理位置、所处年代以及人类学特征,本研究将这些古代群体的线粒体 DNA 数据进行综合分析,目的在于通过对塔里木盆地古代人群线粒体 DNA 单倍型类群分布及遗传结构组成特点的分析,来探讨新疆塔里木盆地及新疆地区人群的起源、迁徙及融合历史.

1 材料与方法

() 遗址的考古背景. 本研究的数据来源于新疆塔里木盆地的山普拉、圆沙、尼雅和扎滚鲁克 4 处古墓葬群(图 1). 圆沙古城位于塔克拉玛干沙漠的中心,克里雅河下游地区,古城墙上的木炭标本经 ^{14}C 测定年代为 (2135 ± 50) a BP. 考古学研究表明这座古城的时代上限应不晚于我国西汉时期. 扎滚鲁克古墓葬群位于且末县托格拉克勒克乡扎滚鲁克村,是昆仑山北麓发现的最大的墓葬群之一. 本文研究样本出自扎滚鲁克一号第二期文化墓葬和二号墓地. 考古学家推测该墓葬约 2600~1900 a BP,年代为春秋-西汉,属于且末国文化时期^[16]. 山普拉墓地位于和田地区洛浦县城西南 14 km 的戈壁处,根据 ^{14}C 测定结果推测该墓地年代为公元前 2 世纪至公元 3 世纪,墓地可划分为两期:第一期为战国至东汉时期,第二期

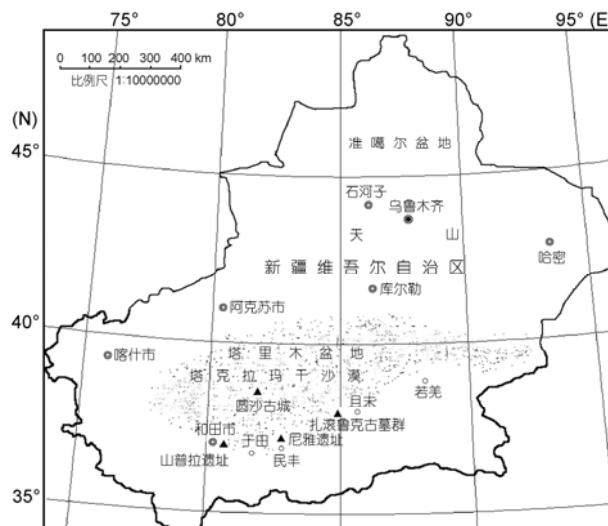


图 1 文中样本所在遗址的地理位置示意图

属魏晋时期,出土文物同时具有东、西方文化特色^[17]. 尼雅遗址是汉晋时期精绝国的故址^[18], ^{14}C 测定年代为 2700~1500 a BP 之间. 这 4 处墓葬中发现的人骨体质特征多属于欧罗巴人种的地中海支系^[11,16~18](表 1).

() 古 DNA 结果真实性. 古 DNA 损伤和外源 DNA 污染是影响古 DNA 结果真实的两个主要因素. 古 DNA 通常存在广泛的死后损伤,这种损伤主要表现为胞嘧啶水解脱氨基变成尿嘧啶^[19]. 这一损伤在 PCR 过程中,可能导致一个 G/C→A/T 的错配产生. Uracil-N-Glycosylase (UNG) 可以把尿嘧啶还原成胞嘧啶,每 10 μL DNA 抽提液中加入 1 μL UNG,在 37 $^{\circ}\text{C}$ 水浴中放置 30 min 可消除这种死后损伤对古 DNA 分析造成的影响.

为防止外源 DNA 污染,实验中严格按照 Cooper 和 Poinar 等人^[20,21]提出的污染防止的标准方法进行. 古 DNA 实验的 PCR 前和 PCR 后的区域分开,使用面罩、手套和实验服,用 DNA 污染去除试剂(DNA-QUANT OFFTM Q-BIOgene)及紫外线(254 nm)处理仪器设备和实验台;设立 DNA 抽提和 PCR 扩增的

表 1 本研究所用样本的情况

遗址名称(缩写)	遗址位置	年代/a BP	样本数目	体质特征
尼雅遗址(Ny)	新疆和田地区民丰县	2700 ~ 1500	1	欧罗巴人种地中海东支
扎滚鲁克墓葬(Z)	新疆且末县扎滚鲁克村	2600 ~ 1900	16	欧罗巴人种地中海东支
圆沙古城(Y)	新疆塔克拉玛干沙漠的中心地区	2500 ~ 2000	15	欧罗巴人种地中海东支
山普拉墓葬期(SI)	新疆和田地区洛浦县	2200 ~ 2000	3	欧罗巴人种地中海东支
山普拉墓葬期(Sy)	城西南 14 km 处	2000 ~ 1800	10	

阴性对照. 为了检测可能的污染, 参与实验人员的 mtDNA 要进行测定并与实验结果相比对. 在实验中, 对同一样本至少进行 3 次 DNA 提取, 对不同的提取液分别进行 3 次 PCR 扩增以保证结果的重现性和真实性.

() 数据处理和系统发育分析. 序列的对准(sequence alignment)由 CLUSTAL X 1.83 完成, 插入/缺失位点从所有分析中排除^[22]. 单倍型类群(haplogroup)的确定根据 Yao 等人^[23]的策略, 由高可变一区的序列结合编码区的限制性酶切长度多态性(restricted fragment length polymorphism, RFLP)结果确定. 对于未能确定单倍型类群的个体在计算东西欧亚谱系所占比例时被排除. 群体间的遗传距离用 MEGA4.0 计算得到.

为了比较塔里木盆地古代人群与现代欧亚人群及其他古代人群间的遗传关系, 我们选取了 25 个现代欧亚大陆人群^[24-35]和古代新疆的察吾呼人群^[36]、吐鲁番盆地人群、洋海人群^[37], 蒙古境内的古匈奴人群^[38]及哈萨克草原古人群^[6]作为比较人群进行系统发育分析. 其中现代人群按照地理分布分为东亚, 北亚, 中亚, 伊朗高原, 土耳其高加索地区和欧洲 6 部分.

多维度分析(multidimensional analysis, MDS analysis)由 SPSS16.0 软件^[39]完成, 基于 F_{ST} 值, 采用欧式距离模型(Euclidean distance model, minimum S stress = 0.00500, Maximum iterations=30)对所选人群进行多维度分析.

2 结果与讨论

2.1 mtDNA 高可变一区序列多态性

本研究所涉及的 4 处古墓葬的样本共 42 例, 分析区域为 mtDNA 高可变一区 16053-16378 的 326 bp 的核酸序列. 与剑桥标准序列(CRS)^[40]相比, 检测到 39 个多态性位点, 包括 1 个位点上的缺失和 38 个位点上的转换, 没有颠换情况发生(表 2). 42 例样本中共界定了 36 种单倍型(haplotype), 其中 5 个单倍型被 2 个以上的样本共享.

2.2 单倍型类群的分布

根据线粒体 DNA 高可变一区序列的变异模式和编码区的 RFLP 结果, 将塔里木盆地古代人群序列划分入相应的单倍型类群(表 2). 我们在塔里木盆地古代人群的母系遗传结构中同时观察到了已经分化的

mtDNA 东部和西部欧亚谱系, 这进一步验证了从现代人群得到的该地区的遗传混合理论. 多维度分析也显示塔里木盆地古人群与中亚及新疆的现代和古代人群聚在一起, 位于分开在两端的西部欧亚和东部欧亚现代群体之间(图 2).

在塔里木盆地古代人群发现的欧洲或是西部欧亚谱系(H, T, I 和 U)中, 属于单倍型类群 H 的样本有 5 个, H 是欧洲人群中分布最广泛的单倍型类群. 在西欧和北欧人群中的分布频率能达到 40%~60%, 在近东人群中也有广泛的分布, 但在南亚、东亚和西伯利亚地区却极少发现^[41]. 5 个古代 H 型中最多的单倍型是 CRS, 分别来自圆沙古城(Y3)和扎滚鲁克(Z1, Z6), 其他两个 H 型的序列, 分别带有 16126 和 16311/16354 的组合, 这两个序列在西欧和高加索地区可以找到共享序列. 在塔里木盆地 3 个古代人群均出现的是单倍型类群 T(Sy2, Y1, Y4 和 Z14), T 型是欧洲的 5 个主要特有单倍型类群之一, 在欧洲人群中的分布频率为 6%~14%左右^[30], 其中 Z14 属于 T1 亚型, 这个亚型带有 16126, 16163, 16186 和 16294 位点突变, 在西部欧亚广泛存在, 但在东部欧亚也有发现. 单倍型类群 I 主要分布在北欧和近东, 但分布频率很低(<5%)^[41], I 在塔里木盆地的扎滚鲁克墓地发现一个个体, 这个序列可以在高加索地区找到共享序列. 单倍型 U 分布最高的是在欧洲(21.6%), 近东(21.8%)和伊朗(24.8%)^[41], 在中亚(14.1%)和新疆(8.7%)的分布逐渐减少^[23], 在汉族人群中还未发现^[24]. U 型在欧亚大陆的分布呈现明显的由西向东的递减趋势. 有 5 个塔里木盆地古代个体属于 U 型, 分别是来自山普拉的 4 个个体和尼雅的 1 个个体, 均带有 16343 位点突变, 可以归入该单倍型的 U3 亚型, U3 亚型的分布比单倍型类群 U 的分布更局限, U3 亚型主要分布在近东(5.0%)和伊朗地区(4.4%), 在中亚和欧洲的分布很少, 都是在 0.9%左右^[41-43], 在现代新疆和汉族, 这一亚型还未被发现过^[23,24].

共有 6 种东部欧亚谱系在古塔里木盆地人群中发现, 其中单倍型类群 A, C, D 和 G 有着相似的区域分布特点, 在北亚地区有最高的分布频率, 而在南亚地区却极少分布, 同样在东南亚也很少. 古塔里木盆地人群中属于 D 型的个体最多(Y6, Y9, Z2, Z4, Z15), 另外各有 3 个样本属于单倍型类群 A (Z3, Z7 和 Y15)和 C(Z13, Sy8 和 Sy10), 分别来自 3 个遗址的样本 Sy5, Z12, Y2 可以划分入单倍型类群 G. G 型在

表 2 塔里木盆地古代人群线粒体 DNA 单倍型类群分布和高可变 区变异位点

单倍型类群		样本编号	高可变 区变异位点(16000 +)	编码区 SNP
东部欧亚谱系				
A		Z3	223 319 362	663Hae +
		Z7	223 290 319 360 362	663Hae +
		Y15	129 223 290 319	10397Alu -, 663Hae +
B		Z8	111 140 183 189	10397Alu -, CO 2tRNALys 9 bp del
		Sy1	169 189 246	10397Alu -, CO 2tRNALys 9 bp del
C		Z13	129 223 298 327	13259Hinc -
		Sy8 y10	223 293 327	10397Alu +, 13262Alu +
D		Y6 Y9	184 223 362	10397Alu +, 5176Alu -
		Z2 Z4	184 223 311 362	5176Alu -
		Z15	185 223 360 362	5176Alu -
F	F1a	Sy7	126 162 172 304	10397Alu -, 12703Mbo +, 12308Hinf -
G		Sy5	111 223 234 362	10397Alu +, 4831Hha +
	G2	Z12	223 278 362	4831Hha +
	G2a	Y2	223 227 278 362	10397Alu +, 4831Hha +
M		SL1	223, 256, 327	10397Alu +, 13262Alu -
		Z10	223	10397Alu +
		Y7	184 223	10397Alu +
		Y12	223 256	10397Alu +
		Y16	223 253	10397Alu +
西部欧亚谱系				
H		Y3 Z1 Z6	CRS	10397Alu -, 025Alu -
		Y8	126	10397Alu -, 025Alu -
		Y13	311 354	10397Alu -, 7025Alu -
I		Z9	129 223	10032Alu +
T		Y1	126 294	10397Alu -, 13366BamH +
		Y4	126 163 186 189 294	10397Alu -, 13366BamH +
	T1	Z14	126 163 186 189 294	13366BamH +
	T2	Sy2	126 129 260 294 296 304	10397Alu -, 2703Mbo +
U	U3	SL3	343	10397Alu -, 12703Mbo +, 2308Hinf +
		SL4	189 343	10397Alu -, 12703Mbo +, 2308Hinf +
		S11 S12	129 223 343	10397Alu -, 12703Mbo +, 12308Hinf +
		Ny	260,343	10397Alu -, 12703Mbo +, 12308Hinf +
未分出				
N		Sy13	126 163 186 189 247(C)	10397Alu -, 2703Mbo -
		Sy6	126 183(C) 189 311 365	10397Alu -, 2703Mbo -
		Y10	168 223	10397Alu -
		Y11	126 179 216	10397Alu -
		Y14	223 270 缺失	10397Alu -

东亚、北亚及中亚地区有广泛的分布。值得注意的是在中亚地区只有 G2 亚型分布；而且 G2a 在中亚分布的频率最高，被认为可能是从一个古老的迁移事件中到达这里后在这一地理区域扩张的结果^[43]。属于 G2a 的 Y2 在北亚的布里亚特和新疆维吾尔人群中可以找到共享序列。单倍型类群 B 在东南亚人群中分

布最广泛，但在东亚和东北亚也有较高频率的分布，属于该型的是 Z8 和 Sy1。另有 3 个古代个体(Z8, Sy1 和 Sy7)属于在南部分布广泛的单倍型类群 F，其中 Sy7 带有 16172, 16304 和 12406 突变位点，可以归入 F1a 亚型中。从目前的数据看，现代人的 F1a 亚型全部来自于东南亚人群^[44]。

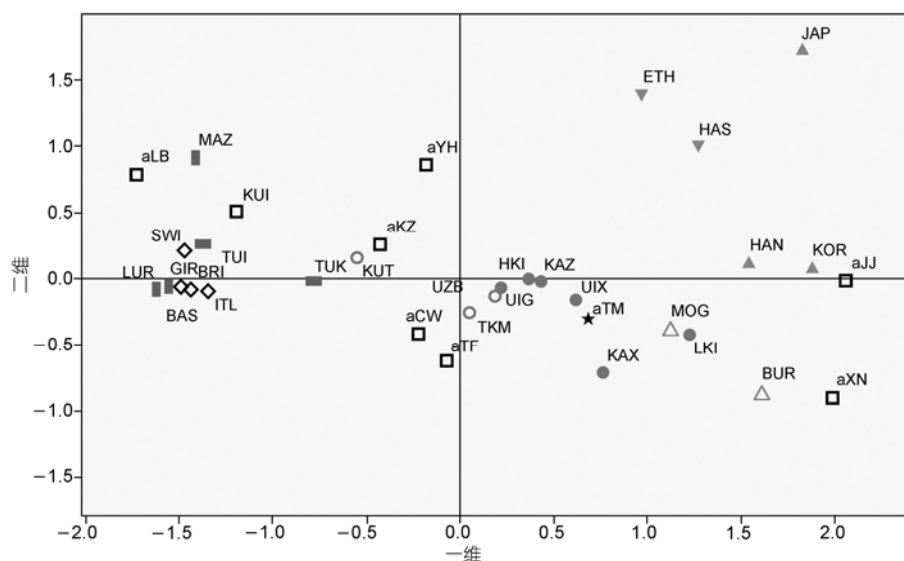


图 2 古代与现代人群构建的多维度分析图

图中的东亚人群用三角表示；北亚人群用倒三角表示；中亚人群用圆形表示；安纳托利亚/高加索人群用横长方形表示；伊朗人群用竖长方形表示；欧洲人群用菱形表示；古代人群用正方形表示；本研究人群塔里木盆地人群(aTM)用星形表示。东亚：北部，中国北方汉族(HAN)^[24]，韩国人(KOR)^[25]和日本人(JAP)^[26]；南部，南方汉族(HAS)^[24]，南方少数民族(ETH)^[26]。北亚：布里雅特人(BUR)^[27]，蒙古人(MOG)^[28]。中亚：东部，新疆维吾尔族(UIX)^[29]，哈萨克斯坦维吾尔族(UIG)^[11]，哈萨克人(KAZ)^[11]和地地吉尔吉斯人(LKI)^[11]，高地吉尔吉斯人(HKI)^[11]，西部，乌兹别克人(UZB)，土库曼人(TUK)，库尔德人(KUT)。伊朗高原^[30]：Gilaki (GIR)，Mazandarian (MAZ)，库尔德人(KUI)，Lur (LUR)。安纳托利亚/高加索：土耳其人(TUI)和阿塞拜疆的土耳其人(TUT)^[32]。欧洲：瑞士人(SWI)^[33]，意大利人(ITA)^[34]，巴斯克人(BAS)^[34]和英国人(BRI)^[35]。古代人群：匈奴人群(aMG)^[38]，新疆^[37]吐鲁番盆地人群(aTF)，洋海(aYH)，罗布诺尔(aLB)，察吾呼(aCW)^[36]，哈萨克游牧人群(aKZ)^[40]和本研究人群塔里木盆地人群(aTM)

另外，由于所选择的酶切位点有限，有 10 个样本只分到了 M 型和 N 型，不能区分进一步的亚型，样本 SL1, Z10, Y7, Y12 和 Y16 根据编码区的 RFLP 结果(10397Alu +)被划分到大的单倍型类群 M 中；样本 Sy13, Sy6, Y10, Y11 和 Y14 根据 RFLP 结果(10397Alu -)被划分入大的单倍型类群 N 中。

2.3 各单倍型类群在古代及现代中亚群体中分布的比较与分析

从单倍型类群的分布上看，古代塔里木盆地人群与现代的新疆和中亚一样，均由东部和西部的欧亚谱系组成。对比古代塔里木盆地人群和现代新疆人群的单倍型类群分布特征可以发现，在现代新疆分布的主要单倍型类群，K, J, HV 和 Z^[23,43]，在古代群体中没有发现，相反，在古代群体中高频率分布的单倍型 U3 在现代新疆人群中却没有发现。前者可能是该地区在早期铁器时代丝绸之路建立以后，人群的往来更加频繁，迁徙活动不断地增加带来新的母系遗传谱系所致。当然古代样本的数量较少，不能涵

盖所有的单倍型个体也是主要原因。在古代塔里木盆地样本中，尼雅和山普拉墓地都发现了属于 U3 亚型的个体，其中 13 个山普拉个体中发现 4 例属于这一亚型，所占比例非常高，虽然由于古代样本数量的限制以及取样的局限性可能造成这一亚型偏高，但在早期和晚期墓葬中都发现了这一亚型，仍可以反映出这一亚型在山普拉古代人群中的广泛分布。研究表明 U3 亚型起源于地中海以东的近东和伊朗^[45]。这两个地区的现代居民在体质人类学分析上也主要属于欧罗巴人种地中海东支，由此推测早期铁器时代以前，曾有来自地中海以东的近东和伊朗人群越过帕米尔高原进入塔里木盆地的南缘。该亚型在现代新疆的缺失和在整个中亚地区极低的分布可能是被后来的迁徙人群逐渐稀释直至取代所致。由此也可以看出古 DNA 在研究人类迁徙中不可替代的作用，因为仅使用现代人的数据，无法重现出 U3 亚型的迁徙和融合过程，正确估计该地域建立者谱系的组成。

与中亚哈萨克草原的古代人群(3400~2000 a BP)

相比,塔里木盆地古代人群东部欧亚谱系的种类和各谱系所占比例较多,在哈萨克古代人群中分布的东部欧亚谱系仅有单倍型类群 A、M 和 G2a,相比之下,塔里木盆地古代人群的东部欧亚谱系则不仅有北亚、东亚人群特征的 A、C、D 和 G 谱系,还有东南亚人群的特征谱系 B 和 F1a,另外,东西欧亚谱系的所占比例差异较大,哈萨克草原的古代人群的比例是 22:78,而在塔里木盆地古代人群是 53:47。塔里木盆地古代人群的东部欧亚谱系成分与现代南部新疆人群十分接近,东西欧亚谱系混合的比例也与现代南部新疆人群相近(52:48)^[4]。这一结果表明,在早期铁器时代中亚地区西部欧亚谱系向东扩散呈逐渐弱化的趋势,而东方谱系向西的迁徙在这一阶段却迅速增加。

2.4 遗传结构分析

为了进一步研究塔里木盆地古人群与其他人群的相互关系,探讨其起源、迁徙的历史,我们通过多维度分析将人群间的遗传距离在一个二维空间上清晰的展示出来(图 2)。多维度分析显示现代各人群按其地理区域聚集,总体上呈现一个与地理位置一致的空间分布。在多维度分析图中,塔里木盆地古代人群与新疆境内现代维吾尔和哈萨克人距离最近,与中亚人群的哈萨克斯坦东部哈萨克人和维吾尔人、吉尔吉斯人、乌兹别克人和土库曼人有着较近的遗传关系;同时塔里木盆地古代人群与古代新疆察吾呼人群和吐鲁番盆地人群具有相对较近的遗传关系。值得注意的是塔里木盆地的圆沙古城和扎滚鲁克墓地所展示的文化与察吾呼文化有相似之处,考古学家将其归为察吾呼文化扎滚鲁克类型^[16~18]。分子遗传学数据为这两种文化间的联系提供了新的证据。

单倍型类群分布和多维度分析结果在一定程度上反映出该地区人群迁徙的趋势。早期铁器时代以前的古代人群如哈萨克草原游牧人群和罗布诺尔古代群体,受到东部欧亚谱系影响较小,来源也仅限于北亚和东北亚谱系,在系统发育分析中整体更偏向欧洲谱系的一侧,表明亚洲序列向西的渗入比较零碎,不如欧洲谱系成分的东进活跃。到了早期铁器时

代,中原的汉王朝的势力已经达到新疆地区,曾派张骞两次出使西域,使中国与中亚、西亚及地中海沿岸联接起来,丝绸之路得以建立和发展。丝绸之路不仅对东西方文化和贸易的交流起到了促进作用,而且对塔里木盆地人群遗传结构的形成至关重要。塔里木盆地作为丝绸之路上的重要接力点和集散地,在这一时期母系遗传组成中的东部欧亚谱系来源明显增加,另外, G2a 的存在体现了中亚原有与新迁入的亚洲谱系经历的复杂融合过程;而西部欧亚谱系随着东亚群体向西迁徙的增加出现弱化的趋势。东西谱系的比例和系统发育分析均表明塔里木盆地古代人群的母系遗传结构已经与现代新疆人群相似,可以看出早期铁器时代以来,塔里木盆地人群的遗传结构具有一定的连续性。早期铁器时代由于丝绸之路的开通和发展对沿途人群遗传结构形成具有重要作用,而古丝绸之路南线由于人为活动的频繁和自然环境自身的变化,塔里木盆地的自然环境自西汉以来开始恶化。公元 4 世纪以后,在塔里木盆地东部、南部的一些绿洲出现了沙漠化现象,楼兰、精绝、尼雅等原重要商贸驿站先后沦为荒无人烟的废墟^[46]。人群的活动在这一地区也相应减少,这可能是近 2000 年来新疆南部人群遗传结构变化不大的一个主要原因。

综上所述,塔里木盆地古代人群是一个由已经分化的东西欧亚谱系融合产生的混合人群,西部欧亚谱系的来源中有来自于近东和伊朗地区的成分;东部欧亚谱系的主体成分来自于北亚和东北亚,但同时含有少量东南亚起源成分,暗示东部欧亚的来源较广,融合过程也较复杂。早期铁器时代塔里木盆地人群的遗传结构与现代新疆已经十分接近,说明早期铁器时代丝绸之路的开通对现代新疆人群遗传结构的形成起到了重要的作用。

从本研究的结果上看,古 DNA 在研究人群的迁徙活动中有着不可替代的优势,尤其对像新疆这样的经历连续不断的人群迁徙的交界地带。不过,要弄清楚新疆的人群起源和迁徙历史,还需要不同历史时期的更多的古代群体的遗传结构分析。

致谢 本文所使用的古代样本由新疆维吾尔自治区文物考古研究所提供,审稿专家提出建设性意见,作者在此谨致谢忱。

参考文献

- 1 Comas D, Calafell F, Mateu E, et al. Trading genes along the silk road: mtDNA sequences and the origin of Central Asian populations. *Am J Hum Genet*, 1998, 63: 1824—1838[doi]
- 2 Calafell F, Comas D, Pérez-Lezaun A, et al. Genetics and Population History of Central Asia. Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research, 2000. 259—266
- 3 Derenko M, Malyarchuk B, Denisova G A, et al. Contrasting patterns of Y-chromosome variation in South Siberian populations from Baikal and Altai-Sayan regions. *Hum Genet*, 2006, 18: 591—604[doi]
- 4 Xu S H, Huang W, Qian J, et al. Analysis of genomic admixture in Uyghur and its implication in mapping strategy. *Am J Hum Genet*, 2008, 82: 883—894 [doi]
- 5 Hofreiter M, Serre D, Poinar H N, et al. Ancient DNA. *Nat Rev Genet*, 2001, 2: 353—359[doi]
- 6 Lalueza-Fox C, Sampietro M L, Gilbert M P, et al. Unravelling migrations in the steppe: Mitochondrial DNA sequences from ancient Central Asians. *Proc R Soc Lond B*, 2004, 271: 941—947[doi]
- 7 Mallory J P, Mair V H. The Tarim Mummies. London: Thames and Hudson, 2000. 112—256
- 8 Li S. The interaction between Northwest China and Central Asia during the second millennium BC: An archaeological perspective. In: Boyle K, Renfrew C, Levine M, eds. *Ancient Interactions: East and West in Eurasia*. Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research, 2002. 171—182
- 9 Barber E W. The mummies of Ürümchi. New York: Norton, 1999. 3—20
- 10 林梅村. 吐火罗人的起源与迁徙. *西域研究*, 2003, 3: 9—23
- 11 Han K X. The physical anthropology of the ancient populations of the Tarim Basin and surrounding areas. In: Mair V H, ed. *The Bronze Age and early Iron Age peoples of eastern Central Asia*. Philadelphia: University of Pennsylvania Museum Publications, 1998. 558—570
- 12 高诗珠, 崔银秋, 杨亦代, 等. 新疆克里雅河下游圆沙古城古代居民线粒体 DNA 多态性研究. *中国科学 C 辑: 生命科学*, 2008, 38: 136—146
- 13 葛斌文, 王海晶, 谢承志, 等. 新疆扎滚鲁克古代人群的线粒体 DNA 分析. *吉林大学学报(理学版)*, 2008, 46: 1206—1210
- 14 谢承志, 李春香, 崔银秋, 等. 尼雅遗址古代居民线粒体 DNA 研究. *西域研究*, 2007, 2: 51—55
- 15 Xie C Z, Li C X, Cui Y Q, et al. Mitochondrial DNA analysis of ancient Sampula population in Xinjiang. *Prog Nat Sci*, 2007, 17: 56—62
- 16 新疆博物馆, 巴州文管所, 且末县文管所. 新疆且末扎滚鲁克一号墓地. *新疆文物*, 1998, 4: 1—53
- 17 新疆文物考古研究所. 中国新疆山普拉——古代于阗文明的揭示与研究. 乌鲁木齐: 新疆人民出版社, 2001. 3—54
- 18 中日·日中共同尼雅遗迹学术考察队. 中日·日中共同尼雅遗迹学术调查报告. 第二卷. 日本: 中村印刷株式会社, 1999. 3—311
- 19 Sampietro M L, Caramelli D, Lao O, et al. The Genetics of the Pre-Roman Iberian Peninsula: A mtDNA Study of Ancient Iberians. *Annu Hum Genet*, 2005, 69: 535—548[doi]
- 20 Cooper A, Poinar H N. Ancient DNA: Do it right or not at all. *Science*, 2000, 289: 1139[doi]
- 21 Poinar H N. Criteria for Authenticity in Ancient DNA work. New York: Taylor and Francis Group, 2004. 115—116
- 22 Higgins D, Sharp G. CLUSTAL: A package for performing multiple sequence alignment on a microcomputer. *Gene*, 1988, 73: 237—244[doi]
- 23 Yao Y G, Kong Q P, Wang C Y, et al. Different matrilineal contributions to genetic structure of ethnic groups in the Silk Road Region in China. *Mol Biol Evol*, 2004, 21: 2265—2280[doi]
- 24 Yao Y G, Kong Q P, Bandelt H J, et al. Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese. *Am J Hum Genet*, 2002, 70: 635—651[doi]
- 25 Horai S, Murayama K, Hayasaka K, et al. MtDNA polymorphism in East Asian populations, with special reference to the peopling of Japan. *Am J Hum Genet*, 1996, 59: 579—590
- 26 Yao Y G, Nie L, Harpending H, et al. Genetic relationship of Chinese ethnic populations revealed by mtDNA sequence diversity. *Am J Phys Anthropol*, 2002, 118: 63—76[doi]
- 27 Tajima A, Hayami M, Tokunaga K, et al. Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages. *J Hum Genet*, 2004, 49: 187—193 [doi]
- 28 Kolman C J, Sambughin N, Bermingham E. Mitochondrial DNA analysis of Mongolian populations and implications for the origin of New World founders. *Genetics*, 1996, 142: 1321—1334
- 29 Yao Y G, Lv X M, Luo H R, et al. Gene admixture in the Silk Road region of China—Evidence from mtDNA and melanocortin I receptor polymorphism. *Genes Genet Syst*, 2000, 75: 173—178[doi]

- 30 Quintana-Murci L, Chaix R, Wells R S, et al. Where west meets east: The complex mtDNA landscape of the southwest and Central Asian Corridor. *Am J Hum Genet*, 2004, 74: 827—845[doi]
- 31 Kivisild T, Rootsi S, Metspalu M, et al. The genetic heritage of the earliest settlers persists both in indian tribal and caste populations. *Am J Hum Genet*, 2003, 72: 313—332[doi]
- 32 Comas D, Calafell F, Mateu E, et al. Geographic variation in human mitochondrial DNA control region sequence: The population history of Turkey and its relationship to the European populations. *Mol Biol Evol*, 1996, 13: 1067—1077
- 33 Pult I, Sajantila A, Simanainen J, et al. Mitochondrial DNA sequences from Switzer land reveal striking homogeneity of European populations. *Biol Chem Hoppe Saylor*, 1994, 375: 837—840
- 34 Di Rienzo A, Wilson A C. Branching pattern in the evolutionary tree for human mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci*, 1991, 88: 1597—1601[doi]
- 35 Piercy R, Sullivan K M, Benson N, et al. The application of mitochondrial DNA typing to the study of white Caucasian genetic identification. *Int J Legal Med*, 1993, 106: 85—90[doi]
- 36 谢承志, 刘树柏, 崔银秋, 等. 新疆察吾呼沟古代居民线粒体 DNA 序列多态性分析. *吉林大学学报(理学版)*, 2005, 43: 538—540
- 37 崔银秋, 段然慧, 周慧, 等. 新疆古代居民的遗传结构分析. *高等化学学报*, 2002, 23: 2270—2280
- 38 Keyser-Tracqui C, Crubézy E, Ludes B. Nuclear and mitochondrial DNA analysis of a 2000-year-old Necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. *Am J Hum Genet*, 2003, 73: 247—260[doi]
- 39 米红, 张文璋. 实用现代统计学分析方法与 SPSS 应用. 北京: 当代中国出版社, 2000. 204—278
- 40 Andrews R M, Kubacka I, Chinnery P F, et al. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nat Genet*, 1999, 23: 147[doi]
- 41 Richards M, Macaulay V, Hickey E, et al. Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool. *Am J Hum Genet*, 2000, 67: 1251—1276
- 42 Finnilä S, Lehtonen M S, Majamaa K. Phylogenetic network for European mtDNA. *Am J Hum Genet*, 2001, 68: 1475—1484[doi]
- 43 Comas D, Plaza S, Wells R S, et al. Admixture, migrations, and dispersals in Central Asia: Evidence from maternal DNA lineages. *Eur J Hum Genet*, 2004, 12: 495—504[doi]
- 44 Tolk H V, Barac L, Pericic M, et al. The evidence of mtDNA haplogroup F in a European population and its ethnohistoric implications. *Eur J Hum Genet*, 2001, 9: 717—723[doi]
- 45 Metspalu E, Kivisild T, Kaldma K, et al. the Trans-caucasus and the expansion of the caucasoid-specific human mitochondrial DNA. In: Papiha S, Deka R, Chakraborty R, eds. *Genomic Diversity: Application in Human Population Genetics*. New York: Kluwer Academic/Plenum Publishers, 1999. 121—134
- 46 朱士光, 唐亦功. 西北地区丝路沿线自然地理环境变迁初步研究. *西北大学学报(自然科学版)*, 1999, 29: 615—619