

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

高诗珠^{①③}, 崔银秋^{①②}, 杨亦代^①, 段然慧^①, 伊弟利斯·阿不都热苏勒^④,
朱泓^①, 周慧^{①②*}

① 吉林大学边疆考古研究中心考古 DNA 实验室, 长春 130023;

② 吉林大学生命科学学院, 长春 130023;

③ 吉林大学药学院, 长春 130021;

④ 新疆文物考古研究所, 乌鲁木齐 830011

* 联系人, E-mail: zhouhui@mail.jlu.edu.cn

收稿日期: 2007-07-11; 接受日期: 2007-11-29

国家基础科学人才培养基金特殊学科点项目(批准号: J0530184)和吉林大学“985 工程”资助项目

摘要 圆沙古城位于新疆塔克拉玛干沙漠的中心地区, 地处古丝绸之路的南线。本实验以距今 2000~2500 年前的圆沙古城 15 例古代居民的线粒体 DNA (mtDNA) 为研究对象。系统发育及多维度分析结果表明圆沙古城古代人群与现代中亚南部人群、印度河流域人群以及新疆察吾呼古代人群间存在着相对较近的遗传距离。

关键词

圆沙古城
古代 DNA
mtDNA
新疆
中亚

中亚是一个连接东方与西方的广大地理区域, 包括乌兹别克斯坦、塔吉克斯坦、土库曼斯坦、吉尔吉斯斯坦及哈萨克斯坦的部分区域, 从帕米尔高原、兴都库什一直深入到中国的新疆地区。这个区域的特点是历史上存在大量的人群迁徙活动, 居民是具有不同文化、语言和体质人类学特征的混合体^[1]。mtDNA 分析结果表明中亚地区的现代人群在遗传组成上是欧洲和亚洲人群的混合体, 是已经分化了的西方和东方谱系的融合^[2-4]。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。中亚地区古代 DNA 的研究是重建该地区人群迁徙历史及了解其历史上复杂混合

模式的有力工具^[5-7]。mtDNA 由于其拷贝数高、母系遗传、缺少重组及变异速度相对快等特点在人类进化、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。

新疆位于中亚的东缘, “丝绸之路”横贯其境内, 是东西方文化交流的重要通道。古代的黄河流域文明、印度文明、波斯文明以及希腊文明都曾在此交汇、融合。塔里木盆地人类的起源和文明的形成, 一直是近年来国际学术界关注的一个热点问题。迄今为止, 塔里木盆地人群的“本地起源说”缺乏足够的考古学证据。学术界普遍认为来自三个不同地域的文化及其代表人群对塔里木盆地文明的形成和发展起了重要的作用。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^[8]。第二种是东来文化,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(如公元 3 世纪、13 世纪分别发生的匈奴,蒙古帝国的西进)^[9]。第 3 种是青铜时代来自塔里木盆地西部的中亚南部的绿洲文化,其代表文化是巴克特里亚-马吉安那文化(Bactrian-Margiana Culture, 2000~1800BC)^[10]。然而考古学上普遍认为绿洲农业文明对早期塔里木盆地文明的形成贡献较小,而在公元前 200 年或是更早的时候,在安德罗诺沃文化为代表的雅利安人扩张造成的“多米诺骨牌式”民族迁徙的效应下,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^[11],这一假说还需要更多的考古学证据的支持。当丝绸之路建立后,塔里木盆地与其西部各种文明的交流更加频繁。Han^[12]根据塔里木盆地古代居民的体质人类学数据分析认为塔里木盆地人类迁徙历史可以归纳为 3 个时期:迄今发现最早的古代居民是以孔雀河古墓沟(公元前 2300~1430 年)为代表的原欧洲类型,他们可能属于北方草原文化起源的印欧人。第 2 个时期是体质人类学特征为印度-阿富汗类型的人群的迁入。到了东汉时期,这里的居民在种系成分上发生了明显的变化,地中海人种的东支(印度-阿富汗类型)成为当地居民的主体因素。鉴于上述情况, Han^[12]曾经推测:“早在公元前最后几个世纪甚至更早,地中海支系的一支居民越过帕米尔高原,顺沿塔里木盆地的南缘,不断迁徙到新疆境内,直至罗布泊地区。”第 3 个时期是汉朝丝绸之路建立后东亚,北亚蒙古人种的大举西进。

圆沙古城是目前在塔克拉玛干沙漠中发现的年代最久远的一座古城。本研究的目的在于通过比较圆沙古城古代人群与现代欧亚大陆人群及其他古代人群间的遗传关系,来探讨新疆塔里木盆地及中亚地区人群的起源、迁徙及融合历史。

1 材料与方法

1.1 样本的采集

圆沙古城位于新疆塔克拉玛干沙漠的中心,克

里雅河下游地区,地理坐标为北纬 38°52', 东经 81°35'(图 1)。对古城西墙中的木炭标本经 ¹⁴C 测定,年代为距今(2135±50)年。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。在汉朝,东方和西方开始通过“丝绸之路”进行交流。圆沙古城位于“丝绸之路”的南端。

由于当地干燥和寒冷的气候,采自圆沙古城的 16 例古代人类样本保存良好,编号为 1~16 号。1~14 号为古人骨骼样本,其中 6 和 9 号来自于同一个体。15 和 16 号为古人牙齿样本。

1.2 DNA 的提取、扩增及序列测定

用打磨机去掉骨骼样本表面的 2~3 mm,将骨骼在组织研磨机(WARING, USA)中打磨成粉末。牙齿样本先在 10%的漂白粉溶液中浸泡 20 min,并用乙醇和蒸馏水清洗,再于紫外线下每个面照射 30 min,在装有液氮的 6750 研磨机(SPEX, USA)中打磨成粉末。

DNA 的提取使用古 DNA 抽提专用试剂盒(BIO101, USA),取 500 mg 骨粉或牙粉,用 EDTA 缓冲液裂解细胞,在高浓度的异硫氰酸胍下用硅胶颗粒吸附 DNA 分子,经缓冲液冲洗去除蛋白质及脂类等大分子以及 PCR 反应抑制物后,用纯水洗脱。

用四对套叠引物(表 1)对 mtDNA 高可变一区(HVI)的 16053~16378 片段进行 PCR 扩增。在 25 μL 的体系中,含有 67 mmol/L Tris-HCl (pH 8.8), 2 mmol/L MgCl₂, 1 mmol/L dNTPs, 0.5 μmol/L 各引物和 1 U TaqDNA 聚合酶(Promega), BSA(1.3 mg/mL)。扩增 33 个循环按以下程序进行:94°C 热启动 10 min, 94°C 热变性 1 min, 52°C 退火 45 s(HVIa 和 HVIb)或 55°C 退火 45 s(HVIc 和 HVId), 72°C 延伸 1 min, 最后 72°C 延伸 10 min, 4°C 保存。为了保证实验的可靠性,在每次的 DNA 抽提和 PCR 扩增过程中都设有阴性对照。PCR 扩增产物用 2%琼脂糖凝胶电泳检测,经凝胶回收试剂盒(Qiagen)回收。经检测后,以回收产物作为模板,采用 ABI Prism Big Dye Terminator Cycle Sequencing kit (Applied Biosystems) 作测序反应,反应产物按公司推荐的乙醇沉淀法进行纯化和变性后,经 ABI310 全自动基因分析仪(Applied Biosystems)读取序列。

1.3 限制性片段长度多态性(RFLP)分析

使用 7 对引物对相应编码区序列进行 RFLP 分析

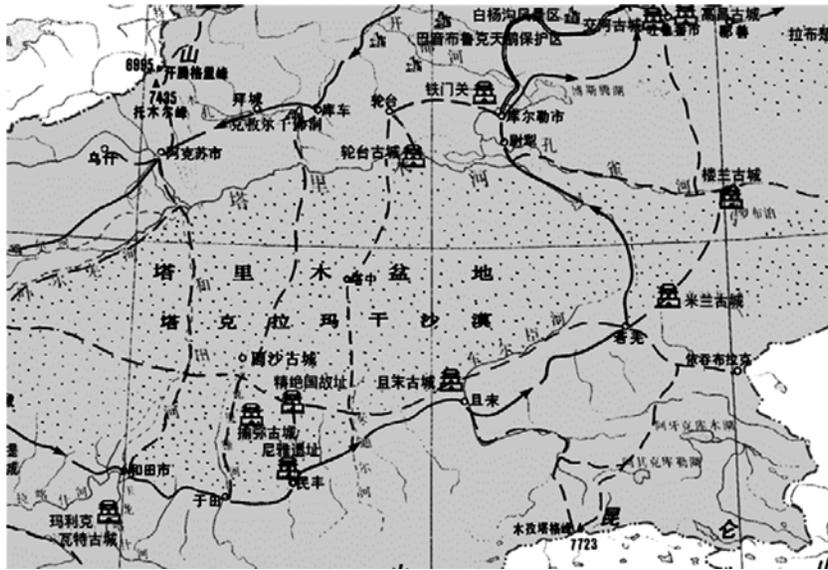


图 1 圆沙古城的地理位置示意图

表 1 序列测定及 RFLP 引物

HVI 片段 / 单倍体类群	引物	序列/RFLP 分析	长度/bp	退火温度/°C
HVI-a	L16052 5'-GGAAGCAGATTTGGGTAC-3'	测序	124	52
	H16142 5'-ATGTACTACAGGTGGTCAAG-3'			
HVI-b	L16131 5'-CACCATGAATATTGTACGGT-3'	测序	126	52
	H16218 5'-TGTGTGATAGTTGAGGGTTG-3'			
HVI-c	L16185 5'-ACCCAATCCACATCAAAAACC-3'	测序	142	55
	H16286 5'-TGTAAGTAAAGGGTGGGTAGG-3'			
HVI-d	L16281 5'-CCTCACCCACTAGGATACCAA-3'	测序	138	55
	H16379 5'-CAAGGGACCCCTATCTGAGG-3'			
M	L10304 5'-ATGAGCCCTACAAACAAC-3'	+AluI 10397	156	50
	H10423 5'-GAGTCGAAATCATTCGTTT-3'			
G	L4701 5'-CTATCCTCTCAACAATATACTCT-3'	+HhaI 4831	182	52
	H4848 5'-ATGTGAGAAGAAGCAGGC-3'			
H	L6987 5'-GGCATTGTATTAGCAAACCTCAT-3'	AluI 7025	152	50
	H7098 5'-TAGGGTGTAGCCTGAGAATAG-3'			
I	L9959 5'-CTGTATGTCTCCATCTATTGC-3'	+AluI 10032	150	47
	H10108 5'-TAGTAGTAAGGCTAGGAGGG-3'			
D	L5159 5'-GCACCACGACCCTACTACTA-3'	AluI 5176	166	48
	H5287 5'-GGGATGATGAGGCTATTGT-3'			
A	L648 5'-CCCACATCACCCATAAACAA-3'	+HaeIII 663	136	50
	H745 5'-GCTTGATGCTTGCCCTTT-3'			
T	L13279 5'-TTACAATCGGCATCAACC-3'	+BamHI 13366	146	51
	H13424 5'-GAGTAGTCCTCTATTTTCG-3'			

(表 1). PCR 扩增体系为 20 μL, 扩增条件和扩增程序与高可变区的相同. PCR 产物的酶切反应使用合适的限制性内切酶进行 (New England Biolabs, Beverly, MA). 酶切产物用 2% 的琼脂糖凝胶电泳进行检测. 对于每个样本首先根据 10397 位点的变异情况将其划分入大的单倍体类群 M 或 N, 再根据其高可变一区的变异模式及 mtDNA 的系统发育树 [13] 选择相应的单

核苷酸多态性位点进行进一步的类群划分.

1.4 污染的防止

在实验过程中, 尽可能的严格执行 O'Rourke 等人 [14] 提出的污染防止的标准办法, 如将 PCR 前和 PCR 后的实验区域分开; 使用面罩、手套和实验服, 用 DNA 污染去除试剂 (DNA-QUANT OFF™ Q-BIO

gene)及紫外线(254 nm)处理仪器设备和实验台;设立DNA抽提和PCR扩增的阴性对照.为了检测可能的外源性污染,参与实验人员的mtDNA要进行测定并与实验结果相对比.在实验中,对同一样品至少进行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.

1.5 系统发育分析

序列的对准(sequence alignment)由CLUSTAL X1.83完成,插入/缺失位点从所有分析中排除^[15].群体间的遗传距离(d_A)用MEGA2计算得到.邻接树(Neighbor-joining Tree)^[16]根据遗传距离矩阵用PHY-LIP3构建.多维度分析(Multidimensional scaling)以群体间的遗传距离为基础用SPSS11软件来完成.

2 结果

2.1 mtDNA 多态性分析

实验测定了16例圆沙古城古代样本mtDNA高可变一区16053~16378的326 bp序列(不包括引物区).与剑桥标准序列(CRS)^[17]相比,检测到22个多态性位点,包括1个位点上的缺失和21个位点上的转换,没有颠换情况发生(表2).16例样本中共界定了15种单倍型,除来自同一个体的6号和9号样本序列相同外,

其他样本序列未见单倍型共享情况发生.

在GenBank中,将圆沙古城古人群的mtDNA高可变一区的15种单倍型序列,通过BLAST寻找其共享序列(表3).在15个古代个体中,9个在数据库中发现与之完全匹配的共享序列,4个找到相差一个碱基的共享序列,其余两个暂时未发现与其匹配的共享序列.这些共享序列广泛分布在欧亚大陆.

2.2 单倍型类群的划分

根据线粒体DNA高可变区序列的变异模式和编码区的RFLP分析结果,可以将圆沙古代人群序列划分入相应的单倍型类群(表2).样本1和4归属于单倍型类群T.T型是欧洲的几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^[18].样本2可以划分入单倍型类群G下的亚型G2a.G型在东亚、北亚及中亚地区具有广泛地分布.值得注意的是在中亚地区只有G2亚型有分布,而且可能是从一个非常早的迁移事件中到达这里的^[3].样本3,8和13属于单倍型类群H.H型广泛的分布在欧洲和近东人群中,并且在北非和中亚地区也有分布,但在东亚人群中却很少发现.样本5属于西部欧亚谱系中的单倍型类群I.I型主要分布在北欧和西欧.样本6和9来自于同一个体,其单倍型类群为在东亚、东北亚及

表2 mtDNA 高可变一区多态性位点及单倍型类群

样品	HVI 变异位点	RFLP	单倍型类群
1	16126 16294	10397AluI-, 13366BamHI+	T
2	16223 16227 16278 16362	10397AluI+, 4831HhaI+	G2a
3	CRS	10397AluI-, 7025 AluI-	H
4	16126 16163 16186 16189 16294	10397AluI-, 13366BamHI+	T
5	16129 16223	10397AluI-, 10032 AluI+	I
6	16184 16223 16362	10397AluI+, 5176 AluI-	D
7	16184 16223	10397AluI+,	M
8	16126	10397AluI-, 7025 AluI-	H
9	16184 16223 16362	10397AluI+, 5176 AluI-	D
10	16168 16223	10397AluI-	N
11	16126 16179 16216	10397AluI-	N
12	16223 16256	10397AluI+	M
13	16311 16354	10397AluI-, 7025 AluI-	H
14	16223 16270 缺失	10397AluI-	N
15	16129 16223 16290 16319	10397AluI-, 663HaeIII+	A
16	16223 16253	10397AluI+	M

表 3 单倍型共享序列的分布及数量^{a)}

样本	共享序列(数量) ^{a)}
1	大陆欧洲(18), 俄罗斯 (西西伯利亚)(4), 希腊(1)
2	俄罗斯(布里雅特)(5), 蒙古(1), 中国汉族(1)、维吾尔族(1)
3	大陆欧洲(364), 巴尔干半岛(33), 俄罗斯 (西西伯利亚) (30), 土耳其(6), 希腊(31), 巴基斯坦(6), 叙利亚(1), 尼日尔(2), 澳大利亚(2), 中国汉族(1)、傣族(1)、维吾尔族(1)
4	大陆欧洲(26), 巴尔干半岛(3), 俄罗斯(5), 叙利亚(2), 土耳其(2), 印度(1), 中国汉族(1)
5	大陆欧洲(42), 俄罗斯(1), 印度(3), 肯尼亚(1)
6,9 ^{b)}	俄罗斯(2), 乔治亚(3), 巴基斯坦(1), 斯洛伐克(1), 中国汉族(5), 蒙古族(1), 达斡尔族(1), 藏族(1), 白族(2), 土家族(3), 彝族(2), 韩国(2)
7 ^{b)}	1. 罗马尼亚(1), 葡萄牙(1), 希腊(1), 乔治亚(1), 高加索(1), 澳大利亚土著(2) 2. ^{c)} 希腊(1), 俄罗斯(2), 葡萄牙(1), 苏格兰(4), 中国藏族(1)、苗族(1)、汉族(1)、哈尼族(1), 印尼(6), 玻利尼亚(1), 非洲(3), 澳大利亚土著(2)
8	挪威(19), 苏格兰(48), 葡萄牙(4), 俄罗斯(3), 罗马尼亚(1), 德国(2), 匈牙利 (古代个体) (1), 冰岛(15), 阿迪盖(2), 中国鄂温克族(1)、达斡尔族(1)
10	希腊 (1)
11	暂无
12	印度(8)
13	苏格兰(1)
14 ^{b)}	同样本 7 中第 2 部分
15	暂无
16 ^{b)}	同样本 7 中第 2 部分

a) 表中的共享序列均来自 NCBI 的 GenBank 数据库; b) 代表只找到相差一个碱基的共享序列; c) 7 中的第 2 部分为只有 16223 位点突变的共享序列

北亚地区分布广泛的 D 型。样本 15 的单倍型类群为 A. A 型与 D 型的区域分布特点相似。样本 7, 12 和 16 由于其高可变一区的变异模式不明显, 难以划分到具体的单倍型类群中, 只根据 RFLP 结果(10397AluI+) 被划分到大的单倍型类群 M 中。同样, 样本 10, 11 和 14 根据 RFLP 结果(10397AluI-)被划分入大的单倍型类群 N 中。

2.3 系统发育分析

为了比较圆沙古城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 36 个现代欧亚大陆人群, 古代新疆南部的察吾呼人群、吐鲁番盆地的交河故城、洋海、苏贝希人群, 蒙古境内的古匈奴人群及河北的古姜家梁人群作为比较人群(表 4) 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, 印度河流域, 印度, 伊朗高原, 土耳其高加索地区, 欧洲几个部分。

在构建的邻接树(图 2)上所有现代人群基本按照其地理分布形成几个大的分支簇, 其中, 中亚古代和现代人群都处于亚洲和欧洲谱系分支的交汇处。中亚人

群的分支不仅和东亚、北亚的分支相连, 与南亚次大陆的分支交汇, 并通过土耳其及小亚细亚地区人群的分支与欧洲分支相连, 体现出中亚地区在人群迁徙和扩张历史上所处的重要地位。圆沙古城古代人群和察吾呼古代人群的系统发育分支最近, 并且又与其西南部的现代中亚人群——塔吉克斯坦人(SHU)的系统发育分支聚在一起, 三者又与除中亚地区以外的较大区域范围内划分的印度河流域人群分支较近。另外, 与北亚及东亚人群的系统发育分支相比, 圆沙古人群与南亚人群的系统发育分支更接近, 并且位于南亚与欧洲人群分支之间。这表明来自东亚/北亚的遗传因素对圆沙古人群的影响较少, 而来自西南亚的影响相对较多。

2.4 多维度分析

为了进一步研究圆沙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 3)。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分布一致的空间分布。在古代人群中, 圆沙古代人群与察吾呼、吐鲁

表 4 现代和古代人群的代码、数量和地理位置

人群	代码	数量	地理位置
东亚			
北部			
中国北方汉族 ^[19]	HAN	100	青岛、辽宁
韩国人 ^[20]	KOR	64	韩国
日本人 ^[20]	JAP	50	日本土著居民
南部			
南方汉族 ^[19]	HAS	115	广州、云南、武汉
南方少数民族 ^[21]	ETH	153	傣族(云南)、壮族(广西)、泰人(泰国北部)
北亚			
布里雅特人 ^[22]	BUR	57	俄罗斯布里雅特地区
蒙古人 ^[23]	MOG	103	蒙古
中亚			
东部			
新疆维吾尔族 ^[24]	UIX	45	新疆
哈萨克斯坦维吾尔族 ^[2]	UIG	55	哈萨克斯坦与中国交界处
哈萨克人 ^[2]	KAZ	55	哈萨克斯坦最东部
低地吉尔吉斯人 ^[2]	LKIR	48	吉尔吉斯斯坦最北部
高地吉尔吉斯人 ^[2]	HKIR	47	吉尔吉斯斯坦与中国和塔吉克斯坦交界处
南部 ^[25]			
塔吉克斯坦人	SHU	44	高帕米尔高原塔吉克斯坦
Hunza Burusho	HUN	44	巴基斯坦北部
卡拉什人	KAL	44	巴基斯坦西北边境
西部 ^[25]			
乌兹别克人	UZB	42	乌兹别克斯坦
土库曼人	TUK	41	土库曼斯坦
库尔德人	KUT	32	土库曼斯坦
南亚			
印度人 ^[26]	INDIA	177	印度
印度河流域 ^[25]			
哈扎拉人	HAZ	23	巴基斯坦西北边境省和俾路支省
帕坦人	PAT	44	巴基斯坦西北边境省和俾路支省
布拉灰人	BAL	39	巴基斯坦西南的俾路支省
布拉乌尔人	BRA	38	巴基斯坦西南的俾路支省
帕西人	PAR	44	巴基斯坦东南的卡拉奇省
信德人	SIN	23	巴基斯坦东南的信德省
巴基斯坦人	PAR	100	巴基斯坦东南的卡拉奇省
伊朗高原 ^[25]			
Gilaki	GIR	37	伊朗北部
Mazandarian	MAZ	21	伊朗北部
库尔德人	KUI	20	伊朗西部
Lur	LUR	17	伊朗西南部 (格罗斯山脉)

(接下页)

(接上页)

表 4(续)

人群	代码	数量	地理位置
安纳托利亚/高加索			
土耳其人 ^[25]	TUI	40	阿塞拜疆的东部和西部
土耳其人 ^[27]	TUT	45	土耳其
欧洲			
瑞士 ^[28]	SWI	74	瑞士
意大利 ^[29]	ITT	51	意大利
巴斯克人 ^[29]	BAS	45	西班牙巴斯克地区
英国人 ^[30]	BRI	100	英国
古代人群			
东亚			
姜家梁人 ^[31]	Jiangjiliang	10	河北省
北亚			
匈奴人 ^[32]	Xiongnu	46	蒙古北部
中亚			
圆沙(本实验)	Yuansha	15	新疆塔克拉玛干沙漠中心地区
苏贝希、交河 ^[33,34]	turfan	10	新疆吐鲁番盆地
洋海 ^[33]	Yanghai	10	新疆吐鲁番盆地
罗布诺尔 ^[33]	Luobenor	10	新疆罗布诺尔地区
察吾呼 ^[35]	Chawuhu	8	新疆天山南麓和静县

番盆地古代人群遗传关系较近,而与洋海古代人群的遗传关系较远.这与系统发育分析的结果相似.与现代人群相比较,圆沙古代人群与中亚南部帕米尔高原上的塔吉克斯坦人群(SHU)、西部的乌兹别克斯坦人群(UZB)有着较近的遗传关系;同时又与印度河流域的布拉灰人(BAL)和帕坦人(PAT)等遗传关系相对较近.

3 讨论

本实验成功的获得了 15 例圆沙古城古代居民的线粒体 DNA 数据.结合本研究组已发表的有关新疆地区古代人群的线粒体 DNA 数据及中亚等地区的现代人群的线粒体 DNA 数据,来探讨圆沙及新疆地区人群的起源、迁徙和融合问题.

圆沙古城遗址的年代上限为我国西汉时期,而体质人类学的分析结果认为该人群应该划分入欧罗巴大人种,而其小人种类型应该属印度-阿富汗分支类型.可见圆沙古人群是归于第 2 时期种族迁徙背景的框架之下的. mtDNA 系统发育分析及多维度分析结果均表明圆沙古代人群与现代中亚南部的塔吉克

斯坦(SHU)及印度河流域人群遗传关系相对较近,从分子水平上验证了体质人类学家关于其应归属印度-阿富汗类型的推断.由于目前缺乏巴克特里亚文化和安德罗诺沃文化古代居民的 mtDNA 数据,我们无法从分子遗传学的角度,通过比较圆沙古代居民与二者间的遗传关系来判断其人群起源.

Hemphill和Mallory^[36]将新疆塔里木盆地青铜时代阿拉沟、楼兰和古墓沟古代居民的体质人类学数据与中亚地区青铜时代不同时期的巴克特里亚文化、阿凡纳谢沃文化、安德罗诺沃文化古代居民以及印度河流域、伊朗和高加索地区的古代居民的体质人类学数据进行分析比较,发现古墓沟居民并没有体现出与草原假说或绿洲假说人群有较近的亲缘关系,而是与印度河流域的古代居民关系更近.考虑到没有任何有力的考古学证据, Hemphill和Mallory^[36]认为由于引入的比较人群可能都与古墓沟古代人群没有亲缘关系,在没有合适的外类群的情况下,体现出与印度河流域的古代居民有较近的关系.多种分析方法一致显示,较晚期的阿拉沟(公元前 800 年~公元前 200 年)、楼兰古代居民(公元前 202 年~公元 220 年)与早

期绿洲假说的巴克特里亚文化的古代居民有着较密切的关系, 而与草原假说的阿凡纳谢沃文化、安德罗诺沃文化的古代居民没有显著关系. 本研究结果显示圆沙古代人群与现代南部的中亚人群以及印度河流域人群具有较近的遗传关系, 这在一定程度上支

持了Hemphill和Mallory的研究结果. 但是这并不能作为支持圆沙古代居民与绿洲文明的巴克特里亚人有更密切联系的直接证据, 因为目前还无法将圆沙古城人群的数据与相应时代的南部中亚人群以及印度河流域人群数据做直接比较分析.

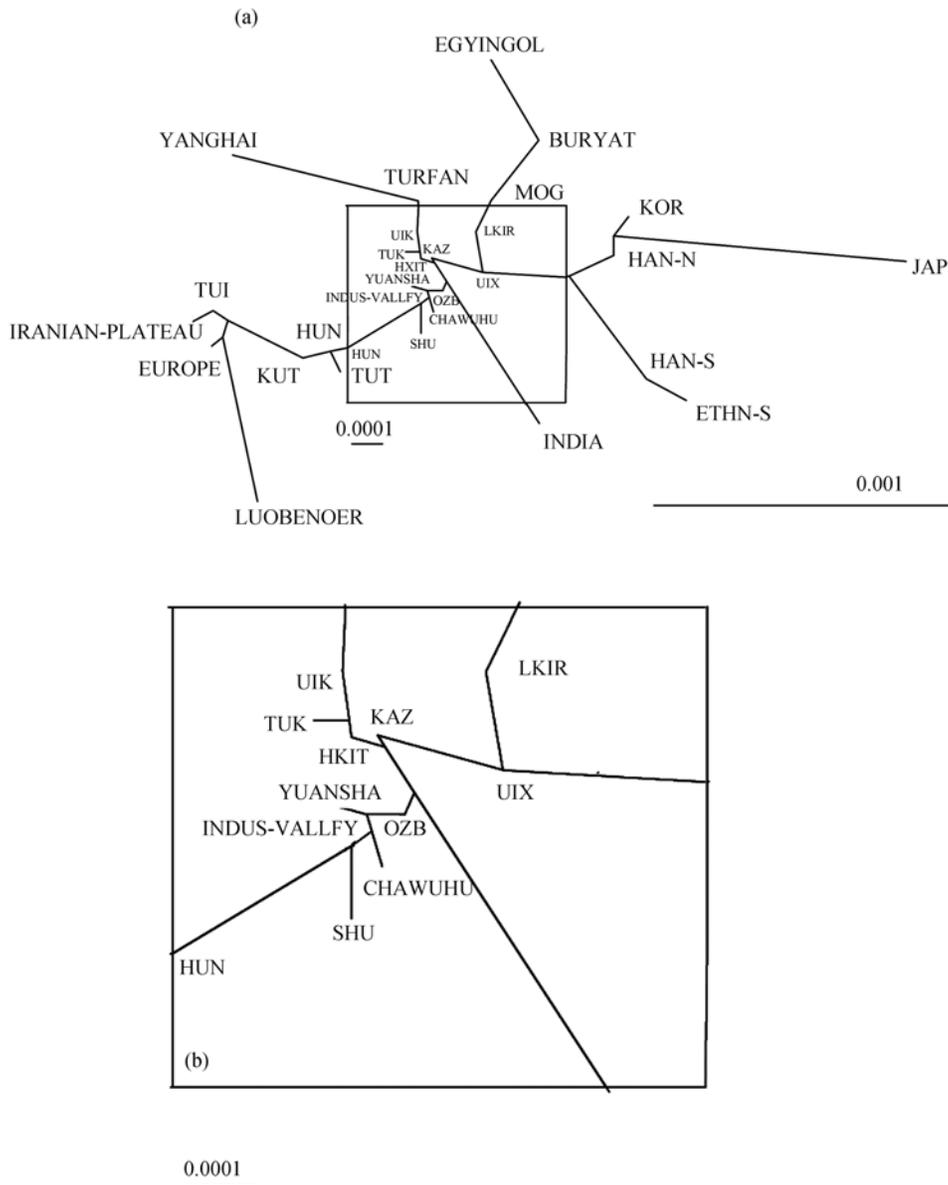


图 2 基于现代和古代人群间的遗传距离所构建的邻接树
(b)为上图方框部分的放大

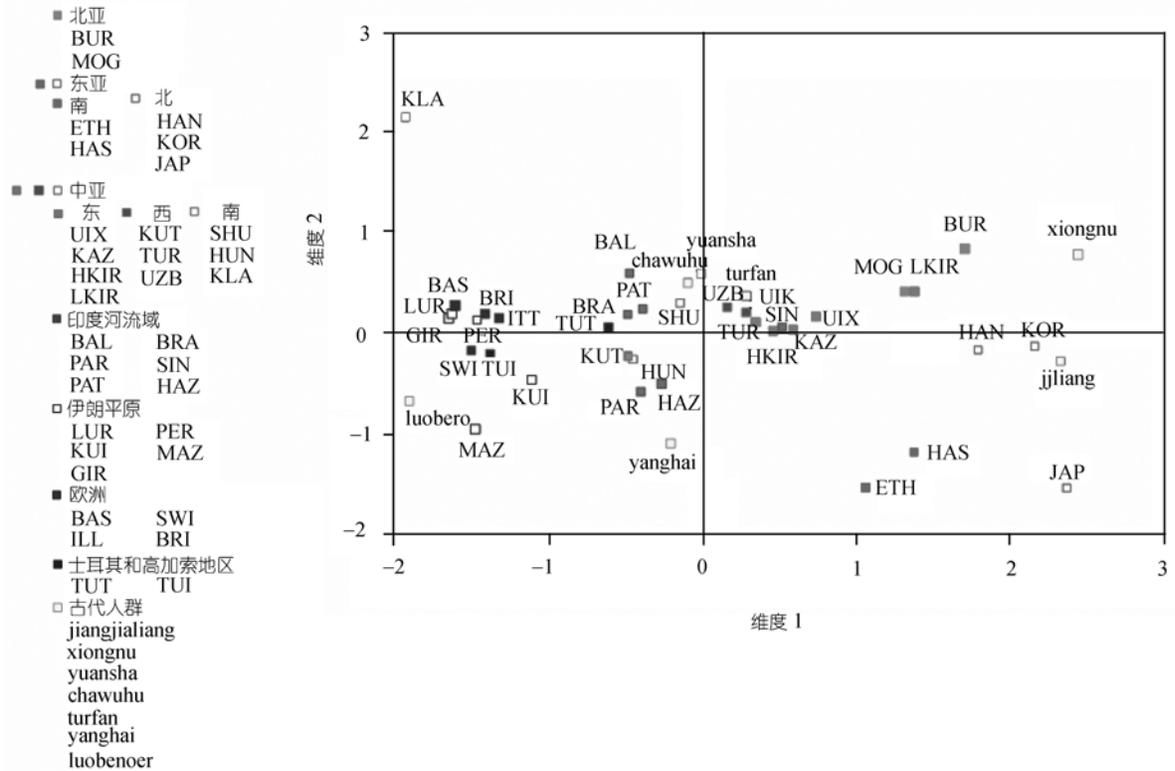


图 3 多维度分析图

人群代码与表 4 中所列出的一致

为了进一步探讨新疆地区人群的起源、迁徙及融合历史,我们将新疆(包括圆沙、吐鲁番盆地 [33,34]、洋海 [33]、罗布诺尔 [33]、察吾呼 [35])的古DNA数据与周边地区的古代及现代数据进行比较分析(图 2 和图 3)。蒙古境内的古匈奴人群 [32](公元前 300 年~公元前 200 年)与北亚人群聚在一起,河北省姜家梁古代居民 [31](公元前 3000 年)与北部东亚人群聚在一起,他们与圆沙古人群的遗传距离都较远;新疆地区早期原始欧洲类型的草原文化起源人群-罗布诺尔人群(公元前 1800 年)则与欧洲和伊朗高原人群聚在一个区域,与圆沙人群遗传关系也较远。圆沙人群与察吾呼人群、吐鲁番盆地人群具有相对较近的遗传关系,其中与察吾呼人群的遗传关系最近。值得注意的是,圆沙古城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。分子遗传学数据为这两种文化间的联系提供了新的证据。与圆沙、察吾呼人群相比,吐鲁番人群离北亚,东亚人群分支更近,可能是由于吐鲁番盆地人群种系结构中有较多

的蒙古人种的成分。这在一定程度上表明当时塔里木盆地已经存在蒙古人种与当地人群由东向西混合的趋势。

系统发育分析(图2)和多维度分析(图3)都在一定程度上体现出人群迁徙的趋势。从地理位置上来看中亚东部地区受北亚、东亚的影响较大。在多维度分析中低地吉尔吉斯人群(LKIR)几乎与外蒙古人群(MOG)聚在一起;在系统发育分析中中亚东部地区的新疆维吾尔人群(UIX)、哈萨克斯坦境内的低地吉尔吉斯人群(LKIR)与北亚及东亚的分支最近。这种影响向西逐渐减弱。而中亚南部地区受到北亚、东亚人群向西扩张的影响较小,保存了更多早期的特征。从时间上看,圆沙、察吾呼、吐鲁番、罗布诺尔等古代新疆群体与现代的新疆地区少数民族相比,受到北亚和东亚的影响较小,在分析中整体更偏向欧洲谱系的一侧,主要体现了早期人群由西向东的扩张事件。

综上所述,圆沙古人群与现代南部中亚人群的

遗传关系最近, 并与印度河流域人群有较近的遗传关系. 这与体质人类学的研究结果该人群属于印度-阿富汗类型相吻合. 在与古代人群的比较中, 圆沙古人群与察吾呼古人群的亲缘关系最近. 系统发育及多维度分析表明圆沙古人群主要体现了早期欧亚大陆人群由西向东的迁徙事件.

致谢 本文所研究的古代人骨样品由新疆文物考古研究所提供, 张玉忠、于志勇、刘国瑞等先生给予了大力协助, 在此并致谢忱.

参考文献

- 1 韩康信. 新疆古代居民的种族人类学研究和维吾尔族的体质特点. 西域研究, 1991, 2: 1—13
- 2 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 [\[DOI\]](#)
- 3 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
- 4 Calafell F, Comas D, Pe´rez-Lezaun A, et al. *Genetics and Population History of Central Asia*. Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research, 2000
- 5 Francalacci P. DNA analysis of ancient desiccated corpses from Xinjiang. *J Indoeur Stud*, 1995, 23: 385—389
- 6 Francalacci P. *DNA Analysis on Ancient Desiccated Corpses from Xinjiang (China): Further Results*. Washington, DC: Institute for the Study of Man, 1998
- 7 Lalueza-Fox C, Sampietro M L, Gilbert M T P, et al. Unravelling migrations in the steppe: mitochondrial DNA sequences from ancient Central Asians. *Proc R Soc Lond B*, 2004, 271: 941—947 [\[DOI\]](#)
- 8 Mallory J P, Mair V H. *The Tarim mummies*. London: Thames and Hudson, 2000
- 9 Li S. The interaction between Northwest China and Central Asia during the second millennium B.C: an archaeological perspective. Boyle K, Renfrew C, Levine M, eds. *Ancient Interactions: East and West in Eurasia*. Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research, 2002. 171—182
- 10 Barber E W. *The mummies of Ürümchi*. New York: Norton, 1999
- 11 林梅村. 吐火罗人的起源与迁徙. 西域研究, 2003, 3: 9—23
- 12 Han K X. The physical anthropology of the ancient populations of the Tarim Basin and surrounding areas. Mair V H, eds. *The Bronze Age and early Iron Age peoples of eastern Central Asia*. Philadelphia: University of Pennsylvania Museum Publications, 1998. 558—570
- 13 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 [\[DOI\]](#)
- 14 O’ Rourke D H, Hayes M G, Carlyle S W. Ancient DNA studies in physical anthropology. *Annu Rev Anthropol*, 2000, 29: 217—242 [\[DOI\]](#)
- 15 Higgins D, Sharp G. CLUSTAL: a package for performing multiple sequence alignment on a microcomputer. *Gene*, 1988, 73: 237—244 [\[DOI\]](#)
- 16 Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol*, 1987, 4: 406—425
- 17 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 [\[DOI\]](#)
- 18 Finnilä S, Lehtonen M S, Majamaa K. Phylogenetic network for European mtDNA. *Am J Hum Genet*, 2001, 68: 1475—1484 [\[DOI\]](#)
- 19 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 [\[DOI\]](#)
- 20 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

- 21 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 [\[DOI\]](#)
- 22 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 [\[DOI\]](#)
- 23 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
- 24 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 [\[DOI\]](#)
- 25 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 [\[DOI\]](#)
- 26 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 [\[DOI\]](#)
- 27 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
- 28 Pult I, Sajantila A, Simanainen J, et al. Mitochondrial DNA sequences from Switzerland reveal striking homogeneity of European populations. *Biol Chem Hoppe Saylor*, 1994, 375: 837—840
- 29 Di Rienzo A, Wilson A C. Branching pattern in the evolutionary tree for human mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci*, 1991, 88: 1597—1601 [\[DOI\]](#)
- 30 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 [\[DOI\]](#)
- 31 万诚, 崔银秋, 段然慧, 等. 河北阳原姜家梁新石器时代人骨 DNA 的研究. *考古*, 2001, 654: 74—81
- 32 Christine K T, Eric C, Bertrand L. Nuclear and mitochondrial DNA analysis of a 2,000-Year-Old necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. *Am J Hum Genet*, 2003, 73: 247—260 [\[DOI\]](#)
- 33 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
- 34 Cui Y Q, Duan R H, Zhou H, et al. Analysis of Mitochondrial DNA from the Ancient Tombs of Turfan. *Chem Res Chinese U*, 2002, 18: 419—423
- 35 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
- 36 Hemphill B E, Mallory J P. Horse-mounted invaders from the Russo-Kazakh steppe or agricultural colonists from Western Central Asia? A craniometric investigation of the Bronze Age settlement of Xinjiang. *Am J Phys Anthropol*, 2004, 124: 199—222 [\[DOI\]](#)