



古代人骨的分子考古学研究现状与展望^{*}

常娥 朱泓 (吉林大学边疆考古研究中心)

摘要 本文重点讨论分子生物学在考古学研究中的应用。根据对人类学研究的回顾与展望,在以研究人类的起源和进化为首要任务的人类学研究领域,由于现代分子生物学理论和方法的应用,为人类学的发展提供了科学可信的研究方法和具发展前景的研究方向。

关键词: 人类遗骸,古DNA,分子考古学

Abstract: The paper discusses how modern biology is applied in anthropology. Based on a brief review of the study on human origin and the knowledge about the human evolution in China, the development of molecular biology has been deeply influencing many relative fields; most importantly, molecular anthropology was born as a result of combination of molecular biology. This new branch provides reliable method and vital direction for anthropology. This paper systematically reviews the history and method of molecular biology.

Key words: human remains, ancient DNA, molecular archaeology

—
世界各地不断有古代人类遗骸的伟大发现,引起了人类学家、考古学家、民族学家的思考:人类何时何地从古猿变来?世界的各色人种究竟是如何演变的?具有语言、意识、艺术想象力和技术革新的现代人其祖先究竟出自哪里?中国是一个由56个民族组成的大家庭,各民族之间的亲疏远近究竟是什么关系?

古代人骨的研究由来已久,特别是人类学的研究已取得许多成绩。著名考古学家李济先生说过,“考古学家一定要有体质人类学的常识”。体质人类学在20世纪初就从西方传入中国,但其进展却十分缓慢。解放后的发展较快,近十几年来取得了一些成绩。除了对我国古代历史上的所有人种进行纵向的

研究外,还与现代人种类型或在更大范围内进行比较,目前的比较研究集中在同属一个种族下的比较。

1953年,Watson和Crick创立了生物遗传分子脱氧核糖核酸(deoxyribonucleic acid,简称DNA)的双螺旋结构,开创了生物学及生命科学的新时代。

人类生命个体的最基本单元是细胞,人体有亿万个细胞,而细胞中起遗传作用的是细胞核中的染色体,每个细胞含有23对染色体。染色体中的遗传物质是DNA,大多数DNA中含有两条相互平行螺旋缠绕的DNA链,DNA的双螺旋结构对遗传物质的稳定性和准确性至关重要。当细胞分裂时,DNA分子伸直,碱基对间的氢键断裂,母细胞根据碱基规律由1条母链准确复制1条子链,形成各由1条母链和1条子链组成的两个子细胞,遗传信息存在于每条

^{*} 基金项目:国家基础科学人才培养基金项目(课题号J0030094);教育部人文社会科学重点研究基地基金(课题号05JJD780102);吉林大学“985工程”项目;吉林大学哲学社会科学科学研究项目——博士科研启动基金项目以及中国博士后科学基金资助项目(资助号20060390520)

DNA链的碱基序列中。当细胞分裂时,DNA准确自我复制,亲代细胞所含的遗传信息就完全传送到子代细胞中。研究表明,DNA是细胞中唯一能自我复制的遗传物质,它发生变异的可能性极小。

根据人的遗传基因这一原理可以从古代人类遗骸中提取DNA片断,进而复制、测序,分析样本的亲缘关系。这项从考古基因分析中演化而出的一门分支学科——分子考古学,其古DNA研究技术是近年来分子生物学和考古学、人类学及古生物学交叉产生的一个新的领域。1984年,英国《自然》杂志上首次报道的19世纪末灭绝的斑驴(Quagga)标本DNA提取的报告,可作为古DNA研究兴起的标志^①。

二

古DNA研究的方法可对墓葬内出土的人骨做个体鉴定、家系鉴定等,还可以比较群体内个体差异或相似程度,进一步比较不同人群的遗传因素,揭示其在进化上的相互关系,从而重绘人类的演化过程(见下表)。

应用领域	解决问题的范围
个体水平上	性别鉴定、遗传疾病分析以及个体确认。
家庭或家族水平上	通过对母系、父系血缘世袭的确立分析当时的社会结构、个体的社会地位、婚姻模式以及丧葬习俗和迁徙等。
人群水平上	追踪史前人群的前夕,分析具有相同/不同形态结构、文化特征的古代人群之间以及古代古代人群与现代人群之间的祖先与后裔的关系,系统发生的重建可以分析进化模式以及现代人类的起源。

最初,研究者是通过分子克隆的技术分析古代DNA,但由于古代生物体在漫长的岁月里发生变质降解而导致古代的DNA受损。近年来新技术、新方法如PCR技术、定量PCR技术、多重PCR技术、STM和AFM图像、荧光检测法等所需DNA含量少,促进了DNA分析的速度和准确率。2003年,考古学家们在英国最著名的古老地标建筑遗址之一史前巨柱附近的一座有4000年历史的古墓中发现了一位弓箭手的遗骸。通过对遗骸的DNA研究发现,这位弓箭手并非当地人,而是远离此地的阿尔卑斯地区人,他很可能来自瑞士一带,也可能来自德国东部或奥地利西部。这也证明了欧洲大陆输出的文化,使英国走出了石器时代。这就是古DNA研究在个体水平上应用的典型案例。

目前DNA的分析主要用于阐明人类起源、演化

和群体间的相互关系方面。关于人种的起源,有多地区连续进化多源说^②和非洲起源一说说^③。DNA在考古学上最轰动的例子莫过于线粒体(mtDNA)夏娃假说^④。DNA主要存在细胞核中,但细胞质的线粒体核叶绿体中也含有少量的DNA,而且mtDNA存在于已受精的卵细胞中,完全是母系单性遗传。夏娃假说出自2个实验室的结果,研究者从亚洲、非洲、欧洲、新几内亚和澳大利亚的100多名妇女的胎盘中提出了DNA,分析结果是现代人的祖先可追溯到大概15万年前的一个非洲妇女。该理论一出,引起国际上的哗然争论。1987年,凯恩(Cann)分析了147名世界各地现代人胎盘的mtDNA,测试后的结果还揭示线粒体夏娃没有与现代人以前的人群杂交,从遗传学角度有力地支持了非洲起源说。1994年,几位外国学者对现代各人种的细胞核内Y染色体(父系单性遗传)的研究结果也支持了凯恩的结论。另外,研究者从古代美洲印第安人骨和古代太平洋复活节岛的居民骨骼中提取了DNA,发现有9-bp缺失序列,这说明这些人群的起源与亚洲人类有关。所以,科学家们在用现代人的mtDNA外,试图用古代人的化石标准中的mtDNA进行人类起源的研究。1997年^⑤,美国、法国的研究者成功地从10万年前的尼安德特人上臂骨中提取了DNA材料,并进行繁殖、分析,再将这些古代基因与今天世界各地数百人的遗传信息相比较。结果表明尼安德特人对现代人的DNA物质没有任何贡献,大约在60万年前两者有最后的共同祖先,该成果为非洲起源说提供了有力支持。对于欧洲的起源一直存有争议,一种观点认为,现代欧洲人的祖先是7500年前的第一批欧洲农民,另一个观点是4万年前在欧洲存在的旧石器时代的猎户采集人。Haak等^⑥人通过对德国、奥地利和西班牙地区出土的57例7500年前的欧洲农民的古DNA分析,发现25%的个体具有一个典型的单倍型N1a,这一单倍型在新石器时期的欧洲农民中广泛存在,而在现代的欧洲人中频率只有0.2%,说明新石器时期第一批欧洲农民对现代欧洲人的遗传影响非常有限,因此现代欧洲人的祖先不可能是新石器时期的农民,这为现代欧洲人起源于旧石器时期的猎户采集人提供了佐证。

人类是已知的生物群中有思维的最高级的灵长类动物,人类的起源、迁移、进化和适应的模式远比其他任何生物种群都复杂得多。在生物分类学上,人类只有一个种。换句话说人类没有种间所存在的生殖隔离,甚至在黄种人、白种人和黑种人之间或许连

亚种的区别都不存在。因可以说,人类在历史上向地球的任何一处迁移都是合理的。

中国科学家王贵海和陆传宗等虽然早在1981年就对马王堆汉墓出土的1具古尸进行了核酸的分离与鉴定,并发表了首篇有关古DNA的研究报告^⑦。遗憾的是,当时没有明确提出古DNA的研究术语,因而未能引起学术界的广泛重视。1996年中外学者共同对河南下王岗、甘肃大地湾、吉林查干泡等遗址的人骨进行了DNA提取和分析。2000年,中国科学家又对山东省临淄地区的古墓群中古人(2500年前和2000年前的古人骨)和现代人样本中提取、纯化了DNA,完成了同一地区三个不同历史年代的人类群体的DNA序列及其数理统计分析,阐明了不同历史时期山东半岛人群的分布及遗传结构与现代人的异同性。柯越海等人对横跨东南亚、东亚、西伯利亚、中亚等163个人群共12127个男性个体样本进行了Y染色体多态性分析,得出了现代东亚地区的人类起源于非洲的结论^⑧。2000年始,中国科学院昆明动物研究所宿兵^⑨等人开展对人类起源和史前迁徙的分子考古学研究。采用古DNA分析的方法证实了东亚人群起源于非洲的假说。通过对东亚南北人群的遗传结构的比较分析提出东亚现代人的最早迁徙路线是由南向北。同时金沙江流域悬棺骸骨的古DNA分析和云南元谋古氏羌人群的古DNA研究目前也在进行当中。复旦大学现代人类学研究中心古DNA实验室,自2001年开展三峡地区出土人骨古DNA的研究工作以来已逐步建立起了该地区古DNA数据库,2002年完成了对江西吴城商代遗址、山西襄汾陶寺遗址人骨的古DNA测试研究。

吉林大学边疆考古研究中心考古DNA实验室从1998年以来,一直从事中国边疆地区古代民族线粒体DNA的提取和研究。目前已经对新疆地区古代“丝绸之路”上各民族间的相互关系以及人群间的迁徙、混杂的进程进行了系统的研究。经过10年的努力,已初步建立起了新疆地区古代居民的DNA基因库^⑩。出版了中国第一分子考古学专著——《新疆古代居民线粒体DNA研究——罗布泊与吐鲁番》。

藏族的起源问题长期以来一直为学术界所关注。为了解当地居民的起源和发展的历史轨迹,吉林大学边疆考古研究中心考古DNA实验室通过对青海省发掘的4座唐代中、大型吐蕃贵族墓葬中出土的三例古代人骨进行的古DNA研究,获得重要发

现,即藏族的起源可能与青海有关。

在考古界乃至全国引起极大震动、推测为汉代王后的老山汉墓的女墓主人的遗骸由吉林大学边疆考古研究中心考古DNA实验室进行DNA的提取和研究,其结果与体质人类学的研究结果一致,解开了人们心头一直萦绕着的谜团:这位女墓主人系典型的黄种人,属于东亚蒙古人种。

内蒙古自治区吐尔基山辽代贵族墓葬墓主人的遗骸已被运送到吉林大学边疆考古研究中心,在那里进行了体质人类学、分子人类学和颅像复原等方面的研究。这是首次对辽代契丹贵族进行古DNA鉴定。对这样一位墓主人进行古DNA及人种成份等方面的鉴定,为我们研究辽代契丹族的历史提供了许多重要信息。

目前,考古DNA实验室正致力于对我国北方地区的草原游牧民族如匈奴、东胡、鲜卑、乌桓、契丹、蒙古等诸族的人骨进行古DNA的提取和研究,在不久的将来将建立信息量更大,内容更丰富的边疆地区古代人类基因库,系统地对我国古代遗传资源进行研究,不断为古代历史、文化、民族研究提供新的资料,开拓新的领域。

三

古DNA研究是一个极富前景的研究领域,自古DNA第一次被确认以来,随着科学技术的不断发展,多学科交叉和多手段的应用,经过20年的不断探索,古DNA研究已经取得了令人瞩目的成就。这些科学成果不仅为我们积累了相当重要的史前和历史片断的人类学信息,同时也激励我们不断地克服古DNA研究中的各种困难。不仅如此,它的出现还可能带动新的领域的出现。如古病毒学,通过粪化石中的古DNA研究古人类的饮食信息;有趣的是石器上的古DNA也是如此,有人从法国莫斯特刮削器上发现并提取出了DNA,但只是非常小的片段。由于DNA在动物死亡后降解很快,因此从石器上发现古DNA尽管令人鼓舞,但是面对的问题也非常棘手^⑪。如何使这些极其宝贵的古生物材料体现出它们全部的、真实的、最终的科学价值,已经成为科学界、文化界、教育界共同关注的热点。目前,考古学界呼吁采用更多的实验和盲测来提高分析的可靠性。

迄今国内外对古DNA的研究报道已甚多,正因为如此,越来越多的古DNA工作者开始认识到标本污染事实上已经成为古DNA研究中的最大问题,因为它直接关系到古DNA研究结果的可信性。另外,如何对所获得的短的古DNA序列进行有效地破译,

这一难题的准确解决与否,也直接关系到结论的正确性。由于多种原因,古老人类标本中的DNA一般都有不同程度的降解,在分析时只能得到短片断的序列。如何对这些序列片断的真实性进行甄别,最大限度地挖掘出其中包含的信息,是目前对古代人群遗传结构分析及其他古DNA研究中普遍存在的难题。

受到古DNA材料特点的限制,古DNA研究目前主要集中在线粒体DNA(mtDNA)方面的研究,主要原因在于mtDNA具有高拷贝数的特点,使得其较核DNA更易从古代样本中获得,但是它只能揭示母系方面的遗传信息,不能检测雄性介导的基因流。而父系遗传的Y染色体上的分子标记,不仅能够提供雄性建群者数目的信息,而且还能揭示祖先型潜在父系遗传贡献^①。常染色体上的微卫星DNA标记具有数量多、分布广、突变速率快、多态性高等特性,在研究人类遗传多样性等方面发挥着重要作用。

Y染色体和常染色体上的微卫星DNA标记在古DNA研究中较少使用,主要原因就是古DNA含量低、提取困难。古DNA研究在2006年进入了一个新纪元,多重PCR扩增技术和焦磷酸测序技术能够从核基因组获得有意义的序列信息,而不是仅仅依靠线粒体或叶绿体基因。Krause^②和Poinar^③等分别采用这两项技术都成功地获取了猛犸象的DNA基因组。利用这两项技术在古DNA研究中的成功运用,预示着古DNA研究进入了核DNA时代。

中华民族具有悠久的历史、丰富的文化遗产以及广泛的古人类分布,同时,欧亚大陆的古地质、地理、气候等给我们以得天独厚的条件,使我们能够发掘和获得大量的古生物样本。古DNA研究的介入将使我们进一步了解中国的古代文明历史、社会构成及古人类遗传结构,并为考证中华民族演化过程、中国多民族大家庭的历史变迁和人文考古学提供证据。古代人类文化特别是史前人类文化是我们今天现实生活的一个遥远的但确实是十分坚实的、十分本真的基础和出发点,我们只有以科学严谨的态度才能清晰地认识和理解他们,才能更好地把握今天和创造明天。

注释:

① Higuchi R, Bowman B, Freiberger M, et al. DNA sequences from the quagga, an extinct member

of the horse family. *Nature*, 1984, 312:282-284.

② 吴新智:《中国人类化石对古人类学的贡献》,《第四纪研究》1999年第2期。

③ Stoneking M, Sherry S T, Redd A J, et al. New approaches to dating suggest a recent age for human mtDNA ancestor. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B*, 1992, 337: 167~175.

④ Cann R L, Stoneking M, Wilson A C. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 1987, 325:31-36.

⑤ Ovchinnikov I V, Gotherstrom A, Romanova G P, et al. Molecular analysis of Neanderthal DNA from the northern Caucasus. *Nature*, 2000, 404:44490-44493.

⑥ Wolfgang Haak, Peter Forster, Barbara Bramanti, et al. Ancient DNA from the first European farmers in 7500-year-old Neolithic sites. *Science*, 2005, 310: 1016-1018.

⑦ 湖南医学院:《长沙马王堆一号汉墓古尸研究》,第184-187页,文物出版社,1980年。

⑧ Ke Y H, Su B, Li H Y, et al. Y-chromosome evidence for no independent origin of modern human in China. *Chinese Science Bulletin* 2001, 46: 955-937.

⑨ Su B, Xiao C J, Underhill P, et al. Y chromosome haplotypes reveal prehistorical migration to the Himalayas. *Hum Genet* 2000, 107: 582-590.

⑩ 陈淳:《中国旧石器研究的进展和差距》,《中国文物报》2005年4月22日。

⑪ 陈善元、张亚平:《豢养动物起源研究的遗传学方法及其应用》,《科学通报》2006年,51(21):第2469-2475页。

⑫ Krause J, Dear P H, Pollack J L, et al. Multiplex amplification of the mammoth mitochondrial genome and the evolution of Elephantidae. *Nature*, 2006, 439(9):724-727

⑬ Poinar H N, Schwarz C, Qi J, et al. Metagenomics to paleogenomics: large-scale sequencing of mammoth DNA. *Science*, 2006, 311(5759):392-394.

(责任编辑:周广明)