

DOI: 10.1360/yc-007-1223

拓跋鲜卑和匈奴之间亲缘关系的遗传学分析

于长春^{1,2}, 谢力³, 张小雷³, 周慧^{2,3}, 朱泓²

1. 吉林师范大学生命科学学院, 四平 136000;
2. 吉林大学边疆考古中心考古 DNA 实验室, 长春 130012;
3. 吉林大学生命科学学院大分子实验室, 长春 130023

摘要: 对 7 例东汉时期拓跋鲜卑遗存的线粒体 DNA 进行了遗传学分析。结合已发表的匈奴数据, 在遗传多态性、单倍型组分布状态、*Fst* 遗传距离、系统发育分析和多维度分析等方面, 比较分析了拓跋鲜卑和匈奴的遗传关系。结果表明, 拓跋鲜卑和匈奴之间有着较近的遗传关系, 暗示拓跋鲜卑在其两次南迁过程中与匈奴发生基因交流的情况是存在的。

关键词: 线粒体 DNA; 拓跋鲜卑; 匈奴; 遗传多态性; 系统发育分析

Genetic analyses on the affinities between tuoba Xianbei and Xiongnu populations

YU Chang-Chun^{1,2}, XIE Li³, ZHANG Xiao-lei³, ZHOU Hui^{2,3}, ZHU Hong²

1. College of Life Science, Jilin Normal University, Siping 136000, China;
2. Ancient DNA Laboratory, Research Center for Chinese Frontier Archaeology, Jilin University, Changchun 130012, China;
3. College of Life Science, Jilin University, Changchun 130012, China

Abstract: 7 mitochondrial DNA (mtDNA) sequences from Tuoba Xianbei remains in Dong Han period were analyzed. Together with the Data of Xiongnu published, the genetic affinities between Tuoba Xianbei and Xiongnu were analyzed in genetic diversity, haplogroup status, *Fst* genetic distances, phylogenetic analysis and multidimensional scaling (MDS) analysis. The results indicated that the Tuoba Xianbei presented the closer affinities to the Xiongnu, which implied that there was the gene flow between Tuoba Xianbei and Xiongnu during the 2 southward migrations.

Keywords: mitochondrial DNA; Tuoba Xianbei; Xiongnu; genetic diversity; phylogenetic analysis

鲜卑源于东胡, 是中国古代史上继匈奴之后中国北方草原上的又一个强大的游牧部落联盟。拓跋部是该联盟中最北的一支, 早期繁衍于大兴安岭北段的大鲜卑山和呼伦贝尔大草原一带。从其发祥地南迁直至入主中原建立北魏政权的这一时期, 拓跋鲜卑给后人留下了很多难解之谜, 包括其起源, 与

东部鲜卑亲缘关系以及与匈奴的基因交流等等。

依据《魏书·序纪》, 鲜卑拓跋氏称其先祖是皇帝的后裔, 但这种观点基本被史学家所否认^[1]。文献记载的拓跋鲜卑为鲜卑父胡(匈奴)母后裔的观点, 虽然可能包含史学家的贬损成份, 但也说明拓跋鲜卑与匈奴的关系十分密切^[2]。马长寿先生^[3]指出, 只

收稿日期: 2007-03-17; 修回日期: 2007-06-07

基金项目: 国家基础学科人才培养基金(编号: J0530184)和教育部科学技术重大项目(编号: 00-07)资助[National Natural Science Foundation for Basic Research of China (No. J0030094), and the Research Project of Department of Science and Technology, Ministry of Education, China (No. 00-07)]

作者简介: 于长春(1964-), 男, 黑龙江省富裕县人, 副教授, 博士研究生, 研究方向: 分子进化。Tel: 0431-88498034; E-mail: changchun-yu@tom.com

通讯作者: 周慧(1954-), 女, 湖南长沙人, 教授, 博士生导师, 研究方向: 分子进化。Tel: 0431-8498031; E-mail: zhouhui@mail.jlu.edu.cn

致谢: 本研究所用样本均由内蒙古考古研究所魏坚博士提供, 特此感谢

有从大泽西迁与匈奴相融合后,拓跋鲜卑才能称得上是真正意义的拓跋鲜卑。考古学分析表明,拓跋鲜卑真正成规模地同匈奴的结合,应当在其西迁至匈奴故地之后,但即使在这一阶段之后,仍难于由拓跋鲜卑的遗存中找到更多的匈奴文化因素^[3]。因此,依据稀少甚至有些含混的史料文献去研究鲜卑与匈奴之间的遗传关系是有一定难度的。古代 DNA (ancient DNA, aDNA) 技术的建立使人们能够重建古代人群之间以及古代与现代人群之间的遗传关系,为研究鲜卑和匈奴之间的基因交流打开了希望之门。

线粒体 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA) 因其独特的遗传特性(拷贝数高、母系遗传、缺乏重组、进化速率高和突变速率快)而成为 aDNA 和群体遗传学研究中理想的遗传标记。通过对 mtDNA 编码区的限制性片段多态性和控制区内高可变序列的,尤其是高可变 I 区(Hypervariable segment I, HVS-I)的数据分析,科学家较好地阐明了人类学和历史学领域难以解决的诸如人类起源、演化、迁徙、人群历史动态以及不同人群间的遗传关系等重大问题^[4-9]。本研究在完成了内蒙古察右中旗七郎山墓地魏晋时期 16 例拓跋鲜卑遗存 mtDNA 遗传学分析的基础上^[10],又对 7 例内蒙古商都东大井墓地东汉时期拓跋鲜卑遗存进行了遗传学分析,结合已发表的匈奴^[11]和其他有关当代人群的 mtDNA 数据,探讨了拓跋鲜卑和匈奴两个古代民族之间的遗传关系。

1 材料和方法

1.1 样本

9 例内蒙古商都东大井墓地鲜卑遗存形态学完整的股骨样本由内蒙古考古研究所所长魏坚博士提供。经考古学认证,样本属于东汉时期拓跋鲜卑遗存。

1.2 污染控制、DNA 提取、PCR 扩增、测序与限制性片段多态性分析

污染控制、DNA 提取、PCR 扩增与测序采用于长春等在文献^[10]中所用的方法完成,其中 PCR 扩增、测序和限制性片段多态性分析所用引物均与文献^[10]所用的相同。

1.3 序列分析

在数据分析过程中,除了匈奴外(Xiongnu),本文还引用了如下相关人群的 mtDNA 数据做比较分析,包括埃文基人(Evenks)^[12]、内蒙蒙古人(Inner

Mongolian)、达斡尔人(Daur)、鄂伦春人(Oroqen)、鄂温克人(Ewenki)、朝鲜族人(Korean)^[13]、外蒙蒙古人(Outer Mongolian)^[14]、布里亚特人(Buryats)^[9]、雅库特人(Yakuts)^[9]、哈萨克人(Kazakh)^[15]、乌兹别克人(Uzbek)^[16]、土耳其人(Turkey)^[17]、南方汉族(Southern Han, 湛江汉族和武汉汉族)和北方汉族(Northern Han, 青岛汉族和凤城汉族)^[18]。

序列比对和编辑用 Clustal X1.83 软件完成。本研究取序列长度为 360 bp, 相对剑桥标准序列(CRS)的位置是 16039~16398。遗传多态性、平均碱基配对差异和 Fst 遗传距离用 Arlequin 2000 软件包完成。人群间的净遗传距离以及基于净遗传距离构建的群体间邻接进化树(Neighbor-Joining tree)由 Mega3.0 软件完成。多维度(Multidimensional Scaling, MDS)分析由 SPSS 12.0 软件包完成。

2 结果

2.1 遗传多态性

从 9 例拓跋鲜卑样本中获得了 7 例个体 mtDNA HVS-I 序列。连同文献^[10]16 例七郎山墓地拓跋鲜卑遗存的数据,本研究所用序列共计 23 个,编号为 XB01 - 23, 其中 XB08 - 23 来自文献^[10]。与 CRS 相比,23 个拓跋鲜卑序列共检出突变位点 32 个,界定了 19 种单倍型,其中 XB03 与 XB11、XB08 与 XB23、XB09 与 XB17 以及 XB15 与 XB19 分别共享相同的单倍型(表 1)。与匈奴相比,拓跋鲜卑 mtDNA HVS-I 的突变热点有 7 个,分别是 16093(T→C)、16223(C→T)、16289(T→C)、16311(T→C)、16319(G→A)、16327(C→T)和 16362(T→C)。而匈奴 mtDNA HVS-I 的突变热点有 6 个,分别是 16189(T→C)、16223 (C→T)、16290(C→T)、16311(T→C)、16319(G→A)和 16362(T→C)^[11]。另外,较多匈奴序列有 16274G→A 的转换,约占 13%,但拓跋鲜卑很少在这个位置有突变。遗传多态性分析表明,拓跋鲜卑的序列多态性为 0.9842 ± 0.0170 ,核苷酸多态性为 0.018581 ± 0.010226 ,平均碱基配对差异为 6.150198 ± 3.034942 ,匈奴的相应取值分别为 0.9698 ± 0.0119 、 0.016144 ± 0.008826 和 5.343786 ± 2.630447 (图 1)。二者在遗传多态性方面取值相近。

2.2 单倍型组状态分析

Wallace 等^[19]分析表明,亚洲人群的单倍型组状态主要表现为 A、B、C、D、E、F 和 G。鲜卑、匈奴

表 1 拓跋鲜卑的核苷酸多态性, 单倍型组状态以及酶切位点 (n.d., not determined)
Table 1 Polymorphic nucleotides, haplogroup status in Tuoba Xianbei as well as restriction sites (n.d., not determined)

线粒体 DNA 单倍型 Mitotypes	1111111111 1111111111 1111111111 11 6666666666 6666666666 6666666666 66 0111111111 1122222222 2222333333 33 9022377778 8811124457 8899112445 56 3469612453 4937835954 7808197466 72	限制性酶切位点 Restriction sites			
					单倍型组 Haplogroups
		Aln 5176	Dde 10394	Aln 10397	
CRS	TCTGTATCAA CTGTCCCTGG CTCITGCCGT TT	-	+	+	D
XB01TT.....C	-	+	+	D
XB12T.A..T..AA.....C.....C	-	+	+	D
XB08	C.....T.....C.....C	-	+	+	D
XB23	C.....C..C..T.....C..C	-	+	+	D
XB02	C.....C..C..T.....A..C	-	+	+	D
XB22	C.....T.....T.....C	-	+	+	D
XB09	..C...C... ..T..... ..C	+	+	+	n.d.
XB17	..A..... ..T..... ..C	+	-	-	A
XB14T.....T..A.....C	+	-	-	A
XB16T.C.. ..T..A.....C	+	-	-	A
XB04	..T..... ..T.....T..A.....C	+	+	+	C
XB05	..A..... ..T.....C.AT.....	+	+	+	C
XB06	C.....T.....T.....CC.T.....	+	+	+	C
XB13	C.....T.....T.....CC.T.....	+	+	+	C
XB15G..... ..T.....C.C..TT..C.	+	+	+	C
XB19G..... ..T.....C..T.....	+	+	+	C
XB03C...C..C.CT..... ..C	+	-	-	B
C...C..C.C..... ..C	+	-	-	B

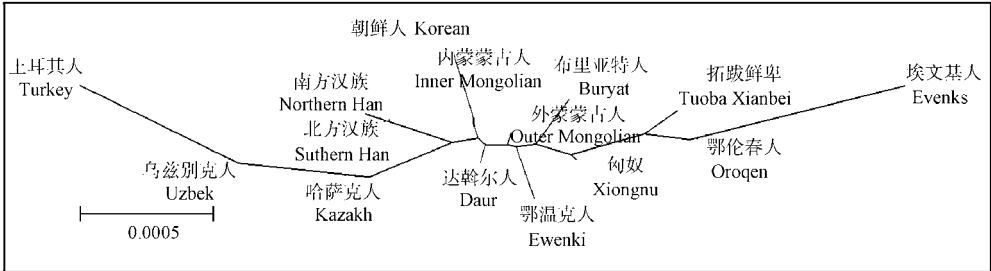


图 1 拓跋鲜卑、匈奴和 13 个被比较人群间的无根 Neighbor-Joining (NJ) 树
Fig.1 An unrooted Neighbor-Joining (NJ) tree of Tuoba Xianbei, Xiongnu and 13 populations compared.

和 11 相关人群的单倍型组状态见表 3。从表 3 可以发现, 拓跋鲜卑和匈奴两个人群都主要表现典型的亚洲单倍型组类型, 但在 46 个匈奴个体中有 3 个属于单倍型组为 U 的欧洲类型^[11]。

2.3 遗传距离分析

遗传距离越小人群间的亲缘关系越近。本研究计算了拓跋鲜卑、匈奴和已发表的 13 个相关人群间的 *Fst* 遗传距离矩阵及其 *Fst* *P* 值的显著性(显著性水平 = 0.05, 表 4)。可以看出, 拓跋鲜卑与鄂伦春之间表现最近的 *Fst* 距离(0.0150), 与匈奴之间的 *Fst* 距离(0.0163)次之, 暗示拓跋鲜卑与匈奴之间存在一定的基因交流。当把东大井东墓地东汉时期拓跋鲜卑和七郎山墓

地魏晋时期拓跋鲜卑分开来分别与匈奴进行比较时, 匈奴与东汉时期拓跋鲜卑的 *Fst* 距离比魏晋时期拓跋鲜卑的 *Fst* 距离更近, 分别是 0.0142 和 0.0171。

2.4 系统发育分析

构建系统树可以判别人群间的亲缘关系^[9]。本研究用 Neighbor-Joining 法构建了基于人群间净遗传距离矩阵(结果未列出)的无根系统发育树(图 1)。从系统树中可以看出, 拓跋鲜卑分布于匈奴和鄂伦春之间的节点上, 并表现与鄂伦春人之间的分支最短, 其次是同匈奴的分支。同时还可以看出, 系统树表现出了明显的从中亚→东亚→北亚的分布, 而且, 北方草原类型聚类在一起。

表 2 商都东大井墓地拓跋鲜卑和被比较人群的遗传多态性和中性检验

Table 2 Genetic diversity and neutrality test for Shangu Dongdajing cemetery Tuoba Xianbei and populations compared

人群 Populations	样本数 Sample size	单倍型多态性 Haplotype diversity	核苷酸多态性 Nucleotide diversity	平均碱基配对差异 Mean number of pairwise differences	Fu 检验 Fu's Fs test	检验 Tajima's D Tajima
Tuoba Xianbei 拓跋鲜卑	23	0.9842 ± 0.0170	0.018581 ± 0.010226	6.150198 ± 3.034942	-10.13692	-1.11019
Xiongnu 匈奴	46	0.9698 ± 0.0119	0.016144 ± 0.008826	5.343786 ± 2.630447	-12.18599	-1.37337
Evenks 埃文基人	58	0.9245 ± 0.0189	0.017874 ± 0.009614	5.916142 ± 2.868266	-3.30426	-0.83914
Buryats 布里亚特人	83	0.9865 ± 0.0049	0.020067 ± 0.007705	6.622951 ± 2.299666	-21.99084	-1.87619
Outer Mongolian 外蒙古人	86	0.9997 ± 0.0021	0.020092 ± 0.010621	6.650438 ± 3.172393	-25.07987	-1.83103
Inner Mongolian 内蒙古人	48	0.9870 ± 0.0070	0.020039 ± 0.010691	6.632748 ± 3.187843	-24.30441	-1.79829
Daur 达斡尔人	45	0.9779 ± 0.0099	0.018475 ± 0.009954	6.115171 ± 2.966907	-16.59990	-1.77063
Oroqen 鄂伦春人	44	0.9481 ± 0.0159	0.018692 ± 0.010065	6.186992 ± 2.999739	-3.61974	-1.10573
Ewenki 鄂温克人	47	0.9556 ± 0.0112	0.017843 ± 0.011032	6.865865 ± 3.289547	-3.82486	-1.18048
Korean 朝鲜人	48	0.9752 ± 0.0094	0.017832 ± 0.009617	5.902482 ± 2.867932	-16.72952	-1.39384
Northern Han 北方汉族	101	0.9972 ± 0.0012	0.021475 ± 0.011203	7.108154 ± 3.350797	-24.67377	-1.90924
Southern Han 南方汉族	72	0.9992 ± 0.0025	0.023307 ± 0.012181	7.714688 ± 3.637418	-24.89435	-1.70257
Kazakh 哈萨克人	55	0.9899 ± 0.0063	0.020068 ± 0.010670	6.642424 ± 3.183695	-25.12623	-1.81328
Uzbek 乌兹别克人	41	0.9902 ± 0.0093	0.016211 ± 0.008864	5.365854 ± 2.641428	-25.43515	-1.91955
Turkey 土耳其人	45	0.9937 ± 0.0067	0.016112 ± 0.008800	5.332981 ± 2.623293	-25.44468	-2.01218

表 3 拓跋鲜卑、匈奴和 11 个被比较人群的单倍型组分布频率(%)

Table 3 The haplogroup distribution frequencies (%) between Tuoba Xianbei, Xiongnu and 11 populations compared

单倍型组 Haplogroups	XB N=23	Xio N=46	Dau N=45 ^a	Oro N=44 ^a	Ewe N=47 ^a	Kor N=48 ^a	IM N=48 ^a	OM N=100 ^b	Bur N=126 ^c	Yak N=117 ^c	SH N=72 ^d	NH N=101 ^d	Uzb N=58 ^e
D	39.13	36.95	24.4	43.1	31.9	33.3	39.6	21	19.9	28.9	11.1	29.7	22.4
C	30.43	13.04	6.7	29.5	19.1		6.3	14	15.9	38.5	2.8	1.0	1.7
A	19.39	17.39	2.2	4.5	4.3	14.6	8.3	4	7.1	1.7	9.7	5.0	
B	8.69		15.6	2.3	10.6	10.5	10.5	10	3.6		19.4	13.9	
Other 其他类型	6.25	26.62	54.1	20.6	34.1	41.6	35.3	51	54.1	30.9	57	50.4	85.9

XB: Tuoba Xianbei 拓跋鲜卑; Xio: Xiongnu 匈奴; Dau: Daur 达斡尔人; Oro: Oroqen 鄂伦春人; Ewe: Ewenki 鄂温克人; Kor: Korean 朝鲜人; IM: Inner Mongolian 内蒙古人; OM: Outer Mongolian 外蒙古人; Bur: Buryats 布里亚特人; Yak: Yakuts 雅库特人; SH: Southern Han 南方汉族; NH: Northern Han 北方汉族; Uzb: Uzbek 乌兹别克人。

表 4 人群间的 F_{st} 遗传距离(对角线下方)和显著性 F_{st} P 值矩阵(对角线上方)Table 4 Population pairwise F_{st} s (below the diagonal) and the matrix of significant F_{st} P values (above the diagonal) between Xibe and compared populations

	XB	Xio	Eve	Bur	OM	IM	Dur	Oro	Ewe	Kor	NH	SH	Kaz	Uzb	Tur
XB	0.0000	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
Xio	0.0163	0.0000	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Eve	0.0552	0.0847	0.0000	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Bur	0.0510	0.0227	0.0889	0.0000	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+
OM	0.0251	0.0186	0.0499	0.0249	0.0000	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+
IM	0.0318	0.0178	0.0776	0.0058	0.0103	0.0000	-	+	+	-	-	+	+	+	+
Dau	0.0505	0.0313	0.0749	0.0261	0.0099	0.0104	0.0000	+	-	+	-	+	+	+	+
Oro	0.0150	0.0245	0.0368	0.0329	0.0271	0.0314	0.0373	0.0000	+	+	+	+	+	+	+
Ewe	0.0340	0.0247	0.0590	0.0306	0.0120	0.0224	0.0121	0.0319	0.0000	+	+	+	+	+	+
Kor	0.0395	0.0195	0.1001	0.0323	0.0228	0.0103	0.0162	0.0374	0.0319	0.0000	-	+	+	+	+
NH	0.0346	0.0156	0.0810	0.0198	0.0101	0.0029	0.0053	0.0295	0.0180	0.0076	0.0000	+	+	+	+
SH	0.0655	0.0491	0.1077	0.0648	0.0289	0.0229	0.0207	0.0585	0.0357	0.0249	0.0113	0.0000	+	+	+
Kaz	0.0574	0.0317	0.0907	0.0414	0.0068	0.0210	0.0170	0.0516	0.0197	0.0271	0.0130	0.0177	0.0000	-	+
Uzb	0.0923	0.0580	0.1141	0.0499	0.0162	0.0328	0.0380	0.0852	0.0327	0.0566	0.0255	0.0375	0.0024	0.0000	+
Tur	0.1562	0.1233	0.1661	0.1199	0.0569	0.0922	0.0775	0.1459	0.0697	0.1175	0.0720	0.0715	0.0287	0.0120	0.0000

XB: Tuoba Xianbei 拓跋鲜卑; Xio: Xiongnu 匈奴; Eve: Evenks 埃文基人; Bur: Buryats 布里亚特人; OM: Outer Mongolian 外蒙古人; IM: Inner Mongolian 内蒙古人; Dau: Daur 达斡尔人; Oro: Oroqen 鄂伦春人; Ewe: Ewenki 鄂温克人; Kor: Korean 朝鲜人; NH: Northern Han 北方汉族; SH: Southern Han 南方汉族; Kaz: Kazakh 哈萨克人; Uzb: Uzbek 乌兹别克人; Tur: Turkey 土耳其人。

2.5 多维度分析

多维度分析可以反映人群间 mtDNA 的相似性,而且 F_{st} 距离和净遗传距离所代表的含义在多维度分析图中也可以得到很好的解释^[15]。本研究对拓跋鲜卑、匈奴和 13 个相关人群进行了基于 F_{st} 距离和净遗传距离多维度分析(图 2)。图中各个人群的分布与系统树所反映的信息十分相似,无论在一维还是在二维尺度上,拓跋鲜卑都首先和鄂伦春人聚类在一起,其次才与匈奴表现出比较近的分布关系。

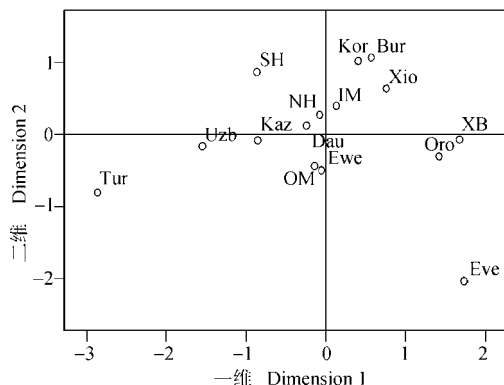


图 2 拓跋鲜卑、匈奴和 13 个被比较人群间的多维度分析图
Fig. 2 MDS plot of Tuoba Xianbei, Xiongnu and 13 populations compared

3 讨论

3.1 古代 DNA 的真实性

用 aDNA 技术研究人类的起源、演化、迁徙以及人群间的遗传关系时,面临的最大的挑战就是所得 DNA 序列的真实性问题。但是,分子生物学家所创立的一系列控制外源 DNA 污染的方法,足以保证能够获得真实的 aDNA 序列^[20, 21]。古代样本的组织学和形态学状态以及古样本的保存环境对于成功获得真实的 aDNA 是至关重要的^[22-24]。商都东大井墓地位于内蒙古高原南部,阴山北麓,海拔平均为 1 400 米。其环境条件属于中温带半干旱大陆性气候,夏干燥冬寒冷,年平均气温 3.1℃。这样的环境条件是 aDNA 得以保存的前提。另外,本研究是严格按照 aDNA 的操作程序进行的。因此,可以确信所获得的 DNA 序列是真实的古人 DNA 序列。

3.2 拓跋鲜卑与匈奴的关系

本研究从遗传多态性、单倍型组状态、 F_{st} 遗传距离、系统发育树分析和多维度分析等 5 个方面,分析了拓跋鲜卑和匈奴两个古代人群间遗传关系。在遗传多态性方面二者取值相近。根据 Pakendorf 等^[6]

和 Comas 等^[15]的研究,拓跋鲜卑和匈奴两个人群的遗传多态性位于中亚大草原人群和西伯利亚人群的范围,见表 2。就突变热点而言,二者并没有很好地匹配。在所用的 46 个匈奴个体中,6 个个体存在 16 274 G→A 转换。这种情况在鲜卑人群中是很少存在的。从单倍型组分布状态来看,两个古代人群都主要表现典型的亚洲单倍型组类型,但 46 个匈奴个体中有 3 个属于单倍型组为 U 的欧洲类型,而拓跋鲜卑却表现完全的亚洲类型^[19]。就遗传距离、系统发育分析和多维度分析而言,拓跋鲜卑表现了和匈奴人群有较近的亲缘关系,但首先与鄂伦春之间表现了最近的亲缘关系。这说明当时的拓跋鲜卑和匈奴之间是有一定的母系基因交流的。当把七郎山遗存与东大井遗存分开来与匈奴进行比较时,东大井东汉时期的拓跋鲜卑与匈奴之间表现出更近的遗传关系。应该指出的是,匈奴人群在人种学上血缘关系是很复杂的。本研究所用的匈奴样本也许恰巧在人种学上是与拓跋鲜卑比较接近的类型。

根据史料记载,大鲜卑山时期的拓跋鲜卑,应是纯粹的原始社会,是一个以血缘维系的部落或者不太大的部落群^[25]。为了本部族的生存和发展,拓跋部进行了历史上两次大规模的南迁。第一次南迁大约在公元前 50~5 年(东汉初年),拓跋鲜卑离开大鲜卑山南迁至大泽(呼伦湖)。在这里,拓跋鲜卑第一次与匈奴发生民族融合。约在公元 160 或 170 年(东汉晚期),拓跋鲜卑完成了由呼伦湖至匈奴故地(河套及大青山一带)的第二次南迁。史书记载,公元 91 年,北匈奴被汉击溃而西迁,留在漠北的十余万落匈奴人皆自号鲜卑^[1]。拓跋鲜卑进至匈奴故地后,在这里与自称鲜卑的匈奴人发生了第二次血缘上的融合^[26, 27]。根据史料记载,可以确认拓跋鲜卑在其两次南迁过程中与匈奴发生基因交流的情况应该是存在的。尽管在突变热点和单倍型组状态分布上,拓跋鲜卑和匈奴之间没有完全匹配,但二者在遗传距离方面表现很近的遗传距离,而且二者在系统发育树和多维度分析图上也都表现了很近的聚类分布。拓跋鲜卑源于“鲜卑父胡母”后裔的观点虽然包含有贬损成分,但从我们的分析来看,拓跋鲜卑和匈奴之间的确存在着很近的亲缘关系。

准确地确认鲜卑和匈奴的遗传关系还有待于有更多的拓跋鲜卑和匈奴遗存的遗传学分析。考古学领域发掘的大量不同时期拓跋鲜卑和匈奴人的墓葬,为进一步研究这两个古代人群之间的遗传关系提供

了基本的前提。对不同古代人群间亲缘关系的遗传分析, 可以为中华民族多元一体化格局的形成提供遗传学方面的佐证。

参考文献(References):

- [1] LIN Gan. The History on Eastern Hu. Huhhot: Inner Mongolian People Press, 1989, 87–89.
林干. 东胡史. 呼和浩特: 内蒙古人民出版社, 1989, 87–89.
- [2] QIAO Liang, YANG Jing. Researches on the early remains of Tuoba Xianbei. *Inner Mongolian Cultural Relic Archaeology*, 2003, 2: 51–58.
乔梁, 杨晶. 早期拓跋鲜卑遗存试析. 内蒙古文物考古, 2003, 2: 51–58.
- [3] MA Chang-Shou. Wuhuan and Xianbei. Shanghai: Shanghai People Press, 1962, 245–247.
马长寿. 乌桓与鲜卑. 上海: 上海人民出版社, 1962, 245–247.
- [4] SHENG Gui-Lian, LAI Xu-Long, WANG Wei. Molecular anthropology and the origin of modern human. *Hereditas(Beijing)*, 2004, 26(5): 721–728.
盛桂莲, 赖旭龙, 王. 分子人类学与现代人的起源. 遗传, 2004, 26(5): 721–728.
- [5] DUAN Ran-Hui, CUI Yin-Qiu, ZHOU Hui, ZHU Hong. Mitochondrial DNA sequence variations of keriyin in the Taklamakan Desert. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30 (5): 437–442.
段然慧, 崔银秋, 周慧, 朱泓. 塔克拉玛干沙漠腹地隔离人群线粒体 DNA 序列多态性分析. 遗传学报, 2003, 30 (5): 437–442.
- [6] Bertranpetit J, Sala J, Calafell F, Underhill PA, Moral P, Comas D. Human mitochondrial DNA variation and the origin of the Basques. *Ann Hum Genet*, 1995, 59: 63–81.
- [7] Seielstad MT, Minch E, Cavalli-Sforza LL. Genetic evidence for a higher female migration rate in human. *Nat Genet*, 1998, 20: 219–220.
- [8] Yao YG, Nie L, Harpending H, Fu YX, Yuan ZG, Zhang YP. Genetic relationship of Chinese ethnic populations revealed by mtDNA sequence diversity. *Am J Phys Anthropol*, 2002, 118: 63–76.
- [9] Pakendorf B, Wiebe V, Tarskaia LA, Spitsyn VA, Soodyall H, Rodewald A, Stoneking M. Mitochondrial DNA evidences for admixed origin of Central Siberian populations. *Am J Phys Anthropol*, 2003, 120: 211–224.
- [10] Yu CC, Xie L, Zhang XL, Zhou H, Zhu H. Genetic analysis on Tuoba Xianbei remains excavated from Qilang Mountain Cemetery in Qahar Right Wing Middle Banner of Inner Mongolia. *FEBS Lett*, 2006, 26: 6242–6246.
- [11] Keyser-Tracqui C, Crubezy 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(2): 247–260.
- [12] Kaessmann H, Zollner S, Gustafsson AC, Wiebe V, Laan M, Lundberg J, Uhlén M, Pääbo S. Extensive linkage disequilibrium in small human populations in Eurasia. *Am J Hum Genet*, 2002, 70: 673–685.
- [13] Kong QP, Yao YG, Sun C, Bandelt HJ, Zhu CL, Zhang YP. Mitochondrial DNA sequence polymorphisms of five ethnic populations from northern China. *Hum Genet*, 2003, 113: 391–405.
- [14] Kolman CJ, Sanbunghin N, Bermingham E. Mitochondrial DNA analysis of Mongolian populations and implications for the origin of new world founders. *Genetics*, 1996, 142: 1321–1334.
- [15] Comas D, Calafell F, Mateu E, Perez-Lezaun A, Bosch E, Martinez-Arias R. Trading genes along the Silk Road: mtDNA sequences and the origin of Central Asian populations. *Am J Hum Genet*, 1998, 63: 1824–1838.
- [16] Yao YG, Kong QP, Wang CY, Zhu CL, Zhang YP. Different matrilineal contributions to genetic structure of ethnic groups in the silk road region in China. *Mol Biol Evol*, 2004, 21: 2265–2280.
- [17] Comas D, Calafell F, Mateu E, Perez-Lezaun A, Bertranpetit J. 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.
- [18] Yao YG, Kong QP, Bandelt HJ, Kivisild T. Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese. *Am J Hum Genet*, 2002, 70: 635–651.
- [19] Wallace DC, Brown MD, Lott MT. Mitochondrial DNA variation in human evolution and disease. *Gene*, 1999, 238: 211–230.
- [20] Poinar HN. The top 10 list: criteria of authenticity for DNA from ancient and forensic samples. *International Congress Series*, 2003, 1239: 575–579.
- [21] Gilbert MT, Bandelt HJ, Hofreiter M, Barnes I. Assessing ancient DNA studies. *Trends Ecol Evol*, 2005, 10(20): 541–544.
- [22] Höss M, Dilling A, Currant A, Pääbo S. Molecular phylogeny of the extinct ground sloth *Myiodon darwini*. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1996, 93: 181–185.
- [23] Haynes S, Searle JB, Bretman A, Dobney KM. Bone preservation and ancient DNA: the application of screening methods for predicting DNA survival. *J Archaeol Sci*, 2002, 29: 585–592.
- [24] Wayne RK, Leonard JA, Cooper A. Full of sound and fury: history of ancient DNA. *Annu Rev Ecol Syst*, 1999, 30: 457–477.
- [25] HUANG Lie. Researches on Chinese Ancient Nationality History. Beijing: People Press, 1987, 273–280.
黄列. 中国古代民族史研究. 北京: 人民出版社, 1987, 273–280.
- [26] TIAN Gang. The Gaxian Cave and the history development of Tuoba Xianbei. *Heilongjiang Nation Series*, 2004, 4: 63–67.
田刚. 嘎仙洞与拓跋鲜卑的历史发展. 黑龙江民族丛刊, 2004, 4: 63–67.
- [27] FU Yi-Han. The study of the origin of Xianbei. *Journal of Yanbei Normal University*, 2002, 4: 37–39.
傅义汉. 鲜卑探源. 雁北师范学院学报, 2002, 4: 37–39.