

古代 DNA 分析在考古中的应用

杨益民¹ 王昌燧¹ 王 巍²

(1.中国科学技术大学科技史与科技考古系, 合肥 230026; 2.中国社会科学院考古研究所, 北京 100710)

提 要: 本文概括介绍了当前国际上关于古代 DNA 的研究样品、分析方法、数据处理和存在的问题等, 并根据国际研究的实际情况, 将古代 DNA 研究领域划分为六类, 即: 1), 残留物研究; 2), 生物排泄物研究; 3), 生物个体研究; 4), 人类群体内部关系研究; 5), 人类群体之间关系研究; 6), 人类起源、演化和迁移研究。和古代珍籍、陶瓷、青铜器、壁画等一样, 古代 DNA 对考古研究具有十分重要的作用, 理应属于文化遗产的范畴。

关键词: 古代 DNA, 文化遗产, 残留物

Applications of Ancient DNA Analysis in Archaeology

YANG Yimin¹, WANG Changshui¹, WANG Wei¹, 1.Scientific and Technological History and Archaeology Department, Science and Technology University of China, Hefei 230026; 2.Institute of Archaeology, Social Science Academy of China, Beijing 100710.

Abstract: Samples, analysis methods, data processing and existing problems in research of ancient DNA(aDNA) have been outlined and introduced in this article. According to development of aDNA research, it could be grouped into six sub-fields: 1), Residues; 2), Creature excrement; 3), individual Creature; 4), Relationship in a human group; 5), Relationship among different groups; 6), Human origin, evolution and migration. It is the same as ancient liber, ceramics, bronze vessels and fresco that ancient DNA is playing a very important role in archaeological study. It should belong to cultural heritage.

Keywords: Ancient DNA, Cultural heritage, Residues.

古代 DNA 为提取自古人类或古代动植物的 DNA 片段, 其样品通常来源于考古发掘, 也可来源于博物馆收藏的古代羊皮卷、岩画或其它文物等。若样品来源于化石则称之为化石 DNA。目前, 化石 DNA 的提取上限一般不超过一百万年。若样品保存条件合适, 年代又在十万年之内, 则古代 DNA 的提取应无困难^[1]。众所周知, 大约在距今一万八千至五千年之间, 人类社会开始从旧石器时代向新石器时代转化, 由于农业的出现和陶器的使用, 使人类的生产和生活状况得到了极大的改善。人类在与大自然的斗争中开始有了主动权, 其活动范围明显增大, 人口也显著增多, 从而给我们留下了颇为丰富的遗迹和遗物。20 世纪 80 年代中期以来 PCR 技术(聚合酶链反应)的出现和成熟, 将古代 DNA 分析提上了议事日程, 并迅速成为国际科技考古领域的热点, 有关研究也从最初的方法探索向广泛应用转变, 这些应用小到男女性别的鉴别, 大到现代人类的起源地、迁移路线等。显然, 它可以帮助考古学家和人类学家解决一些悬而未绝的重要问题。今天, 我国的古代 DNA 研究业已起步, 并取得了一些成果。然而应该指出, 无论是分析方法, 抑或具体应用, 古代 DNA 都还有许多不成熟之处, 需要我们认真、细心地探索和研究, 否则稍有不慎,

就可能导出错误的结论,甚至会贻笑大方。

DNA 简介

DNA 是脱氧核糖核酸的英文缩写,它基本上包括人类在内的所有生物的遗传信息载体。每个脱氧核糖核酸分子皆由碱基、脱氧核糖和磷酸组成,其碱基有四种,即 A、T、G 和 C。其中 A 与 T 配对,而 G 则与 C 配对,即所谓的碱基对(bp)。对于一切 DNA 分子而言,脱氧核糖和磷酸是相同的,但碱基的排列序列不同,正是这不同的碱基序列蕴含着不同的遗传信息。

动物和人的细胞内通常存在两种 DNA,一种是核 DNA(nDNA),主要构成染色体,另一种是线粒体 DNA(mtDNA),这里的线粒体是细胞产生能量的细胞器。前者只存在于细胞核中,每个细胞只有一份拷贝;而后者变化范围很大,从一千到一万,一个线粒体含一个 mtDNA 分子,所以 mtDNA 的数量很多,研究也十分深入。人类 mtDNA 基因组由 16569 个碱基对组成^[2],其标准序列已探明;而且 mtDNA 是单倍体,只由母系遗传,演化速度比 nDNA 快 5~10 倍。这些都给古代 DNA 研究带来了极大地便利。nDNA 中 Y 染色体只由父系遗传,这一点,也已应用于现代人类的研究工作中。目前,因提取技术尚未过关,故有关 Y 染色体古代 DNA 的报道不多,不过,其潜在的作用仍不可低估。其它古代 nDNA 的研究虽已有报道,但若人类基因组计划未能彻底完成或技术上未能取得重大突破,几乎是不可能广泛用于考古之中。目前,真正较为顺利地应用于考古研究中的是 mtDNA,除此之外,植物叶绿体中的 DNA 研究也已获得了初步成果。

材料及 DNA 保存

1985 年 PCR 技术出现以后,科学家才有可能从各种各样的古代遗留材料中大量提取 DNA。这些材料可分为两类:一类是生物材料,如人类的骨头、牙齿和动植物遗骸等;另一类是人类制作、加工或使用过的材料及其所附的残存物,如生活用品陶器内的残留物;作为艺术品的岩画之颜料;动物皮毛和石器上所附的残留物等。所有这些样品在考古发掘工地或博物馆藏品中比比皆是,唾手可得。

一般说来,人骨和牙齿是古代 DNA 研究的主要对象。人骨和牙齿结构较为稳定,经长期埋藏仍能保存 DNA。从人骨和人牙中提取出来的古代 DNA 通常可提供三个层面上的信息:1),个体及个体之间的遗传信息,如个体性别鉴定,直系亲属关系的鉴定等;2),群体内部的遗传信息,如亲缘和家族系统的鉴定等;3),群体之间的遗传信息,如进化顺序、演变先后等,它可为考古文化类型和聚落之间的关系提供依据。

以往的研究表明,生物死亡后,空气和水能分别导致 DNA 的氧化损伤和水裂解损伤,使 DNA 迅速降解。然而,当空气和水基本隔绝、盐浓度(生理盐水)适度、PH 值中性、温度较低(<15°C)时,古代 DNA 降解至 200 个 bp 左右的片段后便不再降解。这样,采用 PCR 技术,复制出距今约十万年的古代 DNA 应无特殊困难。检验古代 DNA 保存状况,确定提取古代 DNA 的可能性,通常采用以下两种方法:1),根据样品中氨基酸的保存状况和某些氨基酸外消旋作用的影响,如冬氨酸的右旋型与左旋型之比等^[3];2),样品高温气化后,利用气相色谱-质联用谱仪(GC/MS)检测碱基的氧化损伤程度。需要指出的是,后一方法似乎不一定准确^[4]。

样品处理、PCR 技术和数据处理

样品种类和来源的不同,其预处理工作也稍有不同。鉴于人骨样品是古代 DNA 研究的主要对象,这里仅对人骨样品的处理、PCR 扩增实验和有关数据处理作一简要介绍。

首先,尽可能选择骨腔壁较厚的骨头,如股骨、肋骨、腓骨等。制样时,需身穿消毒工作服,

手戴一次性手套, 在无菌环境下, 用牙钻仔细打磨样品表面, 去除污染部分, 然后将初步处理过的样品置于盛满液氮的研钵中, 经适度敲打成碎片, 并将之研磨成粉末状。取 1~1.5 克粉末样品, 用于 DNA 提取和 PCR 扩增。

将粉末骨样溶解于特定的提取液中提取 DNA 片段, 再将此 DNA 片段作 PCR 扩增。具体步骤如下: 1), 加热含有古代 DNA 的溶液, 使古代 DNA 分子变性, 解开其双链; 2), PCR 引物退火; 3), 在聚合酶作用下引物延伸; 4), 降温, 使古代 DNA 分子复性; 5), 按以上程序循环进行。这样, 在很短的时间内, 目标 DNA(古代 DNA)的数量将被扩增 105 倍以上, 使古代 DNA 的测序切实可行。

利用测序仪测定经扩增所得样品的 bp 序列, 采用相关计算机软件对测序结果进行处理, 并构建进化树。结合其他考古证据作综合分析, 给出一定的结论。这里的进化树有时也称为种系树 (Phylogenetic tree), 进化树枝条的长度表示进化距离, 其长度越短, 表明变异发生的时间越近, 这样, 整个进化树清晰地展示出不同样品间的演化关系。需要指出的是, 进化树构建的基础是统计学理论, 进化树本身只是对真实的进化关系作统计评估或者模拟。如果算法选择合适, 那么构建的进化树就会接近真实的“进化树”, 反之亦然。因此, 针对不同的序列对象需选择不同的软件。模拟所得的进化树也需采用一定的数学方法评估其真实程度, 目前, Bootstrapping 方法是用于这种评估的主要数学方法。

对于种属分析, 通常无需构建进化树, 而是将所得 DNA 序列和标准序列进行对照判断。这类分析常常应用于动植物的古代 DNA 研究, 它可给出古代先民是如何利用动植物的信息, 当然, 这必须建立在系统了解现代动植物的基础之上。

研究进展

古代 DNA 研究虽然开展不过近 20 年, 但取得成就不可小视。对考古学而言, 有人甚至认为会超过 14C 测年技术的影响。下文就六个方面对古代 DNA 研究在考古学领域的应用状况作一些简要介绍。

残留物的古代 DNA 研究, 比生物材料方面晚了近十年。然而, 由于其样品来源的特殊性, 如羊皮卷、鱼胶、陶器、石器、岩画等, 使我们获得了一个探索历史的新视野。德国某些科学家采用不同方法从陶器内有机残留物中提取古代 DNA^[5], 对其中的植物叶绿体 *rbcL* 基因运用 PCR 方法扩增, 再将 DNA 测序结果和标准序列作比照分析, 居然判断出它的种属是 *Martinella obovata*。这是一种类似爬山虎的攀缘植物, 其广泛分布于洪都拉斯到巴西一带。它所结的果实可以提炼出一种用作眼膏的药剂, 据说, 美洲印第安人至今仍在使用这种药剂。倘若如此, 其分析结果应有一定道理。

这些科学家还对一个所谓的香肠腿(Sausage End)作了分析, 据说, 这种香肠腿可能是史前先民用兽皮做的容器支脚。从靠近容器结合部的内表面刮下一点样品, 将最终测得的样品 DNA 序列和有关基因库作对照检索, 结果判断为鼠尾草属植物, 而且更接近于野生的鼠尾草, 由此推测当时人们可能采集这种植物为食。

众所周知, 胶水等粘合剂广泛应用古代书籍、绘画、乐器、泥塑和家具的裱装或制作之中。有科学家从古代明胶(用作胶粘剂和印刷油墨)和现代鱼胶中分别提取出 DNA^[6], 经比照分析, 发现这些古代明胶的制作原料之一鱼鳔, 取自于一种英文名为 *Rhodeus ocellaus* 的鱼, 而在此之前人们普遍认为明胶只能由鲟鱼的鱼鳔制作。显然, 这类古代 DNA 分析, 可以帮助我们确定某些

古代原料的种属和来源,深化甚至纠正我们关于这些古代原料加工工艺的认识。类似的从艺术品上提取出古代 DNA,并结合其他考古信息进行综合分析,对推测艺术品的制作工艺、制作地和交流路线等,同样能提供有益的启示。

尽管古代器物内残留物的种类和数量皆多不胜数,但并非所有样品都可作古代 DNA 分析。这里有一些先决条件,首先是材料的保存状况,若材料本身污染极为严重或有关目标 DNA 降解殆尽,则有关分析便成为无米之炊。其次是对有关材料的用途和使用方式要有足够的认识,对材料在使用过程中对目标 DNA 可能产生的影响也应有所了解。它将帮助你判断分析结果的可靠性或帮助你限定分析范围。例如,所分析的植物 DNA 应为食用植物还是药用植物,这一大前提明确了,分析的难度将大大降低。顺利指出的是,以往人们考虑古代的药用植物甚少,故有关药用植物的工作就目前而言,也许比食用植物更有意义。

化石缘自埋藏在地层中的古代生物的遗骸和遗物。谁能想到,人和动物的粪便化石,英语为 Coprolite,今天对它的研究居然成了一门学科,这门学科在考古上称为粪石学, Scatology。这里要注意的是,粪石学的研究对象不仅包括石化的生物排泄物,也包括尚未石化或部分石化的生物排泄物。事实上,生物排泄物在考古上大有用途。1),从粪化石的外表形态,可以判断出生物体的种类等;2),有时从人的粪化石中能发现动物的发、皮、碎骨和硬壳等,由此可判断先民的食谱;3),从粪化石包含物中提取的寄生虫卵等,可为古病理学研究提供重要的资料;4),从粪化石中提取的花粉,可作为古环境的依据;5),PCR 技术出现以后,可从古人类排泄物中提取 DNA,分析当时人类食谱中动物、植物的种类,特别是人类本身的 DNA。值得强调的是,其提取成功率甚至高于从人类遗骸中对古代 DNA 提取^[7]。

最先分析古人类排泄物 DNA 的是德国著名学者 Pabbo,他从美国德克萨斯州 Hind 洞穴遗址内距今至少 2000 年前的人类粪便中成功提取出了人的 mtDNA 以及三种动物(Pronghorn Antelope, Bighorn Sheep 和 Cottontail Rabbit)的 rDNA(rRNA-encoding DNA, 实验中依据核糖体 RNA 转录出来的 DNA)和八种植物的叶绿体 DNA,其中包括 *Liliales*, *Asteraceae*, *Ulmaceae*, *Fagaceae*, *Solanaceae*, *Fouquieriaceae*, *Cactaceae* 和 *Rhamnaceae* 等^[8],为了解当时人类的食谱和药用植物提供了丰富的信息。

去年我们对我国河南贾湖遗址进行第七次发掘时,没有发现人的粪便,可能是没挖到,也可能是腐烂严重以致无法识别了,还有一种可能是数量太少,而那时我们还未认识到它的重要性,结果失之交臂。不过这次发掘又出土了大量的狗粪便,如果当时狗已被驯化,以人们吃剩的食物为主要食物的话,那么狗的粪便中就可能含有当时人类食谱的信息。显然,这一工作值得尝试。

总的来说,人类粪便大多发现于干燥的山洞中。在我国,粪石学似乎还未开展,除缺乏认识外,样品来源的限制也是重要原因。今后,应注意沙漠和荒漠地带的遗址,或许会有新的发现。

迄今为止,古代人类的 DNA 的样品主要还是人骨和人的牙齿。一般说来,考古学家或人类学家对人骨分析的第一个问题可能就是性别鉴定。对于体质人类学而言,有很多人骨的关键部位可作性别鉴别,然而,有时保存条件太差,致使人骨的那些关键部位模糊不清,此时,若根据体质人类学方法,则已无法断定其性别,或者只能给出倾向性的意见,于是,唯借助于古代 DNA 分析,方可望明确鉴定其性别。

人骨容易腐蚀,而牙齿则不然,在地下埋藏几千乃至上万年也能保存完好,所以牙齿是性别鉴定的最佳对象。通常可从牙齿或人骨中提取与 X-Y 染色体同源的 Amelogenin 基因进行 PCR

扩增, 再根据 DNA 电泳结果来判断男女。德国科学家曾进行过这一类研究^[9], 他们选取了 12 个古代个体, 时间跨度从 BP4 000 到 BP 7000, 每个个体选取三个样品, 既有牙齿也有骨头。有关实验结果表明, 除三个样品没有复制出目标基因外, 所有相同个体样品的性别鉴定结果都一致, 其与之前的体质人类学判断也完全相同, 从而表明此方法是可信的, 应能应用于未知性别的鉴别。顺便指出, 这种鉴定方法在某种程度上也可用于检验古代 DNA 提取的可靠性。如果其与体质人类学的判断不一致, 则意味着古代 DNA 的提取有问题。当然, 古代 DNA 提取的可靠性, 关键还在于结果的重复性。由于青春期之前男女骨骼的差别不明显, 难以运用体质人类学方法来鉴别性别, 这样, 古代 DNA 方法对婴儿和少年的性别鉴定就尤其显得重要。

古代社会的人们往往聚族而居, 死后也埋在共同的墓地之中。这一传统至今在许多不甚发达的农村依然存在。远古时期的聚落里, 人们一般皆按血缘聚集在一起生活和劳动。一般说来, 考古学家判断史前或历史时期遗址里墓主人在家族中的地位, 主要依据随葬品的多寡和贵贱。例如, 山西省天马-曲村遗址晋侯墓群发现后, 考古学家原以为根据铭文中的人名应能准确地判断墓主人, 但实际情况并非那么简单^[10]: 一是出土名号与《史记》记录不完全吻合, 二是有的墓竟出土的铜器铭文中有多个人名。这就给断定墓主人的身份及其在家族中的地位, 带来了极大的困难。有人建议用人骨做 ^{14}C 测年, 但其精度通常大于 +20~30 年, 以这样的精度显然无法构建各墓的相对时序。要想解决这一难题, 恐怕还需仰仗古代 DNA 方法。我们知道, Y 染色体与父系遗传相关, 若采用专用软件按 Y 染色体 DNA 数据来构建各种可能的家族系统, 由非 DNA 的证据给出先验判断, 再通过不同 DNA 的深入分析最终给出后验判断, 这就是所谓共享软件的基本原理 Familias(www.nr.no/familias)^[11]。国外有科学家对沙皇尼古拉二世的遗骸做 mtDNA 分析, 然后用该软件探索其与尼古拉二世有亲属关系的欧洲其他王室的 DNA 的关系, 以此来判断遗骸的真假, 即判断此人的 DNA 是否出现在家族进化树上。

历史时期的古代 DNA 工作应能检验方法的正确性和可靠性, 而史前时期因没有文字记载, 埋葬顺序又不清晰, 故有关 DNA 分析工作往往更集中于聚落中族群的分类。众所周知, 聚落由单一家族组成, 抑或由两个或更多家族组成, 其统治阶层和被统治阶层, 同属一个家族, 还是分属不同家族, 探明这些具体问题, 具有重要的考古学意义。吉林大学考古 DNA 实验室关于河北姜家梁遗址的人骨 mtDNA 分析即属于这类工作, 依据构建的进化树, 他们认为该处聚落的社会结构不同于母系氏族社会^[12]。

古代社会尽管交通不发达, 但人员、物质的交流其实很频繁, 研究各个文化之间的承继、交流关系是考古学家的重要任务。以往主要依据陶器、石器(含玉器)等器形、微量元素组成的异同以及一些风俗习惯(如拔牙)来判断不同文化间是否存在承继、交流关系。现在, 古代 DNA 分析在这一领域应能发挥更有效的作用。

日本先民和亚欧大陆先民的关系一直是考古学和人类学的研究热点之一。日本旧石器和新石器交际时, 主要由弥生文化取代绳纹文化, 与之相关的日本先民具有不同的人种, 按体质人类学从骨骼上就可看到差异。当然, 他们的差别主要来自社会经济结构, 即前者以采集经济为主, 后者以农业经济为主。遗址发掘时, 只要发现稻谷残骸或水稻硅酸体, 就可将该遗址定为弥生文化, 否则为绳纹文化。弥生文化的时代大约从 200B.C 至 200A.D, 我国山东省临淄市 YIXI(音)遗址的时代与之相当, 大约从 206B.C-220A.D, 即两汉时期。日本科学家对选自 YIXI 遗址的骨骼和牙齿样品进行了 mtDNA 测序, 并和不同地区的现代人 mtDNA 作了的比照分析, 认为 YIXI 人

在遗传距离上,和中国台湾省的汉族人群最接近^[13],与现在的蒙古人、日本人和韩国人也比较接近,而与现在的日本阿伊努人和琉球人相差较远,与阿伊努人的祖先绳纹人及琉球人的祖先弥生人则相差更远。依据骨骼形态学特征和其它有关资料分析,当日本先民的文化由绳纹开始向弥生转变之际,即距今二千三百年左右,东亚大陆和日本列岛之间曾发生过相当规模的移民,因而东亚大陆移民(即“渡来人”)的基因应该在当今日本人的 DNA 中有所体现。这些人可能来自朝鲜半岛,也可能直接来自我国山东半岛或长江下游,因此, YIXI 遗址 mtDNA 分析的结果是可以解释的。

我国考古学家经过几代人的努力,业已构建成中国考古文化区系理论的基本框架,诸种文化类型的先后顺序和相互关系也已基本捋清,但文化之间的动态交流研究尚处于起步阶段,如上所述,仅凭陶器、玉器或其他器物的有关信息来探索不同文化间的承继、交流关系,似乎难以担此重任。比如某个远古方国,在其疆域之外建立了与贸易、军事相关的驿站、封地和殖民地等,依靠该地区的经济条件来维持生计,并由当地的土著人负责后勤补给,对于这一具体情况,若仅根据陶器器形和人骨形态来判断文化间的交流,其难度之大,可以想象。当然,采用锶同位素比值分析,应能判断分析对象是否本地人,甚至能揭示其来自何处,但要有一个前提,即此人系成年后才来到这里驻守的。然而,如果采用古代 DNA 分析,则不仅能揭示其来自何方,原则上还可以判断其来自哪个文化。不过,这里也有一个前提,即事先需初步建成中国史前人的 DNA 数据库。有关这一方面的工作实际上属于人的个体断源问题,是十分重要的。

毫无疑问, mtDNA 研究成果最具有影响力的莫过于现代人类非洲单一起源说了。这一理论的立足点在于: 1), mtDNA 母系遗传; 2), mtDNA 的突变和时间成正比。这样,相同母亲的直接后代具有相同的 mtDNA,即一种类型。经过一定时间后,由第 n 代女儿传下的后代中,将有两种类型 mtDNA。再经过相同时间,自第 $2n+1$ 代始,将会出现四种类型 mtDNA。依此类推,直至衍生出现代人类所具有的各种 mtDNA 类型。而这一理论的主要内容: 1), 现代人类的 mtDNA 类型起源于单一母性祖先,即所谓的“夏娃”; 2), “夏娃”生活在非洲,因为从非洲提取出来的现代 mtDNA 类型最多,说明其衍变时间最长; 3), “夏娃”生活在距今约 20 万年前,对此,考古学证据也表明那一段时间内确有人类走出非洲; 4), 走出非洲的人类逐渐取代了当地人类,或者当地人类的 mtDNA 并没有遗传下来^[14]。这个学说提出来以后,遭受到了很多批评,但似乎越来越成为主流认识,中国学者通过研究现代人 Y 染色体的变异程度,也倾向于支持这一学说^[15]。尽管如此,这个学说远未能成为定论。首先 mtDNA 突变的速率是否恒定有待商榷和验证,其次,抽样数量仍嫌不够,抽样的范围也太小,未能充分考虑基因交流和基因漂移的影响。不过我们不能不看到,科学家根据 mtDNA 分析,对欧洲史前的尼安德特人(BP30,000)不是现代人类的直系祖先,而是现代人类的旁系远亲的证明^[16],这一点还是得到基本公认的。

顺便指出,中国从一万年至今都有比较清晰的文化发展序列,各个时期都有重要的遗址发现,中国家谱的历史源远流长,这些都为探索人类起源提供了得天独厚的条件。若有组织地开展系统研究,则可望在 mtDNA 突变速率和 mtDNA 遗传规律上获得更准确的认识。

综上所述,目前的古代 DNA 研究,大致可划分为六个领域: 1), 残留物中古代 DNA 提取和分析,可以提供器物用途和制作工艺等方面的信息; 2), 生物排泄物的 DNA 分析,可反映古代先民的食谱、病理和生态环境等多方面的信息,鉴于其较高的 DNA 提取成功率,应予以足够的重视; 3), 牙齿和骨骼的古代 DNA,可以获取个体信息,此外,利用动植物的古代 DNA 来研究

它们的起源、传播、驯化和在进化树上的位置,也可纳入这一范畴; 4), 同一遗址内人群的 DNA 分析, 可以获取群体内部信息, 进而可构建家族谱系, 判断社会性质等; 5), 结合其他考古证据和科技手段, 研究文化之间的动态交流; 6), 结合现代人的 mtDNA 数据, 研究人类起源、演化、变异和迁移的历史过程。

存在问题

任何技术都存在缺陷, 古代 DNA 分析也不能例外。首先是古代 DNA 分子的降解, 使得其模板改变, 致使 PCR 扩增困难, 换言之, 提取成功率较低。它不象元素分析, 一个样品肯定能得出一组数据。

其次, PCR 扩增过程中, 容易受现代人类 DNA 的污染, 造成扩增对象错误, 这是因为 PCR 的灵敏度太高。更何况即使没有污染, PCR 本身的运行过程也可能对结果产生干扰。需要补充说明的是, 研究动植物的古代 DNA, 虽然现代人类 DNA 不会对它产生污染, 但 PCR 引物的设计仍可能产生“污染”。同样, 对于古代人类的 DNA, 动植物 DNA 的污染也不会产生干扰。

第三, 提取出来的古代 DNA 要经过甄别, 实验结果具有重复性是比较有说服力的。但用系统发育分析来进行数据甄别可能是最有效并且最可靠的方法。像以前名噪一时的从恐龙蛋中提取古代 DNA, 实际上就是首先用计算机软件 sequencer2.1 分析认为结果不可靠, 有部分 DNA 可能来源于高等植物^[17]。当然也有可能是软件的缺陷, 但这个可能性相对来说就很小了, 更何况软件本身已经过很多验证。

结语

尽管古代 DNA 分析有这样那样的缺陷, 但作为兴起不足 20 年的新手段, 它已经给考古学带来了冲击, 它为我们提供了一个重新审视古代历史的新视角, 使以前一些争论不休的问题可望迎刃而解, 从而更充分、更深刻地了解人类自身及其社会发展的过程, 并探索其规律。

技术的突破引发学科的繁荣, 这应该是科学发展的规律。当代考古不用 14C 年代测定已经是难以想象的, 而将来的考古发掘和室内研究若不做 DNA 分析, 恐怕更加难以想象的。随着技术的发展, 实验成本的降低, 古代 DNA 分析将会真正融入考古研究之中, 甚至成为考古学不可或缺的重要组成部分。

另一方面也要看到, 技术若离开应用, 必将失去它应有的价值。古代 DNA 技术只有放在考古学的大框架中才能发挥其重要的作用。当然, 古代 DNA 分析技术绝不是万能的, 它不能排斥或取代传统考古学的方法与其他科技手段, 恰恰相反, 只有充分结合考古学和其它科技考古学方法, 它才能真正给出令人信服的考古学结论。

最后, 我们想强调的是, 古代 DNA 不应仅仅看作一种技术手段, 而更应该看作一种文化遗产。如上所述, 它可以帮助我们更深层次地认识古代历史, 解决各种历史难题, 捋清人类演化的历程以及人类在自然界中的地位, 达到强化自我意识的作用, 而这不正是文化遗产的作用吗? 古代样品出土以后, 保藏条件至关重要, 对文物而言, 需通风良好、温度和湿度适宜等。而对古代 DNA 则不然, 它最忌讳这种环境。因此, 应该重视古代 DNA 保存环境的研究。与此同时, 还应抓紧时间对其进行分析, 否则, 其所携带的隐含信息就将永远消失。总之, 应该将古代 DNA 视为文化遗产, 而认真开展古代 DNA 分析及其保存条件的研究, 已刻不容缓。

(下接第 5 页)

而且这里万年以来的古人类材料非常丰富。只有首先建立起中国文明主体的遗传基因标尺,再进行边疆地区和少数民族的基因分析时,才有对比的依据。理清其间错综复杂的瓜葛,对中华民族的远古历史研究具有重大意义,甚至可能重写中华文明史。

现在,复旦大学现代人类学研究中心已经成立,这是我国人类学领域中的一件大事,表明分子人类学已经成为我国人类学研究中一支生力军。相信以此为契机,将推动我国人类学、考古学、历史学、民族学、语言学等各学科研究的进一步深入发展,将我国的人类学研究推进到一个新的境界。

参考文献:

- ① 吉林大学考古 DNA 实验室,河北阳原县姜家梁遗址新石器时代人骨 DNA 的研究,考古,2001 年第 7 期。
- ② Rebeccal L. Cann, Mark Staneking & Alan C. Wilson, Mitochondrial DNA and human evolution, *Nature*, vol 325, pp, 31--35, 1987
- ③ 刘武、叶健, DNA 与人类起源和演化——现代分子生物学在人类学研究中的应用,人类学学报, Vol 14 No. 3, Aug. 1995.
- ⑤ Francisco J. Ayala, Association Affairs The Myth of Eve: Molecular Biology and Human Origins :F. J. Ayale, *Science*, Vol 255 pp. 737—739, 1992.
- ⑥ Michael Hammer, A recent common ancestry for human Y chromosomes, *Nature*, Nov 23:378(6555):376—378, 1995.

(上接第 12 页)

参考文献:

- [1] Höss M, Jaruga P, Zastawny TH, Dizdaroglu M, Pääbo S. DNA damage and DNA sequence retrieval from ancient tissues[J]. *Nucl Acids Res* 1996,24:1304-1307.
- [2] Cann RL, Stoneking M, Wilson AC. Mitochondrial DNA human evolution [J]. *Nature*, 1987, 325:31-36.
- [3] Poinar HN, Höss M, Bada JL, Pääbo S. Amino acid racemization and the preservation of ancient DNA[J]. *Science*, 1996, 272, 864-866. **Presents amino-acid analysis as a tool to substantiate claims that DNA can (or cannot) survive in ancient organic remains.**
- [4] Poinar HN, Stankiewicz B A. Protein preservation and DNA retrieval from ancient tissues[J]. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 1999, 96, 8426-8431.
- [5] Joachim Burger, Susanne Hummel, Bernd Herrmann. Palaeogenetics and cultural heritage: Species determination and STR-genotyping from ancient DNA in art and artifacts[J]. *Thermochimica Acta*, 2000, 365 :141-146.
- [6] Hodgins G, Desalle R, McGlinchey C. Conference Ancient DNA III[C]. Oxford. July 1995.
- [7] Hendrik N, Poinar, Melanie Kuch, et al. A molecular analysis of dietary diversity for three archaic Native Americans[J]. *PNAS*, 2001, 98(8): 4317-4322.
- [8] 同上。
- [9] Meyer E, Wiese M, Bruchhaus H, Claussen M, Klein A. Extraction and amplification of authentic DNA from ancient human remains[J]. *Forensic Science International*, 2000, 113:87-90.
- [10] 徐天进. 晋侯墓地的发现与研究现状[A]. 北京大学考古学系, http://www.pku.edu.cn/academic/archeology/center/structure/main_3/h/2.html
- [11] Egeland T, Mostad PF, Mevag B, Stenersen M. Beyond traditional paternity and identification cases Selecting the most probable pedigree[J]. *Forensic Science International*, 2000, 110:47-59.
- [12] 吉林大学考古实验室. 河北阳原县姜家梁遗址新石器时代人骨 DNA 的研究[J]. 考古, 2001(7):74-80.
- [13] Oota Hiroki, Saitou Naruya, Matsushita Takayuki, Ueda Shintaroh. Molecular Genetic Analysis of Remains of a 2,000-Year-Old Human Population in China—and Its Relevance for the Origin of the Modern Japanese Population[J]. *Am. J. Hum. Genet.*, 1999, 64:250-258.
- [14] 刘武, 叶健. DNA 与人类起源和演化——现代分子生物学在人类学研究中的应用[J]. 人类学学报, 1995, 14(3).
- [15] Ke Yuehai, Su Bing, Song Xiufeng, et al. African Origin of Modern Humans in East Asia: A Tale of 12,000 Y Chromosomes[J]. *SCIENCE*, 2001, 292.
- [16] Höss Matthias. Neanderthal population genetics[J]. *NATURE*, 2000, 404.
- [17] 杨洪. 古代 DNA 序列的分析与甄别[J]. 古生物学报, 1995, 34(6).