

[文章编号] 1000-1832(2007)04-0121-06

# 拓跋鲜卑与四个北方少数民族 间亲缘关系的遗传学分析

于长春<sup>1,2,3</sup>, 谢力<sup>1</sup>, 张小雷<sup>1</sup>, 周慧<sup>1,2</sup>, 朱泓<sup>1</sup>

(1. 吉林大学边疆考古中心考古 DNA 实验室, 吉林 长春 130012;

2. 吉林大学生命科学学院大分子实验室, 吉林 长春 130023;

3. 吉林师范大学生命科学学院, 吉林 四平 136000)

**[摘要]** 为了从整体上了解拓跋鲜卑的遗传多态性及其对中国北方少数民族起源的影响, 对 33 例东汉到魏晋时期的拓跋鲜卑遗存的线粒体 DNA 进行了遗传学分析. 结合已发表的中国北方少数民族的数据, 在遗传多态性、单倍型组分布状态、Fst 遗传距离、系统发育和多尺度分析等方面, 对拓跋鲜卑和四个北方少数民族(鄂伦春、鄂温克、达斡尔和蒙古)之间的亲缘关系进行了探讨. 结果表明: 在多态性方面, 拓跋鲜卑表现为与北亚类型具有相似性; 在和北方少数民族的亲缘关系上, 拓跋鲜卑首先表现出与鄂伦春人之间有更近的亲缘关系, 其次是蒙古人、鄂温克人, 再次是达斡尔人.

**[关键词]** 拓跋鲜卑; 线粒体 DNA; 遗传多态性; 单倍型组; 系统发育分析

**[中图分类号]** Q 982<sup>+</sup>.1

**[学科代码]** 180 6710

**[文献标识码]** A

拓跋鲜卑是中国历史上第一个入主中原的古代北方游牧民族, 它所建立的北魏王朝统一了中国的北部, 把广大的北方草原游牧区和黄河流域传统的农耕区置于同一政权之下, 开创了游牧文化与农耕文化融合的先河, 为中华民族多元一体化格局的形成做出了重大贡献的. 拓跋鲜卑早期的历史, 尤其是 4 世纪以前的情况, 由于史料缺乏, 给后人留下了诸多疑问, 例如拓跋鲜卑的起源、与东部鲜卑的遗传关系、与当代北方少数民族起源的关系等等<sup>[1-3]</sup>. 幸运的是, 古代 DNA (ancient DNA, aDNA) 技术的建立, 使人们获取古代样本的遗传信息成为可能. 这样, 人们可以突破时间和空间的障碍, 重建古代人群之间以及古代与现代人群之间的遗传关系. 拓跋鲜卑在其漫长的南迁过程中, 留下了的不同时期的墓葬群, 为分析拓跋鲜卑的遗传多态性, 构建拓跋鲜卑与现代人群之间的遗传关系提供了大量的古代样本.

线粒体 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA) 因其独特的遗传特性, 如拷贝数高、母系遗传、缺乏重组、进化速率高和突变速率快等, 而成为 aDNA 和群体遗传学研究的理想遗传标记. 通过对 mtDNA 编码区的限制性片段的多态性和控制区内高可变序列, 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的起源、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<sup>[4-9]</sup>. 本研究在完成了 16 例拓跋鲜卑遗存 mtDNA 遗传学分析的基础上<sup>[10]</sup>, 又对 17 例来自内蒙古商都东大井墓地东汉时期的拓跋鲜卑遗存进行了遗传学分析. 以此 33 个 mtDNA 数据为依据, 探讨了拓跋鲜卑和当代中国北方少数民族之间的遗传关系.

**[收稿日期]** 2007-04-28

**[基金项目]** 国家基础学科人才培养基金资助项目(J0530184); 教育部科学技术重大项目(00-07).

**[作者简介]** 于长春(1964-), 男, 博士研究生, 副教授; 周慧(1954-), 女, 博士, 教授, 博士研究生导师, 主要从事分子进化研究.

1 材料与方法

1.1 样本

22 例内蒙古商都东大井墓地拓跋鲜卑遗存股骨样本,由内蒙古考古研究所魏坚博士提供. 骨样本具有良好的形态学和组织学结构.

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,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

为了比较拓跋鲜卑和北方少数民族之间的遗传关系,数据分析过程中,除了达斡尔(Daur,Dau),鄂伦春(Oroqen,Oro),鄂温克(Ewenki,Ewe)以及内蒙人(Inner Mongolian,IM)外,还引用了如下相关人群的数据:布里亚特(Buryats,Bur)<sup>[9]</sup>,埃文基(Evenks,Eve)<sup>[11]</sup>代表北亚人群(North Asian,NA);朝鲜族人(Korean,Kor)<sup>[12]</sup>,日本人<sup>[13]</sup>代表东亚人群(East Asian,EA);哈萨克(Kazakh,Kza)<sup>[14]</sup>,乌兹别克(Uzbek,Uzb)<sup>[15]</sup>代表中亚人群(Central Asian,CA);土耳其(Turkey,Tur)<sup>[16]</sup>代表欧亚大陆交界人群;南方汉族(Southern Han,SH,湛江汉族和武汉汉族),北方汉族(Northern Han,NH,青岛汉族和凤城汉族)<sup>[17]</sup>.

序列比对和编辑用 Clustal X 1.83 软件完成. 因为一些被引用人群的序列长度为 360 bp,相对剑桥标准序列(CRS)的位置是 16039—16398,所以,本分析所取序列长度为 360 bp(16039—16398). 遗传多态性、平均碱基配对差异和 Fst 遗传距离利用 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)通过 Mega 3.0 软件完成;多维度(multidimensional scaling,MDS)分析通过 SPSS 12.0 软件包完成.

2 结果

2.1 遗传多态性

本研究从 22 例拓跋鲜卑样本中获得了 17 例个体的 mtDNA HVS-I (16039—16398)序列. 连同文献[10]的 16 个数据,本研究共用序列 33 个,编号为 TBXB01~TBXB33,其中 TBXB01~TBXB16 来自文献[10]. 与 CRS 相比,33 个鲜卑序列共检出 38 个突变位点(转换 37 个,颠换 1 个),界定了 25 种单倍型,其中 TBXB01 与 TBXB16,TBXB2 与 TBXB10,TBXB4 与 TBXB29,TBXB8 与 TBXB12、TBXB21,TBXB32 与 TBXB33,TBXB18 与 TBXB19 分别共享相同的单倍型. 其 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) (见图 1). 遗传多态性分析表明,鲜卑的序列多态性为 0.973 5,核苷酸多态性为 0.018 596,平均碱基配对差异为 6.155 303 (见表 1).

表 1 拓跋鲜卑和被比较人群的遗传多态性与中性检验

| 人群   | 样本量/例 | 序列多态性   | 核苷酸多态性    | 平均碱基配对差异  | Fu 检验       | Tajima's D 检验 |
|------|-------|---------|-----------|-----------|-------------|---------------|
| 拓跋鲜卑 | 33    | 0.973 5 | 0.018 596 | 6.155 303 | - 14.620 96 | - 1.300 81    |
| 北亚人群 | 115   | 0.952 7 | 0.016 573 | 5.485 736 | - 25.273 57 | - 1.655 10    |
| 内蒙蒙族 | 48    | 0.997 1 | 0.020 170 | 6.676 318 | - 24.920 94 | - 1.949 71    |
| 达斡尔  | 45    | 0.977 9 | 0.018 475 | 6.115 171 | - 16.599 90 | - 1.770 63    |
| 鄂伦春  | 44    | 0.943 1 | 0.018 692 | 6.186 992 | - 3.619 740 | - 1.105 73    |
| 鄂温克  | 47    | 0.955 6 | 0.020 743 | 6.865 865 | - 3.824 861 | - 1.180 48    |
| 东亚人群 | 116   | 0.983 4 | 0.015 773 | 5.222 639 | - 25.359 75 | - 0.121 26    |
| 北方汉族 | 101   | 0.997 2 | 0.021 475 | 7.108 154 | - 24.673 77 | - 1.909 21    |
| 南方汉族 | 71    | 0.999 2 | 0.023 307 | 7.714 688 | - 24.894 35 | - 0.076 3     |
| 中亚人群 | 96    | 0.990 1 | 0.018 44  | 6.106 579 | - 25.160 06 | - 1.991 24    |
| 土耳其人 | 44    | 0.993 7 | 0.016 112 | 5.332 981 | - 25.444 68 | - 2.012 18    |

| 标准序列   |                    | 突变位点       |                |            |          | 限制性位点 |      |       |       | 单倍型组 |
|--------|--------------------|------------|----------------|------------|----------|-------|------|-------|-------|------|
| 与      | 样本                 | 1111111111 | 1111111111     | 1111111111 | 11111111 | Hbal  | Alul | Ddel  | Alul  |      |
|        |                    | 6666666666 | 6666666666     | 6666666666 | 66666666 |       |      |       |       |      |
|        |                    | 0111111111 | 1111222222     | 2222222223 | 33333333 |       |      |       |       |      |
|        |                    | 9022357777 | 8858111123     | 3445788991 | 12445556 |       |      |       |       |      |
|        |                    | 3469601215 | 3479347832     | 4595478081 | 97461672 | 4831  | 5176 | 10394 | 10397 |      |
| CRS    | TCTGTCATCA         | ACCTGCTCCC | CCTGGCTCTT     | GCCGATT    |          |       |      |       |       |      |
| TBXB01 | C.....T            | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB16 | C.....T            | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB05 | .....T..A..T       | .....T     | ...AA...C      | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB18 | .....T             | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB19 | .....T             | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB26 | .....T             | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB09 | ...A.....T         | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB25 | .....TC.T.T        | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB02 | C.....T            | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB10 | C.....T            | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB20 | C.....TT           | .....T     | .....C         | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB15 | C.....C..C..T      | .....T     | .....A..C      | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB28 | C.....G..C..T      | .....T     | .....G..C      | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB23 | C.....C..C..T      | .....T     | .....C..C      | .....C     | -        |       | +    | +     | D     |      |
| TBXB07 | ..C...C.....T      | .....T     | .....C         | .....C     |          |       | +    | +     | n.d.  |      |
| TBXB27 | .....C.....T       | .....T     | .....C         | .....C     | +        |       | +    | +     | G     |      |
| TBXB04 | C.....T.....T      | .....T     | .....CC.T      | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB29 | C.....T.....T      | .....T     | .....CC.T      | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB11 | C.....T.....T      | .....T     | .....C.C.T     | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB03 | .....G.....T       | .....T     | .....C.T       | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB22 | .....G.....T       | .....T     | .....C.TT..C   | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB08 | ...A.....T         | .....T     | .....C.AT      | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB12 | ...A.....T         | .....T     | .....C.AT      | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB21 | ...A.....T         | .....T     | .....C.AT      | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB32 | ...A.....T         | .....T     | .....C.AT      | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB33 | ...A.....T         | .....T     | .....C.AT      | .....      |          | +     | +    | +     | C     |      |
| TBXB06 | .T.....T           | .....T     | .....T.A.....C | .....C     |          | +     | -    | -     | A     |      |
| TBXB17 | .....T.....T       | .....T     | .....T.A.....C | .....C     |          | +     | -    | -     | A     |      |
| TBXB30 | .....T.....T       | .....T     | .....T.A.....C | .....C     |          | +     | -    | -     | A     |      |
| TBXB31 | .....T.....T       | .....T     | .....T.A.....C | .....C     |          | +     | -    | -     | A     |      |
| TBXB13 | ...C.....C..C..CT  | .....T     | .....          | .....      |          | +     | -    | -     | B     |      |
| TBXB14 | ...C.....C..C..C   | .....T     | .....C         | .....      |          | +     | -    | -     | B     |      |
| TBXB24 | ...T.....C..C..T.C | .....T     | .....C         | .....      |          | +     | -    | -     | B     |      |

图 1 拓跋鲜卑 mtDNA 高可变 I 区、编码区限制性位点及单倍型组分布

2.2 单倍型组状态

根据 Wallace 等的研究结果,亚洲蒙古人群的单倍型组状态主要表现为 A、B、C、D、E、F 和 G<sup>[18]</sup>。本研究分析了鲜卑和 11 个相关人群的单倍型组状态(见表 2),结果表明,拓跋鲜卑和鄂伦春、鄂温克、达斡尔、蒙古等 4 个北方少数民族人群都主要表现为典型的亚洲单倍型组类型,但拓跋鲜卑和鄂伦春、鄂温克更接近。

表 2 拓跋鲜卑和 11 个被比较人群的单倍型组分布频率 %

| 单倍型组 | 拓跋鲜卑<br>N = 23 | 达斡尔<br>N = 45 | 鄂伦春<br>N = 44 | 鄂温克<br>N = 47 | 朝鲜族<br>N = 48 | 内蒙古族<br>N = 48 | 布里亚特人<br>N = 126 | 雅库特人<br>N = 117 | 南方汉族<br>N = 72 | 北方汉族<br>N = 101 | 乌兹别克人<br>N = 58 |
|------|----------------|---------------|---------------|---------------|---------------|----------------|------------------|-----------------|----------------|-----------------|-----------------|
| D    | 39.13          | 24.4          | 43.1          | 31.9          | 33.3          | 39.6           | 19.9             | 28.9            | 11.1           | 29.7            | 22.4            |
| C    | 30.43          | 6.7           | 29.5          | 19.1          |               | 6.3            | 15.9             | 38.5            | 2.8            | 1.0             | 1.7             |
| A    | 19.39          | 2.2           | 4.5           | 4.3           | 14.6          | 8.3            | 7.1              | 1.7             | 9.7            | 5.0             |                 |
| B    | 8.69           | 15.6          | 2.3           | 10.6          | 10.5          | 10.5           | 3.6              |                 | 19.4           | 13.9            |                 |
| 其他   | 6.25           | 54.1          | 20.6          | 34.1          | 41.6          | 35.3           | 54.1             | 30.9            | 57             | 50.4            | 85.9            |

2.3 遗传距离分析

遗传距离越小亲缘关系越近。拓跋鲜卑与鄂伦春、鄂温克、达斡尔和蒙古族等人群间的 Fst 遗传距离及其 Fst 的显著性分析(P = 0.05,见表 3)分别是:0.014 93,0.033 92,0.050 34 和 0.024 52。拓跋鲜卑与鄂伦春人之间的 Fst 遗传距离最近,其次是蒙古族、鄂温克和达斡尔。

2.4 系统发育分析

系统发育树也可以很好地反映出人群间的亲缘关系<sup>[9]</sup>。本研究采用 Neighbor-Joining 法构建了如图 2 所示的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。在系统树上,拓跋鲜卑首先表现

出与鄂伦春族之间更近的亲缘关系,其次是鄂温克族、蒙古族和达斡尔族.同时在系统树上还能看出,拓跋鲜卑和北亚人群也有很近的遗传关系.

表 3 人群间 Fst 遗传距离(对角线下)和 Fst P 值显著性水平(对角线上)

| 人群   | 拓跋鲜卑     | 北亚人群     | 内蒙古族     | 达斡尔      | 鄂伦春      | 鄂温克      | 东亚人群     | 北方汉族     | 南方汉族     | 中亚人群     | 土耳其人     |
|------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| 拓跋鲜卑 | 0.000 00 | +        | +        | +        | +        | +        | +        | +        | -        | +        | +        |
| 北亚人群 | 0.031 66 | 0.000 00 | +        | +        | +        | +        | +        | +        | +        | +        | +        |
| 内蒙古族 | 0.024 52 | 0.016 41 | 0.000 00 | +        | +        | +        | +        | +        | +        | +        | +        |
| 达斡尔  | 0.050 34 | 0.030 22 | 0.007 16 | 0.000 00 | +        | +        | +        | +        | +        | +        | +        |
| 鄂伦春  | 0.014 93 | 0.013 44 | 0.025 64 | 0.037 28 | 0.000 00 | +        | +        | +        | +        | +        | +        |
| 鄂温克  | 0.033 92 | 0.026 16 | 0.013 69 | 0.012 10 | 0.031 92 | 0.000 00 | +        | +        | +        | +        | +        |
| 东亚人群 | 0.047 32 | 0.035 33 | 0.017 29 | 0.025 90 | 0.041 36 | 0.037 70 | 0.000 00 | +        | +        | +        | +        |
| 北方汉族 | 0.034 68 | 0.034 73 | 0.005 70 | 0.005 31 | 0.029 50 | 0.017 95 | 0.015 98 | 0.000 00 | +        | +        | +        |
| 南方汉族 | 0.065 44 | 0.074 06 | 0.025 60 | 0.020 66 | 0.058 47 | 0.035 65 | 0.054 98 | 0.011 31 | 0.000 00 | +        | +        |
| 中亚人群 | 0.071 14 | 0.051 65 | 0.013 41 | 0.022 50 | 0.065 17 | 0.025 59 | 0.042 55 | 0.018 92 | 0.027 74 | 0.000 00 | +        |
| 土耳其人 | 0.155 63 | 0.121 79 | 0.064 93 | 0.077 53 | 0.145 85 | 0.069 70 | 0.123 26 | 0.071 97 | 0.071 51 | 0.020 46 | 0.000 00 |

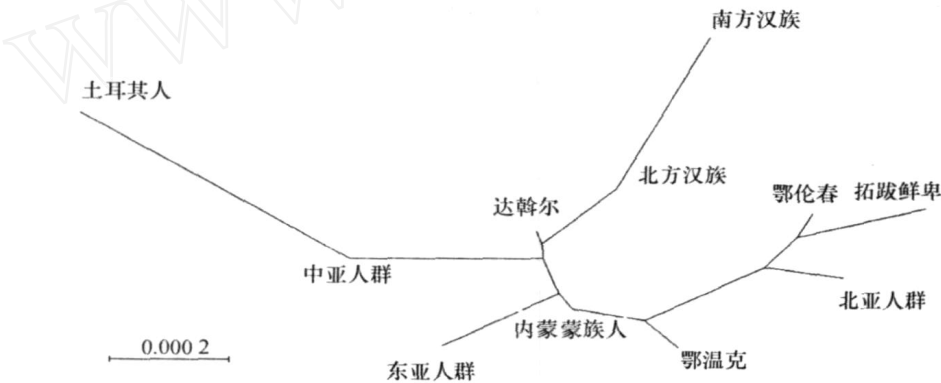


图 2 拓跋鲜卑和10个被比较人群的无根 Neighbor-Joining( NJ) 树

2.5 多维度分析

多维度分析可以很好地反映人群间 mtDNA 的相似性与非相似性,而且 Fst 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<sup>[14]</sup>.本研究利用 SPSS 12.0 统计分析软件包对拓跋鲜卑相关人群进行了基于 Fst 距离和净遗传距离多维度分析,结果见图 3.图 3 中各个人群的分布与系统发育树所反映的信息十分相似.在一维和二维尺度上,拓跋鲜卑都首先和鄂伦春人聚类在一起.

3 讨论

古代 DNA 研究所面临的最大的挑战是所得 DNA 序列的真实性问题.在过去 20 多年的 aDNA 研究中,分子生物学家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<sup>[19-20]</sup>.另外,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 也是至关重要的<sup>[21-23]</sup>.商都东大井墓地位于内蒙古高原南部,阴山北麓,平均海拔 1 400 m,气候属于中温带半干旱大陆性气候,春季干旱多风,夏季干燥少雨,秋季早寒易冻,冬季寒冷,年平均气温 3.1℃这样的环境条件是 aDNA 得以保存的前提.本研究是严格按照 aDNA 的操作程序来进行 aDNA 骨粉的制备、提取以及 PCR 扩增的.每个样本都进行了两次以上的抽提、扩增和测序,并且每个抽提和扩增都设空白对照,结果为阴性.所获得的序列均与相关操作人员的序列进行了比较,未见同样的序列.因此,可以确信所获得的古样本 DNA 的序列是真实的拓跋鲜卑的 DNA 序列.

本研究的主要目的就是通过对两个墓地拓跋鲜卑遗存 mtDNA 的遗传学分析,从整体上了解拓跋鲜卑遗传多态性的全貌,进而分析拓跋鲜卑是否对当代北方少数民族的形成具有遗传学方面的贡献.根据 Pakendorf 等<sup>[6]</sup>和 Comas 等<sup>[14]</sup>的研究,拓跋鲜卑的遗传多态性位于中亚大草原人群和西伯利亚(北

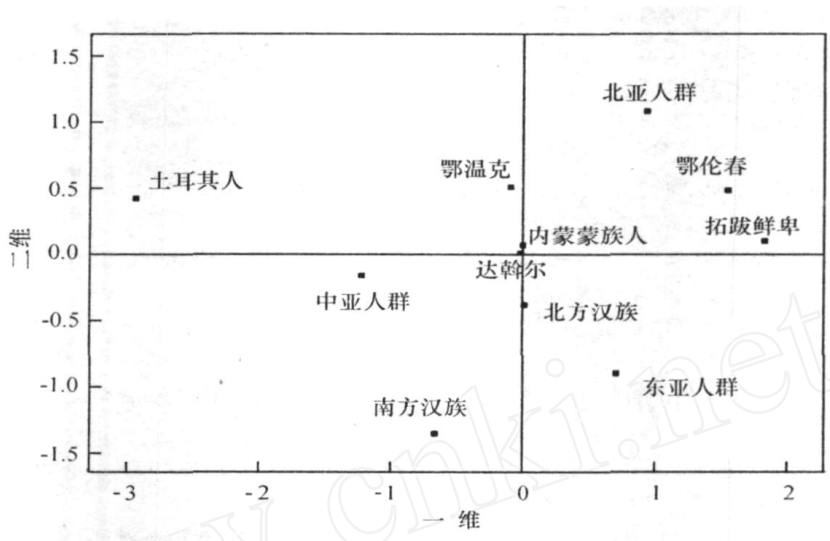


图 3 拓跋鲜卑和10个被比较人群的多维度分析图

亚) 人群的范围内(见表 1), 并表现出与北亚人群有更多的相似性. 本研究的所有分析都一致表明, 拓跋鲜卑首先表现出与鄂伦春人之间更近的亲缘关系, 其次是鄂温克族, 再次是蒙古人和达斡尔人. 据此认为, 鄂温克族、鄂伦春族的祖先来自于北亚地区, 其 mtDNA 数据接近贝加尔湖地区居民<sup>[13]</sup>. 内蒙古的蒙古族人其形成和发展是一比较复杂的过程, 受汉族的影响较大, 同时也受到了突厥语族、满族和达斡尔族的较多影响<sup>[8]</sup>. 本研究的系统发育分析和多维度分析也表明, 拓跋鲜卑、鄂伦春、鄂温克以及北亚人群聚类在一起, 而内蒙古蒙古族人在这两个分析图上的位置更接近于中亚和东亚人群. 这样的结果也表明, 本研究的分析与史料的记载是符合的.

准确地确认鲜卑和中国北方这四个少数民族的遗传关系, 还有待于对更多拓跋鲜卑人群遗存的遗传学分析. 幸运的是, 在考古学领域, 已发掘了大量不同时期的拓跋鲜卑墓葬群, 为进一步研究这种遗传关系提供了基本的前提. 对古代人群和现代人群亲缘关系的遗传学分析, 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.

致谢: 本研究所用样本由内蒙古考古研究所所长魏坚博士提供, 特此感谢!

[参 考 文 献]

[1] 林幹. 东胡史[M]. 呼和浩特: 内蒙古人民出版社, 1989: 87-89.

[2] 乔梁, 杨晶. 早期拓跋鲜卑遗存试析[J]. 内蒙古文物考古, 2003(2): 51-58.

[3] 黄列. 中国古代民族史研究[M]. 北京: 人民出版社, 1987: 273-280.

[4] 付玉芹, 许雪莲, 王海晶, 等. 内蒙古砧子山墓地古人的线粒体 DNA 多态性分析[J]. 东北师大学报: 自然科学版, 2006, 38(2): 122-125.

[5] VIGILANT L, STONEKING M, HARPENDING H, et al. African populations and the evolution of mitochondrial DNA[J]. Science, 1991, 253: 1503-1507.

[6] BERTRANPETIT J, SALAJ, CALAFELL F, et al. Human mitochondrial DNA variation and the origin of the Basques[J]. Ann Hum Genet, 1995, 59: 63-81.

[7] SEIELSTAD M T, MINCH E, CAVALLI - SFORZA L L. Genetic evidence for a higher female migration rate in human[J]. Nat Genet, 1998, 20: 219-220.

[8] YAO Y G, NIE L, HARPENDING H, et al. Genetic relationship of Chinese ethnic populations revealed by mtDNA sequence diversity[J]. Am J Phys Anthropol, 2002, 118: 63-76.

[9] PAKENDORF B, WIEBE V, TARSKAIA L A, et al. Mitochondrial DNA evidences for admixed origin of central Siberian populations[J]. Am J Phys Anthropol, 2003, 120: 211-224.

[10] YU C C, XIE L, ZHANG X L, et al. Genetic analysis on Tuoba Xianbei remains excavated from Qilang Mountain cemetery in Qahar right wing middle banner of Inner Mongolia[J]. FEBS Lett, 2006, 26: 6242-6246.

[11] KAESMANN H, ZOLLNER S, GUSTAFSSON A C, et al. Extensive linkage disequilibrium in small human populations in Eurasia

- [J]. Am J Hum Genet ,2002 ,70 :673-685.
- [12] KONG Q P , YAO Y G , SUN C , et al. Mitochondrial DNA sequence polymorphisms of five ethnic populations from northern China [J]. Hum Genet ,2003 ,113 :391-405.
- [13] OOTA H , KITANO T , JIN F , et al. Extreme mtDNA homogeneity in continental Asian [J]. Am J Phys Anthropol ,2002 ,118 :146-153.
- [14] COMAS D , CALAFELL F , MATEU E , et al. Trading genes along the Silk Road : mtDNA sequences and the origin of Central Asian populations [J]. Am J Hum Genet ,1998 ,63 :1824-1838.
- [15] 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 [J]. Mol Biol Evol ,2004 ,21 :2265-2280.
- [16] 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 [J]. Mol Biol Evol ,1996 ,13 :1067-1077.
- [17] YAO Y G , KONG Q P , BANDEL T H J , et al. Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese [J]. Am J Hum Genet ,2002 ,70 :635-651.
- [18] WALLACE D C , BROWN M D , LOTT M T. Mitochondrial DNA variation in human evolution and disease [J]. Gene ,1999 ,238 :211-230.
- [19] POINAR H N. The top 10 list : criteria of authenticity for DNA from ancient and forensic samples [J]. International Congress Series ,2003 ,1239 :575-579.
- [20] GILBERT M T , BANDEL T H J , HOFREITER M , et al. Assessing ancient DNA studies [J]. Trends Ecol Evol ,2005 ,10 (20) :541-544.
- [21] HÖSS M , DILLING A , CURRANT A , et al. Molecular phylogeny of the extinct ground sloth *Myodon darwini* [J]. Proc Natl Acad Sci USA ,1996 ,93 :181-185.
- [22] HAYNES S , SEARLE J B , BRETMAN A , et al. Bone preservation and ancient DNA : the application of screening methods for predicting DNA survival [J]. J Archaeol Sci ,2002 ,29 :585-592 .
- [23] WAYNE R K , LEONARD J A , COOPER A. Full of sound and fury : history of ancient DNA [J]. Annu Rev Ecol Syst ,1999 ,30 :457-477.

## Analyses on the affinities between Tuoba Xianbei and minorities from northern China

YU Chang-chun<sup>1,2,3</sup> , XIE Li<sup>2</sup> , ZHANG Xiao-lei<sup>1</sup> , ZHOU Hui<sup>1,2</sup> , ZHU Hong<sup>1</sup>

(1. Ancient DNA Laboratory , Research Center for Chinese Frontier Archaeology , Jilin University , Changchun 130012 , China ;

2. College of Life Sciences , Jilin University , Changchun 130012 , China ;

3. School of Life Sciences , Jilin Normal University , Siping 136000 , China)

**Abstract :** In order to comprehend the genetic diversity profile of Tuoba Xianbei as well as its impact on the origin of minorities from northern China , 33 Tuoba Xianbei remains occupied Dong Han to Wei - Jin period were analyzed. Together with the Data published of minorities , we analyzed the genetic affinities between Tuoba Xianbei and four minorities (Oroqen , Ewenki , Daur and Inner Mongolian) 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 similarities to North Asian population in diversity , and the closer affinities to Oroqen , next to Inner Mongolian and Ewenki , and finally to Daur.

**Keywords :** Tuoba Xianbei ; mitochondrial DNA ; genetic diversity ; haplogroup ; phylogenetic analysis

(责任编辑:方 林)