青海省民和县喇家遗址出土汉代马骨的DNA初步研究*

赵 欣 (中国社会科学院考古研究所科技考古中心
西蒙菲莎大学(Simon Fraser University)考古学系古DNA实验室)
吕 鹏
东晓玲
刘 铭 (中国社会科学院考古研究所科技考古中心)
袁 靖
张雅军
杜 玮
马 骞 (青海省文物考古研究所)
于孟洲
杜战伟 (四川大学历史文化学院)
杨东亚 (通讯作者:中国社会科学院考古研究所科技考古中心
西蒙菲莎大学(Simon Fraser University)考古学系古DNA实验室)

摘　要:运用古DNA技术对青海省民和县喇家遗址汉代灰坑中出土的8匹马的骨骼进行了遗传学分析,通过提取DNA并对线粒体DNA和毛色控制基因的核DNA进行PCR扩增和测序,全部样本都获得了线粒体12S rRNA基因的部分DNA片段,序列分析结果表明喇家遗址这8例汉代马骨均属于家马的范畴。其中6个个体还获得了线粒体DNA控制区序列,在这6个序列中共检测出5个不同的单倍型,归属3个不同的谱系A、D和F。毛色控制基因的SNP检测结果显示该遗址汉代家马的毛色有枣色(bay)、栗色(chestnut)和黑色(black),都是常见的属于纯色的马匹毛色。本文的家马毛色研究发现中国古代家马毛色多样性是从西向东逐渐递减的,从另一个侧面反映出经新疆、甘青入中原地区是古代家马进入中国的一条主要路线。作为丝绸之路的一部分,喇家所在的甘青地区有着独特的地理位置,位于中原地区和新疆地区之间,是家马从新疆到中原的经由之路。本文的马骨DNA研究为进一步深化甘青地区的考古学研究提供了新的材料。

关键词:喇家遗址;甘青地区;家马;古DNA;汉代

*项目号:中国社会科学院创新工程项目与加拿大SSHRC(Yang)共同资助

生业与社会

Abstract: Ancient DNA analysis was carried out on eight ancient horse remains of the Han dynasty from Lajia site in Minhe county, Qinghai province, China. DNA was successfully extracted and amplified from all the eight samples in a dedicated ancient DNA lab following vigorous protocols for contamination controls. All the 8 samples yielded the expected 12S rRNA mtDNA sequences, revealing all with the identity of domesticated horse (*Equus caballus*); 6 samples with better DNA preservation also produced the control region DNA sequences of mtDNA and single nucleotide polymorphic (SNP) markers of nuclear DNA for coat colors. Detailed DNA sequence comparisons revealed 5 haplotypes belonging to 3 different haplogroups (A, D and F) and to 3 different coat colors (bay, chestnut and black). As a part of the Silk Road, Lajia site and the whole Ganqing region represent an important transitional passageway from Xinjiang to the Central Plains, it is important to report new DNA materials in this study, which help future large-scale studies of horse remains from the region to shed new light on how horse was introduced into ancient China.
Key Words: Lajia site; Ganqing region; Domesticated horses; Ancient DNA; Han dynasty

喇家遗址位于青海省民和县官亭镇喇家村，地处黄河上游的官亭盆地，坐落在黄河河谷地带北岸的二级阶地上。地理坐标为北纬35°42′~37°09′，东经101°05′~103°01′，是我国首次发掘的大型史前灾难遗址。该遗址一系列重要考古发现引起了国内外学者的广泛关注，例如喇家遗址发现了目前世界上最早的“面条”[①②]；房址内发现数量不等人骨，姿态各异，一组组呈不同姿态分布于居住面上，有的相拥而死、有的倒地而亡、有的匍匐在地、有的母子相依等[③]。2015年7月至12月，青海省文物考古研究所联合四川大学考古系、喇家遗址博物馆对喇家国家考古遗址公园即将施工区域进行了发掘，又发现了齐家文化、辛店文化和汉晋时期遗存，以齐家文化遗存为主。汉晋时期遗迹包括灰坑55个，灰沟2条。汉代遗物有陶器、铁器、骨器、玉石器、铜钱等。汉代遗迹填土多为灰黑土，其内夹杂大量动物骨骼，也浮选出较多植物种子[④]。

作为丝绸之路的一部分，喇家地区也应该是一个重要的“东西交流”的通道。喇家遗址距离著名的“临津古渡”只有7公里。“临津古渡”始于汉代，繁荣于唐宋时期，从汉到明、清以及近代一直是黄河上游的重要渡口，可以西进新疆、南入西藏。“临津古渡”所在的甘青地区是沟通中原和新疆的通道，文化上是联系中西文化的桥梁，在历史上发挥着重要的作用。

中国现在所见的家马应该是在青铜时代最早从境外交流进来的。考古学证据表明，家马遗骸最早发现于乌克兰的Dereivka和哈萨克斯坦的Botai遗址[⑤]，中亚地区是家马起源、驯化、并向外扩散的中心地区[⑥⑦⑧⑨⑩⑪]。甘青地区应该是这种交流的经由之地，而且这种交流可能是持续的，比如有文献记载称，通过丝绸之路，汉武帝派人到中亚找寻“天马”或“汗血宝马”[⑫⑬]。作为黄河上游少数几个主要的古渡口之一，“临津古渡”及周边地区在历史上也可能是“东西交流”的重要集散地之一。喇家遗址出土的汉代马骨遗存为我们研究“临津古渡”开始使用时期可能用于集散的古代家马的特点提供了材料。

本文以青海省民和县喇家遗址出土汉代马骨为研究对象，用古DNA的研究方法，揭示该地区汉代家马的遗传结构特点，并与甘青周边地区以及中国其他地区古代家马进行比较。本文研究也期望为今后甘青地区大样本的古代家马DNA研究提供新的数据。

一、材料与方法

1、样本采集

在动物考古学家进行种属鉴定等形态学研究的基础上，本文对喇家遗址2015年发掘出土的8例马骨样本进行了采集，采集部位均为骨质保存较好的肢骨。这8例马骨全部是出于灰坑中的破碎骨骼，而不是完整的马骨架，的年代均为汉代，样本的具体信息见**表一**。

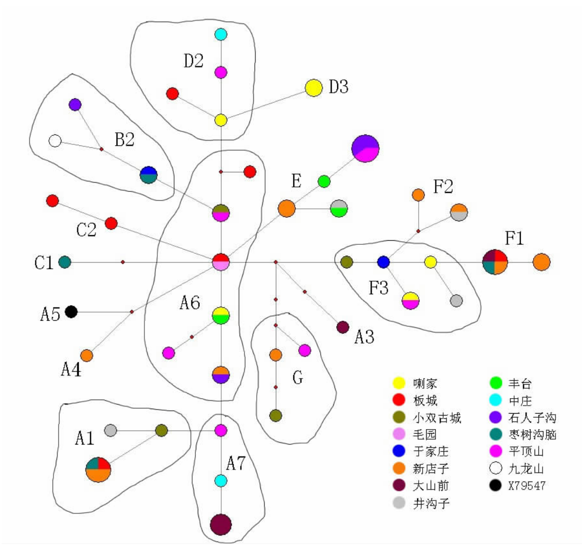
表一　喇家遗址出土马骨样本的考古学背景信息及 DNA 鉴定结果

Table 1 Studied skeletal samples from Lajia site

序号	实验编号	出土单位	取样部位	形态鉴定	DNA 鉴定	年代
1	EQC224	2015QML VI T3H214	肢骨	马	*Equus caballus*	汉代
2	EQC225	2015QML VI T3H210⑫	肢骨	马	*Equus caballus*	汉代
3	EQC226	2015QML VI T1H206⑥	肢骨	马	*Equus caballus*	汉代
4	EQC227	2015QML VI T2H211⑫	肢骨	马	*Equus caballus*	汉代
5	EQC228	2015QML VI T3H210①	肢骨	马	*Equus caballus*	汉代
6	EQC229	2015QML VI T3H214	肢骨	马	*Equus caballus*	汉代
7	EQC230	2015QML VI T3H214	肢骨	马	*Equus caballus*	汉代
8	EQC231	2015QML VI T2H211③a	肢骨	马	*Equus caballus*	汉代

2、样本处理与 DNA 提取

首先取马骨上约 1cm×1cm 见方的小块，用钻头打磨骨骼表面和截面以去除骨骼表面尘垢，次氯酸钠溶液(有效氯 6%)浸泡和紫外照射（紫外灯置于样本以上 8cm 的高度，波长 254nm，)，用以去除骨骼表面的外源 DNA 污染。之后使用冷冻研磨机打磨成粉。在此基础上采用 Yang 等[⑭]提出的硅柱离心法进行 DNA 提取。



图一　中介网络图

Fig.1 Network analysis of ancient horse (***Equus caballus***) in China

注：每一个圆圈代表一个单倍型，圆圈的大小与共享这一单倍型的样本数量成正比，不同颜色代表不同遗址。

Note: Circles represent haplotypes, with the area being proportional to the frequency of a haplotype. Different colors represent different archaeological sites.

3、DNA 扩增与测序

首先，选择引物 L1269/H1346[⑮]扩增线粒体基因组中 12S rRNA 基因，对所选样本进行初步种属鉴定。在此基础上，本文选择了蔡大伟等[⑯]设计的两对套叠引物来扩增古代家马的线粒体 DNA 控制区的 DNA 片段(15473~15772，包括引物长度)，优化选择使用 Ludwig 等[⑰]已发表的引物来扩增毛色控制基因的核 DNA 片段。全部扩增产物用 2%琼脂糖凝胶进行电泳检测。PCR 阳性产物送到测序公司(Invitrogen)直接测序，正反引物双向测序。在全部实验过程中，严格按照防污染措施操作，具体实验操作详见[⑱]。

4、数据分析

PCR 产物所得到的序列使用 Chromas Pro 软件进行读取，通过 Clustal X2 软件进行序列比对[⑲]，并使用 BioEdit 进行编辑[⑳]。使用 Network 5.0 软件构建中介网络图[㉑]，选择中国考古遗址出土家马（见**表四**）作为对比序列，详见**图一**。

二、结果

1、线粒体 DNA 序列变异情况及单倍型类群归属

全部 8 个古代样本都获得了线粒体基因组中 12S rRNA 基因的部分 DNA 序列(引物 L1269/H1346，去除两端引物后序列长度为

表二 喇家遗址出土家马样本的线粒体 DNA 序列情况

Table 2 Polymorphic positions of mtDNA control region of the analyzed samples

序号	实验编号	变异位点	单倍型类群
1	EQC224	--	--
2	EQC225	15495C, 15585A, 15602T, 15604A, 15703C, 15720A, 15740G	F3
3	EQC226	--	--
4	EQC227	15494C, 15495C, 15496G, 15534T, 15585A, 15602T, 15603C, 15649G, 15720A	D2
5	EQC228	15495C, 15602T, 15650G, 15720A	A6
6	EQC229	15494C, 15495C, 15496G, 15534T, 15585A, 15602T, 15603C, 15604A, 15649G, 15720A	D3
7	EQC230	15494C, 15495C, 15496G, 15534T, 15585A, 15602T, 15603C, 15604A, 15649G, 15720A	D3
8	EQC231	15495C, 15597G, 15602T, 15604A, 15703C, 15720A, 15740G	F3

注:使用两对套叠引物 L15473/H15692 和 L15571/H15772 进行 PCR 扩增;--表示 PCR 扩增没有成功。

Note: PCR were made using two sets of primers L15473/H15692 and L15571/H15772, respectively; -- indicate PCR failed.

77bp),在 GenBank 数据库中(http://www.ncbi.nlm.nih.gov)对这些 DNA 序列进行了 BLAST 共享序列搜索,结果发现这些共享序列全部属于家马。

其中,有 6 个古代马骨样本都获得了线粒体 DNA 控制区的 262bp 序列(15493~15754,去除两端引物)。以 X79547[22]作为参考序列进行比对,实验结果见**表二**。共检测出 14 个多态性变异位点,全部为转换,没有颠换、插入与缺失,且转换主要在嘌呤之间,占 57.1%(8/14)。另外 2 个古代马骨样本(EQC224 与 EQC226)虽然也获得了线粒体 DNA 控制区的序列,但是多次 DNA 提取得到的序列结果不能完全匹配,因此本文将这 2 个样本的实验结果确定为失败。所获得的 6 个序列中共检测出 5 个单倍型,其中 EQC229 与 EQC230 共享同一单倍型。根据 Jansen 等[23]、McGahern 等[24]的关于单倍型类群的划分,基于线粒体 DNA 序列变异模式,本文的 5 个单倍型可以归属于单倍型类群 A6、D2、D3 和 F3,详见**表二**。

2、毛色控制基因的 SNP 位点检测

依据以前研究,本文亦选择常见的和研究相对较深入的 6 种毛色控制基因的 8 个 SNP 位点进行检测,包括 MC1R(g.201)、ASIP(g.2183~2193del)、MATP (g.72)、KIT (g.786)、KIT (g.1120)、SILV (g.1457)、SILV (g.697)、EDNRB(c.323_333),其野生型为 E/E、A/A、C/C、KM0/KM0、sb1/sb1、z/z、z/z、ov/ov。

本文选择的 8 个古代马骨样本中,有 6 个样本获得了全部 SNP 变异结果,另外 2 个样本(EQC224 与 EQC226)获得了部分 SNP 变异结果,由于这 2 个样本所得 SNP 位点结果太少无法对毛色进行推测,因此下文中不再对其进行讨论。毛色控制基因的 SNP 位点检测结果详见**表三**。在本文检测的 6 个样本中,有 1 个样本(EQC227)的基因型与野生型相同,其余 5 个样本的基因型与野生型不同,但是发生变异的只有 MC1R(g.201)和 ASIP(g.2183~2193del)两个基因位点,控制的表型分别为栗色(chestnut)和黑色(black),其他基因位点 MATP (g.72)、KIT (g.786)、KIT (g.1120)、SILV (g.1457)、SILV (g.697) 和 EDNRB(c.323_333)未发生变异。

结合已有的关于家马毛色基因的研究[25][26][27][28][29][30][31][32],根据本文毛色基因 SNP 位点的检

表三 SNP检测结果及马的毛色基因型与表型特征

Table 3 SNP types, genotypes and phenotypes

序号	实验编号	MC1R g.201C>T	ASIP g.2183~2193del	MATP g.72G>A	KIT g.786G>C	KIT g.1120T>A	SILV g.1457C>T	SILV g.697A>T	EDNRB c.323_333 TC>AG	毛色
1	EQC224	--	--	--	--	sb1/sb1	--	--	--	--
2	EQC225	e/e	A/a	C/C	KM0/KM0	sb1/sb1	z/z	z/z	ov/ov	栗色(chestnut)
3	EQC226	--	--	--	KM0/KM0	sb1/sb1	--	--	ov/ov	--
4	EQC227	E/E	A/A	C/C	KM0/KM0	sb1/sb1	z/z	z/z	ov/ov	枣色(bay)
5	EQC228	E/e	a/a	C/C	KM0/KM0	sb1/sb1	z/z	z/z	ov/ov	黑色(black)
6	EQC229	E/e	A/A	C/C	KM0/KM0	sb1/sb1	z/z	z/z	ov/ov	枣色(bay)
7	EQC230	E/e	A/A	C/C	KM0/KM0	sb1/sb1	z/z	z/z	ov/ov	枣色(bay)
8	EQC231	e/e	a/a	C/C	KM0/KM0	sb1/sb1	z/z	z/z	ov/ov	栗色(chestnut)

注:有灰色阴影的基因型表示至少有一个等位基因的位点与野生型不同;--表示PCR扩增没有成功。

Note: Grey shading indicates that at least one allele differs from the wildtype; -- indicate PCR failed.

测结果及其所控制的表型特征，对喇家遗址出土的这6匹古代马的毛色进行推测:EQC227、EQC229和EQC230应该是枣色(bay),EQC225和EQC231应该是栗色(chestnut),EQC228应该是黑色(black)。

三、讨论

1、线粒体DNA研究

为了便于和以往已经发表的中国古代家马线粒体DNA单倍型类群进行对比分析，本文仍然依据Jansen等[33]与McGahern等[34]的命名原则和划分方法。以此，本文从6个个体中检测到5个线粒体DNA单倍型，分别可以归属于谱系A、D和F，进一步细分分别归属于单倍型类群A6、D2、D3和F3。在现代家马群体谱系中，B、C、E和G的分布频率普遍较低，但A、D和F的分布频率较高。显然喇家汉代家马的线粒体DNA单倍型归属于现代家马常见的谱系，而且这6个个体的线粒体DNA单倍型中没有检测到属于普氏野马的单倍型类群A2。全部8个个体的线粒体12S rRNA基因的部分DNA序列结果表明，喇家遗址这8例汉代马骨均属于家马的范畴。

将已有研究成果与本文结果进行统计与比较(见**表四**和**图一**)。目前中国古代家马的线粒体DNA控制区序列已经达到65个（九龙山JLS02H只有部分序列不能进行单倍型类群划分，在此未加入统计分析），可以归属于谱系A（A1、A3、A4、A6、A7）、B（B2）、C（C1、C2）、D（D2、D3）、E、F（F1、F2、F3）和G，表现出非常高的线粒体DNA遗传多样性。

本文研究的喇家汉代家马所有的线粒体DNA单倍型都能在其他中国古代家马中找到与之完全相同或仅相差一个位点的共享序列。例如，属于单倍型类群F3的EQC225，与平顶山EQC88(频率1/8;年代青铜时代中晚期)具有相同的线粒体DNA控制区序列;属于单倍型类群A6的EQC228，与丰台Fen2（GenBank NO.: FJ204378，频率1/2；年代1000~800BC）具有相同的线粒体DNA控制区序列。属于单倍型类群D2的EQC227，与板城LB04（GenBank NO.: EU931599，频率

表四　中国古代家马的单倍型类群分布频率

Table 4 Haplogroup distribution of ancient horse (*Equus caballus*) from ancient China

序号	考古遗址	年代	地区	数量	A	B	C	D	E	F	G	参考文献
1	喇家	汉代	甘青地区	6	1/16.67%	--	--	3/50.00%	--	2/33.33%	--	本文
2	于家庄	2500aB.P.	甘青地区	2	--	1/50.00%	--	--	--	1/50.00%	--	㉟
3	丰台	1000~800BC	甘青地区	3	1/33.33%	--	--	--	2/66.67%	--	--	㊱
4	九龙山	春秋战国时期	甘青地区	2	--	1/50.00%	--	1/50.00%	--	--	--	㊲
5	中庄	春秋战国时期	甘青地区	2	1/50.00%	--	--	1/50.00%	--	--	--	㊳
6	大山前	4000 B.P.	内蒙古长城地带	5	4/80.00%	--	--	--	--	1/20.00%	--	㊴
7	井沟子	2115±65aB.P.	内蒙古长城地带	4	1/25.00%	--	--	--	1/25.00%	2/50.00%	--	㊵
8	板城	2500aB.P.	内蒙古长城地带	7	3/42.86%	--	2/28.57%	1/14.29%	--	1/14.29%	--	㊶
9	小双古城	2500aB.P.	内蒙古长城地带	4	2/50.00%	--	--	--	--	1/25.00%	1/25.00%	㊷
10	新店子	2500aB.P.	内蒙古长城地带	12	4/33.33%	--	--	--	2/16.67%	5/41.67%	1/8.33%	㊸
11	毛园	2500aB.P.	中原地区	1	1/100.00%	--	--	--	--	--	--	㊹
12	枣树沟脑	西周中晚期	中原地区	4	1/25.00%	1/25.00%	1/25.00%	--	--	1/25.00%	--	㊺
13	平顶山	青铜时代中晚期	新疆地区	8	3/37.50%	--	--	1/12.50%	2/25.00	1/12.50%	1/12.50%	㊻
14	石人子沟	400~120BC	新疆地区	5	1/20.00%	1/20.00%	--	--	3/60.00%	--	--	㊼
总计				65	23/35.38%	4/6.15%	3/4.62%	7/10.77%	10/15.38%	15/23.08%	3/4.62%	

1/7；年代 2500a B.P.）相差一个位点为15585，与平顶山 EQC90（频率 1/8；年代青铜时代中晚期）相差一个位点为 15602；属于谱系 F3 的 EQC231，与于家庄 YJZ02（GenBank NO.：EU931608，频率 1/2；年代 2500a B.P.）相差一个位点为 15597，与井沟子 LJM52（GenBank NO.：DQ900930，频率 1/4；年代 2115±65aB.P.）相差一个位点为 15595。

根据已经发表的中国古代家马 DNA 研究成果，本文依据遗址所处地理位置，为了便于地区之间的比较，将这些遗址划分为四个区，新疆地区（包括平顶山和石人子沟）、甘青地区（包括喇家、于家庄、丰台、九龙山和中庄）、内蒙古长城地带（包括大山前、井沟子、板城、小双古城和新店子）和中原地区（包括毛园和枣树沟脑）。虽然这些遗址所处的时间范围非常大（从距今4000 年至汉代），但是都不晚于喇家汉代家马的年代，因此有着很好的可比性；虽然这些遗址分布的地域范围非常广，从东北到西北，但是喇家和这些地区的家马之间应该有着某种“渊源”关系。

作为甘青地区的一部分，可以很好地理解喇家家马和甘青地区的家马关系更近一些。由于甘青地区和新疆地区及内蒙古长城地带之间有着长期经常性的文化和群体交流，同样可以

理解喇家家马和这些地区的家马也有着比较接近的关系。中原地区的家马是常年不断的从甘青地区引进的，应该和这些地区的家马是密切关联的。但是如果中原地区是引进的终点，没有反向的交流，长此以往，中原地区家马就会演变出一些独特的群体遗传特点。此外除了从甘青地区引进家马，也许还存在其他的途径将家马引入到中原地区。因此相比较而言，喇家汉代家马和中原地区家马的群体遗传结构也许会有更多的差异。当然，本文研究的样本量太小，这些观察需要进一步的研究得以证实。

2、毛色研究

有研究认为，在家畜驯化过程中，对动物本身而言有一个人为选择取代自然选择的过程[48]。在家马引进选择的过程中，一些形态和行为特征可能会成为人为选择的标准，例如毛色。Ludwig 等[49]对欧亚大陆发现的古代马的毛色进行了 SNP 检测，发现距今 5000 年以来，在西伯利亚与东欧地区家马毛色的多样性迅速且持续地增加。因此推测毛色多样性的出现，很可能反映当时人们有计划地选择、改进或引进新品种。

喇家遗址的汉代灰坑中出土的家马骨骼，可以确定的毛色有枣色（bay）、栗色（chestnut）和黑色（black），都是常见的属于纯色的马匹毛色，未发现有带白斑的基因突变。目前关于中国古代家马毛色的研究还比较少，目前已发表的有 4 个遗址：青海丰台遗址的 4 匹家马有 3 匹枣色（bay）、1 匹枣色带有白斑（bay Tobiano）[50]；陕西枣树沟脑遗址马坑出土的 4 匹家马有 3 匹枣色（bay），另一匹的主要毛色可能为枣色（bay）或黑色（black）不能确定是否存在斑点状纹饰[51]；新疆石人子沟遗址的 5 匹家马有 3 匹栗色（chestnut），其余 2 匹分别为枣色（bay）和金黄色（palomino）[52]；新疆平顶山墓群的 8 匹马有 3 匹栗色（chestnut）、2 匹栗色有白斑（chestnut tobiano）、2 匹黑色（black）、1 匹金黄色（palomino）[53]。

与同属于甘青地区的丰台遗址相比，年代较晚的喇家遗址的家马毛色相对多样，推测随着时间的发展，有可能引进了新的马匹品种，也有可能引进了新的育种技术。如果仍然将这几个遗址按地域进行划分来看不同地区古代马的毛色多样性变化，新疆地区马的毛色最丰富，甘青地区次之，中原地区最少。中原地区仅有枣树沟脑一个遗址共 4 匹马的材料，与其他地区相比样本量非常少，可能存在样本数量的偏差。但是从总的趋势可以看出来，古代家马毛色多样性是从西向东逐渐递减的。一般认为，生物扩散或迁徙的结果是原地区群体的遗址多样性要比新进入地区的高，这是因为在扩散或迁徙过程中，总有一些个体或亚群体保留在原地未迁出。因此本文研究结果从侧面反映出经新疆、甘青入中原地区是中国古代家马进入中国的一条主要路线。

喇家遗址所在的甘青地区位于中原地区和新疆地区之间，这一区域相对独立，呈走廊状，地理上是沟通中原和新疆的通道，文化上是联系中西文化的桥梁，在历史上发挥了重要的作用。甘青地区处于干旱、半干旱地带，对生产力有限的史前人类而言，经济方式很大程度上受气候的影响。当气候适宜的时候可以发展农业，当气候条件恶劣的时候农业生产会受到很大影响。有学者认为距今 4000 年前后由于受气候变化的影响，甘青地区的生业模式开始由农业或半农半牧向以牧业为主转变[54]，驯化家马的引入加速了甘青地区史前人类生产经营模式的转变[55]。

西汉武帝派张骞出使西域，即以长安（今西安）为起点，经甘肃、新疆，到中亚、西亚，联结地中海各国的陆上通道，经此丝绸之路，驯化的家马会源源不断东进到达中原地区。黄河上游的重要渡口“临津古渡”，可能就是丝绸之路过黄河的几个重要通道之一。如果古代文献记载可靠，引进的“天马”或“汗血宝马”很有可能是经由此地进入当时的中国内地的。

“汗血宝马”在中国历史文献上有提及，但现代生物学上估计很难科学地对此马进行定义，因此目前也尚无现代 DNA 标记来识别“汗血宝马”。古 DNA 研究尤其是古代线

粒体 DNA 对该问题目前是“无能为力”的。今后如果现代遗传学研究能够识别并标记出现代的“汗血宝马”，那么运用大规模测序技术（Next Generation Sequencing），对汉代家马进行大样本量的古 DNA 基因组研究，则有可能证明历史上汉武帝派人到中亚寻回“天马”或“汗血宝马”的故事。若如此，本文喇家汉代家马以及其他古渡地区的汉代家马 DNA 样本就可能是研究“汗血宝马”的首批材料。

四、结论

通过对青海喇家汉代灰坑中出土的马骨进行线粒体 DNA 和毛色控制基因的核 DNA 分析，本文得出以下认识：

DNA 分析揭示喇家出土的汉代家马的线粒体 DNA 群体遗传特点显示出其为常见的线粒体单倍型类群，和甘青地区其他遗址的家马表现出非常近的亲缘关系，与新疆地区和内蒙古长城地带（包括中原地区）的古代家马没有很大的差异，反映出喇家所在的甘青地区在沟通中原地区和新疆地区中所处的独特地理位置，甘青地区也因此成为家马从新疆到中原的经由之路。

毛色控制基因的核 DNA 研究显示喇家遗址出土家马的毛色有枣色（bay）、栗色（chestnut）和黑色（black），都是常见的属于纯色的马匹毛色。通过与其他遗址出土家马毛色进行比较发现，中国古代家马毛色多样性是从西向东逐渐递减的，从侧面反映出经新疆、甘青入中原地区是中国古代家马进入中国的一条主要路线。

致谢：感谢青海省文物考古研究所、四川大学考古系、喇家遗址博物馆为本研究提供了宝贵的样本。

注释：

①Lü H, Yang X, Ye M et al. Culinary archaeology: Millet noodles in Late Neolithic China. *Nature*, 2005, 437: 967~968.

②吕厚远、李玉梅、张健平等：《青海喇家遗址出土 4000 年前面条的成分分析与复制》，《科学通报》2015 年第 60 卷第 8 期。

③任小燕、王国道、蔡林海等：《青海民和县喇家遗址 2000 年发掘简报》，《考古》2002 年第 12 期。

④青海省文物考古研究所等：《青海民和喇家遗址 2015 年发掘收获》，国家文物局主编：《2015 中国重要考古发现》，第 40~44 页，文物出版社，2016 年。

⑤Levine M A. Domestication and early history of the horse. In: Mills D S, McDonnell S M. (eds.) *The Domestic Horse, The Origins, Development and Management of its Behaviour*. Cambridge: Cambridge University Press. 2005. pp. 5~22.

⑥Olsen S L. Early horse domestication on the Eurasian Steppe in Documentating Domestication. In: Zeder M A, et al. (eds.) *New genetic and archaeological paradigms*. California: University of California Press Berkeley. 2006. pp. 245~272.

⑦Anthony D W, Brown D R. Eneolithic horse exploitation in the Eurasian steppes, diet, ritual and riding. *Antiquity*, 2000, 74(283): 75~86.

⑧Brown D, Anthony D. Bit wear, horseback riding and the Botai site in Kazakstan. *Journal of Archaeological Science*, 1998, 25(4): 331~347.

⑨Levine M A. The origins of horse husbandry on the Eurasian Steppe. In: Levine M, Rassamakin Y, Kisleno A & Tatarintseva N. (eds.) *Late Prehistoric Exploitation of the Eurasian Steppe*. McDonald Institute, Cambridge, UK. 1999. pp. 5~59.

⑩Anthony D W, Brown D R. Eneolithic horse rituals and riding in the steppes, new evidence. In: Levine M, Renfrew C & Boyle K. (eds.) *Prehistoric Steppe Adaptation and the Horse*. McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge, UK. 2003. pp. 55~68.

⑪Olsen S L. The exploitation of horses at Botai Kazakhstan. In: Levine M, Renfrew C & Boyle K. (eds.) *Prehistoric Steppe Adaptation and the Horse*. McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge, UK. 2003. pp. 83~103.

⑫（汉）司马迁：《史记·大宛列传》，第 3157~3160 页，中华书局，1959 年。

⑬（汉）班固：《汉书·张骞李广利传》，第 2700~2702 页，中华书局，1962 年。

⑭Yang D Y, Eng B, Waye J S. Technical Note: Improved DNA extraction from ancient bones using silica-based spin columns. *American Journal of Physical Anthropology*, 1998, 105(4): 539~543.

⑮Rollo F, Ubaldi M, Ermini L et al. Otzi's last meals: DNA analysis of the intestinal content of the

Neolithic glacier mummy from the Alps. PNAS, 2002,99 (20): 12594 ~12599. doi/10.1073/pnas. 192184599

⑯㊴㊵Cai D, Han L, Xie C et al. Mitochondrial DNA analysis of Bronze Age horses recovered from Chifeng region, Inner Mongolia, China. *Progress in Natural Science*, 2007, 17(5): 544~550.

⑰㉕㊾㊿Ludwig A, Pruvost M, Reissmann M et al. Coat color variation at the beginning of horse domestication. *Science*, 2009, 324 (5926): 485. doi: 10.1126/science.1172750

⑱㊼52赵欣,Antonia T Rodrigues, 尤悦等:《新疆石人子沟遗址出土家马的DNA研究》,《第四纪研究》2014年第34卷第1期。

⑲Larkin M A, Blackshields G, Brown N P et al. Clustal W and clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, 2007, 23: 2947 ~2948. http://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btm404.

⑳Simmons M P. Independence of alignment and tree search. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2004, 31(3): 874~879.

㉑Bandelt H-J, Forster P, Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Mol. Biol. Evol., 1999, 16: 37~48.

㉒Xu X, Ārnason Ū. The complete mitochondrial DNA sequence of the horse, *Equus caballus*: extensive heteroplasmy of the control region. *Gene*, 1994, 148 (2): 357~362.

㉓㉝Jansen T, Forster P, Levine M A et al. Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2002, 99(16): 10905~10910. doi:10.1073/pnas.152330099

㉔㉞McGahern A, Bower M A M, Edwards C J et al. Evidence for biogeographic patterning of mitochondrial DNA sequences in Eastern horse populations. *Animal Genetics*, 2006, 37(5): 494~497.

㉖Marklund L, Moller M J, Sandberg K et al. A missense mutation in the gene for melanocyte-stimulating hormone receptor (MCIR) is associated with the chestnut coat color in horses. *Mammalian Genome*, 1996, 7(12): 895~899.

㉗Rieder S, Taourit S, Mariat D et al. Mutations in the agouti (ASIP), the extension (MC1R), and the brown (TYRP1) loci and their association to coat color phenotypes in horses (*Equus caballus*). *Mammalian Genome*, 2001, 12(6): 450~455.

㉘Mariat D, Taourit S, Guéring G. A mutation in the MATP gene causes the cream coat colour in the horse. *Genetics Selection Evolution*, 2003, 35(1): 119~133.

㉙Brooks S A, Terry R B, Bailey E. A PCR-RFLP for KIT associated with tobiano spotting pattern in horses. *Animal Genetics*, 2002, 33(4): 301~303.

㉚Brooks S A, Bailey E. Exon skipping in the KIT gene causes a Sabino spotting pattern in horses. *Mammalian Genome*, 2005, 16(11): 893~902.

㉛Reissmann M, Bierwolf J, Brockmann G A. Two SNPs in the SILV gene are associated with silver coat colour in ponies. *Animal Genetics*, 2007, 38(1): 1~6.

㉜Santschi E M, Purdy A K, Valberg S J et al. Endothelin receptor B polymorphism associated with lethal white foal syndrome in horses. *Mammalian Genome*, 1998, 9(4): 306~309.

㉟㊶㊷㊸㊹Cai D, Tang Z, Han L et al. Ancient DNA provides new insights into the origin of the Chinese domestic horse. *Journal of Archaeological Science*, 2009, 36(3): 835~842. doi:10.1016/j.jas.2008.11.006

㊱Cieslak M, Pruvost M, Benecke N et al. Origin and history of mitochondrial DNA lineages in domestic horses. *PLOS ONE*, 2010, 5(12): e15311. doi:10.1371/journal.pone.0015311doi:10.1371/journal.pone.0015311

㊲㊳蔡大伟、朱存世、栾伊婷等:《殉牲的古DNA分析》,宁夏文物考古研究所,彭阳县文物管理所编著:《王大户与九龙山——北方青铜文化墓地》,第679~698页,文物出版社,2016年。

㊺51赵欣、李悦、陈洪海等:《陕西省淳化县枣树沟脑遗址马坑出土马骨的DNA初步研究》,《南方文物》2015年第3期。

㊻53赵欣、东晓玲、韩雨等:《新疆木垒县平顶山墓群出土马骨的DNA研究》,《南方文物》2017年第3期。

㊽菊地大树等:《中国古代家马再考》,《南方文物》2019年第1期。

54马明志:《河套地区齐家文化遗存的界定及其意义——兼论西部文化东进与北方边地文化的聚合历程》,《文博》2009年第5期。

55铁元神:《中国北方家马起源问题初探——以甘青地区为探讨中心》,《农业考古》2015年第1期。

生业与社会