

## 人文学院王传超副教授作为第二作者的研究论文发表于 《Nature Communications》

发布时间: 2018-02-01 浏览次数: 2415



### ARTICLE

DOI: 10.1038/s41467-018-02825-9

OPEN

## The genetic prehistory of the Baltic Sea region

Alissa Mittnik<sup>1,2</sup>, Chuan-Chao Wang<sup>1,3</sup>, Saskia Pfrenkle<sup>2</sup>, Mantas Daubaras<sup>4</sup>, Gunita Zariņa<sup>5</sup>, Fredrik Hallgren<sup>6</sup>, Raili Allmäe<sup>7</sup>, Valery Khartanovich<sup>8</sup>, Vyacheslav Moiseyev<sup>8</sup>, Mari Törnv<sup>9</sup>, Anja Furtwängler<sup>2</sup>, Aida Andrades Valtueña<sup>1</sup>, Michal Feldman<sup>1</sup>, Christos Economou<sup>10</sup>, Markku Oinonen<sup>11</sup>, Andrejs Vasks<sup>5</sup>, Elena Balanovska<sup>12</sup>, David Reich<sup>13,14,15</sup>, Rimantas Jankauskas<sup>16</sup>, Wolfgang Haak<sup>1,17</sup>, Stephan Schiffels<sup>1</sup> & Johannes Krause<sup>1,2</sup>

While the series of events that shaped the transition between foraging societies and food producers are well described for Central and Southern Europe, genetic evidence from Northern Europe surrounding the Baltic Sea is still sparse. Here, we report genome-wide DNA data from 38 ancient North Europeans ranging from -9500 to 2200 years before present. Our analysis provides genetic evidence that hunter-gatherers settled Scandinavia via two routes. We reveal that the first Scandinavian farmers derive their ancestry from Anatolia 1000 years earlier than previously demonstrated. The range of Mesolithic Western hunter-gatherers extended to the east of the Baltic Sea, where these populations persisted without gene-flow from Central European farmers during the Early and Middle Neolithic. The arrival of steppe pastoralists in the Late Neolithic introduced a major shift in economy and mediated the spread of a new ancestry associated with the Corded Ware Complex in Northern Europe.

近日, 德国马普人类历史科学研究所、德国图宾根大学考古所、厦门大学人类学与民族学系、立陶宛历史研究所考古系、拉脱维亚大学历史所、瑞典文化遗产基金会、爱沙尼亚塔图大学历史和考古研究所、哈佛大学和麻省理工博德研究所等17家单位的国际合作团队在国际重要学术期刊《自然-通讯》(Nature Communications)上发表了题为“The genetic prehistory of the Baltic Sea region”的研究论文, 研究人员们成功做出了波罗的海周边地区距今2200年到9500年前的38例古人全基因组, 重构了波罗的海的史前人群历史。德国马普所博士后Alissa Mittnik是论文第一作者, 厦门大学人类学与民族学系王传超副教授为第二作者, 也是这一国际合作团队中唯一一位来自中国的作者。

近年来, 古人类基因组学研究揭示了现代欧洲人形成和演化的复杂历史, 受气候条件、生存资源、技术和文化创新以及可能疾病的传播等的影响, 欧洲人群至少经历三次大的史前迁徙和混合。然而, 考古记录显示了北欧波罗的海地区与中欧和南欧有着明显不同的历史, 但波罗的海地区的史前人群尚未在基因组水平上有过全面的研究。研究者们此次从立陶宛、拉脱维亚、爱沙尼亚、俄罗斯西北部阿尔汉格尔斯克州和瑞典的25个跨越近万年的考古遗址中搜集到了106份骨骼遗骸, 经初步实验, 其中共有41个样品保存有较好的DNA而用于后续的

鸟枪法全基因组测序或1240K捕获测序, 最后共有38个样本的目标测序区域平均覆盖率达0.02-8.8层, 被纳入群体遗传分析。

研究人员发现, 与斯堪的纳维亚采集狩猎人群(SHG)相比较, 波罗的海东岸中石器时代Kunda文化的古人有较低的古西伯利亚成分(以贝加尔湖两万多年前的古人MA1为代表ANE成分), 这说明该古西伯利亚成分并不是经由波罗的海东南岸而更可能是沿着东北海岸线进入斯堪的纳维亚的。在斯堪的纳维亚南部, 农业最早出现的时间是与安纳托利亚和欧洲新石器时代农业人群的到来相吻合的, 早期的斯堪的纳维亚农民带有安纳托利亚混血的时间比之前认为的要早了1000年。中石器时代的西欧采集狩猎人群扩张到了波罗的海东岸, 但在新石器时代早中期并没有和中欧的农业人群发生混血。新石器时代晚期欧亚大草原牧民的到来则引发了经济的重大转变, 并介导了与绳纹器文化有关的血统在北欧的传播。

之前的研究发现父系Y染色体单倍群N在欧亚大陆北部, 尤其是包括芬兰、乌戈尔、萨摩耶德和尤卡吉尔等分支的乌拉尔语人群高频分布, 这一类型起源却可追溯到中国西南或东南亚, 但是何时以及如何达到北欧的仍不清楚。论文中, 研究者们认为现代芬兰人和爱沙尼亚人中的西伯利亚和东亚血统以及广泛分布在东北欧的Y染色体单倍群N是在青铜时代之后(约500 calBCE)才出现的, 因为研究者在立陶宛和拉脱维亚的青铜时代样本中都没有发现西伯利亚和东亚遗传成分。有学说认为这一父系类型是随着来自东方的乌拉尔语扩散的而来到波罗的海地区并成为了现今芬兰人和爱沙尼亚人的主流类型, 未来一个有趣的研究方向是通过古DNA直接证据找到该东方成分是通过哪一类古代人群如何到达北欧的。

该研究得到了德国马普学会、DFG基金(KR 4015/1-1)、厦门大学南强青年拔尖人才支持计划、RFBR基金(16-06-00303)、美国国家科学基金(HOMINID BCS-1032255)、美国国立卫生研究员基金(GM100233)资助。

论文链接: <https://www.nature.com/articles/s41467-018-02825-9>

#### 人物名片:

王传超, 2015年7月获复旦大学现代人类学教育部重点实验室人类生物学博士学位, 曾任哈佛医学院遗传学系博士后(Research Fellow)、德国马普人类历史科学研究所助理研究员(Research Associate)。2017年9月入职厦门大学, 先后任人类学与民族学系副教授、特任研究员。主要通过古DNA和群体遗传学与语言学、历史学、考古学的交叉研究来解析东亚古今各族群的起源、迁徙、演化和混合过程, 近年来已在国内外著名期刊发表SCI和SSCI论文30余篇, 其中以第一作者或通讯作者在Science、Am J Phys Anthropol等发表SCI和SSCI论文20余篇, 获吴瑞奖、教育部学术新人奖、复旦大学“五四”青年奖章等荣誉奖励, 担任SCI和SSCI期刊Historical Biology、Human Biology副主编, SCI期刊Scientific Reports、PLoS One、Mitochondrial DNA编委, Frontiers in Ecology and Evolution, Genetics and Plant Science评审编委。自2017年9月入职厦门大学以来, 王传超研究员已在SCI和SSCI期刊发表论文5篇, 包括1篇以通讯作者署名发表在SSCI期刊Am J Phys Anthropol(美国体质人类学学报)上。

(人文学院)

责任编辑: 黄伟彬