

5000年前的跨大陆瘟疫与动植物传播

2020年04月22日 11:22 来源:《中国文物报》2020年4月17日第6版 作者:杨益民

打印 推荐

随着人类进入农业社会,聚落规模、人口密度和家养动物密度不断扩大,卫生条件渐趋恶劣,传染病发生的频率和烈度激增;传染病流行的记载不绝于书,有时甚至改变了文明的进程。然而,史前传染病的判断颇为困难,主要根据一些考古学现象来推测,比如聚落的突然废弃、异常的集体埋葬现象等。近年来,DNA提取和测序技术的快速发展,让科学家可以从人类遗骸上获取古代传染病的病原体基因组,这打开了一扇大门让人们能从实证的角度探究古代传染病的起源与传播。

人类历史上最可怕的传染病是鼠疫,在历史时期有三次大流行,黑死病是其中之一,它的病原体是鼠疫杆菌(*Yersinia pestis*),多由鼠类和跳蚤传播,亦可通过空气在人际间传播。人类在感染鼠疫后,病菌能进入血液导致败血症,同时进入肺脏导致肺炎,缺乏有效治疗的情况下死亡率能接近100%。病菌随着血液循环到达牙齿髓腔后,有可能在髓腔中沉积并保存下来。因此,牙齿是提取古代病菌基因组的最佳部位。提取出来的基因组,通过分析单核苷酸多态性(SNPs),加以“分子钟”计算,估计病菌不同世系最近共同祖先(MRCA)的分歧年代,从而探讨病菌的起源和传播。

▲图1

鼠疫杆菌DNA种系树和不同世系MRCA的分歧年代(Rascovan et al,2019)

鼠疫杆菌基因组是目前研究最多的古代病原体基因组。2019年国际知名期刊《Cell》报道,鼠疫杆菌的古代基因组和现代基因组可以划分为三个独立世系(图1)——现生世系、青铜时代世系和新石器时代世系(Gok 2),后者已经灭绝。样本Gok2出土于瑞典的一个多人(78人)合葬墓,对应人骨测年为5040-4867 BP,是目前已知最早的鼠疫杆菌,位于鼠疫杆菌DNA种系树的根部;样本RISE509出土于阿尔泰地区的多人合葬墓,对应的阿凡纳谢沃文化人骨测年为4800-4700 BP,位于青铜时代世系的根部;青海地区的现代样本0.PE7位于现生世系的根部。所有鼠疫杆菌MRCA的分歧年代约为距今5700年,青铜时代世系MRCA的分歧年代约为距今5300年,而现生世系MRCA的分歧年代约为距今5100年。

鼠疫杆菌的起源和扩散正好对应于欧洲的新石器大衰退(The Neolithic Decline,5400-5000 BP),结合多种证据,研究者认为鼠疫的起源地很可能是东欧特利波耶文化(Trypillia Culture)修建的那些大型聚落(能容纳1-2万人),然后沿着贸易网络向四周扩散(图2),导致了特利波耶文化的消亡;邻近的颜那亚文化先民感染上鼠疫后,再传播给阿凡纳谢沃文化先民,带菌的阿凡纳谢沃人最东到达阿尔泰地区。逃避鼠疫,也许是阿凡纳谢沃人向东迁徙的动力之一。

▲图2

距今5000年的鼠疫传播和欧亚大陆东段的黄牛、绵羊和小米发现地(1. 特利波耶文化区,鼠疫杆菌起源地;2. 鼠疫杆菌现生世系的疑似起源区;3.海生不浪文化区;4.哈民忙哈遗址;5. 后套木嘎遗址。)(改自 Cui et al.,2013;Rascovan et al,2019和Yang,2020)

之前有研究表明,青藏高原东北缘是现生鼠疫杆菌基因多样性最大的区域,可能是现生鼠疫杆菌的起源地(Cui et al.,2013)。根据物种单一起源的理论,鼠疫杆菌现生世系MRCA的祖先最终可追溯到东欧特利波耶文化区域,考虑到现生世系和青铜时代世系的MRCA距今约5300年,仅比现生支系的MRCA早200余年。因此,在5000多年前,鼠疫杆菌现生世系和青铜时代世系的祖先很可能同时到达中亚;然后现生世系的祖先继续传播到青藏高原东北缘。

公元前4千纪末,西亚起源的驯化动物在中国初露端倪。我国境内目前最早的家养黄牛发现于距今5000多年的东北后套木嘎遗址(经过DNA鉴定为西亚世系,牛骨测年约为5500-5300 BP)和甘青地区,目前最早的家养绵羊亦发现于同时期的甘青地区。先民牙结石的蛋白质组学分析表明,距今5300年左右的阿凡纳谢沃文化先民将黄牛、绵羊和食奶行为带到蒙古;而距今5000年左右,新疆地区目前尚未发现和黄牛、绵羊有关的遗存;因此,这两种家养动物应该是从蒙古传入我国的东北地区和甘青地区(图2)。

中国史前瘟疫尚没有古代DNA研究的报道,但是考古学家根据各种迹象推测东北的哈民忙哈遗址(距今5500-5000年),以及陕北、内蒙古中南部的海生不浪文化晚期区域(如庙子沟遗址、五庄果梁遗址等,距今约5000年)发生了大规模的瘟疫流行,导致了文化衰落。这些史前瘟疫是不是鼠疫,是考古学、微生物学都非常关心的问题。如果是鼠疫,那么是本土起源,还是外来传播?这对鼠疫杆菌的演化、东西方文化交流能提供重要信息。哈民忙哈遗址与后套木嘎遗址直线距离仅200余公里,而后套木嘎遗址与蒙古高原隔着大兴安岭,家养黄牛断不会自发翻越大兴安岭的原始森林,必然是先民与西边的阿凡纳谢沃人有着某种接触,在这个过程中是不是把鼠疫杆菌带过来了?另一方面,青藏高原东北缘作为鼠疫杆菌现生世系的疑似起源地,病菌是何时到达该地区,史前有没有鼠疫流行,与5000年前黄牛、绵羊的引入及对应的人群交流有没有联系?这些问题的解决都迫切需要古代DNA的研究。

此外,人骨同位素分析表明,哈萨克斯坦北部在公元前2700年左右就已开始小米种植,而同时代的新疆境内尚未发现小米遗存。小米的西向传播很可能沿着牛羊的东向传播路线逆向而行,欧亚草原东部地区的阿尔泰山脉应是新石器晚期/青铜时代早期东西方驯化物种和瘟疫传播的重要通道。期盼今后进一步的多学科研究提供更多线索。

(作者单位:中国科学院大学人文学院考古学与人类学系)

分享到:

转载请注明来源: [中国社会科学网](#) (责编: 齐泽菡)

相关文章



今日热点

【评论】用优秀传统文化推动农村移风易俗走实走深

“中国共产党抗战大后方建设暨纪念西安事变85周年”学术研讨会在西安召开

资讯

“中等强国理论与实践”研讨会在京举行

杏坛大师 楠木成森: 纪念黄枬森先生百年诞辰

党对“三农”问题的百年探索

[回到频道首页](#)

值班电话: 010-65393398 E-mail: zgshkxw_cssn@163.com 京ICP备11013869号

中国社会科学网版权所有, 未经书面授权禁止使用

Copyright © 2011-2021 by www.cssn.cn. all rights reserved

