

基因编辑技术在考古发掘中的应用

刘蕙菲

(北京联合大学应用文理学院, 北京, 100191)

摘要: 本文深入探讨了基因编辑技术在考古发掘领域的应用。首先详细阐述了基因编辑技术的原理、发展历程及常见的类型, 如 CRISPR-Cas 系统等。接着重点论述了其在考古发掘中的多方面应用, 包括对古代生物样本进行精准的物种鉴定和种群动态研究, 以揭示古代生态环境及人类对资源的利用; 通过分析古代人类遗骸, 确定亲缘关系、追溯迁徙模式和探究疾病遗传基础; 在文化遗产与保护方面, 助力揭示文化传播路径和为文物保护提供科学依据。然而, 基因编辑技术在考古应用中并非一帆风顺, 面临着古代 DNA 质与量不佳、技术误差与污染、伦理法律约束以及数据解读复杂等诸多挑战。尽管如此, 未来仍可期, 有望通过技术创新、跨学科深度合作、完善伦理法律规范以及加强公众教育与参与等举措, 不断突破困境。基因编辑技术的应用将为考古学带来前所未有的机遇, 推动考古研究取得更丰富且准确的成果。

关键词: 基因编辑技术; 考古发掘; 古 DNA 分析

中图分类号: K854

文献标识码: A

一、引言

传统的考古方法在面对一些复杂的问题和有限的线索时, 常常显得力不从心。随着科技的飞速发展, 各种先进技术纷纷涌入考古领域, 为这一古老的学科注入了新的活力, 基因编辑技术便是其中最具潜力和创新性的手段之一。基因编辑技术通过对古代生物样本和人类遗骸中基因的精确编辑和深入分析, 我们能够获取珍贵信息。

从追溯古老物种的起源与变迁, 到揭示古代人类的迁徙轨迹和族群关系, 基因编辑技术为考古研究打开了全新的视角。它不仅能够补充和验证现有的考古理论, 还有可能颠覆我们对某些历史事件和文化现象的传统认知。然而, 如同任何新兴技术一样, 基因编辑技术在考古发掘中的应用也面临着一系列的挑战和争议。如何在充分发挥其优势的同时, 确保研究的合法性、科学性和伦理合理性, 是我们必须要面对和解决的问题。在这样的背景下, 深入探讨基因编辑技术在考古发掘中的应用, 具有极其重要的学术价值和现实意义。

二、基因编辑技术概述

(一) 基因编辑技术原理

基因编辑技术依靠核酸酶在特定的基因组位点产生双链断裂, 然后借助细胞自身的修复机制实现基因的修饰, 如插入、删除或替换特定的碱基对^[6]。

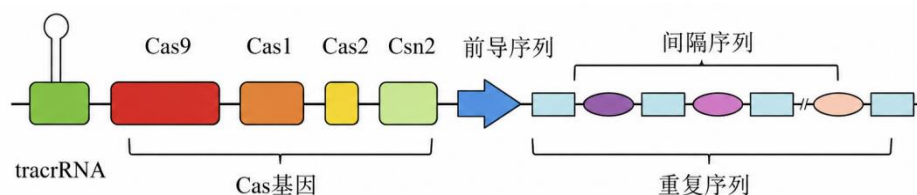
(二) 常见基因编辑技术

1. CRISPR-Cas9 技术

CRISPR-Cas9 系统最初是在细菌中发现的一种免疫机制, 用于抵御外来的病毒和质粒。CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) 是一系列重复的 DNA 序列, 它们之间由独特的间隔序列分隔。这些间隔序列是细菌在以前遭受病毒侵袭时获得的病毒 DNA 片段。Cas9 (CRISPR-associated protein 9) 是一种核酸酶, 能够在特定的 DNA 序列上切割双链 DNA。

在基因编辑中, 研究人员设计了一个与目标 DNA 序列互补的单链 RNA 引导分子 (sgRNA),

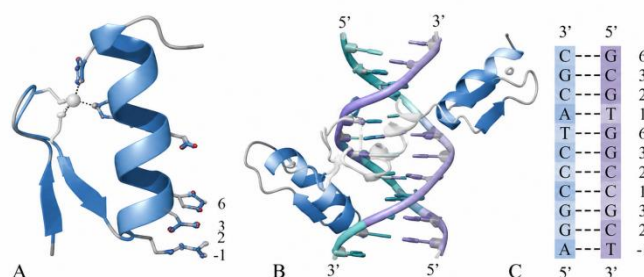
将其与 Cas9 蛋白复合体一起导入目标细胞。sgRNA 引导 Cas9 定位到目标 DNA 序列，并促使 Cas9 在该位置切割 DNA 双链。细胞修复切割产生的 DNA 断裂时，可以引入突变，从而实现基因的敲除、插入或替换^[14]。



图一 CRISPR/Cas9 系统的基本结构

2. 锌指核酸酶（ZFN）技术

ZFN 由锌指蛋白（ZFP）和 FokI 核酸内切酶组成。锌指蛋白是一类具有 DNA 结合能力的蛋白质，每个锌指通常能识别并与 3 到 4 个相邻的核苷酸碱基序列结合。通过组合不同的锌指，可以根据需要精确地设计出能够特异性结合目标 DNA 序列的锌指蛋白。非特异性核酸内切酶 FokI 与锌指蛋白相连后使其具有 DNA 切割能力，多个锌指蛋白串联可形成锌指蛋白组，锌指蛋白间相互作用产生酶切功能，形成双链断裂，刺激细胞启动自然 DNA 修复过程，诱发位点特异性重组，达到基因编辑的目的^[18]。

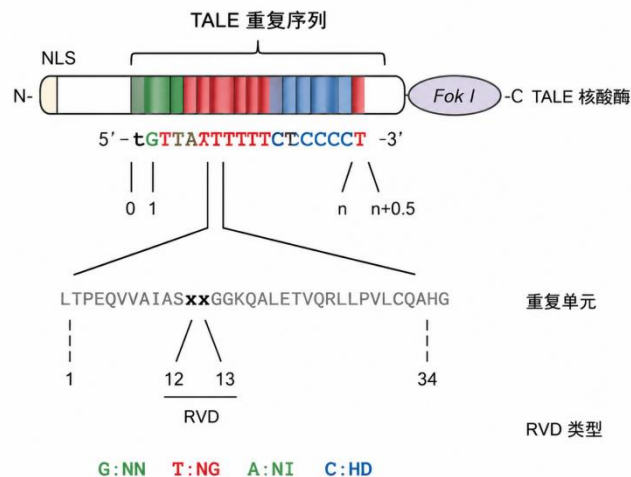


图二 锌指结构及其结合 DNA 的示意图

A 为单个锌指的结构示意图（2 个 β 片和 1 个 α 螺旋），中间圆球为锌原子，-1、2、3、6 为螺旋上侧链氨基酸的位置；B 为锌指结合 DNA 示意图，双螺旋结构为 DNA，锌指的 α 螺旋位于 DNA 的大沟内；C 为锌指结合基因碱基的示意图，箭头表示锌指蛋白氨基酸残基与 DNA 碱基靠氢键结合，短线表示锌指蛋白氨基酸残基与 DNA 碱基靠范德华力结合。

3. 类转录激活因子效应物核酸酶（TALEN）技术

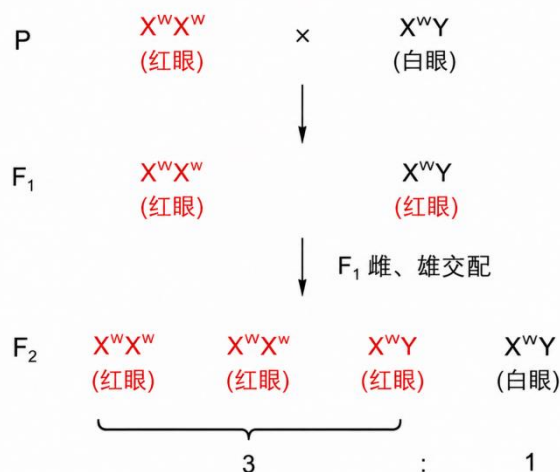
TALEN 技术通过 DNA 识别模块将 TALEN 元件靶向特异性的 DNA 位点并结合，然后在 FokI 核酸酶的作用下完成特定定位点的剪切，并借助于细胞内固有的同源定向修复（HDR）或非同源末端连接（NHEJ）修复过程完成特定序列的插入（或倒置）、删除及基因融合^[19]。



图三 TALEN 结构示意图

4. NgAgo-gDNA 技术

NgAgo-gDNA 技术是一种以 DNA 作为引导工具的基因编辑技术。其工作原理与 CRISPR-Cas9 技术有些类似，是在引导工具的引导下，令核酸酶对特定位置的基因序列进行切割，从而进行基因编辑^[12]。



图四 NgAgo—gDNA 技术原理示意图

5. 碱基编辑技术 (ABE/CBE)

碱基编辑技术可以细分为 CBE (胞嘧啶碱基编辑器) 与 ABE (腺嘌呤碱基编辑器) 技术。两者都是依托于 CRISPR 的 DNA 定位能力，将 C 碱基脱氨酶或 A 碱基脱氨酶定位到基因组的特定位置，催化特定位置的 C 或 A 进行脱氨反应，转变为 U 或 I，然后在 DNA 复制的过程中被当作 T 或 G，实现 C 到 T 或 A 到 G 的转换^[4]。

CBE 系统在胞嘧啶脱氨酶及 UGI 的作用下将靶位点处一定活性窗口内的 C 脱氨变为 U，经 DNA 修复和复制后实现 C-T 的突变；CBE 系统经胞嘧啶脱氨酶、UDG、AP 裂解酶等作用下会产生非 C-T 或 Indels 的突变；ABE 系统在腺嘌呤脱氨酶的作用下将 A 脱氨变为 I，经 DNA 修复和复制后实现 A-G 的突变。

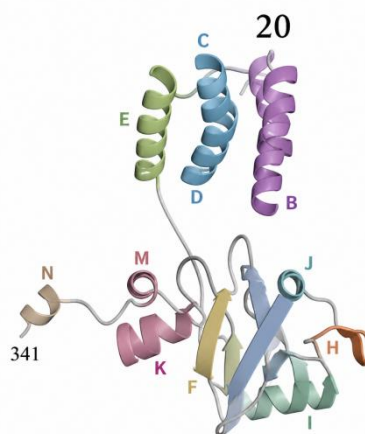
表一 CBE、ABE 和 HR 的比较

DNA 切割	SSB	SSB	DSS
编辑结果	C-T	A-G	任意
产物纯度	>90%	>99%	5%-50%
效率	高	高	低
供体 DNA	不需要	不需要	需要
细胞周期	不依赖	不依赖	依赖
基因组重排	否	否	是
全基因组脱靶	严重	否	否
SNA 水平脱靶	严重	严重	否

SSB 代表 DNA 单链断裂。

6. Cre-loxP 条件性基因编辑技术

Cre-loxP 系统最早发现于噬菌体 P1 中,是目前应用最广泛的条件性基因编辑工具。Cre 酶是一个由 343 个氨基酸组成的 38kDa 蛋白,能够识别特定的 DNA 序列 loxP,并在这些位点上进行 DNA 重组,实现基因的插入、删除、反转和易位。通过特异启动子和位点特异重组系统,科学家可以在特定的时间和组织中激活或敲除基因,从而更真实地模拟人类疾病^[23]。



图六 Cre 重组酶的蛋白结构

这些基因编辑技术通过不同的机制实现对基因组的精确编辑,为基因功能研究、疾病模型构建和基因治疗提供了强大的工具。

三、基因编辑技术在考古发掘中的应用

(一) 古代生物样本分析

1. 物种鉴定

CRISPR-Cas9 技术可以用于高通量 DNA 提取,提高从古代样本中提取 DNA 的效率和质量。例如,一些新的古 DNA 提取方法和技术正在研究中,如基于 CRISPR-Cas9 技术的高通量 DNA 提取和利用纳米材料进行高效 DNA 分离等。这些技术可以显著提高从古代样本中提取 DNA 的效率,从而为物种鉴定提供更多的数据支持^[16]。

基因组拼接与比对技术可以用于鉴定古代生物的基因型和表现型频率的分布。通过在古人遗骸中提取 DNA 完成基因组测序,利用生物信息学技术对自然选择、遗传漂变、突变和基因流过程中基因型和表现型频率的分布进行分析,从而实现物种鉴定^[15]。CRISPR-Cas9 技术结合高通量测序技术,可以部分克服现有鉴定过程繁琐的缺陷,具有可以批量应用的优点。

例如,高通量测序可以大幅降低测序成本,提高测序效率,从而为大规模的物种鉴定提供技术支持^[20]。CRISPR-Cas9 基因编辑技术可以用于构建特定基因的敲除系统,从而实现对古代生物样本中特定基因的编辑和鉴定。例如,通过构建大肠杆菌 *aroA* 基因的敲除系统,可以验证基因编辑的效率和准确性,为古代生物样本的物种鉴定提供参考^[14]。

CRISPR-Cas9 技术不仅可以用于基因编辑,还可以用于基因表达调控。通过设计特异性的 sgRNA,引导 Cas9 蛋白定位到目标 DNA 序列,实现对基因表达的调控,从而为物种鉴定提供更多的功能信息^[17]。CRISPR-Cas9 系统的发现使得原本繁琐复杂的细胞基因编辑工作能在几周甚至更短的时间内完成,推动了各个领域基因编辑技术的发展。CRISPR-Cas9 技术在考古发掘中的应用,可以显著提高物种鉴定的效率和准确性。

2. 种群动态研究

古 DNA 技术的发展极大地提高了从古代样本中提取和分析 DNA 的效率。通过高通量测序技术,可以精确鉴定古植物物种,复原古代植被的基因多样性,为回答植物考古关心的农业起源等重大议题开辟新的途径。例如,利用高通量测序技术可以精确鉴定形态相近的物种,如硬质小麦和面包小麦,这些物种在没有麸皮的情况下仅凭种子外观形态难以区分。基因测序技术从硬质小麦是四倍体(AABB)、面包小麦是六倍体(AABBDD)这一区分入手,将两者间不同的 D 基因确定为区分不同小麦品种的关键^[20]。

基因编辑技术可以用于研究古代种群的动态变化。例如,通过对嫩江流域古代人类遗骸的全基因组数据进行分析,发现嫩江流域早晚期人群在全基因上展现了较强的遗传连续性,只有一个晚期个体携带少量的蒙古/北亚成分,并没有发现其他地区古代人群的遗传成分的进入。这表明线粒体 DNA 作为单亲遗传标记,具有不发生重组、突变率高、种群内部差异显著等优点,有利于追踪人群来源和评估人群扩张历史。CRISPR-Cas9 技术可以用于验证分子标记,通过精确修改特定基因变异,加深对分子标记的理解。例如,基因编辑技术的发展为分子溯源提供了新的工具,CRISPR-Cas9 系统可以用于验证分子标记,从而提高物种鉴定的准确性^[22]。基因编辑技术可以用于研究种群密度信号感知与调控的分子机制。例如,中国科学院实验海洋生物学重点实验室的研究团队利用 CRISPR-Cas9 基因编辑技术敲除了海洋硅藻中的 *PtSLC24A* 基因,发现该基因在种群密度信号感知和调控中发挥重要作用。这一发现为工业生产中实现微藻的高密度培养提供了新思路,也为硅藻藻华暴发时种群动态变化及藻华命运决定机制提供了新见解。

通过古基因组比较分析,结合考古学和历史学的材料、方法,可以重建古代人群的遗传历史。例如,复旦大学的研究通过古基因组比较分析,结合考古学和历史学的材料、方法,重建了近六千年以来山东的人群遗传历史,以科技考古手段描述了中华民族“血脉”融合的动态过程^[3]。

(二) 人类遗骸研究

1. 亲缘关系分析

复旦大学韩昇教授与金力院士牵头,与现代人类学教育部重点实验室合作,通过遗传基因方式推动曹操墓真假的辨别。他们通过对全国曹姓家谱的分析,结合地方志、史书、石刻史料等,梳理出曹操的后人所在,并从身份确定的遗骸中提取出曹操家族的男性基因。此后,又从安徽亳州的曹操家族墓群中提取到曹操叔祖父的牙齿,进行 DNA 检测。二者相合,确认了曹操家族的男性基因特征。只要将曹操墓遗骸中提取的基因与该男性基因特征进行比较,就能为曹操墓真假辩论提供新的证据^[21]。

通过司马家族的研究,遗传基因技术运用于古代家族形成、演进、分化历史的研究逐步完善,即“基因家谱学”。基因家谱研究极大地弥补了传统谱牒学过于依靠文献的不足,使家族内部个体之间的遗传关系得到进一步厘清,为验证家族攀附、过继等情况,提供了新的

思路。以遗传基因技术为工具,通过对核心家族遗传谱系的梳理,能够从个体、家族的不同层面窥探族群的演变,从而动态展示某一民族的递嬗,最终回答传统历史学关心而不容易解决的问题^[9]。

厦门大学人类学研究所、厦门大学生命科学学院细胞应激生物学国家重点实验室王传超教授课题组与哈佛医学院 David Reich 教授团队合作,联合全球 43 个单位的 85 位共同作者在 Nature 期刊上发表文章 Genomic Insights into the Formation of Human Populations in East Asia,通过古 DNA 精细解析东亚人群形成历史。该研究应用古 DNA 解析东亚人群形成史,得出汉藏同源的结论:5000 年前黄河流域的农业人群在中国北方传播农耕、汉藏语言和和相关技术,在遗传上成为了藏族和汉族的共同祖先。

研究人员发现了一种新的方法,通过精确测量共享基因组的区域,可以在古代基因组中检测到多达六度的亲属,而以前使用基因组平均相似性的 aDNA 方法仅限于检测到多达三度的亲属。研究人员将这一新工具应用于一个由 4248 个先前发表的来自欧亚大陆和过去 5 万年的古代基因组组成的数据集,并能够识别出数百对以前未被发现的亲戚。在一些有趣的案例中,两位亲属被埋在相隔很远的地方,这直接揭示了过去人类的流动性。例如,一对来自中亚的两个早期青铜器时代的游牧民族,他们生活在大约 5000 年前,是五级亲属,彼此之间的埋葬距离大约 1500 公里。这些个体,或者他们的直系祖先,在出生和被埋葬之间必须移动数百公里。

在农业起源与发展的研究中,高通量测序技术可以揭示农业发展的演进过程。通过对古代农作物的基因组进行测序,可以寻找其中与驯化栽培相关的关键位点。例如,揭秘古农作物完整基因图谱,寻找其中与驯化栽培相关的关键位点,可以揭示农业发展的演进过程。高通量测序技术率先被应用在与人类关系密切的集中栽培作物中,现有较完整的基因组数据的包括大麦、小麦、水稻、棉花、玉米、大豆、甜菜、土豆、高粱、葡萄等。

2. 疾病研究

基因编辑技术可以用于构建适合的疾病模型,对探索疾病的发生和进展以及抗癌药物的筛选有着重要的意义。对于已知致病基因的疾病,研究人员可以运用 CRISPR/Cas9 等基因编辑技术,构建对应的基因突变动物或细胞模型,从而进一步进行药物或其他治疗方式的研究。例如,利用 CRISPR 技术靶向 Pten 和 p53 (两种抑癌基因) 构造的肝癌模型,以及诱导 CD74-ROS1、EML4-ALK 和 KIF5B-RET 融合导致的肺癌模型等。

基因编辑技术可以用于基因诊断和核酸检测,具有较高的灵敏度和较为低廉的价格。例如,CRISPR/Cas 系统在重大传染疾病检测中的应用,如 DETECTR 技术用于检测 SARS-CoV-2 的 N、E 基因,灵敏度达到 10 copies/ μ L,结果判读形式为荧光或试纸。基因编辑技术可以用于研究古代疾病的历史和传播。通过对古代样本中的 DNA 进行编辑和分析,可以揭示古代疾病的遗传特征和进化历程。例如,通过对古代人类遗骸的基因组测序,可以揭示古代疾病的传播路径和流行情况。对于一些由多基因突变导致的人类复杂疾病,CRISPR/Cas9 技术可以同时进行多基因编辑。例如,通过在小鼠大脑中单基因敲除(Ptch1)和多基因敲除(Trp53, Pten, Nf1),成功构建了成神经管细胞瘤和成胶质细胞瘤疾病模型^[7]。

基因编辑技术在疾病治疗中具有广阔的应用前景,特别是在基因遗传病的治疗方面。例如,利用 CRISPR/Cas9 技术将特定点突变引入人诱导多能干细胞中,实现了基因单拷贝和多拷贝编辑,从而得到携带阿尔茨海默病相关突变的细胞。基因编辑技术在疾病诊断中也展现出良好的应用前景。例如,CAM 技术用于甲基化诊断,灵敏度达到 342 aM,结果判读形式为荧光。CDetection 技术用于癌症 SNP 诊断,灵敏度达到 1aM,结果判读形式为荧光^[8]。

(三) 文化传承与保护

1. 揭示文化传播路径

古 DNA 技术的发展为考古学提供了新的研究手段,通过提取和分析古代人类和动植物的 DNA,可以揭示古代人群的迁徙、交流和文化传播路径。例如,厦门大学人类学研究所与哈佛医学院 David Reich 教授团队合作,通过古 DNA 精细解析东亚人群形成历史,发现 5000 年前黄河流域的农业人群在中国北方传播农耕、汉藏语言和相关技术,在遗传上成为了藏族和汉族的共同祖先人^[16]。

基因编辑技术,如 CRISPR-Cas9 系统,可以用于验证分子标记,通过精确修改特定基因变异,加深对分子标记的理解。结合基因编辑技术,可以实现对特定基因变异的精确修改,从而为研究植物适应性提供新手段。例如,通过对古代植物基因的精确修改,可以研究植物在不同环境下的适应性变化,进而推断文化传播路径^[11]。遗传基因技术不仅用于研究古代家族的形成、演进和分化历史,还可以用于研究古代民族的繁衍、传承和交融。例如,通过遗传基因技术对少数民族遗骸进行数据分析和比对,可以窥探族群的繁衍、传承、交融,进而探讨隋唐北方民族大融合的递嬗脉络。

古基因组学作为考古学、人类学、生物信息学和遗传学等多学科融合的新方向,通过提取和分析古代人类的 DNA,可以直接观察到史前人群的遗传成分,从而分析他们的演化过程和遗传历史,了解相关人群的亲缘谱系和祖先来源。例如,付巧妹团队基于东亚人群的大量研究,探明了不同古代东亚人群的遗传特点,首次发现了其与世界其他地区人群之间的遗传关系、相关人群的迁徙扩散模式以及环境适应性遗传变异情况,进而勾画出迄今最长时间尺度下东亚人群的动态遗传图谱^[1]。

基因编辑技术可以用于研究古代疾病的传播路径和流行情况。通过对古代人类遗骸的基因组测序,可以揭示古代疾病的遗传特征和进化历程,从而推断疾病的传播路径。例如,通过对古代人类遗骸的基因组测序,可以揭示古代疾病的传播路径和流行情况。基因编辑技术可以用于研究古代植物的驯化和传播路径。通过对古代植物基因的精确修改,可以研究植物在不同环境下的适应性变化,进而推断植物的驯化和传播路径。例如,通过对古代农作物的基因组进行测序,可以寻找其中与驯化栽培相关的关键位点,从而揭示农业发展的演进过程。

2. 助力文物保护

基因编辑技术可以对古生物标本中的基因进行编辑,从而改变其基因序列或功能。这可以使我们修复古生物标本中受损的基因,或者将古生物标本中感兴趣的基因进行功能恢复。例如,通过基因编辑技术可以修复古代植物标本中受损的基因,从而更好地保存和研究这些标本。

古 DNA 技术的发展为考古学提供了新的研究手段,通过提取和分析古代人类和动植物的 DNA,可以揭示古代人群的迁徙、交流和文化传播路径。例如,厦门大学人类学研究所与哈佛医学院 David Reich 教授团队合作,通过古 DNA 精细解析东亚人群形成历史,发现 5000 年前黄河流域的农业人群在中国北方传播农耕、汉藏语言和相关技术,在遗传上成为了藏族和汉族的共同祖先人。基因编辑技术,如 CRISPR-Cas9 系统,可以用于验证分子标记,通过精确修改特定基因变异,加深对分子标记的理解。结合基因编辑技术,可以实现对特定基因变异的精确修改,从而为研究植物适应性提供新手段。例如,通过对古代植物基因的精确修改,可以研究植物在不同环境下的适应性变化,进而推断文化传播路径。

基因编辑技术可以用于研究古代疾病的传播路径和流行情况。通过对古代人类遗骸的基因组测序,可以揭示古代疾病的遗传特征和进化历程,从而推断疾病的传播路径。例如,通过对古代人类遗骸的基因组测序,可以揭示古代疾病的传播路径和流行情况。基因编辑技术可以用于研究古代植物的驯化和传播路径。通过对古代植物基因的精确修改,可以研究植物在不同环境下的适应性变化,进而推断植物的驯化和传播路径。例如,通过对古代农作物的基因组进行测序,可以寻找其中与驯化栽培相关的关键位点,从而揭示农业发展的演进过程。

在文物保护方面,基因编辑和合成生物学的进展可能带来革命性的修复材料,能够更加

精准地匹配和修复古老材料的微观结构。例如，通过基因编辑技术可以开发出与古代文物材料相匹配的生物材料，从而更好地保护和修复这些文物。科技对文物事业高质量发展的支撑引领日益明显。从考古发掘到文物保护，从价值阐释到展示传播，文物和科技的结合越来越紧密。例如，世界首个文物多场耦合实验室投入使用，文物病害科学诊断方法和动态监测技术得到突破。基于丝肽-氨基酸的丝织品接枝加固技术破解糟朽丝织品保护国际难题。

四、基因编辑技术在考古应用中的挑战

古代生物样本历经漫长时间，受环境因素影响，DNA 等遗传物质易降解、污染，获取完整且高质量样本困难，像一些年代久远的骨骼化石，其内部 DNA 含量极低且碎片化严重。同时，考古现场条件复杂，样本保存需专业设备与技术，否则会影响后续基因编辑分析。考古遗址中发现的样本数量和种类有限，难以全面代表古代生物群体的遗传多样性，导致对古代物种和人类种群的基因编辑研究可能存在偏差，无法准确反映整体情况。

尽管基因编辑技术不断进步，但仍存在一定误差率，在考古样本基因编辑中，错误编辑可能导致对古代基因信息的误读，影响对古代生物遗传特征和演化关系的判断。基因编辑技术操作复杂，需要专业人员和昂贵设备，在考古领域大规模应用时，受资金、技术平台等限制，难以广泛开展，且古代样本基因编辑难度更大，对技术要求更高。

涉及人类遗骸基因编辑时，需考虑对死者尊重和后代情感影响，还可能引发关于人类繁衍、基因改造等更广泛伦理问题，如是否符合自然规律及对人类未来发展的影响^[13]。目前相关法律法规主要针对现代生物医学研究和应用，对考古领域基因编辑技术的应用规范存在空白或不明确之处，导致实践中无明确法律依据和准则，易引发争议和风险^[10]。

古代生物基因序列与现代生物存在差异，对其功能和意义的解读缺乏足够参考，需深入研究和探索，且基因间相互作用复杂，单个基因变化可能产生多种生理和表型效应，增加解读难度。基因编辑技术在考古中的应用涉及考古学、遗传学、生物学、计算机科学等多学科，各学科研究方法和理论框架不同，数据类型和格式差异大，整合分析存在困难，需跨学科团队紧密合作与交流。

五、未来展望

基因编辑技术将不断改进和优化，提高对古代样本中微弱、碎片化基因信息的检测和编辑精度，同时大幅缩短操作时间，降低成本，使大规模应用成为可能。与其他前沿技术如纳米技术、单细胞分析技术等相结合，实现更灵敏、更微观的考古样本基因分析，获取更丰富、更精准的遗传信息。研发便于携带至考古现场的小型化、高效基因编辑检测设备，能够在第一时间对新出土的珍贵样本进行初步分析和保护处理，最大程度保留原始信息。

考古学、遗传学、人类学、生态学等多学科之间的合作将更加紧密和深入，形成综合性的研究体系，从多个角度解读基因编辑结果，构建更完整的古代社会和生物演化图景。随着研究的增多，将建立涵盖全球不同地区、不同历史时期的古代生物和人类基因数据库，为比对分析和溯源研究提供强大的支持，促进全球性的考古研究合作与交流。利用基因编辑技术探索古代生物的表现遗传学、微生物组学等新兴领域，揭示更多关于古代环境适应、疾病传播以及文化与基因相互作用的奥秘。

不仅能够用于研究，还将直接服务于文化遗产的保护和修复工作。通过了解古代材料的基因构成，开发更针对性的保护策略，延缓文物老化和损坏。基因编辑技术的考古应用成果将以更生动、直观的方式展示给公众，例如通过虚拟现实、增强现实等技术，让人们身临其境地感受古代历史，提高公众对考古和文化遗产保护的兴趣和意识。随着技术的发展和应用的普及，相关的政策法规将逐渐完善，以规范基因编辑技术在考古中的合理使用，确保研究符合伦理道德和法律要求，保障人类文化遗产的尊严和安全。

六、结论

基因编辑技术在考古发掘领域的应用展现出了巨大的潜力和创新价值。它为我们深入理解古代生物的演化、人类的迁徙与发展等方面提供了全新的视角和有力的工具。通过对古代生物样本和人类遗骸的基因分析,我们能够更加精确地追溯物种的起源和变迁,构建更为详尽的古代人类活动图谱。这不仅丰富了我们过去的认知,也为解决一些长期存在的考古学谜题提供了可能。然而,我们也必须清醒地认识到,基因编辑技术在考古中的应用仍处于发展阶段,面临着诸多挑战。从样本的获取和处理,到技术的准确性和可靠性,再到伦理和法律规范,都需要我们谨慎对待和不断完善。

未来,我们期待看到基因编辑技术在考古领域的进一步优化和成熟。这需要跨学科的合作,包括考古学家、遗传学家、生物学家以及伦理学家等的共同努力。同时,也需要建立健全相关的法律法规和伦理准则,以确保技术的合理应用和研究的可持续发展。总之,基因编辑技术为考古发掘带来了新的曙光,但要实现其最大价值,还需要在技术创新、规范管理和多学科协同等方面持续探索和进步,从而为揭示人类历史做出更显著的贡献。

参考文献

- [1] 丁林.古基因组的“新研究”:人类从哪里来?[N].北京科技报,2022-10-10(006).DOI:10.28030/n.cnki.nbjkj.2022.000206.
- [2] 章德宾,罗瑶,陈文进.基因编辑技术发展现状[J].生物工程学报,2020,36(11):2345-2356.DOI:10.13345/j.cjb.190557.
- [3] 文少卿,俞雪儿,田亚岐,等.古基因组学在古代家马研究中的应用[J].第四纪研究,2020,40(02):308+310-318+320.
- [4] 宗媛,高彩霞.碱基编辑系统研究进展[J].遗传,2019,41(09):777-800.DOI:10.16288/j.ycz.19-205.
- [5] 卢俊南,褚鑫,潘燕平,等.基因编辑技术:进展与挑战[J].中国科学院院刊,2018,33(11):1184-1192.DOI:10.16418/j.issn.1000-3045.2018.11.006.
- [6] 陈一欧,宝颖,马华崢,等.基因编辑技术及其在中国的研究发展[J].遗传,2018,40(10):900-915.DOI:10.16288/j.ycz.18-195.
- [7] 曾栋昌,马兴亮,谢先荣,等.植物 CRISPR/Cas9 多基因编辑载体构建和突变分析的操作方法[J].中国科学:生命科学,2018,48(07):783-794.
- [8] 胡小丹,游敏,罗文新.基因编辑技术[J].中国生物化学与分子生物学报,2018,34(03):267-277.DOI:10.13865/j.cnki.cjbmb.2018.03.06.
- [9] 杜盼新,文少卿,王凌翔,等.重构司马光家族基因家谱[J].人类学学报,2019,38(02):304-316.DOI:10.16359/j.cnki.cn11-1963/q.2017.0081.
- [10] 王康.人类基因编辑多维风险的法律规制[J].求索,2017,(11):98-107.DOI:10.16059/j.cnki.cn43-1008/c.2017.11.012.
- [11] 李想,崔文涛,李奎.基因编辑技术及其应用的研究进展[J].中国畜牧兽医,2017,44(08):2241-2247.DOI:10.16431/j.cnki.1671-7236.2017.08.004.
- [12] 杨洁,曹玉锦.新一代基因组编辑技术——NgAgo-gDNA[J].生物学教学,2016,41(11):75.
- [13] 邱仁宗.基因编辑技术的研究和应用:伦理学的视角[J].医学与哲学(A),2016,37(07):1-7.

- [14] 谢亚磊,刘千琪,刘戟.CRISPR/Cas9 基因编辑技术最新研究进展[J].生命的化学,2016,36(01):1-6.DOI:10.13488/j.smhx.20160101.
- [15] 赵坤.面向新一代测序技术的基因拼接算法[D].山东大学,2015.
- [16] 柳天雄,罗佳,黄菊芳,等.古 DNA 提取技术新进展[J].现代生物医学进展,2014,14(26):5170-5175.DOI:10.13241/j.cnki.pmb.2014.26.043.
- [17] 魏泽辉,贾存灵,张智英.CRISPR/Cas9 系统在基因表达调控中的应用[J].畜牧兽医学报,2014,45(09):1387-1392.
- [18] 李万利,李文清,王明发,等.锌指核酸酶及其应用研究进展[J].河南农业科学,2014,43(08):1-9.DOI:10.15933/j.cnki.1004-3268.2014.08.006.
- [19] 沈延,肖安,黄鹏,等.类转录激活因子效应物核酸酶(TALEN)介导的基因组定点修饰技术[J].遗传,2013,35(04):295-309.
- [20] 王兴春,杨致荣,王敏,等.高通量测序技术及其应用[J].中国生物工程杂志,2012,32(01):109-114.DOI:10.13523/j.cb.20120116.
- [21] 刘康丽,孙升云.先天之本与基因遗传相关性探析[J].陕西中医,2010,31(12):1693-1695.
- [22] 白玉.DNA 分子标记技术及其应用[J].安徽农业科学,2007,(24):7422-7424.DOI:10.13989/j.cnki.0517-6611.2007.24.006.
- [23] 连正兴,李宁,吴常信.组织特异性定点重组 Cre/LoxP 系统的研究概况[J].农业生物技术学报,2000,(03):302-306.

The Application of Gene-Editing Technology in Archaeological Excavations

Liu Huifei

(College of Applied Arts and Sciences of Beijing Union University, Beijing, 100191)

Abstract: This paper deeply explores the application of gene editing technology in the field of archaeological excavation. Firstly, it elaborates in detail the principle, development history and common types of gene editing technology, such as the CRISPR-Cas system, etc. Then, it focuses on its multi-faceted applications in archaeological excavation, including precise species identification and population dynamics research on ancient biological samples to reveal the ancient ecological environment and human utilization of resources; by analyzing ancient human remains, determining kinship, tracing migration patterns and exploring the genetic basis of diseases; in terms of cultural inheritance and protection, it helps reveal cultural dissemination paths and provides a scientific basis for the protection of cultural relics. However, the application of gene editing technology in archaeology is not all smooth sailing. It faces many challenges such as poor quality and quantity of ancient DNA, technical errors and contamination, ethical and legal constraints, and the complexity of data interpretation. Nevertheless, the future is still promising. It is expected that through measures such as technological innovation, in-depth interdisciplinary cooperation, improvement of ethical and legal norms, and strengthening of public education and participation, difficulties will be continuously overcome. The application of gene editing technology will bring unprecedented opportunities to archaeology, helping to uncover the mysteries of human history more deeply and comprehensively, and promoting archaeological research to achieve richer and more accurate results.

Keywords: Gene editing technology; Archaeological excavation; Ancient DNA analysis