

曹操是谁？我们是谁？

文图 / 黄韵之 李辉



影视作品中的曹操形象

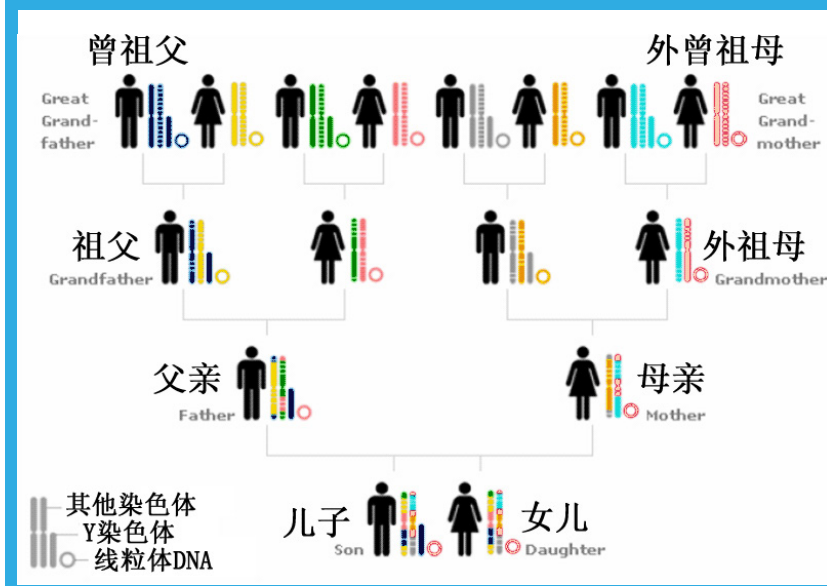
古 DNA 研究是分子人类学领域目前最重要的研究方向之一。近年来，随着技术水平的不断推进，在古 DNA 领域取得了一系列突破性成果，为人类进化、文明对撞、民族迁徙、历史悬案的研究拓展了全新的视野。复旦大学现代人类学教育部重点实验室这些年来在古 DNA 领域取得了不少成果。在物种的研究上，我们为完善智人亚属的谱系开展了大量数据分析工作；在人种学领域，我们对新疆地区发现的有西方特征的青铜时代干尸提取古 DNA，发现当时新疆人群具有更多的东方遗传成分；在民族研究上，我们对新石器时代中国各个考古文化区系内的古代样本进行检测，发现考古区系之间的 Y 染色体类型差异很大，而与今天的民族语言系统有着明显对应关系。

在宗族研究领域，古 DNA 研究中的 Y 染色体分析方法可以拨开许多历史迷雾。Y 染色体在父子间代代相传，是

一种姓氏宗族的遗传标记。所以古人间的血缘关系可以从他们的现代后裔间 Y 染色体差异来推测。古代人物遗骸也可以通过 Y 染色体分析找到其现代后人。那么，我们复旦大学历史学和人类学联

合课题组为什么要研究曹操呢？因为，宋之前，家谱都是官修，老百姓是没有权利修的，到了宋代才开始放开，个人可以随便修，完全不靠谱。所以，只有早期的官修的家谱才有一定可信度，

染色体有着纯父系的遗传模式



官修的家谱只有帝王将相的家族。在经过筛选分析后,我们发现曹操的家族从三国时代开始时间久、后代多、家族大,到了宋代以后曹操变成一个负面人物,除非真是曹操的后代,其他的曹姓家族一般也不会贸然把自己说成是曹操的后代。因此,从曹氏家系入手是最可靠的。

研究的重要性

从自然科学角度来讲,曹操家族的基因用处非常大。在研究人类进化的过程中,要了解人类基因演变的过程,最主要的一个问题是要弄清楚人类进化历史的每一步骤在什么地方、什么时间发生的。要计算时间,就必须建立一个很精确的分子钟,就是要计算出基因突变的速率。有了这个速率,再度量出两个群体之间的基因的差异,也就是距离,距离除以速度就等于时间,我们就可以计算出两个群体分开的时间。这个速率该如何计算呢?以前的速率计算是很不精确的,就是通过人和黑猩猩之间的差异算出来的,把人和黑猩猩之间的差异除上人和黑猩猩在地质年代上分化的时间(约500万年),就得到一个突变速率的数值,这个值是很不精确、有很大误差的。造成这个误差的原因主要在于人和黑猩猩到底什么时间分开,在古生物学上不太确定,大概是在500万年前,但是还有正负100万年的误差。

用这个突变率值来计算人类演化史上的很多历程,得到的时间误差就往往很大,这个误差有可能是4000年,然而,在这4000年里能够发生多少事情,自然环境能发生多大变化,人类社会进步会发生多大的跨越,到底什么样的社会因素和自然因素造成了人类基因组在这个



2006年工作人员在新疆采集楼兰美女样本

时间段内发生巨大变化?我们无法知道,因为没法算准时间。所以从这一点上讲,把时间定精确是很重要的。而精确计算突变率用以估算时间,唯一的办法就是要在人类的有明确记载的大家系里面去计算,计算父系遗传的男性Y染色体在家族中的变化速度。这比人和黑猩猩之间算出来的数值要精确得多。如果有这么多这样的家系,一对对的跨越很多代的同族,又有明确的记录知道他们跨了多少代,那么我们可以把这个数据算得越来越精确,最终估算时间的误差也会变得越来越小。如此,再去看人类进化过程中每一个事件,什么时候人口减少了,什么时候人口增多了,什么时候人体发生了很大的突变,算出精确的时间点,再看那个时候环境与气候发生什么变化,我们的饮食又有怎样的变化,各种各样的因素放上去,就知道人类为什么进化,怎么样进化,未来会进化成什么样。任何人类进化的问题都要在这个框架上去

做。所以这一研究对我们全人类来说意义非常重大。

在人文学科领域,曹操家族的研究也能解决很多问题。众所周知,曹操的祖父曹腾是东汉大宦官,曹操之父曹嵩是其养子,因此曹操的确切身世始终是个谜题。作为一个时常被津津乐道的历史人物,曹操的出身不免成为人们讨论三国之余所关心的“八卦”消息。

曹操作为一个政治人物,并不愿意让人认为自己出身不明。他在作《家传》时就自我粉饰为周朝曹叔振铎之后,后来再度改为出自帝舜。但这两种说法的用意昭然若揭,仅是抬高自身家世而已。有史料记载曹操之父曹嵩出自夏侯氏。这个说法来自其政敌所作的《曹瞞传》,很可能是利用曹操身世不明的痛处攻击曹操。虽然宋代以后,曹操出自夏侯氏的说法流传甚广,但是并没有确切证据证明曹操出自夏侯氏。而曹操家和西汉开国功臣曹参家则早已经混为一谈,后世制作的家谱几乎都据此叙述家世源流。因此,仅从文献资料无法确定曹操的真实身世。

Y 染色体开辟的新路径

传统的史学方法已经无法带领我们触及这个问题的真相，使用最新的科学技术成为解决这个问题的新思路。简而言之，要确定曹操的身世，就是要为曹操及其可能的祖先做一个精确的“亲子鉴定”。那么，鉴定的依据是什么呢？答案就是 Y 染色体。

Y 染色体是男性特有的一条染色体。在男性体内，只有一条来自母亲的 X 染色体和一条来自父亲的 Y 染色体，也就是说男性的 Y 染色体只能来源于父亲，所以人体性染色体的遗传方式决定了 Y 染色体遵从严格的父系遗传。并且，数千年来大部分姓氏都从父传递，这就意味着，同一家族的男性共享同一单倍型的 Y 染色体。只要能确定某一家族的 Y 染色体单倍型，就可以检测出任何一个男性是否属于这个家族。



2010 年于江苏沛县调查曹氏基因

依照 Y 染色体的特性，我们可以开辟一条新思路：即使在不能得到曹操本人 DNA 的情况下，也可以通过寻找曹操的直系后代，确定他们的 Y 染色体单倍型。其次，寻找曹操可能的祖先，确定他们的单倍型。最后，将这两种单倍型相比较，得到是否相符的结论，以此确定曹操的身世。

追寻真相

根据这条思路，我们课题组开始着手寻找曹操课题组成员开始着手寻找曹操

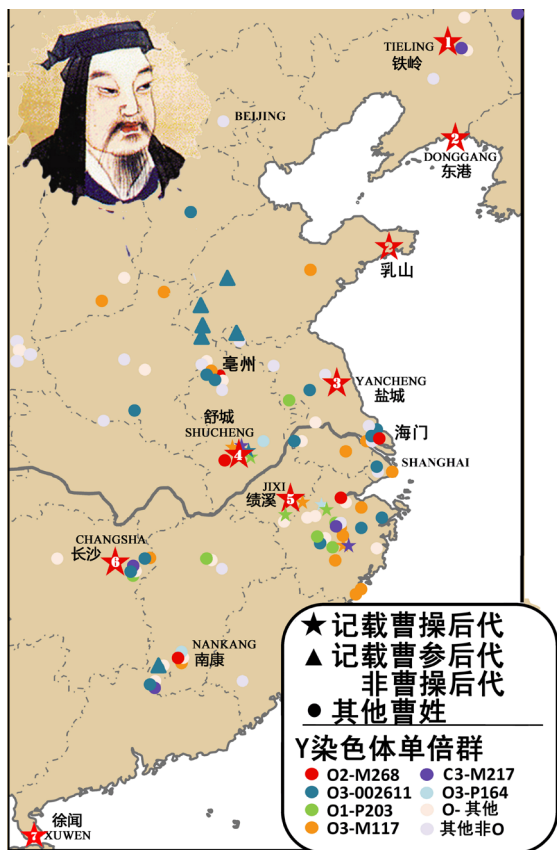
首先，我们先从史料层面上确认曹操后人的存在。高平陵之变后，司马懿诛灭的只是曹操的侄孙曹爽这一族，不是曹操直系子孙或者整个曹氏宗族。因此，我们挑选出 111 件相对可靠的曹氏家谱，将其分为两类：1. 宣称是曹操后代的；2. 宣称是其他祖源的。并且，我们大致确定了几处最接近曹操后裔居住的地区：一是位于安徽、山东、河南、江苏四省的交界处，以安徽亳州为中心，这里是曹操政权的发源地，也是安

阳曹操墓被发现的地区；二是江东地区，包括安徽泾县、繁昌、歙县、绩溪，浙江的金华、东阳、绍兴、余姚、萧山和江西赣州等地；三是湖南等省沿江地区，如湖南兴化、郴州、益阳、长沙等地。

第二，我们针对这两类曹姓家族的男性共 280 人进行取样，同时选取其他姓氏的 446 个男性作为普通对照人群，以确定曹姓家族中是否有某种单倍型的出现频率有显著差异。

第三，我们对上述三种人群的 Y 染色体进行检验分析，发现 O2-M268 是唯一在宣称是曹操后代的家族中显著高频出现的 Y 染色体单倍群，该单倍群有 92.71% 的可能性是曹操的 Y 染色体单倍群。同时，有 8 个曹姓家族坚决声称他们不是曹操的后代，而他们 Y 染色体单倍型都不是 O2-M268，这就进一步增大了 O2-M268 为曹操单倍型的可能性。O3-002611 是在宣称是其他祖源的曹姓家族中出现频率最高的单倍群，同时也是唯一在宣称是西汉丞相曹参直系后裔的 5 个曹姓家族中都出现的单倍群。因此，该单倍群极有可能是曹参的类型。为了使检验结果更加精确，我们还进行了反概率估算，假定所有的曹操家谱都是伪造的，在这 6 个家族中同时出现 O2-M268 单倍型的概率大约为千万分之三，即是几乎不可能的情况。综合史料研究及遗传学方面的证据，我们认为曹操不太可能是曹参的后裔。

第四，我们从位于安徽亳州的曹氏宗族墓群中找到了一枚曹操叔祖曹鼎



曹姓 Y 染色体类型分布图



的牙齿，进行了后续的古 DNA 提取研究。我们严格按照古 DNA 实验的操作流程对样本进行处理：去污染预处理，样品的钻孔、粉碎，DNA 抽提，检测 Y 染色体。最后，依照我们实验室的 Y 染色体数据库，确定这枚牙齿最可能的单倍群类型是 O2-M268，与之前测定的曹操后代的 Y 染色体单倍型一致。曹鼎

牙齿的古 DNA 研究结果支持了我们之前对现代曹氏家族所做出的推断：O2-M268 应该就是曹操的 Y 染色体单倍群类型。这就为我们解开曹操身世之谜，曹操的父亲应该是从曹腾本宗室过继而来，而非史料中流传的夏侯氏（Y 染色体 O1a1）之后，提供了进一步的支撑材料。

我们是谁？

确定曹操祖先及对曹姓家族 Y 染色体调查是将遗传学用于历史研究的一个成功范例。这次的成功揭示了将新方法运用于传统学科的意义：首先，这促成了历史学和分子生物学的深层次合作研究，建立了国内第一个以分子生物学为主要研究工具的历史人类学新学科。在将来，我们可以利用这个方法解决相关的历史疑案，如：秦始皇是否是吕不韦的私生子、乾隆是否从海宁陈家抱养而来等；其次，这种方法加快了人类基因调查从以民族向以家族为对象的转变；最后，我们可以利用这种方法追溯人类的起源及进化过程，追寻我们是谁，我们从哪里来，并以此鉴往知来，对人类进化的具体走向作出预测。^[A]

（作者黄韵之为复旦大学现代人类学教育部重点实验室博士生；李辉为现代人类学教育部重点实验室教授、博士生导师）

曹操叔祖古 DNA 与现在曹操后裔的亲缘网络图

