

# 考古学的深入发展需要分子人类学的合作

张居中

(中国科学技术大学科技史与科技考古系, 合肥 230026)

## 前言

考古学是什么? 这个最基本的学科定位问题, 至今仍在困扰者考古学这个对象古老而方法日新的学科。目前, 中国文物报主办, 中国社科院考古所协办的“考古学的定位”专题讨论, 正反映了刚刚跨入 21 世纪后的中国考古学界对这一问题的深层次的思索。

考古学诞生 100 多年来, 背靠社会和自然两大学科, 凭借着交叉学科的优势, 依靠着丰富的古文化资源和日新月异的科学技术手段, 为人类社会的发展作出了巨大贡献。如果把古物学(在中国应为金石学)作为考古学这棵参天大树之母本的话, 那么地质层位学和生物分类学应是其父本, 因之可以认为, 考古学自诞生之日起, 就不存在什么纯洁性, 而是需要不断汲取新的科学营养, 才能更加茁壮的成长。不断融入兄弟学科新的思路、手段和方法, 才能使其永葆青春与活力。

同其他新兴学科一样, 考古学也有其局限性。譬如, 运用传统考古学手段, 我们永远无法确知同一史前聚落内两座房子主人的关系, 尽管我们可以根据考古现象作出种种推测和解释。记得在 60 年代初, 考古学界在讨论仰韶文化的社会性质问题时, 往往引用同一材料, 却得出相反的结论, 也是学科局限性的具体体现。以前, 各民族的起源和演化研究除了有限的文献资料之外, 只能依靠考古发现的器物比较来推断。但是, 人群基因交流和器物变迁并不是一回事, 因之从器物研究来复原民族关系问题仍然具有很大的局限性。然而, 目前已趋成熟的脱氧核糖核酸(DNA)的提取与分析技术为考古学从人类骨骼的遗传信息来研究人群的进化、交融和迁徙提供了有效的观察手段。

分子人类学是当今世界的前沿学科, 它的介入极大地增强了人类学与考古学的研究手段, 它不但涉及到人类起源这样的重大课题, 而且对各民族的遗传关系研究开创一片崭新的天地。目前, 分子人类学在我国也日益得到学术界的重视。复旦大学现代人类学研究中心在人类起源方面、吉林大学考古系实验室和中国科学院遗传研究所在新石器时代晚期和历史时期的人类学研究中运用 DNA 分析技术, 都取得了一些令人瞩目的成果。但就整体发展状况而言, 尚不尽人意。尽管近三十年来我国的考古新发现层出不穷, 表明东亚和西亚在人类文明进程中具有同等重要的历史地位, 万年以来几乎是同步发展的, 在中期甚至长期居于领先地位, 但因各种研究尚未深入, 其成果还未被国外同行所充分了解, 这与我国的实际地位是极不相称的, 系统开展此项研究的必要性和迫切性当前已经凸显在我们的面前了。

笔者认为, 考古学至少在以下几个方面, 可以借助分子人类学手段, 解决传统考古学手段力不从心的问题, 以促进本学科的深入发展。

## 1. 重要墓葬的性别鉴定

在考古发掘中接触到古人类骨骼的第一要求可能就是性别和年龄鉴定, 特别是墓地和大墓出土的人骨, 鉴定墓主人性别是判断其身份、地位和价值的重要依据, 虽然在体质人类学的范畴中, 人骨上有很多关键点可供鉴定性别, 但由于保存条件的限制那些关键点可

能模糊不清，因而考古实地发掘中，其实有不少人骨无法断定性别，或者只能给一个倾向性的判断，而有时一个不同的判断可能会形成截然相反的认识。譬如新石器时代墓葬中的合葬墓人骨的鉴定，同性合葬与异性合葬的不同现象，在葬俗、葬仪与婚姻形态的研究中就可能得出不同的结果。此时 DNA 分析就可以发挥作用。这种方法在考古上还可应用在婴儿和少年的性别鉴定，因为在青春期之前男女骨骼的发育基本没有差异。记得在 60—70 年代讨论仰韶文化社会性质时，有人曾以半坡 M152 女童厚葬现象为例说明当时属于母系氏族社会，而这具儿童骨架的鉴定年龄只有 4 岁，性别的鉴定结果是很难令人相信的，以此来论证社会性质就更难有说服力。不过运用 DNA 分析方法鉴定其性别则相对容易且可靠，虽不能用来说明社会性质问题，但对了解这一特殊葬仪，则是很有意义的。

## 2. 同一聚落内家系和社会结构的构建

在古代社会人们往往是聚族而居，死后埋在共同的墓地之中，今天这个传统在很多发达或不发达的农村依然有着顽强的生命力。远古的聚落里，一般都是按血统聚集，在一起居住生活工作，实际上就在不久以前的游牧民族或偏远山区的人群中仍然如此。在传统考古学研究中，我们通常根据墓地的布局和排列顺序、随葬品的特征及其变化来进行聚落内社会结构的研究，但往往受发掘面积、保存状况、时间跨度、随葬品丰富程度的限制，无法对同一遗址内的不同墓葬区的人群进行家系分析，从而我们就无法判断同一聚落内同时并存的不同人类群体间，是同一氏族内的不同家族，还是共居于同一聚落内的两个对偶氏族，即是血亲关系还是姻亲关系，聚落是由单一家族组成，还是由两个或更多家族组成；统治阶层和被统治阶层，是否由明显的两类人组成。通过 DNA 分析，我们就可以获取各人类群体的遗传信息，构建家系，判断其婚姻形态及社会性质等。因为第一，Y 染色体是父系遗传，第二，可以用软件来构建种种可能家系，依据非 DNA 证据做出先验判断，再根据 DNA 证据做出后验判断，通过对一系列 DNA 位点的分析，并结合其他证据，给出各个可能家系的概率，从而可以判断概率最大的可能性，当然也可以只用 DNA 数据来构建家系，不过用非 DNA 数据排除一些可能性，会得到可靠性更高的家系树。吉林大学考古 DNA 实验室曾对河北姜家梁遗址的人骨进行 mtDNA 分析，经构建进化树认为该时期的聚落不处于母系氏族社会<sup>[1]</sup>。

## 3. 聚落群的研究

在聚落考古研究中，我们经常见到几个、十几个甚至几十个大体同时并存的遗址共存于一个不大的地理单元之内。这些遗址是一支古代先民所创造，因抛荒轮耕或季节变换留下的遗迹，还是几支人类群体共同创造？若是后者，不同等级的聚落间，是血亲关系？姻亲关系？还是仅仅的地域关系？这对研究聚落群体内的社会复杂化进程和发展阶段，探讨文明因素和国家的起源，都有重要意义。另一方面，同一遗址内不同文化层是同一人类群体不同时间所创造，还是不同的两个人类群体先后选择了同一聚居地？如果依靠传统考古学的文化因素分析方法来研究，对文化面貌完全不同的两期遗存，分析结果可能相对可靠，但如果因环境和发展阶段相同而导致产生许多共同因素，在这方面，靠传统考古学文化因素分析的手段，往往见仁见智，古 DNA 的分析手段就大有用武之地。

## 4. 考古学文化的交流、传播与迁徙

在中国，各主要文化传统的发展谱系和年代框架已经基本确立，诸考古学文化的传承线索已基本清晰，但文化之间的动态交流研究还不够深入，以往主要依据陶器、石器（包

括玉器)等器形特征及其变化和—些风俗习惯(如拔牙等)来判断,显然不够,比如江苏兴华南荡遗址,从文化面貌来看,显然属于王油坊文化,但这些文化遗存是同一史前部族所创造,还是文化的影响与交流所致,即是文化交流、传播与迁徙的传播,还是部族的迁徙,仅从陶器器形和文化特征的对比是不够的,我们可以用同位素分析来判断是否本地人,而用DNA分析则可以进行氏族聚类,结合其他考古证据,来判断是文化的交流与传播还是部落迁徙,实际上是人的个体断源问题,从而对诸文化之间取代、融合等问题的解决提供新的视野。当然这首先要建立一个所有中国史前文化的DNA数据库,才能有一个比较的基础。古代社会尽管交通不发达,但人员、物质的交流其实很频繁。研究各个文化之间的承继、交流关系是我们的重要任务,古DNA分析可以在其中发挥强有力的作用。从个体层次上可以了解古代民族的点位分布,从群体层次上可以了解古代民族的谱系传承以及地理分布,在多群体的层次上可以了解民族的交融和迁徙。这些成果结合考古学的文化分析以及其他手段的帮助,可望从更高的层次上来解读社会文化演变,解决人类群体的起源、发展、民族融合、语言分化、人体形态基因和遗传资源评估问题。

### 5. 考古学文化与人类共同体的关系问题

这也是个传统考古学争论不休的问题,现在基本上有两种观点,一是认为考古学文化就是考古学文化,不同人类群体可能因地理环境、生业形式相同而产生相同或相似的考古学文化,而同一人类群体可能因迁徙到不同地理环境的地域生存而产生不同的生业形式和文化面貌,因此不能把考古学文化与古代传说或文献记载中的部族作简单的比附,搞对号入座。另一种观点认为,考古学的学科目的之一就是复原历史,考古学不能满足于命名考古学文化了事,而应把考古学文化放在人类历史的长河中,并找到相应的位置,才能算部分的实现了考古学的学科目的,因此,不少学者都在乐此不疲的进行着对号入座的工作。应该说两种观点都有道理,但如果依靠传统考古学的文化因素分析方法来研究,就很难有公认的研究结果。如果借助分子生物学的分析方法,将同一文化传统地区不同人群的遗传关系作为研究的重大课题;以求在此基础上建立拥有一定规模的数据库,并逐渐扩大,建立在个人、群体和区域规模上的基因库。主要研究各地各时期古代遗骸的基因结构,佐以体质人类学和考古学研究,了解古代人群的族属,是现今哪些群体的祖先。

我国有5000年的文明史,连绵不断,源远流长,是中华文明区别于其他文明主体的显著特征。而历史社会是由史前社会孕育诞生的,文明社会是由氏族社会发展而来的。譬如中原地区,是连接黄河、长江两大文化传统的纽带和桥梁,是华夏、东夷、苗蛮三大集团相互碰撞、交叉与融合的主战场,自远古起就有许多少数民族栖居生息于此,伴随着贸易战和通婚等交流,群体融合和基因交流也日趋复杂,因之在中华文明的起源、形成与发展的历史进程中具有非常重要的地位。作为文明社会主要标志的国家,首先诞生于中原地区,决不是偶然的。这里是中华文明的主要发祥地,是华夏文明的中心,唐宋以前,这里一直是中国的政治和经济中心,即所谓“得中原者得天下”。中原地区又是史前稻作农业和粟作农业两种耕作方式的交错分布带,两种耕作方式及其操作者在这一带的势力范围也不断变化。黄河中下游、长江中下游和淮河流域考古学诸文化的动态发展过程在耕作方式上也可反映出来。而耕作方式的不同则反映了经济形态和生存模式的差异,人们的行为习惯和文化传统的形成又与其经济形态和生业形式密切相关。两种耕作方式的此消彼长与两大文化传统、三大部族集团的势力此消彼长密不可分,史前耕作方式的变更又与全新世气

候环境的演变密切相关。研究其相互关系，总结其演变规律，对今后的发展也具有重要的借鉴价值。选择具有代表性的样品进行分子人类学研究，获得遗传信息，与周邻地区同时期其他古人类群体进行比较研究，以了解古人类的体质特征、迁徙与传播路线，探明与周邻和前后各古人类群体间的相互关系，以此来解读中原地区的社会文化演变，可以说是解谜中国传统文化的钥匙。

再如，高山族的起源一直有闽越说、南岛说，研究祖国大陆闽越墓葬遗骸的遗传结构，与高山族比较，就可以解决这一争议。

## 6. 关于人类起源问题

关于人类起源、演化、变异和迁移的历史过程，历来被世人所关注，20世纪80年代以来，一些学者尝试运用分子人类学的方法解读这一问题，给现代人起源研究带来了勃勃生机。

mtDNA 研究成果最具有影响力的莫过于现代人类非洲单一起源说，即所谓“线粒体夏娃”理论。这一理论基于两个假设：1) 人类 mtDNA 由母系遗传，不发生重组，其多态性只是突变积累的结果；2) mtDNA 的突变是以稳定的速度发生的，该速度每 100 万年为 2~4%。实际上这个学说包含以下内容：①现代人类的 mtDNA 类型起源于单一母性祖先“夏娃”；②“夏娃”，大概生活在非洲，因为从非洲提取出来的现代 mtDNA 类型最多，说明其时间最长。“夏娃”生活的时间在距今 20 万年左右，而考古学证据也表明那个时间段中确有人类走出非洲，③走出非洲的人类逐渐取代了当地人类，或者当地人类的 mtDNA 并没有遗传下来<sup>[2,3]</sup>。这个学说提出来以后，遭受到了西方和中国许多学者的质疑，但似乎越来越成为主流认识，部分中国学者通过研究现代人 Y 染色体的变异程度，也倾向于支持这一学说，甚至推算出现代人进入中国大致有两条路线，中南半岛进入的人群构成中国人的主体成分，阿尔泰山进入的人群也产生很大的影响<sup>[3]</sup>。但是“线粒体夏娃”理论也并没有成为公认的理论，首先 mtDNA 突变的速率是否恒定有待商榷；有人根据人类基因很强的多态性，计算出合并的时间是 6000 万年前。其次，“线粒体夏娃”理论无法解决基因家系与个体家系之间的矛盾，用同样的方法、同样的数据，以不同的顺序比较，就会得出不同的结果<sup>[4]</sup>。有人通过 Y 染色体的分型实验，得出了人类起源于亚洲的结论<sup>[5]</sup>。人类自身是一个复杂的生命体，我们的研究也决不能简单化。

现代中国人到底如何起源，是从东亚地区直立人和智人一步步发展而来，还是自非洲迁徙而来，迄今仍是讨论的焦点，虽然复旦大学现代人类学研究中心运用古 DNA 的分析手段已经得出了倾向性结论，但若达成共议，恐还需做大量工作。我们可以联合全国的力量，人类学、考古学、民族学、语言学等学科与分子人类学共同研究，进行多学科协同作战，以分子人类学证据为主，分析中国人的起源，蒙古人种的形成，又是如何分化成各个民族系统的，鉴别各系统在基因组、体质、语言、风俗等诸方面的特点，相互印证。同时通过对考古材料的分析，同样观察这些特点，了解史前各支考古学文化的主人是现代哪些民族的祖先，现代民族是古代哪些部族发展中来的，中华民族中的各部分是如何分分合合的。中国从一万年至今都有比较清晰的文化发展序列，各个时期都有重要的遗址发现，中国家谱的历史源远流长，这些无疑是中国人为解决人类起源问题最大的优势，比照古 DNA 和现代 DNA 也可以勾画出古代人类的迁移路线图。笔者认为，课题重点应放在连接黄河、长江两大文化传统和华夏、东夷、苗蛮三大部族集团相互碰撞、交叉与融合的中原地区，

而且这里万年以来的古人类材料非常丰富。只有首先建立起中国文明主体的遗传基因标尺，再进行边疆地区和少数民族的基因分析时，才有对比的依据。理清其间错综复杂的瓜葛，对中华民族的远古历史研究具有重大意义，甚至可能重写中华文明史。

现在，复旦大学现代人类学研究中心已经成立，这是我国人类学领域中的一件大事，表明分子人类学已经成为我国人类学研究中的一支生力军。相信以此为契机，将推动我国人类学、考古学、历史学、民族学、语言学等各学科研究的进一步深入发展，将我国的人类学研究推进到一个新的境界。

#### 参考文献：

- [1]吉林大学考古 DNA 实验室.河北阳原县姜家梁遗址新石器时代人骨 DNA 的研究.考古, 2001 年第 7 期.
- [2]Cann RL, Stoneking M, Wilson AC. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 325:31-35,1987.
- [3]刘武,叶健. DNA 与人类起源和演化——现代分子生物学在人类学研究中的应用.人类学学报, 14(3):226-281, 1995.
- [4] Ayala FJ. Association Affairs The Myth of Eve: Molecular Biology and Human Origins. *Science*, 255: 737-739,1992.
- [5] Hammer M. A recent common ancestry for human Y chromosomes. *Nature*, 378(6555):376-378, 1995.

（上接第 12 页）

#### 参考文献：

- [1] Höss M, Jaruga P, Zastawny TH, Dizdaroğlu M, Pääbo S. DNA damage and DNA sequence retrieval from ancient tissues. *Nucl Acids Res* 1996,24:1304-1307.
- [2] Cann RL, Stoneking M, Wilson AC. Mitochondrial DNA human evolution. *Nature*, 1987, 325:31-36.
- [3] Poinar HN, Höss M, Bada JL, Pääbo S. Amino acid racemization and the preservation of ancient DNA. *Science* 1996, 272:864-866.
- [4] Poinar HN, Stankiewicz BA. Protein preservation and DNA retrieval from ancient tissues. *Proc. Natl Acad. Sci. USA* 1999, 96: 8426-8431.
- [5] Burger J, Hummel S, Herrmann B. Palaeogenetics and cultural heritage: Species determination and STR-genotyping from ancient DNA in art and artifacts. *Thermochemica Acta* 2000, 365 :141-146.
- [6] Hodgins G, Desalle R, McGlinchey C. Conference Ancient DNA III. Oxford. July 1995.
- [7] Hendrik N, Poinar, Melanie Kuch, et al. A molecular analysis of dietary diversity for three archaic Native Americans. *PNAS* 2001, 98(8): 4317-4322.
- [8] 同上.
- [9] Meyer E, Wiese M, Bruchhaus H, Claussen M, Klein A. Extraction and amplification of authentic DNA from ancient human remains. *Forensic Science International* 2000,113:87-90.
- [10] 徐天进. 晋侯墓地的发现与研究现状. 北京大学考古学系, [http://www.pku.edu.cn/academic/archeology/center/structure/main\\_3/h/2.html](http://www.pku.edu.cn/academic/archeology/center/structure/main_3/h/2.html)
- [11] Egeland T, Mostad PF, Mevag B, Stenersen M. Beyond traditional paternity and identification cases Selecting the most probable pedigree. *Forensic Science International* 2000,110:47-59.
- [12] 吉林大学考古实验室. 河北阳原县姜家梁遗址新石器时代人骨 DNA 的研究. 考古, 2001(7):74-80.
- [13] Hiroki O, Naruya S, Takayuki M, Shintaroh U. Molecular Genetic Analysis of Remains of a 2,000-Year-Old Human Population in China—and Its Relevance for the Origin of the Modern Japanese Population. *Am. J. Hum. Genet.* 1999,64:250-258.
- [14] 刘武, 叶健. DNA 与人类起源和演化——现代分子生物学在人类学研究中的应用. 人类学学报 1995,14(3):226-281.
- [15] Ke Y, Su B, Song X, et al. African Origin of Modern Humans in East Asia: A Tale of 12,000 Y Chromosomes. *Science* 2001, 292:1151-1153.
- [16] Matthias H. Ancient DNA: Neanderthal population genetics. *Nature* 2000, 404:453-454.
- [17] 杨洪. 古代 DNA 序列的分析与甄别: 兼评恐龙 DNA 研究. 古生物学报 1995, 34(6): 657-673.