

古代基因:百越族群研究新证

黄 颖

(复旦大学文物与博物馆学系、现代人类学研究中心)

李 辉

(复旦大学生命科学学院、现代人类学研究中心)

高蒙河

(复旦大学文物与博物馆学系、现代人类学研究中心)

内容提要 作为生物遗存信息载体的 DNA 研究是 20 世纪 80 年代以来人类学、考古学研究的热点,在百越族群研究中具有重要意义。复旦大学分子考古学者通过对现代华南、东南亚近 30 个百越族裔人群血样 DNA 分析和上海马桥地区的良渚、马桥、战国、明代人骨遗骸 DNA 研究,确定了百越遗传结构的特有种及其在东南人群中的历史传承。

主题词 分子考古学 百越 遗传结构

一、分子考古学在百越遗传结构探索上的意义

“越有百种”是先秦时期对古越族繁杂族系的形容,这在《吕氏春秋·恃君篇》最早见于记载:“扬汉之南,百越之际,敝凯诸夫风余靡之地,缚娄阳禺骧兜之国,多无君。”晚出的《汉书·地理志》所记也很详细:“自交趾至会稽七八千里,百越杂处,各有种姓。”表明在长江中下游及其沿海以南地区,秦汉时期广泛分布着族群百系的越人。

从人类学、民族学和遗传学等相关学科来看,任何族群都应当有其生而源之、去而流之的源流关系。百越族群研究中对这一重要问题的关注也由来已久,仅中国百越史研究会成立以来的历届讨论会直至 2002 年 6 月在浙江绍兴召开的越文化国际学术讨论会,都不乏新解卓见,参与这一问题讨论的学科也涵盖到民族学、历史学、语言学、民俗学、考古学、地理学等领域。近年里,在跨学科整合研究越来越受到重视并逐渐发展成 21 世纪有效研究途径的学术背景下,自然科学技术介入百越族群相关研究并逐渐加大其比重的可能性和可行性,已具备了比以往更加成熟的条件。其中,以迅速发展的分子生物学技术为代表的遗传学技术,也开始了对百越族群遗传结构的新探索。最近一、二年来,复旦大学生命科学学院古 DNA 实验室通过与该校文物与博物馆学系、上海博物馆考古部等单位合作,应用分子水平的 DNA 检测手段,为深入探讨百越族群源流,又提供了一些分子考古学方面的新证据。

二、民族、考古标本的 DNA 检测与百越遗传结构及其传承研究

DNA,也就是脱氧核糖核酸,是生物的遗传信息的载体,生物物种的特征和物种发展的进化过程都是由遗传物质 DNA 决定的。DNA 既有高度的遗传稳定性,又有普遍的遗传变异

性。一般说来,人体中的 DNA 包括常染色体 DNA、线粒体 DNA 和 Y 染色体 DNA 等几种。其中线粒体 DNA 只由母系遗传,从中可以得到有关母系进化的线索;Y 染色体 DNA 只由父系遗传,从中可以得到有关父系进化的线索。而综合分析这两个方面的信息,可以进一步得到有关人群本身及其相互关系的较完整信息。换言之,亲缘关系较近的人群,其 DNA 的核苷酸序列也较接近,有同源性高的特点;亲缘关系较远的人群,其 DNA 的核苷酸序列的差异较大,有同源性低的特点。就百越众多而且比较复杂的族群关系而言,不论共时还是历时,不论同城还是异域,遗传结构越接近或者所含的相同的特征性基因类型的比例越接近,其族群之间的血缘关系就越近,反之亦然。

20 世纪 80 年代以来,对古代人体遗骸中 DNA 的研究成为分子生物学研究的新热点。目前中国、美国、日本、德国等国学者均已在应用古 DNA 技术研究古代个体和群体之间亲缘关系等方面取得了相应成果。这些成果的突出标志,就是通过把从古代人体遗骸中提取的 DNA 的序列与现代人相应的序列加以比较,以大致确定古代人群在进化和变异过程中的位置。^[1]毫无疑问,这一技术也为我们从分子生物学角度研究百越族群的进化、迁徙乃至融合,提供了极为有益的全新线索。

以生命科学和考古学为核心的复旦大学现代人类学研究中心古 DNA 研究课题组,主要从现代人血样 DNA 和古代人遗骸 DNA 两个层面对百越族群族缘以及起源等课题进行了探索。

分子遗传学研究发现,尽管线粒体 DNA 目前尚难以对族群进行区分,但 Y 染色体 DNA 则相对明显的多。Y 染色体上的众多单核苷酸多态(SNP)位点的组合形成的各种单倍型与族群系统的时间发生尺度比较一致,是鉴别族群最佳的遗传材料,近年来被视作研究人类起源和迁徙问题的最佳工具。Y 染色体在世界人群中已构成了 131 种单倍型,而且族群特异性较大。^[2]中心近几年来对大部分现代百越民族群体进行了采样研究,包括印度的阿霍姆、泰国的兰那、东北泰和石族,云南的傣泐、傣纳,广西的壮族、毛南族、仡佬族、仡佬族、夜郎、水族、侗族、拉伽,贵州的布依族和水族,海南的黎族和仡隆,浙江的於越,台湾的泰雅、布农、阿美、排湾、曹、赛夏、卑南、鲁凯、邵、巴则海等。

研究发现,这些群体的 Y 染色体遗传结构体现出相当大的一致性,都有大量的 M119、M110 或 M95、M88 突变。^[3]根据这些突变在各民族中分布频率可以认为,M119C 这一 SNP 突变是百越族群的特征型,M110C 和 M88G 也是百越的特有种(表 1)。

表 1 部分百越群体及其他民族 Y 染色体 SNP 突变比例

		总数		M119C	M95T
台湾	布农	9	比率(%)	77.8	22.2
	泰雅	24	比率(%)	62.5	0
	排湾	11	比率(%)	81.8	0
	阿美	6	比率(%)	100	0
侗傣	侗族	10	比率(%)	30	20
	黎族	11	比率(%)	27.3	54.5
	壮族	28	比率(%)	17.9	25
苗瑶	苗族(云)	29	比率(%)	6.1	30.6
	瑶族	20	比率(%)	0	20
	畲族	11	比率(%)	0	9.1

(续表)

		总数		M119C	M95T
东北亚	鄂温克	8	比率(%)	0	0
	蒙古族	24	比率(%)	4.2	0
	满族	18	比率(%)	5.6	0
汉族	浙江	50	比率(%)	26	6
	江苏	16	比率(%)	16.4	3.6
	上海	30	比率(%)	26.7	0
	福建	13	比率(%)	0	0

在此基础上,我们先后在上海马桥地区采集了良渚文化时期、马桥文化时期、战国时代和明代墓葬中的出土人骨,进行了 DNA 的抽提和测试,获得了一些 Y 染色体 SNP 位点的分型结果(表 2)。

表 2 马桥和新地里遗址古代各时期 Y 染色体若干 SNP 位点类型

样品来源		位点	M119	M95	M122
马桥	良渚时期	M204	+	—	—
		M205	—	+	—
		M209	+	—	—
	马桥时期	M210	+	—	—
		M201	+	—	—
	战国时代	M102	—	+	—
		M203	—	+	—
M88		—	—	+	
松江	明代	+	—	—	
天钥	明代		—	—	—
			—	—	—

注:1. 充填色部分表示该位点突变类型

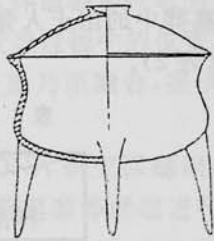


2. 划线“—”表示非该位点突变类型

3. 空白处表示未获结果

检测结果显示,这个地区的古代样品中均含有较高频率的 M119C 和 M95T 类型,尤其是 M119C 类型的分布更为显著,从这些测试结果可以初步推断这些古代个体在族属上与百越群体关系极为密切,由此,对其所属文化人群如良渚文化人群的族属类型,尤其是与百越群体的源流关系均具有较强的实证意义。同时,这些检测结果也为解决相应考古学问题提供了新的思路和证据。

众所周知,良渚文化和马桥文化是有先后承续关系的两种考古学文化,在距今 4000 年前后的环太湖流域,良渚文化被马桥文化所取代。对二者文化面貌的分析表明,良渚文化自身特点比较突出,具有单一性特征,主要来源于其前身的崧泽文化和马家浜文化,以环太湖流域本地发展起来的土著人群为主体;而马桥文化的文化因素比较复杂,体现出复合性特点,谱系关

系呈现多支脉现象,一些像中原二里头文化、山东岳石文化和宁镇地区湖熟文化早期的特征性因素,都能在马桥文化中见到,其文化主体来源是浙江南部和福建地区的肩头弄文化。^[4]而且,由于马桥文化所覆盖的地区基本上也正是良渚文化所长期赖以生存的环太湖流域,所以,马桥文化特征中仍不乏一些良渚文化因素的子遗,如钺、V形石刀、造型相似的鼎、云雷纹等(图一)。这种文化特征的雷同性或者说承续性,表明取代良渚文化的马桥文化因袭了一部分当地原有的文化因素,换言之,良渚文化本土的一部分人群有融入外来的马桥文化人群中的可能性,并共同创造了一种全新的马桥文化。

器类 文化	石钺	V字形石刀	陶鼎	
良渚文化				
	福泉山 M40	余杭余家堰	海宁徐步桥 M12	金山亭林 M8
马桥文化				
	闵行马桥	闵行马桥	闵行马桥	闵行马桥

注:器物图引自注[4]

图一 良渚文化和马桥文化相似文化因素(器物图引自注[4])

古 DNA 检测结果显示,在良渚时期和马桥时期,马桥地区的居民都有一半是 M119C 突变的,战国和明代样品中仍发现了 M119C 和 M95T,换言之,Y 染色体 SNP 位点的测试数据非常支持良渚和马桥时期该地区人的遗传结构具有某些传承性,这与器物特征所体现的文化因素的一些相似性是暗合的,而且这种传承性即使到了战国时代和明代仍遗传在当地后人的基因结构中,成为百越文化消亡后的一部分遗流。

当然,科学的结论有待于更多样本的检测和更大量数据的积累并能够进行复核验证。但古 DNA 技术的引入无疑新增了解析百越文化的方法或手段,扩容了研究百越文化的学科布局空间,填补了自然科学长期游离于百越文化研究领域之外的空白。同时又客观地为以往研究中存在的一些学科壁垒化、类比简单化、资料缺损性、解释歧义性等问题的趋向式解决,提供了一个技术支撑的平台和通道。应当相信,在方兴未艾的百越民族研究中,古 DNA 的实践工作将充满令人乐观的实证潜力和应用前景。

注释:

- [1] 黄颖、李辉等:《遗传基因技术与三峡考古实践》,《东南文化》2002. 155(3):55~63.
- [2] Underhill PA, et al. The Phylogeography of Y Chromosome Binary Haplotypes and the Origins of Modern Human Populations [J]. *Ann. Hum. Genet.* 2001(65): 43~62.
- [3] 李辉:《百越族群结构分析的初步思考》,《2002 现代人类学国际研讨会论文集(打印稿)》,复旦大学现代人类学研究中心,2002:89~94.
- [4] 宋健:《良渚から马桥へ——環太湖地区の文化变迁》,《中日文化研究》第 11 号,勉诚社,1996:153~170.