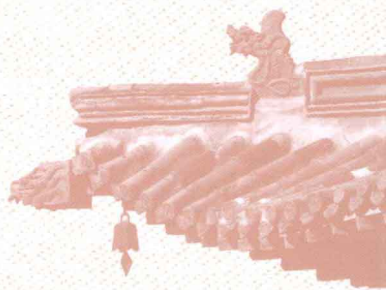


人文
学术

历史人类学丛书



我们是谁

韩 昇 李 辉 主编

 復旦大學 出版社

本书由复旦大学出版基金资助出版

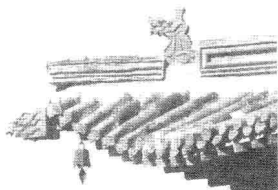
我们是谁

韩 昇 李 辉 主编

历史人类学丛书编委会委员

金 力 韩 昇 李 辉

姚大力 陈 淳 杨志刚



 復旦大學 出版社

图书在版编目(CIP)数据

我们是谁/韩昇,李辉主编. —上海:复旦大学出版社,2011.9
(历史人类学丛书)
ISBN 978-7-309-08238-8

I. 我… II. ①韩…②李… III. 史学:人类学-文集
IV. ①K0-53②Q98-53

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2011)第 127145 号

我们是谁

韩 昇 李 辉 主编
责任编辑/胡春丽

复旦大学出版社有限公司出版发行
上海市国权路 579 号 邮编:200433
网址:fupnet@fudanpress.com http://www.fudanpress.com
门市零售:86-21-65642857 团体订购:86-21-65118853
外埠邮购:86-21-65109143
上海第二教育学院印刷厂

开本 890 × 1240 1/32 印张 6.875 字数 152 千
2011 年 9 月第 1 版第 1 次印刷

ISBN 978-7-309-08238-8/K · 336
定价:20.00 元

如有印装质量问题,请向复旦大学出版社有限公司发行部调换。
版权所有 侵权必究

本书是复旦大学金穗研究项目“曹操墓人类基因调查的历史学研究”、“曹操墓人类基因调查的人类学研究”以及复旦大学跨学科研究项目“中华民族形成及其遗传基础”的研究成果。

缘 起

韩 昇

我们是谁？我们从哪里来？
种族是什么？民族又是什么？

……

关于人类原乡的梦想，常常萦绕在每个人的心头。从古到今，人们都在追问着同样的问题，也因此引发了千百年来人类聚散离合、兴亡废替的悲欢往事，乃至今日，世界上还不时冒起民族斗争的烽烟。“非我族类，其心必异”，种族的排他性往往和利益的独占性结合成为颇具煽动力的旗帜，在古今中外的历史上时时飘扬。

站出来回答上述追问，最早的是历史学家，他们试图根据对过去的记录和对家世的寻根，来证明家族、民族与国家的谱系。然而，人类有文字的历史其实是很短的，确凿是现代人类遗迹的历史，可以清晰述说的也就是数千年以来，而且，其中还包含着不少人为编造的成分。即使是不算太远的显赫家族，例如中国历史盛世的唐朝，其皇族的血统就是历史的疑团。虽然他们坚称出自陇西李氏，但是，杰出的历史学家陈寅恪却宁愿相信他们出自赵郡李氏的破落户，更使得这个问题成为历史公案。这样的事例实在太多了。显然，要用数千年

的文字记载再现数万年乃至更加遥远的人类历史,就像是拿着咫尺要丈量地球到太阳的距离,实在是力不从心。

在近代,考古学蓬勃发展,从世界各地发掘出大量的化石,把人类起源的历史从数万年一直向前推进到数十万年、数百万年,更雄心勃勃地要迈向数千万年。然而,考古学有几个问题是无法回答的:第一,古猿人和现代人的确切关系;第二,在地质环境重大变化中,人类的发展是直线性的吗?还是有过兴起灭亡的兴替?第三,考古发掘的“物”是不能说话的,所有的考古话语,都是考古学者用其所知道的知识为古“物”立言。数万年的现代人,和数百万年的古猿人的历史相比,又显得过于短暂。对于仅有数千年文明史的人类,每一万年的变化不啻沧海桑田,其间演进的每一个足迹,人们只是用想象的理论去推论和填充,就像是拿着银河来说地球,笼统得叫人茫然失措。

那么,是不是我们对于追寻人类起源历史从此失去信心了呢?不是。

我们是不是可以将此难题先行搁置,甚至避而不谈呢?不行。

因为这个问题随时都要冒出来,追着我们要答案,想躲都躲不掉。

2009年,发现曹操墓的消息一经公布,马上掀起空前规模的大论战,真伪之争截然两立。这场争论的解决,已经超出了历史和考古的知识范围,它要求的是基于确凿证据的准确回答,不容许含糊其辞和随时可以腾挪转圜的推论。这对于人文和社会科学都是新的要求,也是极大的挑战。

我们能不能满足社会的需要呢?我们要不要勇敢地承担起这个使命呢?哪怕前方有无数的陷阱,也要勇往直前。

复旦大学一批历史学、民族学、考古学、人类学和语言学的热心

学者,同现代人类学教育部重点实验室携起手来,尝试以遗传基因研究为基础,组成人文、社会科学与自然科学的跨学科研究团队,闯出一条学术的新路来,回应社会对于学术研究的要求,推动新学科的崛起。

用生命科学的方法来研究历史,在国内外已经有了成功的经验。例如用基因研究几千年前的稻谷以追寻其发源地,联合国人类基因组计划试图描绘出现代人类在地球的起源和迁徙过程,凡此种种,都取得了令人振奋的突破。在科学技术日新月异的时代,特别是生命科学飞速进步的今天,以前不敢想象的疑难问题,越来越有可能通过生命科学的研究而取得突破性的进展。

复旦大学是中国现代遗传学奠基之校,从谈家桢院士以来数十年不断的开拓进取,复旦大学遗传学团队一直走在学术研究的最前沿。20世纪90年代以来,复旦大学建立了现代人类学研究中心,不但成为教育部重点实验室,而且还是国际人类基因地理计划中东亚、东南亚地区中心,揭开了东亚人类遗传基因整体研究的大幕,迄今已历20年,采集了亚洲各地各个民族数十万例的基因样本,推动亚洲人类迁徙分布历史研究取得重要进展,勾画出东亚各民族形成的图谱。

把生命科学运用于历史人类学研究,还得益于复旦大学悠久的人类学研究传统。早在20世纪20年代,吴定良教授发表了人类学分析的重要工具“相关率显著性查表”,让中国学者在国际人类学研究中占有了一席之地,为中国的人类学科奠基,他本人也成了中国第一位人类学院士。20世纪90年代以后,复旦大学的人类学研究重新焕发出勃勃生机,从体质人类学到分子人类学,人类学的研究发生了质的飞跃,取得了一系列令人瞩目的成果。

从分子人类学的角度来说,今天快速发展的技术让我们对于远古生命基因的研究大踏步向前迈进,基因提取的年代从几千年前跨越到几万年前,使得史前世界的生命历程得以确切展现。

构成生命的遗传基因中,Y染色体是代代相传的,其稳定性使得我们可以向前追寻我们的血脉远祖,直至远古洪荒时代;而生命繁衍过程中Y染色体链条上的异变点,使得我们能够区分出血脉延续中的支系房族,直至每个生命个体。运用基因Y染色体分析研究的技术,我们成功地推进了史前东亚人类文明形成史的研究,提供了一系列确凿证据,成为今后研究必不可少的基础数据。

能不能把对史前人类基因研究的手段运用于历史时期呢?这是一个具有挑战性的课题。从表面上看,几万年前的生物遗骸都能够研究,更何况数千年以来的文明阶段。其实,就科学研究而言并非如此。历史时期的基因研究需要改变既有的方法和手段,提高检验的精确程度,解决实验技术和数理统计等方方面面的问题。而且,人类文明时代留下大量历史记载,既是我们研究过程中的参考性证据,也对我们的研究进行严格的检验。然而,这一步是必须迈出的,哪怕前面是无人涉足的荆棘之路。很显然,曹操墓的发现以及后来引起的曹氏后裔基因调查,对于我们而言只是提供了一个很好的切入点,成为我们的航船驶向大洋的出发点。

于是,我们义无反顾地出发了,有喝彩,也有质疑。喝彩是激励,质疑是提醒。我们把条条质疑记录下来,归纳整理,大致可以分为两类,一类是对于研究路径和方法的具体讨论,可以让我们在设计研究方案的时候把问题考虑得更加周全,集思广益。另一类则是对于新的分子人类学的不了解。这就提醒我们,不但要在科学研究的道路上勇于开拓,还要随时公布我们的进展和动态,更需要做好新学科的

介绍。实际上,普及工作的难度并不亚于研究本身,有些在科学研究中被视为理所当然的基本原理,要让毫不相干的他人听明白,还要介绍得精确而不夸张,有时确实是一件吃力不讨好的事情。这或许是国内缺少专家撰写普及著作的原因之一吧。但是,这件事情十分重要。我们目前开展的工作是在开辟一个崭新的研究领域,犹如在科学道路上的长征,哲人斯言:长征是宣言书,长征是宣传队,长征是播种机。

那就让我们边走边谈吧,从哪里说起呢:《我们是谁》。

目 录

缘起	1
李辉:追踪曹操的基因	1
韩昇:曹操家族 DNA 调查的历史学基础	54
金力:写在基因中的历史	70
陈淳:人类如何了解自己的来历	104
芮传明:“胡人”寻踪	128
姚大力:谁来决定我们是谁	161
徐文堪:考古语言和基因	188
李辉等:DNA 鉴定技术与科学精神	203
后记	209

追踪曹操的基因

李 辉

从分子人类学方面来追寻曹操的基因有一个前提,就是我们已经知道曹操有很多后代,而且知道他的后代分布在什么地方,我们就可以按图索骥地去追踪曹操的后代,在茫茫人海中进行“人肉搜索”。到目前为止,我们已经取得了非常可喜的成果。这个研究过程具有什么原理?为什么我们能够追踪?今天的讲座主要就是为大家介绍一下这方面的内容。

首先自我介绍一下,我是1997年加入金力教授的(复旦大学生命科学学院)人类学实验室的,1998年开始项目的工作,到2005年,我调查了300多个民族群体。2005年,获得了人类生物学的博士学位,之后四年一直在耶鲁大学从事人类遗传学的研究,2009年,我回到了复旦,回到了人类学的岗位上。

回国后,我做的第一件事情就是改造了古DNA实验室。近年来古DNA技术突飞猛进,它的实验要求在不断地变化提高,所以我们必须与时俱进,跟上国际上的技术发展变革。所以我回来以后做的第一件事情,就是将这个实验室改造成了国际一流的古DNA实验室。我们复旦已经有了十几年的古DNA研究经验,“楼兰美女”的采样分析

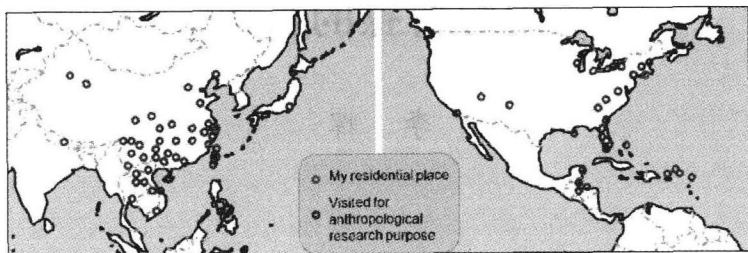


图1 李辉的人类学调查足迹

就是在这里做的。后来,国外几位著名的考古人类学家来参观考察了我们的古DNA实验室,确认我们的实验室达到了国际一流的水平。



图2 复旦大学的古代DNA研究场面

第二件事情,巧了,曹操的DNA鉴定问题来了。所以新的实验室就拿此“开刀”,我们就开始了曹操DNA鉴定的项目。问题很多,就像韩昇老师讲的,为什么会有两个女子尸骨存在?为什么不在主墓室中?他们到底是谁?盗墓贼是不是把骨头盗走了?

那么古代墓葬里面的DNA真的能够鉴定么?这是一个很重大的问题。我们刚刚发布新闻说我们准备鉴定曹操遗骨真假的时候,很多网友、专家都出来问。甚至我们还没有鉴定,他们就出来“辟谣”。有考古专家表示:“考古不必要以DNA为佐证”,现在骨骼也是重要文物,为了鉴定身份,在上面钻个洞取DNA本身就是一个破坏



图3 “曹操墓”中发现的人骨遗骸

文物的事情,好像完全没必要。如果为了鉴定身份,完全可以从墓的形制等方面鉴定。所以考古学不需要用这些新的技术新的方法做无谓的事情。但是大多数网友不买账,纷纷表示“DNA 是最权威可信的证据,如果确认这个墓是曹操的话,为什么不作(鉴定)呢?”所以要解决遗骨的身份问题,只能通过 DNA 的手段,没有什么其他手段可以来确证。当然,即便证明了这个骨头不是曹操的,也不能确认这个墓不是曹操的。比如这个墓里面随便躺一个人,或许是盗墓贼。反过来,如果证明了这个骨头是曹操的,那么这个墓是曹操的,就基本上没有问题了。当然这个墓里面现在躺的人太多了,有三个人了,他/她们分别是谁,都是需要 DNA 解决的问题了。

实际上通过我们的 DNA 宣传,现在有部分考古学专家有了针对性的回应,他们承认 DNA 鉴定是一个很好的方法,但称用 DNA 鉴定曹操有两大难题。一个是只有在专业的实验室里面测试之后才能有科学的、客观的答案,才能知道这骨骼能不能作 DNA 鉴定。当然我们从照片上看到,这个骨骼保存得很好,没有受酸性物质的污染,没有被什么金属锈迹浸染过,而且一直保存在比较阴冷的环境下,所以做古 DNA 鉴定的条件还是相当成熟的。另外一点,必须要找到确定的曹操后裔,成功地提取遗传数据作为参考。这两点好像都是给

我们的工作做铺垫用的。实际上这两大问题在其他学校可能是难题,但是在复旦绝不是难题,因为我们有国际一流的专业古 DNA 实验室,这解决了第一个难题。第二个,如何找曹操的后代,魏晋南北朝史的优秀历史学家韩昇教授已经用历史学方法找到了。曹操后裔在哪里,我们抽一遍血就都可以验证了。

如果要鉴定曹操的遗骸,确定他的身份,就必须要有个参照。我们知道,就算做亲子鉴定,首先必须要有亲和子互相作参照。所以鉴定曹操的骨骼,必须要有一个 DNA 的参照。那么这个参照在哪里?当时就有人提出,用曹植墓中的骨头作为参照。1951年,在山东东阿发现了曹植墓,出土了几十块曹植的遗骨,那我们这些曹植遗骨去对比疑似曹操的骨骼的话,是不是就能确定曹操的身份?实际上这种想法是建立在亲子鉴定的法医学方法基础上,亲子鉴定都是父子之间遗传关系的鉴定。这个其实是法医学做的事情,那法医学如何作亲子鉴定?我们必须从 DNA 的基本概念说起。

DNA 是什么?我们知道,DNA 是一种大分子的双螺旋链,由两条很长的分子链以配对的方式结合在一起。分子链上面的基本单位是四种碱基。碱基到底是怎么构成,这个问题比较复杂,我们这里就不详细展开了。我们只要知道 DNA 是一种密码链,这种密码链上面有四种单位,而这四种单位通过排列组合成为我们的生命密码。这种密码链在我们的细胞里面以两种方式存在。

一种叫染色体。在我们细胞核里染色体一共有 46 条。染色体的空间结构极其复杂,由 DNA 的长链通过双螺旋,形成二级结构;再通过缠绕在组蛋白上,形成第三级结构;缠绕完以后,再进行一次螺旋,成为四级结构;之后再进行一次螺旋,最后扭曲成一团,形成染色体。所以染色体是一种高度浓缩、高度缠绕的复杂的分子结构。每

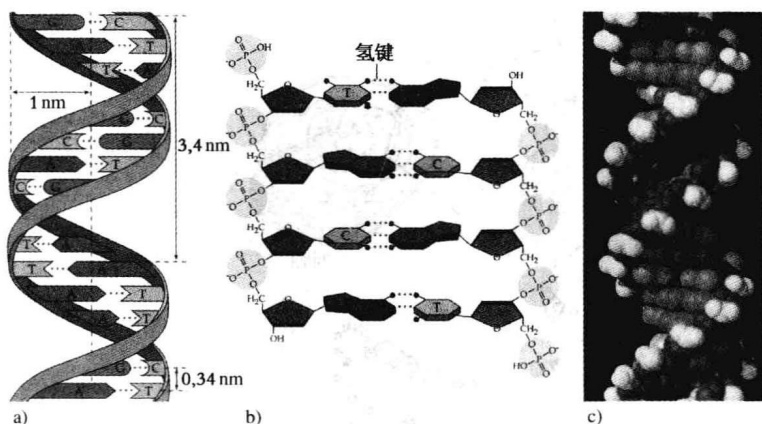


图4 DNA的分子结构模型和四种碱基结合方式

注：a) 蓝带表示DNA双螺旋的磷酸骨架，双链以右旋方式互旋。b) DNA双螺旋的两条单链反向平行，碱基对以氢键相连。c) 碱基对的堆积力和范德华静电力维持DNA的稳定结构。

条染色体没有复制过的话，都有两条链，但两条都只有一套密码。在细胞里面，它的长度被压缩了8 000倍到10 000倍。所以每条染色体都非常长，里面的密码非常多，所有密码加起来总共有约30亿个。

另外一种DNA是存在于细胞里的线粒体。线粒体是一种单独的细胞器，它有自己的DNA编码，它的编码形成一个环，环状分子的结构就非常稳定。古DNA研究最早从线粒体DNA开始，为什么？就是因为它比较稳定，保存的时间可以非常久，而且线粒体的拷贝数非常高。

DNA编码的基本结构叫做碱基对，我们整个基因组有约30亿个碱基对，组合成23对染色体和一个线粒体，线粒体有1.6万个碱基对。人和人之间DNA编码的差异占整个基因组的比例非常小，但总量加起来非常大，所以造成了人和人之间的巨大差异，当然人科现

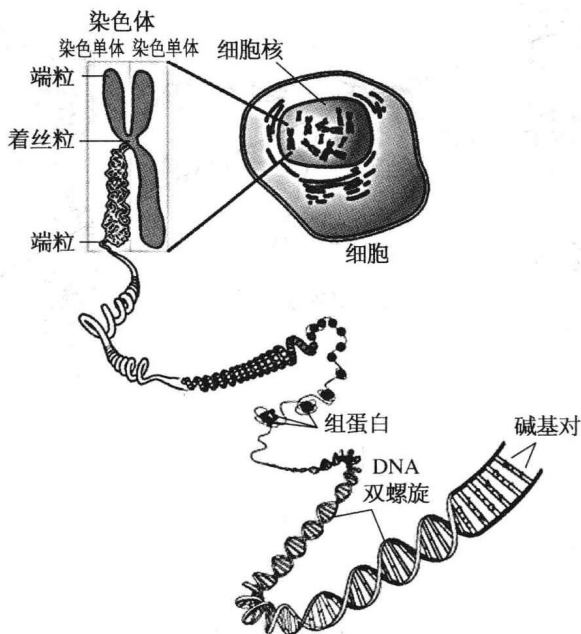


图5 染色体的结构

存在的两个物种——现代人和黑猩猩之间的差异更大。

DNA 上的差异有些什么类型？差异主要有两大类。有一种叫做短串联重复，缩写叫 STR，如果大家看过分子生物学的有关书籍，经常会看到。在基因组里面一个固定的区段，由几个碱基组成一个单位，多个单位重复串联在一起，重复数在人和人之间是可以不同的。打个比方，就像一列火车，它有不同的车皮数，每节车皮都是一样的。这列火车可以装 10 节车皮，也可以装 12 节车皮，每个人对应的区段上装的数量往往不一样，这就构成了重复数的差异。另外一种叫单核苷酸多态，缩写为 SNP，这个更热门。我们研究曹操的基因，关键就是要找到相应的 SNP。SNP 是固定的点上面的一种碱基

