

从分子生物学角度看河北蔚县三关墓地 古代居民的遗传结构*

赵欣¹ 葛斌文² 张全超¹ 蔡大伟¹ 周慧² 朱泓¹

(1.吉林大学边疆考古研究中心,吉林 长春 130012; 2.吉林大学生命科学学院,吉林 长春 130023)

【关键词】夏家店下层文化,蔚县三关,古代居民,古DNA

【摘要】河北蔚县三关墓地作为一个文化类型从属于夏家店下层文化,利用线粒体DNA方法研究其遗传结构,发现蔚县三关墓地古代居民在母系遗传上与现代东亚人群的亲缘关系较近。在与古代居民的对比中可以看出,三关组与姜家梁、喇嘛洞古代居民聚为一支,而与拓跋鲜卑位于两个不同的分支上。从新石器时代晚期到青铜时代,在此地区母系遗传关系较近。夏家店下层文化壶流河类型的古代居民对于今天北方汉族的形成有一定的基因贡献。

一、前言

夏家店下层文化是分布于燕山南北地区的一支早期青铜文化。其分布广泛,延续时间长,文化特征鲜明,与中原文化有着较密切的关系,在我国青铜时代考古学上占有重要地位。早在20世纪20年代就发现了该文化的遗存。1935年,日本学者滨田耕作发掘赤峰红山后就提出了“赤峰第二期文化”^[1]。20世纪50年代初,我国学者对此提出质疑,指出“‘赤峰第二期文化’实际上还包含几个性质面貌不同的阶段”,并将“赤峰第二期文化”以“红山前56.20”和“红山后石棺墓和北大沟住地”为代表区分开^[2]。1960年,中国科学院

考古研究所内蒙古工作队在赤峰夏家店和药王庙发掘后^[3],我国学者将原来混为一谈的两种性质年代不同的青铜文化区别开,并分别命名为“夏家店下层文化”和“夏家店上层文化”。此后,考古工作者在燕山南北进行大量调查与发掘,发现了夏家店下层文化遗址数百处。依据当时的材料,学术界一般将夏家店下层文化划分为两个类型,或称为辽西型和燕山型^[4],或称为燕北类型和燕南类型^[5],或称为西辽河水系区和海河北系区^[6],其基本观点一致。随着桑干河上游壶流河流域考古工作的进一步展开,学术界对该地区的遗存又有了不同的认识。有学者认为“蔚县壶流河系桑干河支流,属海河北系。壶流河流域夏商时期

* 本文研究得到教育部人文社会科学重点研究基地重大项目(05JJD780102),国家基础科学人才培养基金特殊学科点项目“现代考古学(J0530184)”,吉林大学“985工程”研究生创新基金资助项目(20081202)的资助,所用材料均由河北省文物研究所提供。

第一、二、三阶段遗存主要成分为海河北系区遗存”^[7]；也有学者认为壶流河流域遗存“既不同于以赤峰、朝阳为中心的燕北地区，又与燕南地区东部京、津、唐三角地带有明显区别。如果以划分燕北、燕南两个类型的标准来分析，以壶流河流域为中心的这类遗存也应是夏家店下层文化的一个类型”^[8]，即夏家店下层文化可分为三个类型：燕北地区的药王庙类型、燕南地区的大坨头类型和壶流河类型。无论壶流河类型是自成一个类型，还是从属于海河北系区，它从属于夏家店下层文化则是毋庸置疑的。

1979~1982 年，张家口考古队在蔚县壶流河流域围绕夏家店下层文化开展工作^[9]，发现了三关、庄窠、前堡、四十里坡等夏商时期文化遗存，即壶流河类型，它晚于当地龙山文化，早于二里冈上层文化。发掘者根据层位与器物演化规律将其分为三段：第一段以三关 M2010 等为代表，年代为夏代早期偏晚；第二段以三关 H2047、四十里坡 T12^③为代表，年代为夏代晚期；第三段以前堡 B1^①、四十里坡 H28 等为代表，年代相当于早商时期较早阶段^[10]。

本文材料取自蔚县三关墓地(图一)。该墓地与遗址隔河相望，其墓葬排列有序，因发掘面积有限，未能了解整个墓地的布局。已发

掘的 20 余座墓葬均为长方形土坑竖穴墓，属壶流河类型第一段，相当于夏代早期偏晚。主体成分与海河水系地区的夏家店下层文化同属于一系统文化，但与太行山东麓漳河流域地区的先商文化和太行山西麓汾河中游地区的考古文化有联系^[11]。

蔚县位于冀北地区，燕山以南，地处长城沿线，是蒙古高原与华北平原的过渡地带，历史上也是中国北方草原文明与中原农耕文明的交汇处，是我国古代各族先民往复迁徙、杂居混住的地区之一。由于这一地区既有本土文化，又有外来文化的影响，使得各种文化成分交织在一起，呈现出十分复杂的文化格局。由此也可以想象，这一地区的古代居民群体中必然也包含着较为复杂的人种学背景。因此，弄清该地区古代居民的族属及与其他古代居民之间的亲疏关系，对进一步探讨该地区考古学文化的成分及其性质具有重要意义。

本文通过对蔚县三关墓地古人的线粒体 DNA 进行分析，研究这个古代人群的遗传结构，并在分子水平上探讨它与现代人群以及其他古代人群的亲缘关系。

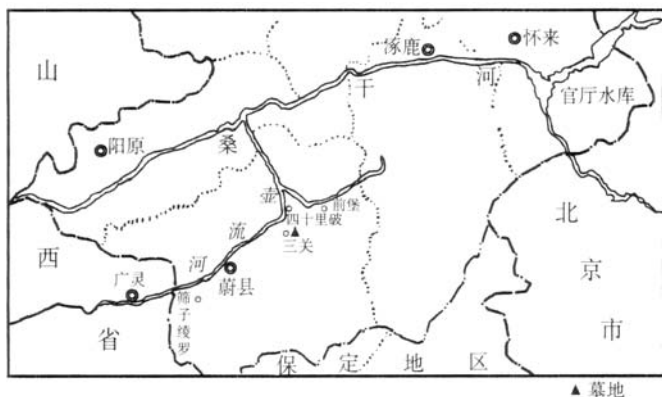
二、实验过程

(一)材料与方法

1.材料

实验的样本均采自河北蔚县三关墓地，所采集均为牙齿，见表一。

首先将牙齿样本在 10%次氯酸钠溶液中浸泡 3~5 分钟，然后将牙齿样本的每面均用紫外灯照射 45 分钟，最后用 6750 Freezer Mill 研磨机(Metuchen America)研磨成粉末。取 500mg 牙粉用 QIAamp® DNA Mini Kit (QIAGEN, Germany)提取 DNA^[12]。



图一 蔚县三关墓地的地理位置示意图

Fig. 1 Map of Sanguan

表一 蔚县三关墓地样本采集情况

Table 1 The number and directon of samples

Samples	Archaeological number	Tooth direction
H1	82YSGM2021	R M ¹ ,R M ²
H2	82YSGM2012	R M ₂ ,L M ₂
H3	82YSGM2046	L M ₂ ,R M ³
H4	83YSGM2049	R M ¹ ,L M ₂
H5	82YSGM2017	L M ²
H6	83YSGM2044	L M ₂ ,R M ₃
H7	82YSGM2023	L M ₂ ,R M ₂

(注 R—右 ;L—左 ;M—臼齿 ;上标数字—上颌牙齿 ;下标数字—下颌牙齿)

采用两对套叠引物 (L16017- L16037, H16231- H16251 ; L16201- L16221 ,H16392- H16409)扩增线粒体 DNA(mtDNA)高可变区(Hypervariable Region ,HVR)16038- 16391 长度 354 bp(去除两端引物序列)的序列。使用 QIAquick® GelExtractionKit (QIAGEN, Germany) 纯化 P CR 产物 ,使用 ABIPrism BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit 进行测序反应 ,产物用于 DNA 直接测序(ABI Model 310 自动测序仪)。

实验各步均采用严格的措施防止外源 DNA 可能带来的污染 ,具体防污染措施参见付玉芹《内蒙古和林格尔东周时期古代人群的分子遗传学分析》^[13] ,在这里不作赘述。

2.统计学分析

运用 ARLEQUIN 3.1 软件计算人群间的遗传距离(F_{ST}) ,基于 F_{ST} 值使用 PHYLIP 3.63 软件包构建系统发育树^[14]。

多维度分析(multidimen-

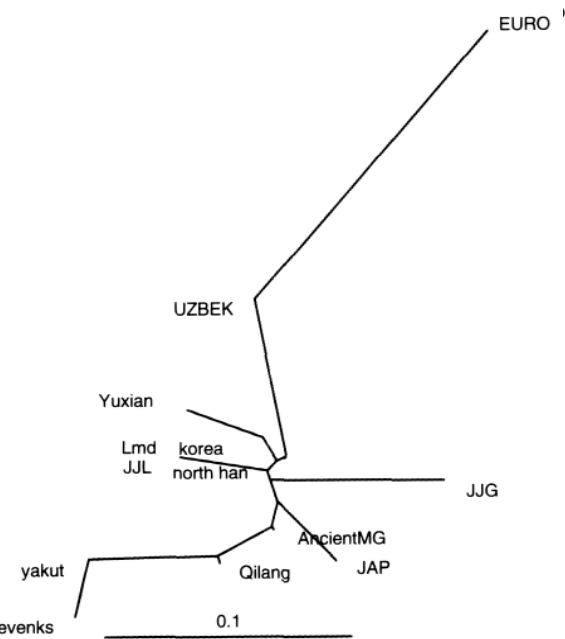
sional analysis, MDS analysis) 是基于 F_{ST} 距离 ,即以两个群体间的遗传距离作为尺度 ,而不考虑整个群体的进化发育关系 ,将 F_{ST} 值接近的群体在平面二维图上聚在一起 ,从而直观形象地推断出群体间遗传关系的远近。本实验的多维度分析由 SPSS11.0 软件^[15]完成 ,基于 F_{ST} 值 ,采用欧式距离模型对所选人群进行多维尺度分析。

在使用统计学分析蔚县三关墓地古代人群(Yuxian)与现代人群以及其他古代人群的母系亲缘关系时 ,根据本文样本的地理位置 ,现代人群选取了 7 个对比人群 ,其中东亚人群 :中国北方汉族人(north han)^[16]、朝鲜族人(korea)^[17]、日本人(JAP)^[18]、北亚人群 :雅库特人(yakut)^[19]、伊温克人 (evenks)^[20] ;中亚人群 :乌兹别克人(UZBEK)^[21]、欧洲人群(EURO)^[22]。古代人群选取了 5 个 :河北阳原姜家梁古代居民(JJL)^[23]、内蒙古将军沟古代居民(JJG)^[24]、蒙古国匈奴人群(AncientMG)^[25]、七郎山拓跋鲜卑古代居民(Qilang)^[26]、辽宁北票喇嘛洞三燕时期古代居民(Lmd)^[27]。

表二 蔚县三关古代居民 mtDNA 序列变异情况

Table 2 Variable sites of mtDNA PCR segment sequences of Yuxian

	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3
	4	8	8	8	8	1	2	3	4	9	1	1	4	6
	0	2	3	4	9	7	3	4	3	0	1	9	6	2
CRS	T	A	A	C	T	T	C	C	T	C	T	G	G	T
H1	T	C
H2	.	C	C	.	C	C	.	.	C
H3	C	C	C	.	C
H4	T	.	.	T	.	A	.	C
H5	T
H6	.	.	.	T	.	.	T	.	.	.	C	.	.	C
H7	C	.	C	.	C	.	.	T	C	.	.	.	C	.



图二 蔚县三关墓地古代人群与 12 个人群无根邻接树
Fig. 2 Neighbor-joining tree based on genetic distance
between Yuxian and 12 populations

2.系统发育分析

基于蔚县三关墓地古代居民与 12 个相关人群之间的线粒体 DNA 数据进行系统发育分析,构建群体间的邻接树,如图二所示。由此可以看出 13 个人群可以分成三个分支:雅库特人、伊温克人、蒙古国匈奴人、七郎山拓跋鲜卑古代居民聚为一支,构成北亚人群分支;中国北方汉族人、朝鲜族人、日本人、姜家梁古代居民、将军沟古代居民、喇嘛洞古代居民、蔚县三关墓地古代居民聚为一支,构成东亚分支;欧洲人群远离北亚人群和东亚人群,中亚人群乌兹别克人位于欧洲人群与亚洲人群之间,也反映出中亚人群的欧亚混合的构成情况。从邻接树中可以看出在母系亲缘关系上,蔚县三关墓地古代居民与现代人群中的中国北方汉族,古代人群中的姜家梁古代居民、喇嘛洞古代居民比较接近。

3.多维尺度分析

基于人群之间的配对 F_{ST} 值(表三)利用 SPSS 11.0 软件进行了多维尺度分析 F_{ST} 值的计算基于公式 $F_{ST}=1-(1-1/N)^t \sim 1-e^{-t/N}$ 。我们同时选取了上述 12 个古今人群与蔚县古代居

(二)结果

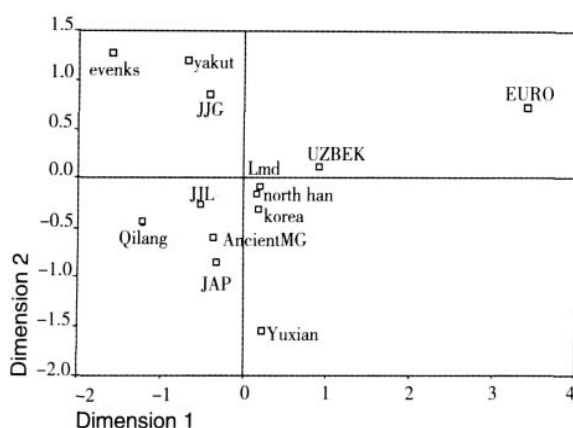
1.mtDNA 序列变异情况

7 例蔚县古代居民的 mtDNA 序列变异情况见表二。

表三 蔚县三关墓地古代居民与对比人群间的配对 F_{ST} 值

Table 3 Population Pairwise F_{ST} values

	north han	UZBEK	EURO	Yuxian	evenks	yakut	korea	JAP	JJG	JIL	Lmd	Qilang	Ancient MG
north han	0.00000												
UZBEK	0.02477	0.00000											
EURO	0.17020	0.08823	0.00000										
Yuxian	0.01632	0.05105	0.26249	0.00000									
evenks	0.12597	0.16021	0.36617	0.20965	0.00000								
yakut	0.09615	0.10804	0.27275	0.16106	0.00712	0.00000							
korea	0.00149	0.03009	0.17809	0.01026	0.12424	0.08866	0.00000						
JAP	0.03858	0.06557	0.28810	0.10441	0.16038	0.11651	0.02594	0.00000					
JJG	0.06263	0.08311	0.30382	0.16078	0.14910	0.09636	0.06315	0.11363	0.00000				
JIL	0.00907	0.04649	0.29108	0.08198	0.10504	0.07843	0.01180	0.05968	0.11864	0.00000			
Lmd	0.01135	0.02463	0.20490	0.02724	0.12339	0.08714	0.02433	0.09316	0.06129	0.03586	0.00000		
Qilang	0.03335	0.08756	0.35202	0.06407	0.07120	0.04814	0.04480	0.08789	0.14182	0.06003	0.05961	0.00000	
Ancient MG	0.01817	0.05082	0.26194	0.03946	0.12466	0.08693	0.01948	0.03827	0.11855	0.05604	0.05355	0.01075	0.00000



图三 蔚县三关墓地古代居民与对比人群构建的多维尺度图

Fig. 3 Two-dimensional MDS plot of Yuxian and 12 compared populations

民构建了多维尺度分析的二维图谱(图三)。

在二维图谱中可以看到,人群的分布模式与邻接树类似,各个人群几乎按照地理分布相互聚集在一起。蔚县古代居民与东亚人群的母系亲缘关系更近一些,这与系统发育树得到的结果是一致的。

三、讨论

古 DNA(ancient DNA,简称 aDNA)是指从博物馆、考古发掘材料和古生物化石中提取的古代生物分子^[28]。考古 DNA 研究是近年来出现的一个新兴的研究领域。它将分子生物学技术应用于考古学的研究上,以古 DNA 为研究对象,进行核酸序列分析和研究,不仅是对形态学的补充,而且也为考古学和人类学提供了从形态学和解剖学中难以获得的生物学信息。近年来,古 DNA 研究主要应用于人类在个体水平上、群体内部、群体之间的关系,人类起源与迁徙、动植物的家养与驯化等研究领域,具有重要的考古学意义。

与现代 DNA 相比,古 DNA 具有损伤、高度降解等特点。近年来古 DNA 研究的对象主要包括线粒体 DNA(mitochondrial DNA)、常染色体(autosomal DNA)、Y 染色体(Y chromosome)。

由于线粒体 DNA 具有高拷贝、母系遗传、较高的突变率等遗传特征,因而广泛地应用于人类起源、进化和亲缘关系、动植物驯化以及系统发育研究中,是古 DNA 研究的理想标记。

传统考古学在未引入分子生物学技术以前,对于出土古人骨的研究主要是依靠体质人类学方法,对骨骼外部形态进行观察与测量,并结合墓葬出土的环境、年代以及各种文字记载资料进行推断。而 DNA 研究是对骨骼内的 DNA 分子进行分析和测序,可以从古代人类遗骸中获得更加直接的信息,这对研究群体亲缘关系具有重要意义,尤其是在颅骨破损严重或变形而无法测量时,例如本文样本 YSGM2023、YSGM2044 存在较明显的枕部人工变形时, DNA 研究就显得更为重要。体质人类学与古 DNA 研究两种方法可以相互印证、相互补充,因此,通过考古学、人类学、分子生物学等多学科的交叉,可以为解决考古学问题提供新的思路与方法,对于解决考古学中的疑难问题具有重要意义。

从图二、三来看,蔚县三关古代居民与各东亚人群遗传距离最为接近,尤其是与中国北方汉族的最近,而与北亚人群的遗传距离相对较远。这一结果也可以与人种学研究中“与东亚类型存在较多的一致性”、“与北亚和东北亚类型的体质差异比较显著”^[29]的体质特征相吻合。在上述的 5 个古代人群对比组中,蔚县三关古代居民与姜家梁古代居民、喇嘛洞古代居民的遗传距离较近,而与在人种学特征上和北亚蒙古人种关系很近的七郎山拓跋鲜卑古代居民^[30]相距较远。

体质人类学研究认为姜家梁古代居民“与东亚类型具有非常相似的特征”^[31],喇嘛洞墓地居民的种族类型最接近现代东亚蒙古人种^[32],三者地理位置上较接近,而且三者体质特征上都与蒙古人种东亚类型最接

近,这与本文得出的三者的遗传距离较近相一致。特别是姜家梁古代居民与蔚县古代居民位置更近,都位于河北省张家口地区,且年代相距较近,前者年代为新石器时代晚期,后者是青铜时代,而且相近的遗传距离也说明了在这一地区从新石器时代晚期到青铜时代母系遗传关系很近,可能存在连续性。此外,在文化特征上,蔚县三关遗址三期的某些器物的文化面貌与姜家梁遗址墓葬出土器物有相似或相近之处^[3]。因此,本文从分子考古学的角度,暗示了姜家梁遗址墓葬中至少有一部分人及其创造的文化,对于蔚县三关墓地的居民构成及其文化因素都有一定影响。

以河北蔚县三关墓地为代表的夏家店下层文化壶流河类型的古代居民,在母系遗传上与东亚人群,特别是北方汉族有密切关系。也就是说,夏家店下层文化壶流河类型的古代居民对于今天北方汉族的形成有一定的基因贡献。由于蔚县三关墓地位于冀北地区,处于夏家店下层文化分布范围的边缘地区,其遗传结构只能代表夏家店下层文化居民的一部分。夏家店下层文化的主体人群的遗传结构情况、居民的源流问题、以及各文化类型的居民之间遗传关系的亲疏等,都将是今后工作的重点。此外,本工作目前只从线粒体DNA角度开展研究,线粒体DNA母系单性遗传仅能反映母系遗传关系,特别是在研究进入父系社会后,重视父系血缘关系的人群结构与社会关系时具有局限性。而Y染色体是父系单性遗传,可以弥补线粒体DNA的不足,但是由于技术和方法的欠缺,目前所开展研究较贫乏,这将是今后开展古DNA研究的方向和重点。

[1] 滨田耕作、水野清一:《赤峰红山后》,《东方考古学丛刊》甲种第六册,东亚考古学会,1938年。

[2] 吕遵谔:《内蒙赤峰红山考古调查》,《考古学报》1958年3期。

[3] a. 中国科学院考古研究所内蒙古发掘队:《内蒙赤峰药王庙、夏家店遗址试掘简报》,《考古》1961年2期; b. 中国科学院考古研究所内蒙古发掘队:《赤峰药王庙、夏家店遗址试掘报告》,《考古学报》1974年1期。

[4] a. 北京大学历史系考古专业商周组:《商周考古》,文物出版社,1979年; b. 邹衡:《关于夏商时期北方地区诸邻境文化的初步探讨》,载《夏商周考古学论文集》,科学出版社,2001年。

[5] 李经汉:《试论夏家店下层文化的分期和类型》,载《中国考古学会第一次年会论文集》,文物出版社,1979年。

[6][7] 张忠培、孔哲生、张文军、陈雍:《夏家店下层文化研究》,载《考古学文化论集(一)》,文物出版社,1987年。

[8] 李伯谦:《中国青铜文化结构体系研究》,科学出版社,1998年。

[9] 张家口考古队:《蔚县考古记略》,《考古与文物》1982年4期。

[10][11] 张家口考古队:《蔚县夏商时期考古的主要收获》,《考古与文物》1984年1期。

[12] 蔡大伟等:《4种古DNA抽提方法效果比较》,《吉林大学学报(医学版)》2007年33卷1期。

[13] 付玉芹等:《内蒙古和林格尔东周时期古代人群的分子遗传学分析》,《吉林大学学报(理学版)》2006年44卷5期。

[14] 张小雷、崔银秋、吕慧英等:《系统发育分析在古DNA研究中的应用》,《吉林大学学报(理学版)》2005年43卷5期。

[15] 米红、张文璋:《实用现代统计学分析方法与SPSS应用》,当代中国出版社,2000年,第204~278页。

[16] Yao Y. G., Kong Q. P., Bandelt H. J. et al. *Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese*. *Am J Hum Genet.* 2002.70: p.635~651.

[17] Kong QP, Yao YG, Liu M, Shen SP, Chen C, Zhu CL, Palanichamy MG, Zhang YP. *Mitochondrial DNA sequence polymorphisms of five ethnic populations from northern China*. *Hum Genet.* 2003. 113: p.391~405.

[18] Oota H, Kitano T, Jin F, Yuasa I, Wang L, Ueda S, Saitou N, Stoneking M. *Extreme mtDNA homogeneity in continental Asian populations*. *Am J Phys Anthropol.* 2002. 118: p.146~153.

[19][20] Pakendorf B, Novgorodov IN, Osakovskij VL, Danilova AP, Protod'jakonov AP, Stoneking M. *Investigating the effects of prehistoric migrations in Siberia: genetic variation and the origins of Yakuts*. *Hum Genet.* 2006. 120: p.334~353.

(下转 33 页)

努力才取得如今的成就。建立“避暑山庄学”的关键也取决于人的因素,“避暑山庄学”是系统工程,不是某一学科,某一个人所能承担的,需要各方面的专家学者来共同参与。在现有一定数量的专业研究人员和成果的基础上,动员和联合避暑山庄内外、全市、全省以至全国社科界的力量,相互协作,共同努力,开展长期、深入、广泛、系统的研究,将是推进“避暑山庄学”成为有特色的、高水平的、内容丰富多彩的一个新兴学科的方法之一。

第六,加强与大专院校的联系,借助高校的研究力量和文献资源,争取“避暑山庄学研究中心”尽早挂牌,在专业人才的培养与利用上下大力量,多出成果,并建立相应的奖励机制。要把研究与应用结合起来,将避暑山庄深厚的文化底蕴转化为文化资源,使其为现代化建设服务。坚持创办自己的期刊《避暑山庄研究》,通过刊物将“避暑山庄学”的研究成果、研究动态及时宣传出去。定期召开学术研

讨会,开阔视野,要将“避暑山庄学”放到中国历史研究的范畴,在中国思想文化史、世界历史的大背景下去分析、研究、比较,才能看出它的意义。应与满、蒙、藏多民族文化的研究联系起来,与传统文化的研究联系起来,与清史研究结合起来,把避暑山庄这一我国封建社会园囿史的活化石仔细解剖,才能真正发挥“以史为镜,明鉴将来”的作用。

“避暑山庄学”是对避暑山庄文化的全面挖掘和总结,具有集两千年封建文化之大成的特点。在当前物质文明、精神文明、政治文明共同发展到一定程度的形势下,承德建立“避暑山庄学”,将是对人类文化研究的一种贡献。我们应抓住有利时机,推进“避暑山庄学”的建设。用戴逸先生的话说:“我希望不久的将来,‘避暑山庄学’成为我们 21 世纪的一项重要文化创新,放射出灿烂的光芒。”

[责任编辑:许潞梅]

(上接 8 页)

[21] Quintana-Murci L, Chaix R, Wells S, et al. Where West meets East: The complex mtDNA landscape of the Southwest and Central Asian corridor. *Am J Hum Genet.* 2004;74: p.827~845.

[22] Richards M, Macaulay V, Hickey E, et al. Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool. *Am J Hum Genet.* 2000. 67: p.1251~1276.

[23] 万诚、崔银秋、段然慧等:《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 7 期。

[24] Wang Haijing, et al. Molecular biological analysis of remains from Jiangjiungou Cemetery in Inner Mongolia. *Progress in Natural Science.* 2006. 7(16).

[25] Christine K. T. Eric C. Bertrand L. Nuclear and Mitochondrial DNA Analysis of a 2,000-Year-Old Necropolis in the Egin Gol Valley of Mongolia. *Am. J. Hum. Genet.* 2003 (73).

[26] Yu C. Xie L. et al. Genetic analysis on Tuoba Xianbei remains excavated from Qilang Mountain Cemetery in Qahar

Right Wing Middle Banner of Inner Mongolia. *FEBS Lett.* 2006. 580 (26).

[27] Haijing Wang, Binwen Ge, et al. Molecular Genetic Analysis of Remains From Lamadong Cemetery, Liaoning, China. *Am J Phys Anthropol.* 2007. 134: p.404~411.

[28] Herrmann B. Hummel S. *Ancient DNA.* New York: Springer-Verlag. 1994.

[29] 张家口考古队:《蔚县夏家店下层文化颅骨的人种学研究》,《北方文物》1987 年 1 期。

[30] 郑丽慧、朱泓、陈靓:《内蒙古七郎山魏晋时期鲜卑墓葬人骨研究》,《内蒙古文物考古》2003 年 1 期。

[31] 李法军:《河北阳原姜家梁新石器时代人骨研究》,吉林大学博士学位论文,2004 年。

[32] 陈山:《喇嘛洞墓地颅骨种族类型初探》,载《边疆考古研究》第 1 辑,科学出版社,2002 年,第 314~322 页。

[33] 河北省文物研究所:《河北阳原县姜家梁新石器时代遗址的发掘》,《考古》2001 年 2 期。

[责任编辑:张金栋]