

2004年殷墟大司空遗址出土人骨线粒体DNA研究报告*

曾雯¹ 李佳伟² 岳洪彬³ 王明辉³ 周慧² 朱泓⁴

(1. 山东大学历史文化学院, 山东 济南市 250100; 2. 吉林大学生命科学学院, 吉林 长春市 130012; 3. 中国社会科学院考古研究所, 北京市 100710; 4. 吉林大学边疆考古研究中心, 吉林 长春市 130012)

关键词: 大司空遗址; 线粒体DNA; 单倍型类群

摘要: 对6例2004年殷墟大司空遗址出土人骨进行线粒体DNA研究, 共得到6个单倍型归属于4个单倍型类群: B、D、N9a和Z。结合体质人类学和考古学研究成果, 推测殷墟商代晚期居民人群构成多元。单倍型共享序列人群分布暗示殷墟中小墓居民可能作为华夏族的基底, 其基因历经三千年却并未消失, 而是在人群交流融合中沉淀下来并且扩散开去。通过本次研究对大司空遗址古代居民遗传特征有了初步认识, 但尚待扩大样本量, 选用更多种遗传标记来进行更深入的研究。

Keywords: Dasikong site; mtDNA; haplogroup

Abstract: 6 reproducible mtDNA HVR I fragments were obtained from 6 individuals, which were discovered in Dasikong excavation at Yinxu site in 2004. They can be attributed to 6 haplotypes which belong to 4 haplogroups, such as B, D, N9a and Z. Combining physical anthropology analysis of this population and the archaeological findings, we demonstrate that the society of Yinxu was composed of individuals coming from various regions. The haplogroups, geographic distribution of human groups who shared the same HVR I sequence and physical features indicate that some of the genetic characteristics of the ancient residents in Yinxu during the late Shang period are still present in the matrilineal heritage of the modern Han Chinese and east Asian populations. This study provided preliminary understanding for us on the inherited characteristics of the ancient residents at Dasikong Locus, but further studies are still needed by expanding sample size and selecting more genetic marks.

DOI:10.16143/j.cnki.1001-9928.2018.02.010

一、研究对象

大司空遗址位于安阳西北郊洹河东岸, 与小屯宫殿区遗址隔河相望, 是殷墟内殷代遗迹现象分布较为集中的一处遗址。墓葬区主要分布在大司空村东南的豫北棉纺织厂内及其附近地区。2004年3月到8月, 中国社会科学院考古研究所安阳工作队对其进行了发掘^[1], 并随机从5座墓葬和1座灰坑中选取了出土时保存

完好的6例个体样品送吉林大学边疆考古研究中心考古DNA实验室, 希望能对该遗址古代居民的遗传特征进行初步检测、研究。

二、实验材料及方法

本实验选用古代人类遗骸的牙齿作为研究材料, 样本编号及人类学鉴定见表一。

选用完整且没有龋病牙齿样本, 用5%次氯酸溶液擦洗表面, 然后用浓度为5%的

* 本次研究得到了国家哲学社会科学基金重大项目“汉民族开始形成过程的考古学观察”(11&ZD182)、国家社科基金青年项目“济南大辛庄遗址人骨材料的综合研究”(14CKG002)、“即墨北阡遗址大汶口文化时期古代居民的DNA研究”(15CKG013)、国家基础科学人才培养基金现代考古学特殊学科点项目(J1210007)、中国博士后科学基金“济南大辛庄遗址商代居民分子考古学研究”(2015M570581)的支持。

表一 样本编号及信息

编号	墓葬号	采样牙位		性别	年龄
NO.1	2004AST0401M81	ULM3	LLM3	男	20-23
NO.2	2004AST0304M102	LRM3	ULM2	女	20-25
NO.3	2004AST0807M191	ULM3	URM3	男	25±
NO.4	2004AST0904M220	LLM2	LRM3	男	35-39
NO.5	2004AST0708M377	URM3	ULM3	女	25-27
NO.6	2004AST0527H71	URM3	ULM3	男	40±

(注: 牙位第一字母U-上颌, L-下颌; 第二字母L-左, R-右; M-白齿)

次氯酸溶液浸泡15分钟, 用无水乙醇冲洗后, 牙齿每一面用紫外线灯照射30分钟, 最后在液氮环境中用6750Freezer Mill研磨机(Metuchen, 美国)将牙齿研磨成粉末, -20℃保存备用。取200mg牙粉用QIAamp® DNA Mini Kit及QIAamp® Purification Kit(QIAGEN, 德国)试剂盒进行DNA的提取。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I区(Hyper variable Region I, HVR I)16050-16409长度354 bp(去除两端引物序列)的序列。如果测序结果中出现连续10以上C时, 则再使用CD2引物进行反向测序。使用QIAquick Gel Extraction Kit(QIAGEN, 德国)纯化PCR产物, 使用ABI Prism BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit试剂盒进行测序反应, 产物用于DNA直接测序(ABI Model 310自动测序仪)。采用直接测序以及扩增片段长度多态性APLP等方法检测编码区或者高可变II区的突变位点, 结合已经获得的高可变I区突变位点, 最终确定某一序列的单倍型类群。所用引物见表二。为了得到真实可靠的古代DNA序列, 在样品抽提和扩增过程中, 设立抽提空白对照和PCR阴性对照, 设计了重复实验方案, 排除外源污染的可能。

三、结果

6个样本均获得了真实可靠的mtDNA高可

变I区的序列, 将这些序列与剑桥标准序列(CRS)比对发现共存在13个变异位点, 确定为6个单倍型。(表三)利用APLP方法结合测序可将这些单倍型归属于D、B、Z和N9a 4个单倍型类群。No.1根据其SNP 10400T, 5178A, 3010A归入单倍型类群D4。No.2根据其HVS-I 16185-16223-16260-16298 motif和SNP 152T, 10400T的变异模式归入单倍型类群Z。No.3根据其HVS-I 16257A-16261 motif和SNP 5417A的变异模式归入单倍型类群N9a。No.4根据其SNP 10400T, 5178A归入单倍型类群D, 但SNP 3010T并未检测到突变, 将其归入单倍型类群D。No.5根据其SNP 10400T, 5178A归入单倍型类群D, 又HVS-I 16189T→C突变, 可划定为单倍型类群D5。No.6根据HVS-I 16189T→C突变和在核苷酸序列8,272-8,289(CO II-tRNA^{Lys}基因)之间9bp缺失, 可划定为单倍型类群B, 又根据HVS-I 16140-16243的变异情况, 将其划分为单倍型类群B5b。

为了研究样本的单倍型在现代人群中的分布, 将所得序列在东亚、北亚和中亚人群已经发表的数据^[2]中搜索了其相应的共享序列。(表四)共享序列的大致分布情况见图一、二。No.6仅能找到2个相差两个碱基的共享序列, 其余均找到完全匹配的共享序列: 其中No.1有8个共享序列; No.2有12个共享序列; No.3的共享序列有29个; No.4的共享序列

表二 所用引物

片段/单倍型类群	引物	位点	长度 (bp)
HVI-AB	L16017 5' TTCTCTGTTCTTTCATGGGGA 3' H16251 5' GGAGTTGCAGTTGATGTGTGA 3'		235bp
HVI-CD	L16201 5' CAAGCAAGTACAGCAATCAAC 3' H16409 5' AGGATGGTGGTCAAGGGA 3'		209bp
M/N	10400T 5' TAATTATACAAAAAGGATTAGACTGTGCT 3' 10400C 5' TACAAAAAGGATTAGACAGAACC 3' 10400R 5' GAAGTGAGATGGTAAATGCTAG 3'	10400T/C	149bp (M) / 142 bp (N)
D	5178A 5' TGATCAACGCACCTGAAACAAGA 3' 5178C 5' GTCGCACCTGAAGCAAGC 3' 5178R 5' CCCATTTGAGCAAAAAGCC 3'	5178A/C	107 bp (D) /102 bp
D4	3010G 5' ATTTGGATCAGGACTTCCCG 3' 3010A 5' GCTACATGGATCAGGACAACCCA 3' 3010R 5' GATCACGTAGGACTTTAATC 3'	3010A/G	95 bp (D4) /91 bp
B	L821 5' ACAGTTTCATGCCATCGTC 3' H829 5' ATGCTAAGTTAGCTTACAG 3'	COII/tRN Alys 9-bp deletion	125bp /121 bp (B)
N9a	L5334 5' AACCTCTACTTCTACCTACG 3' H5497 5' ATAAAAGGGGAGATAGGTAG 3'	5417A/G	164bp
Z	L48 5' CATTGGTATTTTCGTCTGGG 3' H205 5' CGCTTTGGTAAGTATGTTCCG 3'	152C/T	158bp

表三 mtDNA高可变 I 区多态性位点及单倍型类群

样本	单倍型	单倍型类群	高可变 I 区突变位点(16000+)	单倍型类群分型位点
NO.1	ht1	D4	362 390	10400T, 5178A, 3010A
NO.2	ht2	Z	185 223 260 298 311	10400T, 152T
NO.3	ht3	N9a	111 129 223 257A 261	10400C, 5417A
NO.4	ht4	D	223 362	10400T, 5178A, 3010T
NO.5	ht5	D5	189 223 311 362	10400T, 5178A
NO.6	ht6	B5b	108 111 140 189 243	9 bp deletion

表四 单倍型共享序列的分布及数量

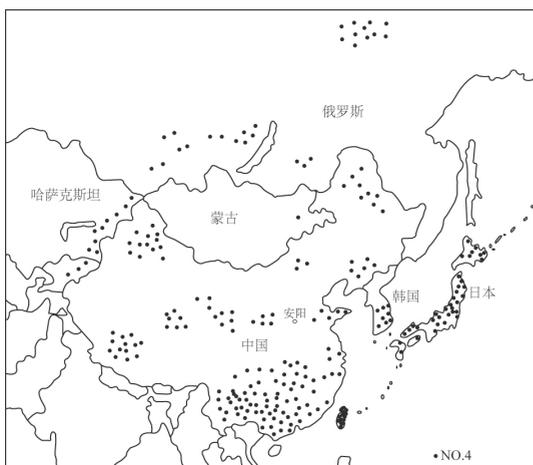
样本	共享人群 (数量)
NO.1	中国: 汉族 (新疆1), 傣族 (1), 哈萨克族 (2), 蒙古族 (1), 维吾尔族 (1); 日本: 东京 (1); 乌兹别克斯坦: Dzhalya-Kuduk (1)
NO.2	中国: 汉族 (福建1、上海1), 鄂温克族 (1), 达斡尔族 (2), 其他 (5); 日本: 东京 (1); 乌兹别克斯坦: Kibray (1)
NO.3	中国: 汉族 (江西1、安徽1、广东1、内蒙古1、湖南2、浙江2、山西4), 藏族 (1), 土家族 (2), 彝族 (1), 乌孜别克族 (1), 蒙古族 (2), 瑶族 (3); 日本: 爱知县 (1), 东京 (2); 韩国: 首尔 (1); 乌兹别克斯坦: Dzhalya-Kuduk (1); 俄罗斯: 南西伯利亚 (1), 图瓦 (1)
NO.4	吉尔吉斯斯坦、哈萨克斯坦、俄罗斯及所有东亚国家 (285)
NO.5	中国: 毛南族 (1)
NO.6	无

有285个; No.5有1个共享序列。这些共享序列大多数广泛分布于东亚地区, 少数分布于北亚和中亚。

四、讨论

本实验6个样本获得6个不同的单倍型, 分属于4个不同的单倍型类群, 单倍型类群多

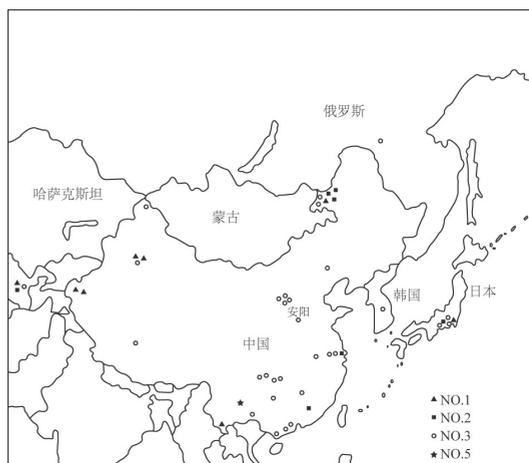
样性较高。属于同一单倍型D的NO.1、NO.4、NO.5序列差别较大, 且属不同亚型。提示殷墟商代晚期自由民的组成应该是复杂多样的, 人群来源可能也是多元的。通过对殷墟中小墓人骨所做体质人类学研究发现, 商代晚期居民的体质类型包括“古中原类型”和“古东北类型”两种^[3]。此外, 还可以看到



图一 NO.4共享人群分布示意图

在殷墟存在有来自诸如当时东方夷人人群的踪迹^[4]。暗示了作为殷都的“大邑商”居民复杂的来源。从其自然环境来看，殷墟位于太行山林虑山系以东、安阳盆地与华北平原交汇带的洹河二级台地上。发源于太行山区的洹河（又名安阳河）自盆地西南流入，先北行，再折而东行，最终注入卫河^[5]。此区域有着较为优越的自然环境，人类长期生活动于此，形成了悠久、深厚的文化基础。而且就其地形及地理位置而言，此区域地势平坦，四通八达，便于人群往来。殷墟是国家权力中心，又是荟集当时物质文明和精神文明成果的文化中心。从考古发现来看，在殷墟出土的矛、三角援戈、卷头刀和兽首短刀等晚期青铜兵器，其原型分别出自江南、汉中、晋陕高原至北方草原^[6]。而家马和马车的突然出现^[7]，其来源和传入途径尚未探清，暗示或许存在更广阔地域间的文化交流。集各中心于一身的殷都为来自不同地域、不同种族的人群提供了一个开放的平台，为各人群基因的交流、体质的融合创造了机缘。这都在一定程度上印证了殷墟商代晚期居民人群构成多元的推论。

获得的单倍型类群分别为D、N9a、Z和B。这些单倍型类群都普遍存在于现代欧亚大



图二 NO.1、NO.2、NO.3、NO.5共享人群分布示意图

陆东部^[8]，在现代汉族中，无论南方汉族还是北方汉族都不同频率地包含有这些单倍型类群。其中单倍型类群D广泛地分布在东亚和北亚人群中，在东南亚人群中频率较低，在中亚地区有一定频率的分布，在东亚的分布频率^[9]由南向北有明显增加的趋势。D4是D型中最有代表性的亚型，在北亚^[10]及东亚人群^[11]中都有很高的频率。单倍型类群Z是M型下的亚型^[12]，在满-通古斯语族的人群中的分布频率最高，在蒙古人、汉族、中亚人群中也有发现。单倍型类群B在现代人群中更多地发现于东亚地区，其频率有从南向北递减的趋势^[13]。现代人群如图瓦人、阿尔泰人和布里亚特人等在南西伯利亚^[14]有少量分布，在更北的地区尚未发现。在已发表的多个地区汉族人群^[15]中的频率普遍都很高。单倍型类群N9a是属于N分支下的发现较晚的亚洲特异的单倍型^[16]，主要分布于各东亚人群中，同时在阿尔泰人群中也有分布，在中国主要为汉族和南方苗瑶语族的少数民族。获得的序列中5个单倍型可以在现代东亚、北亚和中亚人群中找到共享，这些共享人群广泛分布于中国、蒙古、日本、朝鲜半岛、西伯利亚南部和中亚东部地区。殷墟中小墓居民的基因可能更多地沉淀于现代东亚人群

的血液中。原海兵根据测量及非测量性状观察的结论与之相一致。他将2004年出土于大司空遗址人群的基本体质特征概括为：偏长的中颅型，高颅型结合狭颅型，偏狭的中额型，中上面型，阔鼻型，偏低的中眶型，宽腭型，较平的面突程度，突颌短颌，长狭下颌，中等偏大的上面部扁平度。他们的种族类型应属于先秦时期的“古中原类型”，与现代亚洲蒙古人种的东亚类型最为相似。将其测量数据与北方地区晚于殷墟商代晚期的人骨数据进行对比分析，发现殷墟中小墓居民与秦汉以后活动于黄河中下游地区的“古中原类型”居民应有一定的连续性，并为汉代以后北方汉族的形成贡献了自己的力量^[17]。本实验中的样本NO.1-4均在现代汉族及南北各少数民族中发现了共享。而NO.5虽仅有1个共享序列，但也在中国少数民族中有所发现。暗示殷墟中小墓居民可能作为华夏族的基底，其基因历经三千年却并未消失，而是在人群交流融合中沉淀下来并且扩散开去。

通过本次研究对大司空遗址古代居民遗传特征有了初步认识。但尚待扩大样本量，选用更多种遗传标记，进一步研究殷墟中小墓居民遗传特征及其群体遗传结构。从而有利于对殷墟商代晚期墓地性质、社会结构的揭示。

- [1] 岳洪彬, 岳占伟, 何毓灵. 殷墟大司空遗址. 见: 中国考古学年鉴(2005), 北京: 文物出版社, 2006: 262, 263.
- [2] a. Zhao M, Kong QP, Wang HW, et al. Mitochondrial genome evidence reveals successful Late Paleolithic settlement on the Tibetan Plateau. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2009, 106: 21230-21235.
- b. Yao YG, Zhang YP. Phylogeographic analysis of mtDNA variation in four ethnic populations from Yunnan Province: new data and a reappraisal. *Journal*

- of human genetics*, 2002, 47: 311-318.
- c. Yao YG, Kong QP, et al. Different matrilineal contributions to genetic structure of ethnic groups in the silk road region in china. *Molecular Biology and Evolution*, 2004, 21: 2265-2280.
- d. Yao YG, Kong QP, et al. Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese. *American journal of human genetics*, 2002, 70: 635-651.
- e. Wen B, Xie X, Gao S, et al. Analyses of genetic structure of Tibeto-Burman populations reveals sex-biased admixture in southern Tibeto-Burmans. *American journal of human genetics*, 2004, 74: 856-865.
- f. Irwin JA, Ikramov A, Saunier J, et al. The mtDNA composition of Uzbekistan: a microcosm of Central Asian patterns. *International journal of legal medicine*, 2010, 124: 195-204.
- g. Gan RJ, Pan SL, Mustavich LF, et al. Pinghua population as an exception of Han Chinese' s coherent genetic structure. *Journal of human genetics*, 2008, 53: 303-313.
- h. Derenko M, Malyarchuk B, Denisova G, et al. Complete mitochondrial DNA analysis of eastern Eurasian haplogroups rarely found in populations of northern Asia and eastern Europe. *PLoS one*, 2012, 7: e32179.
- i. Wen B, Li H, Lu D, et al. Genetic evidence supports demic diffusion of Han culture. *Nature*, 2004, 431: 302-305.
- J. Li H, Cai X, Winograd-Cort ER, et al. Mitochondrial DNA diversity and population differentiation in southern East Asia. *Am J Phys Anthropol*, 2009, 134: 481-488.
- [3] 韩康信, 潘其凤. 安阳殷墟中小墓人骨的研究. 见: 安阳殷墟头骨研究. 北京: 文物出版社, 1985: 50~82.
- [4] 原海兵. 殷墟中小墓人骨的综合研究. 长春: 吉林大学博士学位论文, 2010: 143-176.
- [5] 中国社会科学院考古研究所. 中国考古学·夏商卷. 北京: 中国社会科学出版社, 2003: 284-289.
- [6] 中国社会科学院考古研究所. 殷墟的发现与研究. 北京: 科学出版社, 2001: 451-465.
- [7] 同[5].
- [8] 赵永斌. 中国汉族北方母系起源的遗传学初探. 长春: 吉林大学博士学位论文, 2011: 6-8.
- [9] Kolman CJ, Sambuughin N, Bermingham E.

- Mitochondrial DNA analysis of Mongolian populations and implications for the origin of New World founders. *Genetics*, 1996, 142: 1321-1334.
- [10] Derenko MA, Grzybowski T, Malyarchuk BA, et al. Diversity of mitochondrial DNA lineages in South Siberia. *Annals of human genetics*, 2003, 67: 391-411.
- [11] 同[2] b.
- [12] Schurr TG, Sukernik RI, Starikovskaya YB, et al. Mitochondrial DNA variation in Koryaks and Itel' men: population replacement in the Okhotsk Sea-Bering Sea region during the Neolithic. *American Journal of Physical Anthropology*, 1999, 108: 1-39.
- [13] 同[2] d.
- [14] Fedorova SA, Stepanov AD, Adoian M, et al. Phylogenetic analysis of ancient mitochondrial DNA lineages of human remains found in Yakutia. *Molecular Biology*, 2008, 42: 391-398.
- [15] 同[2] i.
- [16] a. Kong QP, Yao YG, Liu M, et al. Mitochondrial DNA sequence polymorphisms of five ethnic populations from northern China. *Human genetics*, 2003, 113: 391-405.
b. 同[10].
c. 同[12].
- [17] 同[4].
- (责任编辑: 张 凤)

(上接53页)

- [31] 济南市考古研究所. 济南市刘家庄遗址商代墓葬M121、M122发掘简报. *中国国家博物馆馆刊*, 2016, (7).
- [32] 张国硕. 青铜方鼎研究——兼谈乳丁纹与玄鸟崇拜之关系. *中原文物*, 1994, (2).
- [33] 俞伟超, 高明. 周代用鼎制度研究(上). *北京大学学报*, 1978, (1).
- [34] 张闻捷. 周代用鼎制度疏证. *考古学报*, 2012, (2).
- [35] 郭沫若. 甲骨文合集. 北京: 中华书局, 1978-1982. 简称《合集》, 以下正文中不另注。
- [36] 王宇信, 杨升南, 主编. 甲骨学一百年. 北京: 社会科学文献出版社, 1999: 544.
- [37] 中国社会科学院考古研究所. 河南偃师商城商代早期王室祭祀遗址. *考古*, 2002, (7).
- [38] 中国社会科学院考古研究所安阳工作队. 1987年安阳郭家庄东南殷墓的发掘. *考古*, 1988, (10).
- [39] 中国社会科学院考古研究所. 安阳殷墟郭家庄商代墓葬. 北京: 中国大百科全书出版社, 1998: 78.
- [40] 胡厚宣. 释牢. 中央研究院历史语言研究所集刊(第八本第二分). 台北: 中央研究院历史语言研究所, 1939: 153~158.
- [41] 李孝定. 甲骨文字集释(全八册). 台北: 中央研究院历史语言研究所, 1965: 1347.
- (责任编辑: 张 凤)

本刊启事

1. 来稿需提供摘要、关键词, 注释部分请参考本刊最新格式。作者需提供详细的通讯地址、电话、电子信箱及工作单位。
2. 来稿需声明非一稿多投。本刊接收纸质和电子稿件。电子稿件“发件人”一栏需填写作者真实姓名, “主题”一栏为投稿+文章题目。邮寄地址: 河南省郑州市陇海北三街9号《华夏考古》编辑部, 邮编450000; 电子邮箱为hxkg@chinajournal.net.cn。
3. 审稿周期原则上为3个月, 届时将告知作者审稿结果。来稿一经发表, 即付稿酬。本刊不收版面费, 也从未委托任何第三方收取, 谨防假冒。