

云南“本人”的红细胞血型分布及其 与契丹人血缘关系的探讨*

郝露萍¹ 肖春杰¹ 张卫红²
陶永琏² 周曾娣² 杜若甫¹

(1 中国科学院遗传研究所, 北京 100101)

(2 云南计划生育科学技术研究所, 昆明 650021)

摘 要

调查了云南省施甸县木老元乡哈寨村 104 名“本人”的 4 个红细胞血型系统分布。结果表明,“本人”的 ABO 血型系统分布特点是, 基因频率 p (0.3069) > 基因频率 q (0.1739); 在 MNSs 血型系统中, 基因频率 m (0.6538) > 基因频率 n (0.3462); 在 P 血型系统中, 基因频率 P_1 (0.1798) 较低。这些均与我国南方少数民族的分布特点基本相符。与我国大部分地区一样, Rh 血型系统的单倍型频率中最高的是 CDe (0.7980), 其次是 cDE (0.1322)。其它的单倍型和基因频率是: $r=0.5192$; $MS=0.0288$, $Ms=0.6250$, $Ns=0.3462$, $S=0.0288$, $s=0.9712$; $C=0.7981$, $c=0.2019$, $D=0.9302$, $d=0.0698$, $E=0.1321$, $e=0.8679$ 。单倍型 NS 、 cDe 、 CDE 、 cde 、 Cde 和 CdE 的频率均为零。目前有不少证据表明“本人”可能是我国北方古代游牧民族之一的契丹人的后裔。但是, 我们用 4 个红细胞血型系统的基因频率, 对“本人”与 9 个南方少数民族及 8 个北方的少数民族和汉族人群进行遗传距离和聚类分析, 结果表明,“本人”与南方几个少数民族遗传距离较近, 并最先聚合, 而与几个北方的少数民族和黑龙江汉族的遗传距离较远。

关键词 红细胞血型, 基因频率, 遗传距离, 云南“本人”, 契丹人

1 前 言

自 1990 年至 1992 年在云南施甸县及邻近的保山、昌宁等县“本人”的墓碑上先后发现了 19 个契丹小字。以后又从他们的祠堂、谱谍、建筑遗址等得到不少证据, 说明他们很可能是契丹人的后裔。

据调查, 云南省的契丹人后裔约有 15 万人, 分布于滇西南大理、保山、昌宁、临沧和德宏、西双版纳等地、州。其中大部分人已自报为布朗、佤、德昂、彝、基诺、汉等

收稿日期: 1994-10-22

* 本文为国家自然科学基金资助项目

族，有一小部分人则自称是“本族”或“莽族”，但未得到确认。

“本人”是“本地人”的意思，本来是汉族对他们的称呼。真正的布朗族和佤族在不少地方也被称为“本人”。自报是布朗族的“本人”自称“乌”，彝族（香堂）也称他们为“乌”。“乌”的意思是“人”。汉族人也称契丹后裔为“蒲满”（或“蒲莽”）。

从上述情况可以看出，“本人”的族称现在还存在着十分混乱的现象。对目前初步认为是契丹后裔的人群的民族识别工作也有必要从各个角度进行深入一步的研究。

为了用人类遗传学的手段探讨本人与契丹人的关系，我们于 1994 年 1 月对施甸县木老元乡哈寨村的 104 名“本人”进行了红细胞血型分布的调查，并将调查结果与其他 17 个少数民族及黑龙江汉族群体的红细胞血型分布调查结果进行了比较，计算了他们之间的遗传距离并绘制出了系统树，现报告如下。

2 材 料 和 方 法

取样对象：云南省施甸县木老元乡哈寨村小学和木老元乡中学的学生 104 人。被调查者的父母双方上溯三代均为“本人”（但目前他们的族称是布朗族）。三代之内无血缘关系。每人各取指血 2—3 滴，加生理盐水洗 3 遍后配成 3% 的生理盐水悬浮液进行定型试验。试验在采血后 3 天内完成。

试剂：抗 A、抗 B、抗 D 和抗人球蛋白血清为北京市红十字血液中心产品，抗 C 和抗 c 血清为天津血站产品，抗 M 和抗 N 血清为公安部 126 研究所的单克隆抗体，抗 P、抗 E、抗 S 和抗 s 血清为德国 Biotest 公司产品。

试验方法：按抗血清各自的说明书要求，抗原 A、B、E、P、M 和 N 定型用盐水试验，抗原 C、c 和 D 定型用波萝酶试验，抗原 S 和 s 定型用间接抗人球蛋白试验。

计算方法：基因频率和单倍型频率的计算按 Mourant (1976) 的方法。遗传距离 (D) 按 Nei (1978) 的方法计算。

3 结 果 与 分 析

“本人”ABO、Rh 和 MNSs 血型系统的调查结果见表 1。

(1) ABO 血型系统的调查结果表明在云南“本人”中基因频率 p 大于 q 。中国人中，大部分北方人群的基因频率 q 大于基因频率 p ，而大部分南方人群的基因频率 p 大于基因频率 q 。“本人”的 ABO 血型系统分布具有我国南方人群的特点。

(2) MNSs 血型系统的调查结果显示，云南“本人”的基因频率 m 大于基因频率 n 。在中国人中，大部分北方人群的基因频率 m 小于基因频率 n ，而大部分南方人群的基因频率 m 大于基因频率 n ，可见“本人”的 MNSs 血型系统分布也具有我国南方人群的特点。此外，在 M、N 与 S 基因的连锁中，“本人”与大部分中国人群一样，N 与 S 的组合率小于 M 与 S 的组合率，“本人”的单倍型频率 NS 等于零。在中国，调查中未发现单倍型 NS 的群体还有：广东梅县客家人、海南岛汉族、内蒙古鄂伦春族和鄂温克族、广西的瑶族和壮族、海南岛的苗族等。

(3) 用四种抗血清对 104 人进行了 Rh 血型系统的分型, 发现了一例 D 阴性, 其表型为 ccdee 型。D 阴性在中国人中的平均频率大约为 0.3%。在少数民族中, 除新疆的大部分少数民族及甘肃的藏族、贵州的苗族和布依族外, 其余群体的 d 基因频率均小于 0.1。我们在 104 人中即发现一例 D 阴性, 可能具有一定的偶然性。其 D 阳性单倍型频率在“本人”中的分布与大多数中国人一样, 从大到小的顺序为 CDe、cDE、cDe、CDE。

(4) 在 104 名“本人”中查出 $P_1(+)$ 34 人, 基因频率 P_1 为 0.1796, 基因频率 P_2+p+P_k 为 0.8204。P 血型系统在中国人中的分布特点大致为南方人基因频率 P_1 较低, 一般低于 0.2, 而北方人基因频率 P_1 稍高。“本人”的 P 血型系统分布也具有我国南方人群的特点。

表 1 “本人”ABO、Rh 和 MNSs 血型系统的分布
Distribution of ABO、Rh and MNSs systems in “Ben Ren”

表现型 Phenotype	观察值 Obs.	期望值 Exp.	$\sum x_2$	单倍型和基因频率 ($\times 10^{-4}$) Gene and Haplotype Freq.
O	28	28.06	0.0001	$p = 0.3069$
A	43	42.93	0.0001	$q = 0.1739$
B	22	21.92	0.0003	$r = 0.5192$
AB	11	11.09	0.0009	
合计(Total)	104	104.00	0.0013	df = 1, $p > 0.95$
CCDE_	0	0.00	0.00	CDe = 0.7980 cde = 0.0698
CcDE_	26	21.94	0.75	cDE = 0.1322 Cde = 0.0000
ccDE_	1	3.73	2.00	cDe = 0.0000 cdE = 0.0000
CCDec	64	66.24	0.08	CDE = 0.0000 CdE = 0.0000
CcDec	12	11.58	0.02	
ccDec	0	0.00	0.00	
CCdE_	0	0.00	0.00	C = 0.7981
CcdE_	0	0.00	0.00	c = 0.2019
ccdE_	0	0.00	0.00	D = 0.9302
CCdee	0	0.00	0.00	d = 0.0698
Ccdee	0	0.00	0.00	E = 0.1321
ccdee	1	0.51	0.48	e = 0.8679
合计(Total)	104	104.00	3.33	df = 4, $p > 0.5$
MMSS	1	0.08	9.64	MS = 0.0288
MMSs	1	3.75	2.01	Ms = 0.6250
MMss	40	40.62	0.01	NS = 0.0000
MNSS	0	0.00	0.00	Ns = 0.3462
MNSs	3	2.08	0.41	m = 0.6538
MNss	49	45.00	0.36	n = 0.3462
NNSS	0	0.00	0.00	S = 0.0288
NNSs	0	0.00	0.00	s = 0.9712
NNss	10	12.47	0.49	
合计(Total)	104	104.00	12.92	df = 5, $0.025 > p > 0.01$

(5) 计算了“本人”与十七个人群的遗传距离 (表 2)。在计算中所使用的数据来自国内已发表的 18 篇报道(上海生研所, 1974; 王广结等, 1992a; 王广结等, 1992b; 卢月

表 2 18 个群体间的遗传距离 ($\times 10^{-5}$)

Genetic distances between 18 populations

(2) 阿昌	4113																			
(3) 本人	1543	1136																		
(4) 汉	6015	2732	3448																	
(5) 湖南苗	3113	2040	1789	983																
(6) 侗	1227	1767	0933	2079	497															
(7) 瑶	1512	4273	2477	3844	1515	882														
(8) 壮	1260	2718	1319	4097	1537	682	684													
(9) 满	8011	3232	4711	771	1685	3168	4896	4537												
(10) 赫哲	5395	2047	2802	339	854	1719	3039	2841	613											
(11) 鄂伦春	6205	4435	4067	1754	1586	2827	2606	3525	2201	1280										
(12) 鄂温克	9387	6274	7156	1625	2409	4316	4676	6102	1249	1911	1629									
(13) 朝鲜	3356	2453	2285	1092	1306	1178	3157	3165	2428	1510	3538	3606								
(14) 达斡尔	4165	1918	2487	973	973	1192	3068	2381	1350	810	3435	3374	821							
(15) 傣傣	800	3043	1434	3492	1490	475	512	305	4577	2646	3582	5882	2304	2020						
(16) 云南苗	3067	4231	2426	3809	1630	1737	1652	1167	3992	2711	2113	4983	3717	3229	1676					
(17) 佤	1491	1719	447	4290	1881	1077	2548	1183	5305	3458	4404	7836	3020	3054	1575	1647				
(18) 蒙古	4796	3374	2546	816	1059	1951	2806	3309	1874	926	764	2145	1749	2184	2908	2269	3278			
(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)	(11)	(12)	(13)	(14)	(15)	(16)	(17)				
德昂	阿昌	本人	汉	苗	侗	瑶	壮	满	赫哲	鄂伦春	鄂温克	朝鲜	达斡尔	傣傣	云南苗	佤				

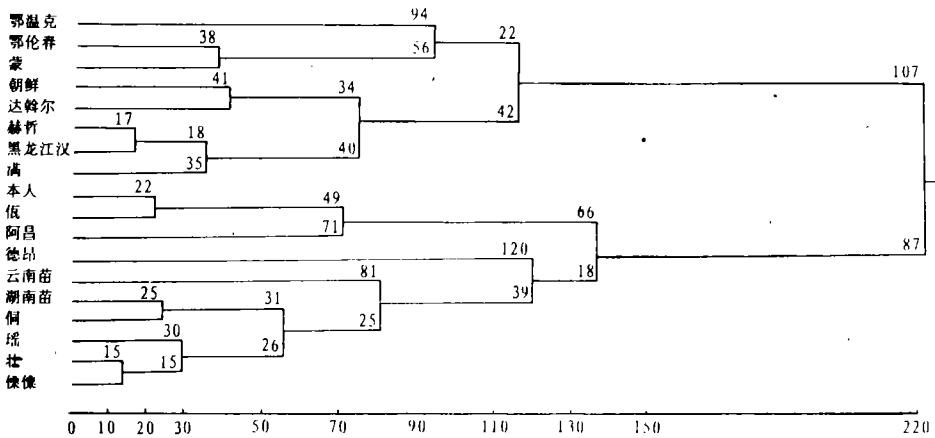


图 1 18 个群体的系统树 ($\times 10^{-4}$)

Phylogenetic tree of 18 populations ($\times 10^{-4}$)

香等, 1985; 兰炯采等, 1987; 艾琼华等, 1988a; 艾琼华等, 1988b; 毕平安等, 1985; 刘杰等, 1988; 血型调查组, 1980a; 血型调查组, 1980b; 血型调查组, 1981; 陈良忠、杜若甫, 1985; 金锋等, 1993a; 金锋等, 1993b; 袁义达等, 1984; 郝露萍等, 1989; 肖春杰等, 1994) 及本研究室的待发表资料。计算结果表明, “本人”与佤族的遗传距离最近, 其次是阿昌族、壮族等南方人群。与“本人”遗传距离最远的是鄂温克族, 其次是满族、鄂伦春族、黑龙江汉族等北方人群。

(6) 根据遗传距离绘制出的系统树(图 1)则显示“本人”最先与云南的佤族相聚, 然后先后与南方少数民族的八个人群相聚, 他们是: 云南省的阿昌族、德昂族、苗族, 广西的壮族、瑶族、侗族, 湖南的苗族和四川的傈僳族。和“本人”一道进行遗传距离和聚类分析的八个北方人群(即辽宁满族、黑龙江赫哲族与汉族、吉林朝鲜族、以及内蒙鄂温克族、鄂伦春族、达斡尔族、蒙古族)却单独聚为一枝, 与上述南方各人群截然分开。

4 讨 论

我们所得出的结果, 简要地说就是: “本人”的红细胞血型系统分布明显具有南方民族的特点, 他们的遗传距离与南方民族相近, 而与北方民族甚远。由于契丹原是唐、宋时的北方民族, 因此这一结果并不能进一步支持“本人”是契丹后裔的初步结论。

但是, 首先, 我们并不认为, 根据我们上述人类遗传学调查的结果, 可以看出“本人”绝不是契丹后裔的结论。这是因为“本人”很可能是契丹后裔有相当可靠的证据。首先他们的墓碑上出现契丹小字是非常有说服力的。原来是东北地区辽国的契丹小字绝不可能平白无故地出现在云南施甸、保山、昌宁各地的墓碑上(杨毓骧, 1988)。其次, “本人”的一些祠堂的楹联和谱谍也记载说, 他们是耶律氏(辽国皇族)的后代, 并认为他们的始祖是辽太祖阿保机(杨毓骧, 1993)。第 3, 据历史资料、谱谍及民间一直流传下来的传说, “本人”目前的姓氏蒋、杨、李、赵、何、茶等是从莽姓改的, 而最早, 他们都姓“阿”。“阿”来自辽太祖阿保机等名字的第一个字(杨毓骧, 1993)。第 4, 据文史记载和目前尚存的一些契丹人军队的兵营、官庭的遗址都说明元朝契丹人将领忙古带率军攻云南, 一直到缅甸交趾, 1307 年在云南病故。其所部也留在云南。据文史记载, 14 世纪初, 还有契丹人元帅述律杰坐镇云南临安府, 后移镇昆明。第 5, 据报导, 目前被初步认为是契丹后裔的坝区“本人”的语言在受到汉语影响的同时, 还保留着许多与东北的达斡尔语相近的单词(包括日常用语、村寨、山川、地名等), 而山区的“本人”语言在受到布朗语、佤语的影响的同时, 还夹杂不少阿尔泰语成分(杨毓骧, 1993)。

根据以上情况, 我们考虑到对我们得出的结果有另外两种可能的解释: 一是我们所具体调查的施甸县木老元乡哈寨村的“本人”并不是称作“本人”的契丹后裔。二是我们所具体调查的“本人”实际上所保留的北方契丹人的血缘成分已经不多了。

考虑到有第一种情况的可能, 是因为目前“本人”的族称比较混乱, 有的真正的当地少数民族也自称“本人”, 而“本人”大部分又自报布朗、佤、德昂、彝、基诺等少数民族或汉族, 而且与他们杂居, 有的是在同一村寨杂居, 多数是“本人”村寨在其它民族的村寨之间。可是经具体分析, 我们认为, 我们所调查的施甸县木老元乡哈寨村的“本人”不同于那

些被认为是契丹后裔的“本人”的可能性不大。这是因为:

(1) 据调查, 被认为是契丹后裔的“本人”有 15 万人, 而施甸县是其主要聚居地, 该县“本人”最多(杨毓骧, 1993), 而且位于有“本人”居住的保山、昌宁、永德、龙陵、瑞丽等其它市、县的中心。

(2) 施甸县的契丹后裔据 1992 年调查占全县约 10 万少数民族人口的绝大多数, 在全县 15 个乡镇的 74 个村子中, 木老元、和槟榔两个乡又是他们主要的聚居地。我们进行调查的哈寨村, 在“本人”语言中称“衣哈”, “衣”是“寨”, “哈”是“老”, “哈寨”的意思就是“老寨”, 是“本人”聚集较大的村寨(云南省编辑委员会, 1986), 从寨名也可得出是“本人”居住历史较久的村寨。

(3) 契丹后裔“本人”的姓氏主要是阿、蒋、杨、李、赵、何、茶等, 其中阿姓是他们用的最早的姓(杨毓骧, 1993)。我们调查的 104 人中, 阿、杨、李、何等姓分别占 40.38%、21.15%、16.35%和 4.81%, 合计为 82.69%。

(4) 1990 年在云南最早发现契丹小字墓碑的大竹蓬村位于施甸县城东北约 6 公里(陈乃雄, 1994), 与哈寨村很近, 只隔一座山。

所以, 我们认为, 我们对施甸县木老元乡哈寨村“本人”的人类遗传学调查结果是反映了在今天被认为是契丹后裔的“本人”中已融入了大量的云南当地真正土著的血缘。这是完全可能的, 因为最早到云南的契丹人是军队, 军队中基本上或大部分是男性, 当他们落户在当地后, 其配偶就是当地土著妇女。后来又经过了近 700 年, 有 20 多代, 在这一段时间中, 契丹后裔努力和当地土著认同, 自称是当地的民族, 因此也必然与当地民族通婚, 同时却不鼓励他们自己之间通婚。直至今日, 不少乡村中不同姓的“本人”, 由于认为他们自己虽然不同姓, 却都是阿姓的后代, 因而不能互相通婚(杨毓骧, 1993)。这样长期与当地原居住的民族布朗、佤、德昂、彝、汉等民族通婚的结果, 使他们整个群体中的契丹血统的比重越来越少了。我们所调查的木老元乡哈寨村是山区, 原来汉人少, 所以该村的“本人”过去应主要与布朗、佤、德昂等当地少数民族通婚。

总之, 我们的调查结果并没有为“本人”是契丹后裔提供什么新的证据, 相反, 证明“本人”(尤其是山区的“本人”)中可能已融入了布朗、佤、德昂等民族的大量血缘。

参 考 文 献

- 上海生研所等. 1974. 广西壮族 ABO、MN、P、Rh、分泌型、Hp 型分布. 新医学, 5 (11): 546—550.
- 王广结等. 1992a. 内蒙古地区汉、蒙、回、满四个民族 12 个红细胞血型系统的研究. 内蒙古中心血站专刊, (1): 7—17.
- 王广结等. 1992b. 内蒙古地区九个民族 ABO 血型分布. 内蒙古中心血站专刊, (1): 1—5.
- 卢月香等. 1985. 凉山地区彝族(诺合)和傈僳族 ABO、Rh-Hr、MN、P 血型的调查. 上海医学, 8 (2): 96—99.
- 兰炯采等. 1987. 四川地区彝族 ABO、Duffy、Lewis、Kidd 和 Diego 血型系统的分布. 中华血液学杂志, 8 (2): 93—95.
- 云南省编辑委员会. 1986. 民族问题五种丛书. 布朗族社会历史调查(三). 昆明: 云南人民出版社, 79—81.
- 艾琼华, 袁义达, 赵红等. 1988a. 中国彝族、藏族和满族中 ABO、MNSs、Lewis 血型系统和 ABH 分泌型的分布. 人类学学报, 7 (1): 46—52.
- 艾琼华, 袁义达, 赵红等. 1988b. 中国彝族、藏族和满族中 Kidd、Duffy、Kell、Xg、Rh、Diego 和 P 血型系统的分布.

人类学学报, 7 (3): 191—199.

毕平安.1985.鄂伦春族 ABO、Rh、MN 血型调查.中华血液学杂志, 6 (10): 601.

刘杰等.1988.赫哲族三个血型系统的分布调查.中华血液学杂志, 9 (12): 736—738.

血型调查组.1980a.我国十六个民族的血型调查报告 I, ABO 血型及 ABH 物质分泌能力的调查.中华血液学杂志, 1 (5): 261—263.

血型调查组.1980b.我国十六个民族的血型调查报告 II, MN 及 P 血型调查结果.中华血液学杂志, 1 (6): 352—356.

血型调查组.1981.我国十六个民族的血型调查报告 III, Rh 血型调查结果.中华血液学杂志, 2 (4): 209—211.

陈乃雄.1994.本话中的契丹语成分遗存.中国语言学报, (2): 8.

陈良忠, 杜若甫.1985.赫哲族群体遗传学初步研究.遗传, 7 (2): 25—26.

金锋, 杜若甫, 黎惠琼等.1993a.广西巴马瑶族红细胞血型及 ABO 分泌型的基因频率.人类学学报, 12 (2): 166—174.

金锋等.1993b.湘西土家族、苗族红细胞血型的分布.遗传, 15 (4): 1—5.

杨毓骥.1993.失踪七百年的契丹后裔在云南.云南民族学院学报 (哲学社会科学版), (2): 58.

杨毓骥.1988.布朗族.北京: 民族出版社, 12—16.

赵桐茂.1987.人类血型遗传学.北京: 科学出版社.

袁义达, 金锋, 杜若甫等.1984.侗族九个红细胞血型系统和 ABH 分泌型的分布.人类学学报, 3 (3): 277—284.

郝露萍, 杜若甫, 刘杰.1989.十九个红细胞抗原在黑龙江汉族人群中的分布.人类学学报, 8 (1): 26—31.

肖春杰等.1995.中国德昂族红细胞血型的研究.遗传, 待发表.

肖春杰, 郝露萍, 张卫红等.1994.云南阿昌族红细胞血型的调查.人类学学报, 13 (4): 340—343.

Mourant A E *et al.* 1976. *The Distribution of the Human Blood Group and other Polymorphisms*. 2nd ed. Oxford: Oxford University Press, 47—61.

Nei M. 1987. *The theory of genetic distances and evolution of human races*. *Jap J Hum Genet*, 23: 341—369.

THE DISTRIBUTION OF RED CELL BLOOD GROUPS IN "BEN REN" IN YUNNAN PROVINCE AND THEIR RELATIONSHIP WITH QIDAN^①

Hao Luping¹ Xiao Chunjie¹ Zhang Weihong²
Tao Yonglian² Zhou Zengdi² Du Ruofu¹

(1 *Institute of Genetics, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101*)

(2 *Yunnan Family Planning Institute, Kunming 650021*)

Abstract

The distribution of 4 red cell blood group systems was investigated on 104 "Ben Ren" students whose parents and grandparents are "Ben Ren" too, in Mulaoyuan Xiang, Shidian County, Yunnan Province. The results showed that in ABO system, the gene frequency p (0.3069) was larger than the gene frequency q (0.1739); in MNSs system, gene frequency m (0.6538) was larger than the gene frequency n (0.3462); in P system, the gene frequency p_1 was low(0.1796). All these results tallied with the characteristics of southern ethnic groups in China. In the Rh system, like most populations in China, the CDe frequency(0.7980) of "Ben Ren" was larger than that of cDE(0.1322). Other gene frequencies were as follows: $r=0.5192$; $MS=0.0288$, $M_s=0.6250$, $N_s=0.3462$, $S=0.0288$, $s=0.9712$; $C=0.7981$, $c=0.2019$, $D=0.9302$, $d=0.0698$, $E=0.1321$, $e=0.8679$, and the haplotype frequencies of NS , cDe , CDE , cde , Cde and CdE were all zero. The genetic distances and phylogenetic tree obtained on the basis of gene frequencies of 4 loci of "Ben Ren" and 17 populations show that the "Ben Ren" is genetically close to Vazu, Achang, De'ang and other southern ethnic groups, but has long genetic distances with Northern ethnic groups and Han in Heilongjiang Province. However, there are eloquent evidences showing that the "Ben Ren" are offspring of Qidan, a Northern nomadic ethnic group some 1000 years ago. It can be concluded that the "Ben Ren" has mixed to a great extent with the local ethnic minorities of Yunnan Province.

Key words Red cell blood groups, Gene frequency, "Ben Ren", Qidan

^①Supported by the National Natural Sciences Funds of China and the Applicable & Basic Research Funds of Yunnan Province.