

与中国现代人起源问题有联系的 分子生物学研究成果的讨论

吴新智¹

(1. 中国科学院古脊椎动物与古人类研究所, 北京 100044)

摘要: 本文简略介绍最近几年发表的与中国现代人起源有直接和间接关系的几篇分子生物学论文, 结合中国的人类化石、旧石器、古哺乳动物学和亚洲西部的旧石器以及分子生物学研究的新资料, 论证根据 Y 染色体一些基因的分析认为中国的古老人类被来自非洲的现代人完全替代的推论不能成立。古人类学的研究已经显示人类进化是十分复杂的过程, 新的分子生物学论文也显示人类的分子进化比过去认识的更为复杂。在对新信息进行解释和推论时必须对这样的复杂性保持深刻清醒的认识, 人类进化不可能既是这样又是那样, 只有将各个有关学科得来的信息进行综合思考才可望使得根据这些信息得出的推论趋于协调, 对人类进化的认识逐渐接近真实。

关键词: 中国; 现代人起源; 基因研究

中图法分类号: Q981.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3193 (2005) 04-0259-11

自从 1987 年 Cann 等^[1] 根据现代人胎盘 mtDNA 的研究分析提出现代人出自非洲假说以来, 替代说或夏娃说在国际学术界和公众舆论中以压倒的优势风行了十多年, 但是在中国的学术界和大众媒体中却没有产生很大的影响。从 1998 年开始, 在国内外的学术刊物上连续出现了一系列与中国现代人起源问题直接或间接有关的分子生物学论文, 发表了一些新观点。有的支持中国古老人类被来自非洲的现代人完全替代的观点; 有的对这种观点提供了不利的论据。在古人类学方面也发表了一些新成果。本文拟就这些方面的主要新成果和见解加以分析和讨论, 就教于识者。

1 Y 染色体分析推测中国古老人类在大约 6 万年前第四纪大冰期时被完全取代

1998 年 Chu 等在研究了中国的 28 个人群的遗传剖面以后, 发表论文认为“分析中没有能查出这个独立来源对现在活着的人群作出的贡献, 现在比较稳妥的结论可能是, 起源于非洲的现代人构成东亚基因库的大半”^[2]。如果说 Chu 等这篇文章只是暗示中国的古老型化石人类对中国的现代人的基因库没有作出贡献, 还没有明确肯定完全替代的假说的话, 1999 年, 2000 年和 2002 年连续发表的几篇主要以中国现代人为对象, 以 Y 染色体为研究内容的分子生物学论文就对这个问题作出了相当明确的结论。1999 年的那篇论文研究的是 739 个

收稿日期: 2005-06-27; 定稿日期: 2005-08-23

基金项目: 院基计字 978 号院长基金

作者简介: 吴新智(1928 -), 男, 安徽合肥人, 中国科学院古脊椎动物与古人类研究所研究员, 主要从事古人类学研究。

属于东亚人和另外 186 个人的 Y 染色体的三个微卫星位点,假定突变率为 0.18%,20 年为一代,群体有效规模为 750—2 000 的基础上估计现代人进入东亚的时间^[3];2000 年的论文用的材料是中国 362 个男人的血液样品^[4];2001 年有三篇论文,一篇分析的是中国的 9 988 份血液样品^[5],另一篇研究的是东南亚、大洋洲、东亚、西伯利亚和中央亚细亚的 12 127 个男人 Y 染色体的三个遗传标志,得出的结论是不支持东亚人对当地的解剖学上现代人的起源哪怕是有最小的贡献^[6],这篇文章发表后受到其他学者的评论,还有一篇就是 Jin 和 Su 作为那篇受评论的文章的主要作者对评论所作的答辩^[7]。在这几篇文章中有一些共同的观点和结论就是,在大约 60 000—18 000 年前有一批从非洲来的移民经过东南亚到达中国南部,然后再向华北扩展,他们在中国完全地替代了原来生活在这里的古老的人类。这些作者还援引更新世晚期的末次冰期和当时的中国人类化石记录来作旁证,加强他们的结论,他们认为,在距今 10—5 万年前,东亚没有人类生存,这是东亚人类的一个空缺期。他们强调这个空缺恰好与更新世晚期的末次冰期在时间上大体相符,并且认为并非偶然。柯越海等明确的表述很有代表性,他们写道,“我们认为这种(人类)化石上出现断层并非偶然,东亚大陆在这一时期大量的生物物种绝灭造成了这种断层,……我们认为解释这一时期在东亚地区人类化石出现断层以及现代中国人来源于非洲的可能原因是由于在距今 5 万~10 万年前第四纪冰川的存在,使得这一时期包括中国大陆在内的东亚地区的绝大多数的生物种类均难以存活,在冰川期结束后,非洲起源并经由东南亚由南至北进入中国大陆的现代中国人的祖先取代了冰川期前的古人类。”^[5]

2 古哺乳动物、人类化石和旧石器证据 表明上述推测与事实不符

2.1 动物化石表明第四纪大冰期时华南和华北仍旧适合人类居住

根据第四纪地质学的研究,更新世晚期的确存在过冰期,那时全世界气温普遍下降,高纬度和高海拔的许多地区冰天雪地,地面堆积了很厚的冰雪,但是地球上仍旧有大片其他地区只是气温降低,并没有这么严寒。具体到中国,南部仍旧相当温暖,华北也非严寒。这些是有大量的哺乳动物化石和植物孢子花粉化石为证的。华南在整个更新世时期持续存在大熊猫—剑齿象动物群。这个动物群的主要成员有猩猩、剑齿象、犀牛、獾和各种灵长类。这些种动物现在都生活在比较温暖甚至炎热的地区,如果气温稍低它们就无法生存。迄今在华南已经发现了接近 200 处出产这些化石的地点,却没有发现哪怕是一处含有喜欢或适宜在严寒气候中生活的动物的化石。在华北,也已经发现了许多含有哺乳动物化石的地点,化石中包括牛、马、虎、犀牛、大象等,都不是习惯于严寒气候的动物。就连纬度更高的东北地区,在冰期中也还有猛犸象等适宜于严寒气候的哺乳动物生存^[8]。此外许多地点大量的孢子花粉化石也确凿无误地表明当时的东亚的广大地区也绝对不是“绝大多数的生物种类均难以存活”^[5]的地方。看来那些作者对第四纪冰期现象有着严重的误解,冰期中地球各地的气候并不简单划一,而是有冷有热。

2.2 5—10 万年前中国确有人类生活

上面我们从环境方面的间接的侧面证据论证,按照中国更新世的古气候古环境的坚实的资料,完全没有理由推测在 5—10 万年前中国没有人类存活,下面再让我们从正面的证据

看看在此期间中国大地究竟有无人类存在的记录,有没有如上所述的所谓的人类“断层”^[5]。

2001 年报道了广西咁前洞(24°13'N, 109°05'E)含人类牙齿化石的堆积物经过钍/铀法测出的年代数据是 6.5—13 万年前^[9]。2002 年报道浙江桐庐(大约 29°45'N, 119°40'E)延村一个山洞中发现的包裹在人类化石外面的碳酸盐用铀系法测定的年代是 5—10 万年前^[10]。以上两处是人类存在的直接证据,此外还有两处石器地点,是人类存在的间接证据。河南郑州织机洞(34°38'N, 113°13'E)含有打制石器的堆积物形成的时代根据铀系法的测定是 79 000 + / - 10 000 年前^[11]。长江三峡库区丰都县井水湾旧石器遗址(29°53'N, 107°43'E)经过光释光测定年代表明,这些石制品的制造者生活在距今 77 000—80 000 年前。根据种属丰富的植物孢子花粉的分析,这个遗址的“地层沉积过程经历了温暖较湿润气候—温凉较干气候—温暖稍干气候的连续变化过程。古人类生活时期该遗址环境处于第 I 孢子花粉组合带,植被为针阔叶混交林—草原植被,气候较湿润”^[12]。此外还有萨拉乌苏地区(37°41'N, 108°30'E)出产了人的两件额骨、枕骨、下颌骨、肩胛骨和胫骨,出土地层测定出许多年代数据从 35 000 年到 125 000 年不等^[13-14]。

从这 5 个地点的经纬度可以看出,这个在当时有确实证据表明有人类存在的地区南北跨度和东西跨度都相当广阔。涵盖如此大面积地域的这些资料足以明确地表明,上述分子生物学论文所引以为据的,中国在距今 5—10 万年前没有人类存在的说法,是与事实不符的,何况我国还有许多没有经过绝对年代测定的晚更新世的旧石器或人类化石地点,我相信以后如果有年代学家测定这些地点的年代,肯定还会有不少是在 5—10 万年前。有理由相信我国还会继续发现新的人类化石和旧石器,其精确的年代测定也会为我国在这个时期中有人类生存的事实增加更多的证据。

2.3 中国人类化石的形态不存在“中断”

Su 等的文章还说到在 5—10 万年前那段时间之前和之后人类化石的形态是不同的,以此支持中国人类化石的所谓“中断”^[3]。事实上在那段时间之前和之后的人类化石的形态是既有不同之点又有相同之处。不同之点表现的是与进化有关的特征,例如脑子由小变大,头骨骨壁由厚变薄,厚的眉脊变成了眉弓等。全世界普遍如此,不应该根据前期和后期的标本这些特征的不同说古人类没有连续性。重要的是另外一系列特征,在那段时间之前和之后的头骨有着明显的共同性,则是不承认连续性便很难以解释的,这些体现连续性的特征包括颜面较扁,无论在横向上还是在纵向上都不太向前突出,鼻梁比较扁塌,眼眶基本上呈长方形,其下外侧边缘圆钝,眼眶与鼻腔前口之间不隆起,颧骨额蝶突外侧面比较朝向前方,上颌骨颧突和颧骨上颌突构成弧形的下缘,上颌骨颧突的起点位置较高,额骨与上颌骨,鼻骨之间的骨缝构成一条大致水平的弧线,脑颅最大宽处在中三分之一靠近后部,额骨正中矢状线上最突隆处在下半段,早期的头骨具有矢状嵴,中晚期逐渐变弱,上门齿呈铲形。特别值得注意的是,不但这些特征的出现率在中国比世界其他任何地区都高,而且在其他地区很难见到这些特征组合地呈现在一个头骨上。

当然上述共同特征并不全是绝对地普遍存在于中国的化石人类。中国人类化石中还有个别标本具有个别特征与大多数标本不一致,却与欧洲的一些化石相似,比如马坝头骨外侧下缘锐利的圆形眼眶,南京 1 号头骨高耸的鼻梁,南京 1 号头骨和大荔头骨眼眶与鼻腔前口之间的隆起,南京 2 号头骨的额骨正中隆起底面宽而高度小,巢县的枕骨有枕外隆凸上小凹,柳江,资阳和丽江头骨的枕骨有发髻状隆起,山顶洞 102 号头骨颧骨额蝶突较为朝向外

侧,资阳和丽江头骨的额骨中部与下方骨骼形成的骨缝呈曲折的凸字形、穿洞头骨的最宽处在后三分之一、丽江上臼齿有卡氏尖等。这些在中国稀有,而在西方较为常见的现象都可能是古代东西方人群之间基因交流的证据,其比较稀少的存在意味着交流不是很频繁,特别是在早期。后期表现较前期为多可能表明交流的增加。

上述所有形态的表现支持中国古人类以连续进化为主并且与外界有少量杂交的假说,从而也支持现代人起源的多地区进化说。基于以上各方面的证据,中国人类进化模式被概括为“连续进化,附带杂交”^[15,16]。上述形态方面的差异或反映进化的演变,或反映与境外的基因交流,都不能作为中国古人类形态“中断”或空缺的证据。

2.4 中国旧石器传统与西方不同

非洲和欧洲旧石器的发展过程是,在 250 万年前开始实行第一模式技术大约 100 万年后,陆续经过第二模式,第三模式,第四模式等。而中国的旧石器则是以第一模式贯彻始终,绝大多数地点的制造技术都属于第一模式,只是间或出现很少的体现其他技术模式文化的石器组合,因此中国的旧石器发展传统与西方明显不同,即以连续发展为主,附带有少量的与境外地区的文化交流。这是中国古人类连续进化附带杂交的强有力的间接证据。因为中国已发现的旧石器地点至今已经超过一千处(张森水个人交流),根据如此大量的材料认识到的这样的总趋势应该可以被认为比较与实际符合,至少不会有重大的矛盾。将来的更多新发现大概很难改变这样的格局。

2.5 西亚和中国旧石器不支持中国古人类在 6 万年前被非洲移民完全取代的推论

按照上述几篇分子生物学论文提出的主张,原来住在中国的古人类在冰期中消失了,在大约 60 000—18 000 年前从非洲迁移来一群人先到东南亚,再到华南,以后再扩展到华北,完全取代了原来住在中国的古人类。从更新世晚期的世界地理格局来看,从非洲迁移到东南亚的第一站最可能是今天亚洲西部的以色列巴勒斯坦地区。恰好在多年以前已经在这个地区发现了大约 10 万年前的石器,而且发现于多个地点,数量很多。这些石器的制造技术属于第三模式,这在考古学上是没有疑义的。如果现代人出自非洲的假说符合事实,这些石器应该是那些最初走出非洲的现代人制造的。当这些人的后代在大约 6 万—1.8 万年前到达东亚而且完全取代了东亚原来的古人时,这些非洲移民所掌握的制造石器的技术应该属于第三模式,或者在此基础上发展出来的更进步的技术。如果这些非洲移民真的替代了东亚的原住民,考古学的资料应该表现出,从那时开始,即从 6 万年前开始,中国流行第三模式甚至更加先进的石器制造技术,而不再停留于使用第一模式技术的状态。但是已经发现的大量石器却表明,东亚的原住民一直利用着第一模式的技术。这是对替代论的观点很不利的证据。在考虑现代中国人的来源时无论如何也不应该避开这许多无可否认的过硬证据。

2.6 华南基因变异比华北的多,可以有多种原因

1999 年 Su *et al.*^[13] 和 2001 年 Ke *et al.*^[16] 的文章中根据华南活人的基因变异比华北多的实验室检查结果还提出,几万年前的非洲移民先到华南,随后由南向北逐渐迁移。他们忽视了中国历史上曾经有过多大规模或大或小的人群由北方向南方迁移的记录,例如公元 12 世纪宋王朝首都从北方的金国被迫从开封迁到临安(今杭州),人民跟着向南方流亡;公元 13 世纪初,北方的蒙古族大举南下;17 世纪后半叶清军大举南下,都是历史上有明确记载的。为什么这些人口迁移不会造成华南人的基因变异较多的现状的一个重要原因呢?华南接受来自东南亚的基因,比华北接受来自北方的基因变异更为丰富,是否也可能是华南基因变

异比华北丰富的原因之一呢?而所谓的几万年前的非洲移民由华南向华北的迁移却缺乏更加有力的独立旁证。2004年Wen等分析了汉民族的Y染色体和线粒体的变异,显示北方汉族对南方汉族作出贡献的比例呈现地理梯度形式,由北向南递减。他们说Y染色体的贡献比线粒体的贡献大,所以男性是主要的。他们说历史记录表明近2000年有过3次大的向南迁徙,还有些小的迁徙,大规模的向南迁徙改变了华南的基因构成^[17]。我认为产生华南和华北在基因变异方面的差异应该是多方面原因造成的,不一定能证明由南向北的迁移。

3 第22,第1对和X染色体的分析结果否定完全取代假说

近年国外分子生物学家对包括中国人在内的世界各大洲人类的其他染色体进行了研究,得出不少发人深省的结果。

Zhao等研究了非洲人、亚洲人、欧洲人和大洋洲人的第22对染色体的11000碱基对区域,该文估计所有序列的最晚共同祖先的年龄是大约129万年,非洲以外的序列则为大约634000年前。在论文的最后,作者们说,该研究提示现代人的起源和进化是比简单的出自非洲假说所描绘的复杂,特别是比关于非洲以外的所有当地的人群被非洲血统完全取代的假说更加复杂^[18]。

Yu等研究了非洲、亚洲和欧洲人的第一对染色体的一万碱基区域,估计出的最晚共同祖先早于距今100万年,他们说即使允许存在一些并不现实的假设,估计也要早于50万年,这是一个比“现代人出现于非洲的时间”早得多的例子。他们认为,欧洲和亚洲存在许多独有变型的事实也提示在非洲以外有着很长的基因历史,从而反对欧洲亚洲的原住民被一小群非洲人完全替代的模式。而且人类古代的基因历史指示在过去的50万年人类的进化过程中没有严重的瓶颈现象,或者也许大多数古基因历史在经过瓶颈时丢失了^[19]。

Yu等研究了非洲、欧洲和亚洲人的与X染色体相联系的非编码区的10346碱基对时发现,非洲以外的现代人导源于非洲人类谱系中的很小数量的人群的可能性很小。他们在非洲以外的人群中发现有出现率高达35%的,在非洲人中看不到的基因变异。后来他们又检查了另外80个非洲以外的和106个非洲人的X染色体,得到的结果也支持这个估计。这个变异在欧亚大陆出现的时间早于14万年前,比一般分子生物学家们主张的现代人在非洲出现的时间要早,因此这个基因区域在欧亚大陆可以有长的历史,欧亚大陆的这个区域的根可以和非洲一样深^[20]。就现在我们已经看到的资料便可以看出,X染色体和常染色体在欧亚大陆的原住民是否被非洲来的新移民完全取代的问题上表现出很不相同的情景。因此不应当以为从个别染色体少量基因的研究结果能够推测和代表人类本身的基因历史,古人类学家早就知道,虽然人体各结构之间具有一定的相关性,也不应该把头骨上的某些特征发展变化的历史当作是人体总体的发展历史。人类有许多形态特征,它们的进化速率和方向各不相同。人类有数万个基因,现在人们对它们的进化历史虽然还知之甚少,但是已经可以肯定也是各不相同。因此无论是从个别形态特征或是根据少量基因的研究来研究人类的历史都要谨慎从事,时刻不忘,个别形态特征或少量基因只代表局部,不代表整体。

在此我愿意引述分子生物学家Yu等2002年论文最后的一段话“人类基因组的每一个位点仅仅能够捕捉人类历史的一个片段,不同的位点具有颇为不同的谱系,认识这一点是重要的。因此从不同位点得出的结论必然是互相冲突的。只有在进行了足够数量的研究以

后,才能就现代人的历史逐渐地达成共识^[20]。

4 在进化过程中基因发生过转移,进化速率不恒定

近年还有几篇分子生物学文献提出一些与研究生物进化有关的问题也很值得深思。

澳大利亚基因学家和古人类学家提取了 Lake Mungo 地方发现的 6 万年前的和其他 9 处 15 000 年至晚于 8 000 年的人类化石的 DNA。他们发现那个 6 万年前化石的“线粒体 DNA 属于一条只以一个插入第 11 对核染色体的片段的形式广泛地存在今天的人类群体中。这个世系可能是在现代人的线粒体基因组的最晚共同祖先之前分离出来的;而只以现在的活人的 DNA 作为材料进行的分析的结果却是,现生人类的历史最久远的分支落在非洲东部。我们检测的澳洲其他古代人的 DNA 序列则是从现生人类的最晚共同祖先发展来的。”该文还说“我们的结果指示,在现今活人中发现的线粒体 DNA 世系完全固定之前,澳大利亚已经有了解剖学上现代人”^[21]。这也表明完全替代的假说不能成立。

西班牙和美国的基因学家开展了 GPDH, SOD 和 XDN 等三种蛋白质的广泛研究。他们观察到“1. 三种蛋白质在演化过程中表现得很古怪,而且跨世系发展;2. 位点与位点加速和减速的格局也古怪,一个位点在一个世系中可以比在另一个世系中发展得快些,而另一个位点的表现可以与之相反。”^[22]他们说“如果我们用果蝇在过去 6 千万年进化中的平均速率来估计其他生物分异的时间,三个多细胞生物界分异的时间按 GPDH 可以估计为 7 045 百万年;这是过高估计了;但是以 SOD 和 XDN 来估计则分别是 451 百万年和 398 百万年,显然是过低的估计。同样地,就其他组生物所推测出来的时间也是错误的和根本不相同的”^[22]。这项研究又一次表明分子进化的速率是不恒定的,而基因突变速率恒定的假设是现代入出自非洲假说的关键性基础之一。

5 新的研究成果促使分子生物学家放弃简单的进化模式,思考新的进化模式

美国分子生物学家 Templeton 发表论文^[23]指出,1987 年发表了根据线粒体 DNA 研究现代人起源的论文引发的关于现生人类进化的详细过程的争论持续到今天。现在已经研究出了许多单倍型的进化系统树,也有了新的技术可以用来检验近期进化历史的各种假说。他用正规的统计方法分析了线粒体 DNA, Y 染色体 DNA, 两个与 X 染色体联系的区域和 6 个常染色体区域的单倍体进化系统树之后发现, 1. 非洲在塑造现代人的基因库的过程中,在直立人走出非洲分布范围最初延伸之后,经过至少两次,而不是一次较大范围的人口扩张; 2. 人类群体之间有着无所不在的基因交流。

按照他的计算结果,他用一张示意图显示他主张的人类进化模式,在图中可以看出,各大洲之间持续不断地进行着人群往复的交流,在过去的 170 万年中有过几次大的洲际人群扩张; β 血红蛋白和 MS205 和 MC1R 显示在 42 万年前和 84 万年前有出自非洲的人群扩张; mtDNA 和 Y-DNA 显示在 8 万年前和 15 万年前之间也有出自非洲的人群扩张;而 Y-DNA 和 β 血红蛋白位点显示在较晚的时候有亚洲向非洲的人群扩张。

在论文的最后作者写道，“从表 1 和表 2 显示的最清楚的结果是，如果只是根据一个位点或 DNA 区域，我们关于人类进化的观点会是怎样的不完全。当人们检测了更多 DNA 区域的时候，对人类进化更深入的见识肯定会随之而来。虽然如此，本文的研究已经可以显示，出自非洲替代的模式和简单的格子架模式都是不适当的。人群一次又一次地扩张，走出非洲，但是这些扩张的结果是杂交而不是替代，从而加强全世界人群之间的遗传联系”^[23]。

我以为虽然他达到这样的认识已经比过去其他人前进了一大步，但是更多材料更深入的研究还会揭露出更复杂的情况。亚非欧三洲在地中海以东地区相邻相通。在第四纪冰期，海面下降，直布罗陀海峡可能形成浅水地势，造成一部分地峡，使人类能够在非洲与欧洲之间来来往往^[24]。农业史显示在更新世末期和全新世早期亚洲西部和非洲东北部就已经有栽培植物，非洲从亚洲不仅得到了近东栽培的大麦和小麦，还得到从东南亚热带地区传入的各种植物品种，香蕉、大薯、芋头可能还有甘蔗是从阿拉伯半岛西南传到东非，高粱则是从非洲传到亚洲^[25]。叙利亚从公元前第二个千年就有青铜，看来青铜是从亚洲的叙利亚输入非洲的^[26]。这些新事物的输入和输出肯定会伴随人类基因的流动。历史记载了公元前 10 世纪，欧洲的腓尼基人入侵非洲征服北非土著柏柏尔人，几百年后罗马帝国的人接替腓尼基人继续奴役柏柏尔人，公元 7 世纪起阿拉伯帝国侵占埃及，10 世纪时北非的发提玛王朝征服叙利亚等亚洲地方，11 世纪阿拉伯人又入侵突尼斯地区。伊斯兰教很早就西非传播，反映西非与阿拉伯人的交往。大家都知道埃塞俄比亚人是阿拉伯人和当地土著杂交的后代。现在东非苏丹的喀土穆博物馆保存有该国公元前 200 年遗址出土的中国青铜鼎，说明与中国早就有了交往。在非洲兴起的旧石器第二模式和第三模式的制造技术传入欧洲，必然会伴随着人群的流动，既然有来，就没有理由说没有往。所有这些来往肯定会在非洲人的遗传物质中打上无以数计的烙印。这些烙印中可能一部分已经丢失，没有丢失的还有待今后的研究。现在从非洲人中检查到的某些基因变异会不会是早先某些时候从欧洲或亚洲输入的呢？Templeton 已经从一些基因觉察有一些走进非洲的迁移，今后对更多基因的研究会不会发现更多的这种迁移的痕迹呢？我们不得不对过去的植根于走出非洲的单向迁移的研究结果提出质疑。

Eswaran 等 2005 年回顾近年从核染色体得出的分子生物学研究记录不仅不能支持过去提出的智人作为一个新的物种起源于非洲，后来散布到非洲以外完全取代古老人群的观点，而且也不支持人类分子历史的任何单纯的模式。他们写道“另外有人提出了介于近期出自非洲模式和多地区进化模式之间的中间模式 (Smith, 1985; Relethford, 2001; Templeton, 2002)。……另一方面，在我们的模式里，完全没有人类群体的长距离运动，变化完全是受人群之间的局部基因交换和自然选择所驱动的”^[27]。在结论中他们写道“我们猜测，多达 80% 的核基因从非洲以外的古老人群中吸收了遗传物质。……尽管每一个位点有它自己的历史，上述的理由提示，所有以非洲为主导的位点会大体上述说同样的故事，而其他位点则每一个位点有自己的故事——因为在每一个案例中，吸收同化的时间和地点会各不相同。如此，在大多数分子生物学家相信近代非洲起源和严格的取代模式的十年之后，到了 20 世纪 90 年代后期，许多核位点以各不相同的方式表现出与起先从线粒体看到的格局相矛盾，这些研究引起了混乱”^[27]。

6 结束语

用分子生物学手段研究中国现代人起源起先是局限于利用 Y 染色体的一些遗传位点,得出完全替代的推论。在从 1987 年到 90 年代后期的十年中,绝大多数的基因研究支持全人类完全替代的假说,但是后来核染色体基因的许多研究使得分子生物学家开始比较全面地考量各个染色体的研究成果,放弃流行了十年的完全替代模式,探索能与各方面研究成果相容的新模式。虽然进一步否定了完全替代的推论,不过还是指示现代人的基因大多数来自非洲。如果将这个推论解释成现代人的基因虽然不是全部却是大部源自非洲,便与对人类化石特别是中国的化石的研究成果有矛盾。但是如果考虑这是由于 200 万年来陆续接受(而不是大约 10 万年前接受)非洲基因的结果,也许可以缓解这个矛盾甚至可以趋向协调。现在用以研究人类进化所探察的基因还很少,相信随着涉及的遗传位点的增多,人们对实验室结果的解释更加趋向合理化,认识会逐步更加向前进步,最终能够达到多种学科认识上的协调。

从近年对 6 万年前人类化石基因的研究,人们才知道线粒体基因在人类进化过程中会转移插进第 11 对常染色体内。有理由相信今后随着对古 DNA 研究资料的增加,人们能发现在人类进化过程中许多基因会有比转移、消失等等更多更复杂的、现在难以想象的经历。Rodriquez-Trelles 等对一些蛋白质的研究是认识不同基因有着很不相同的进化速率的一个例子,使我们认识到通过现代人的基因,研究人类的历史比现在能想象的更加复杂和任重道远。

其实早在 1997 年在美国冷泉港举行的讨论会上,有许多分子生物学家的论文就已经显示出“因为每一个基因树可能是独有或唯一的,除非给每一个基因都采了样品,关于物种作为一个整体的历史的任何结论只能是统计学上的而不是结论性的。”^[28]

Yu 等 2002 年也说“人类基因组的每一个位点仅仅能够捕捉人类历史的一个片段,不同的位点具有颇为不同的谱系”^[20]和 Templeton 2002 年所指出的“只是根据一个位点或 DNA 区域,我们关于人类进化的观点会是怎样的不完全。当人们检测了更多 DNA 区域的时候,对人类进化更深入的见识肯定会随之而来。”^[23]有着异曲同工之妙。这些都是我们在评价有关论文时不可须臾忘怀的。

在这里提一下古人类学对人类进化模式的认识过程也许是有启发性的。在古人类学发展的第一个百年,即 20 世纪中叶以前,出土的人类化石数量不多,古人类学家分析各个化石形态上的原始性和进步性的表现,结合它们所处的年代,排出人类进化的谱系,以为人类的进化似乎是由原始到进步,简单地从一个梯级逐渐上升到更高的梯级。后来非洲的南方古猿标本越来越多地被发现,许多标本的形态有着相当大的差异,古人类学家们不得不承认它们代表着相当多的物种,加上匠人,直立人等,人们发现在非洲往往出现一个以上的人类物种同时并存的局面,从此知道人类进化模式与其他动物一样也呈树丛状,并不是像过去以为的那样简单地呈“阶梯状”。不但如此,随着年代测定技术的改进,古人类学家能够以更加精细的尺度比较各地化石的形态细节,人们发现有的比较古老的化石在某些形态特征上反而比另外一些较晚的化石似乎更加进步。在有的年代相近的化石之间,地理距离比较近的化石之间的形态差异也可以比地理距离比较远的化石之间的形态差异更大,我们逐渐认识到

人类进化像河网状交错、曲折而复杂,而不是过去以为的那样单纯。一个半世纪的古人类学认识的深化过程对我们考虑和估价已有的和今后的古人类学和分子生物学关于人类进化研究的新老资料都应当不无裨益。

人类进化过程的直接证据——化石虽然不能保证百分之百地与当时当地大多数人的骨骼状况相同,但是肯定是八九不离十,一般不会相去太远。通过化石能直观地看到当时客观存在的情况。已经发现的旧石器的数量已经相当大,目前关于世界各大地区的石器文化传统和分布格局的认识可以说也有相当高的可信度。世界各地旧石器文化与人群之间的关系肯定有着意义重大的联系,所以也是研究人类进化的不可忽视的重要的独立证据。现在的问题是,已经发现的人类化石还不够多,人类进化发展又如河网状错综复杂,所以对于人类进化和分布的细节,各时各地人群之间的具体关系,还需要获得更多的化石和更加深入的研究才可望在更多的方面取得共识。

在用基因研究现在的与活人有关的问题时,由于其结果的可重复性,可以经受有关的其他研究资料的独立的交叉检验,来确定其可信度,因此其研究成果很值得信任。但是试图用基因来研究人类的历史却是另一回事。它首先必须假设在活人中检查出的基因能代表从人类共同祖先传承至今积累的所有基因变异;假设基因突变率是恒定的;假设基因在进化过程中没有发生转移等等变动;不同论文对平均突变率常有不同的估计;对有效群体假定的人数常有很大的不同,例如6 000—15 000^[19],或者750—2 000^[4]。事实上这些假设迄今都没有得到确实的证明,可能是与实际情况并不符合的。实际情况更可能是复杂得多。不同研究人员的分子生物学研究得出的现代人的“最晚共同祖先”出现的年代差距很大。已经发表的长的可达500万年,短的达到59 000年^[29]。现代人的最晚共同祖先出现的年代不可能既是这样长又是那样短,因此那许多研究结果当然不可能都符合人类整体历史的真实情况。面对从现代人DNA研究得出的“现代人最晚共同祖先出现年代”这样多的、相距很大的数据,我们可不可以将每一个数据考虑为代表现代人身上不同的形态或生理特征出现的年代呢,这恐怕不是不值得研究的。事实上对不同时期人类化石的研究已经显示,所谓现代人的特征犬齿窝在80万年前已经出现,圆隆的枕部和大的脑子则出现得晚得多。

古人类的进化是一个十分复杂的过程,其间经历了人群的繁衍、分化、迁徙、交流、融合、取代等等甚至很难想象得出的更加曲折和错综复杂的经历。有些或很多分支由于天灾或人祸消失了。那个支系多年积累的基因变异在今天检查的任何人群中都不可能被发现。进化过程中发生的大量变化或多或少会在历史长河中销声匿迹,不可能都在现生人群这个最后结果中留下印迹。因此检查现生人群的基因无论例数有多大,都无法准确反映过去的进化全过程,无法在其中直接地看到过程发生当时存在的情况,只能从其中留下的蛛丝马迹间接地推测过程中可能发生过什么。对现生人群少量基因的研究恐怕只能反映它们所负责的形态或生理机能的那个片段的演变历史的轮廓,而决不是人类整个身体的进化历史。总之,在探究人类进化历史时,从分析少量基因的研究结果推测出来的发展历史不能够代替人体的发展历史,毕竟人体包括几万个基因,而且基因表达为形态和生理特征的机制今天还知道的还很少很少。

在我看来,为了对中国人的进化获得更正确的了解,最重要和直接的是需要对化石和旧石器进行调查和发掘,利用各种科技手段对获得的材料进行深入的研究。分子生物学信息的积累在研究这个问题时在一定条件下也可以起到重要的作用。关键是要在对人类古生物

学、旧石器考古学和分子生物学等学科获得的原始信息(而不是在一系列前提条件和假设的基础上作出的推论)进行解释时,力争达到互相协调,因为中国人进化的真实状况不可能既是这样又是那样。

致谢: 刘武同志向我提供 Eswaran *et al.* 的论文,并与尚虹同志分别提供有益的讨论,作者在此谨致谢意。

参考文献:

- [1] Cann R, Stoneking M, Wilson AC. Mitochondria DNA and human evolution[J]. *Nature*, 1987, 325: 31—36.
- [2] Chu J, Huang W, Kuang S, *et al.* Genetic relationship of populations in China[J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1998, 95: 11763—11768.
- [3] Su B, Xiao J, Underhill P, *et al.* Y-chromosome evidence for a northward migration of modern humans into Eastern Asia during the Last Ice Age[J]. *Amer J Hum Genet*, 1999, 65(6): 1718—1724.
- [4] 柯越海, 宿兵, 肖君华, 等. Y染色体单倍型在中国汉族人群中的多态性分布与中国人群的起源及迁移[J]. *中国科学*, 2000, 30(6): 614—620.
- [5] 柯越海, 宿兵, 李宏宇, 等. Y染色体遗传学证据支持现代中国人起源于非洲[J]. *科学通报*, 2001, 46(5): 411—414.
- [6] Ke Y, Su B, Song X, *et al.* African origin of modern humans in East Asia: A tale of 12 000 Y chromosome[J]. *Science* 2001, 292: 1151—1153.
- [7] Jin L. & Su B. Reply to J. Hawks: The Y Chromosome and the replacement hypothesis[J]. *Science*, 2001, 293: 567.
- [8] 吴新智, 黄慰文, 祁国琴. 中国古人类遗址[M]. 上海: 上海科技教育出版社.
- [9] 沈冠军, 王颀, 王谦, 等. 广西柳江土博咁前洞的铀系年代[J]. *人类学学报*, 2001, 20(3): 238—244.
- [10] 石丽, 金幸生, 程海, 等. 浙江桐庐人类头骨的铀系年代[J]. *人类学学报*, 2002, 21(4): 323—324.
- [11] 张松林, 刘彦锋. 织机洞旧石器时代遗址发掘报告[J]. *人类学学报*, 2003, 22(1): 1—18.
- [12] 裴树文, 高星, 冯兴无, 等. 井水湾旧石器遗址初步研究[J]. *人类学学报*, 2003, 22(4): 261—278.
- [13] 董光荣, 苏志珠, 靳鹤龄. 晚更新世萨拉乌苏时代的新认识[J]. *科学通报*, 1998, 43: 1869—1872.
- [14] 黄慰文, 董光荣, 侯亚梅. 鄂尔多斯化石智人的地层、年代和生态环境[J]. *人类学学报*, 2004, 23(增刊): 259—271.
- [15] 吴新智. 从中国晚期智人颅骨特征看中国现代人的起源[J]. *人类学学报*, 1998, 17(4): 276—282.
- [16] 吴新智. 20世纪的中国人类古生物学研究与展望[J]. *人类学学报*, 1999, 18(3): 165—175.
- [17] Wen B, Li H, Lu D, *et al.* Genetic evidence supports demic diffusion of Han culture[J]. *Nature*, 2004, 431: 302—305.
- [18] Zhao Z, Li J, Fu Y, *et al.* Worldwide DNA sequence variation in a 10-kilobase noncoding region on human chromosome 22[J]. *Proc Natl Acad Sci* 2000, 97: 11354—11358.
- [19] Yu N, Zhao Z, Fu Y, *et al.* Global patterns of human DNA sequence variation in a 10-kb region on chromosome 1[J]. *Mol Biol Evol*, 2001, 18(2): 214—222.
- [20] Yu N, Fu Y, & Li W. DNA polymorphism in a worldwide sample of human X chromosomes[J]. *Mol Biol Evol* 2002, 19(12): 2131—2141.
- [21] Adcock GJ, Dennis ES, Eastale S, *et al.* Mitochondrial DNA sequences in ancient Australians: Implications for modern human origins [J]. *Proc Natl Acad Sci*, 2001, 98: 537—542.
- [22] Rodriguez-Trelles F, Tarrío R, Ayala F. Erratic overdispersion of three molecular clocks: GPDN, SOD, and XDH[J]. *Proc Natl Acad Sci* 2001, 98: 11405—11410.
- [23] Templeton AR. Out of Africa again and again[J]. *Nature*, 2002, 416: 45—51.
- [24] Balout L, 张谦让译. 北非史前史. 载于: 非洲通史第一卷, 编史方法及非洲史前史[M]. 北京: 中国对外翻译出版公司, 1984, 421—432. Ki-Zerbo J ed. *General History of Africa. I Methodology and African Prehistory*, The UNESCO Press, 1981.
- [25] Porteres R and Barrau J, 郑玉质译, 技术的起源、发展和推广[M]. 载于: 非洲通史第一卷, 编史方法及非洲史前史[M]. 北京: 中国对外翻译出版公司, 1984, 512—523. Ki-Zerbo J ed. *General History of Africa. I Methodology and African Prehistory*, The UNESCO Press, 1981.
- [26] Vercoutter J, 郑玉质、刘光琴译. 我们纪元前五世纪以前金属的发现和传播以及社会制度的发展. 载于: 非洲通史第一

- 卷, 编史方法及非洲史前史[M]. 北京: 中国对外翻译出版公司, 1984, 526—543. Ki-Zerbo J ed. General History of Africa. I Methodology and African Prehistory, The UNESCO Press, 1981.
- [27] Eswaran V, Harpending H, Rogers AR. Genomics refutes an exclusively African origin of humans[J]. *J Hum Evol*, 2005, 49:1—18.
- [28] Foley, Robert. Genes, Evolution, and diversity: Yet another look at the problem of modern human origin[J]. *Evol Anthropol*, 1998, 6(6):191—193.
- [29] Curnoe D. and Thorne A. Number of ancestral human species: a molecular perspective[J]. *Journal of HOMO Comparative Human Biology*, 2003, 53:201—224.

Discussion on the Results of Some Molecular Studies Concerning the Origin of Modern Chinese

WU Xin-zhi¹

(1. *Institute of Vertebrate Paleontology and Paleoanthropology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100044*)

Abstract: The present paper summaries the molecular articles on the origin of modern Chinese published in last a few years. The conclusion of these studies based on the analyses of the genes of Y-chromosome, is that the indigenous people of China was totally replaced by the African immigrants during the Last Ice Age. According to those authors there was a gap between 50 000 years BP and 100 000 years BP of human inhabitation in China and the environment during the Last Ice Age was so bad that most of living bodies including humans could not survive. In present paper the author refutes this conclusion with following information. There is morphological evidence indicating the continuity of human evolution in China. The tradition of Paleolithic in China is quite different from that in Africa and Europe. In China the mode I technique persisted in Pleistocene with only a few sites exhibiting techniques of other modes, while a succession from Mode I through Mode V was shown in Africa and Europe. The paleo-faunae of Pleistocene China indicate that there was broad area suitable for human inhabitation even in Ice Age. Recent paleoanthropological reports provide evidence of human existence at least at four sites in China between 50 000 years BP and 100 000 years BP. New studies on X chromosome, chromosome 22 and chromosome 1 did not support the total replacement of archaic population in Eurasia by the African immigrants. Near East is most probably on the passageway from Africa to China. Mode III technique prevalent in Near East around 100ky BP has not replaced the Mode I in China in any time. Paleoanthropological study has already made clear that the human evolution is a very complicated process, new molecular studies indicate that molecular evolution is fairly more complex than that understood in 20th century, we should keep a clear head in thinking about the explanation and inference derived from new information on the origin of humans. The reconciliation of the information derived from different sources could be approximated on the basis of comprehensive consideration on them, so that our knowledge on human evolution could be close to the truth gradually.

Key words: China; Modern human origin; Gene study