

从分子生物学看现代人类起源*

金 锋 万春玲

(遗传与发育生物学研究所 北京 100101)

摘要 分子生物学的应用,为研究人类的源流开拓了新的思路。分子进化和分化的特征能使我们认识种之间的时空变化。分子人类学研究表明了现代人类有共同的祖先,黑人是世界的祖先人群。在人类走出非洲后产生巨大形态和肤色差异的问题上,提出了病毒可能是人类进化和分化的“催化剂”这一假说。这一假说可以较好地解释现代人类在短短 20 万年以内产生较多遗传表型特征改变的事实。最后从中国人的群体分化现象的角度上探讨了中华民族的源流和祖先人群。

关键词 人类起源,族群,群体多样性,中国祖先人群



关于现代人类 (Modern human) 起源是一个最具争议的问题,它已经困扰科学家几个世纪。从 150 年前达尔文发现物种的进化关系,到赫胥黎推论人在自然界的位置;之后,从沃森和科里克揭示遗传物质结构,到今

天全世界的科学家联合解析人类基因组,人们还不能拿出一个令所有科学家信服的结论。以至许多有争议的概念还留在中小学教科书和博物馆中:人类起源于何处? 人是劳动创造的吗? 使用火是猿到人的转变因素吗? 北京猿人是我们的祖先吗? 认为人类起源于黑人,因为从进化关系的比较中看,非洲的黑人是遗传多样性表现最丰富的人群^[3]。特别是最近在世界范围内对人类基因组的解析表明,黑、白、黄三大群体在基因水平上的差异极小,进化关系的计算无法表现出他们有不同起源的可能性。在单一起源说中,认为人类起源于亚洲的学者在学术界也不是绝对少数,因为从地理分布上看,人类和其它灵长目动物分布于世界各大洲。历史上最后的冰河期时,亚洲是连接美洲和大洋洲的枢纽,马来人和澳洲土著人的形态上也表现出了原始蒙古人群的特征。

我国不少学者专家认为黄种人的起源是在亚洲,其理由是年代久远的古代人类和灵长目动物化石在我国的不同地区和地层大量出现,并且在形态学上有连续或不连续的变化。也有人认为,即便是单一起源,现代人类经过漫长的迁移,与不同地区原有的近缘同类发生混血通婚,并独立进化,以至形成不同的族群。这些学者实际上都是持人类多地起源观点的。

上述各种学说都有其重要的理论根据,都是对

天全世界的科学家联合解析人类基因组,人们还不能拿出一个令所有科学家信服的结论。以至许多有争议的概念还留在中小学教科书和博物馆中:人类起源于何处? 人是劳动创造的吗? 使用火是猿到人的转变因素吗? 北京猿人是我们的祖先吗?

1 人类起源的假说

关于现代人类的起源有单一起源(single regional)说^[1]和多地起源(Multiregional)说^[2]。在国际上,大多数遗传学家和自然人类学家支持单一起源说,

人类起源研究的重要贡献。只有这种百家争鸣的学术气氛才能导致科学理论的推陈出新。

2 人类在传统分类中的位置

早在 1758 年, Carolus Linnaeus 发表了 Systema

Naturae(自然的体系), 将生物按照界(kingdom)、门(phylum)、纲(class)、目(order)、科(family)、属(genus)、种(species)的分类方法, 为人们提供了一个客观的系谱, 并且沿用至今。根据形态解剖学的传统分类方法, 人类在生物界的位置如下:

界 kindom	动物 animalia	包括所有的动物
门 phylum	脊索门 chordata	包括脊椎动物、鱼类、两栖类等
纲 class	哺乳纲 manmalia	包括猪、马、牛、羊、猫、狗等
目 order	灵长目 primates	包括猴、猩猩、类人猿、人等
科 family	人科 hominidea	包括类人猿、已绝灭的古代人类和现代人类
属 genus	人属 homo	包括已绝灭的古代人类和现代人类
种 species	智人 sapiens	现代人类: 包括黑人、白人和黄种人

种(species)在生物分类中为最小单位。生物学中的“种”有一个严格的定义, 同一物种之内不论是否有明显的表型差异, 但是肯定没有彼此间的生殖隔离(reproductive isolation)。换句话说, 种内的交配必须可以产生正常的可延续的后代。现代人类(Homo sapience sapience)同属一个种, 不同人群之间没有任何构成生殖隔离的因素。遗传学的数据表明, 同一个族群中的两个不同个体之间的分子差异, 与不同族群之间两个个体之间差异一样大^[4]。那么人类不同的群体, 黑、白、黄之间就不存在“人种”问题。所谓“人种”一词, 在汉字使用国家, 包括日本、韩国、东南亚诸国无一例外地表述世界不同人群。“人种”一词的英文是“race”, 它的解释是按体态的不同对动植物、特别是人群的划分。英语中 race 没有给人们误解的机会, 而在汉语的翻译上却使很多人产生各种联想。很多人认为不同的“人种”或种族真的存在, 从而加深了人类具有不同祖先或不同起源地的误解, 甚至还有人相信, 不同族群间有优劣之分。因此, 在汉字使用国家中“人种”的提法误导了很多人对人类个体和群体差异以及人类起源的理解。

进入分子研究时代后, 人们开始对传统的解剖学和形态学的分类方式进行分子水平的补充。我们强调的是补充, 绝不是取代。因为没有形态上的

区分, 分子上的差异比较没有丝毫意义。问题是分子和形态这两种比较方法上的差异有多大? 过去在系统分类中有两类颜色和形态都截然不同的蝴蝶被界定为两个不同的种。直至最近, 分子分类证实这两类截然不同的个体核苷酸序列竟然完全相同, 它们是完全相同的种。进一步的研究才发现它们形态上的差异是孵化季节和温度的不同所致。这只是一个极端的个例。人类在进化中经过漫长的适应, 表型上可能不会受环境影响而产生明显的不同。但由此可见, 形态分类和分子分类必须相互补充才能获得正确的分类结果。

人类(homo sapience)和自己的同类——灵长类(primates)的差异在形态学上和解剖学上可谓一目了然。可是这种差异的时空变化、从属关系和形态变化的不连续性却不是一目了然的。比如常常有人问:人是从猴子变成的吗? 什么时候变成人的? 是劳动和使用工具使这些树上的动物下地, 并直立行走, 从而变成人的吗? 人类解剖学和形态学不能解释在进化时间和形态空间上的变化这一问题。在进化中, 人类脑量的变化也给我们留下了疑问。在人类近缘的种群当中, 脑量从 400 多毫升在 300 万年内增至现在的 1 400 毫升左右, 这在其它哺乳动物中是没有先例的。有人提出用劳动创造人类来解释这一快速进化过程。依照这一提法, 自文字

出现以来的不到 1 万年的时间里,人类劳动复杂程度的大大提高,照理应该在脑容量变化上留下它的印记。然而解剖学上的数据显示,1 万年来人类的脑容量并没有明显变化。这说明仅仅用劳动来解释人类进化过程中脑容量的迅速增长是片面的。

在这方面,分子生物学的应用,为研究人类的源流开拓了另一种思路。分子进化和分化的特征能使我们认识种之间的时空变化。

3 人类在分子分类中的位置

以化石为依据的形态学研究曾认定人类与其近亲类人猿的分歧时间在 1 500 万元以上,甚至可能达到 3 000 万年。直到 20 世纪初,华盛顿的两位学者 T. Reichert 和 A. P. Brown 将不同种生物的血红蛋白构造进行了比较,发现了血红蛋白序列的差异与物种之间亲缘关系的远近直接相关;接着,英国学者 H. F. Nuttall 用免疫学的方法,对灵长类动物的血清进行免疫沉淀,从血清学角度上阐明了人和类人猿以及猴子的关系;20 世纪 60 年代,美国学者 Morris Goodman 进一步利用血清蛋白的免疫学特征,发现人类与非洲的类人猿 Chimpanzee 和 Gorilla 有近缘关系,而与亚洲的类人猿 Oran Utan 等 3 种灵长目动物血缘关系极远;1967 年 Wisconsin 大学的 Walter Fitch 和 Emanuel Margoliash 比较了 20 多种生物细胞色素 C 的氨基酸序列,并构建了表明不同物种之间分子进化关系的系统树;之后最有代表性的研究是 Berkley 的 Allan Wilson 和 Vincent Sarich,他们将前面所述的很多方法结合起来,并引用化石证据推论了人类起源和分化的时间。这一研究表明,现代人类与非洲的大型类人猿在 500 万年前有共同祖先。根据以上发现,人们开始相信这种变异是通过时间的积累而形成的。分子生物学的研究表明,生物的同源基因的突变率在统计学上趋于相同。分子钟的概念由此诞生。在分子钟理论提出之后,即便在生物学界也有人质疑这一理论,不断有人通过对某些分子进化的速率偏差的比较来说明分子钟的不确定性。1986 年,美国加州的 Roy Britten 对 20 多种生物进行了核酸杂交的研究,发现不同的生物同源基因的进化速率有数

倍之差。人类的进化速度最慢,而小鼠的进化速度比人类的大 5 倍,其生命周期是人类的 100 倍以上。突变率与物种的世代交替周期有着明显的关系。事实上,相同的生物体中不同的分子突变和进化速率也有很大不同,有几千万年以来根本没有“转动”过的、构成生物染色体组蛋白的基因;有用来比较生物几百万年、几千万年进化关系的核糖体 RNA 基因;还有可用于人类近缘关系比较、比核 DNA 突变速率高 10 倍以上的线粒体基因。

分子钟并不需要像电子钟一样准确无误,它只要在生物进化长河中提供一个相对准确的刻度就足够帮助我们回到过去。了解这些分子的特性之后,我们就知道如何正确使用分子钟来估算物种之间的亲缘关系。

分子人类学(molecular anthropology)的方法基于遗传多态性和分子进化速率,通过计算等位基因频率,并比较不同近缘物种的相同基因的分化度,从而对人类进行分类。北京猿人为直立人(homo erectus),现代人为智人(homo sapience)。直立人与智人之间有明显的差异。如果说在人类进化过程中智人和直立人之间存在混血,则根据遗传的显隐性关系,至少在现代黄种人当中能够保留下来直立人的部分原始表型特征,包括脑量的大小;此外,如果发生杂交,现代非洲人、欧洲人和亚洲人之间体现在线粒体 DNA 进化时间表上的分歧时间,应该早于智人出现的时间——20 万年前,直立人在地球上生活了至少 100 万元以上。然而,这一推测与目前分子生物学的研究结果并不相符,目前的研究结果表明,不同地区的现代人在进化过程中的分歧时间小于 10 万年。这说明智人和直立人之间没有发生过基因水平的交流,更明确地说,北京猿人不是现代人的祖先。

从分子水平识别物种之间关系的研究已有近百年的历史了。基因的发现加速了生物学家对人类起源和进化经典学说的补充和修正。人类进化的理论长期处于争议—否定—再争议—接受,这样艰难的过程。今天,人类群体遗传学研究在世界范围内正不断深入,人们已在分子水平上确认了世界上不同人群的遗传多样性(gene diversity)。尽管白

人(Caucasoid)、黑人(Negroid)和黄种人(Mongoloid)在形态解剖学特征上存在明显差异,但在遗传结构(gene construction)上差异很小,不超过 0.1%,这表明现代人类有共同的祖先。从人类的生物学特性上看,世界上三大族群中遗传多样性最高、最复杂的是黑人。因而得出结论:黑人是世界的祖先人群(ancestral population)。

2000 年人类基因组草图的构建进一步印证了这一学说。

肯定有人质疑,为什么人类走出非洲后会有如此大的形态和肤色上的差异?如果没有杂交和分别进化,如何解释这种变化?

4 病毒可能是人类进化和分化的“催化剂”

根据多年来研究的数据,我们对此问题推论如下:人是生物界中不定向迁移最频繁的类群,在频繁的迁移过程中经历了不同地区、不同特点的病毒感染。在感染病毒后,一些小片段会随机和不随机地整合到生物染色体中,这些小片段的插入可能是导致各种遗传表型特征改变的主要因素。B 型肝炎是在澳大利亚土著人群中发现的,最初被认为是遗传标记而命名为澳大利亚抗原,简称澳抗。中国人是世界上 B 型肝炎病毒感染最多的人群,大概占世界上携带病毒人口的一半。这样的感染能同时或在不长的时间内改变一些群体的特征。根据我国与周边邻国的分布特点看,这也许是一个可用来进行人类迁移、进化特征定位的指标。假设在人类走出非洲向亚洲南部迁移的过程中,在非洲亚洲的接口部很多人感染了包括 B 型肝炎的在内的病毒。EB 病毒也可能在人群迁徙过程中对其遗传结构改变起过重要作用。这些病毒可能由不同类型的灵长目动物所携带,也可能来自其它动植物。同样,迁往欧洲的人群在不同地域也会遭遇其它类型病毒的感染。

感染造成了染色体小片段的插入,从而改变人群的特异性,要比现代人类在短短 20 万年以内为适应环境而发生表型的变化假说更为合理。因为“黄种人”的黄皮肤和单眼皮、干型叮咛(cerumen)以及体味(body odor)性状的缺失是不能用选

择和适应的理论解释的。进一步的人类比较基因组研究将会检验这一推论正确与否。

5 中华民族群体多样性

过去在研究和比较世界不同人群时,黄种人的参照人群一直是北方人、上海人或日本人、韩国人等。事实上,这些人群不过是黄种人中最年轻的群体。选择他们做参照的原因是因为这些人群被最细致地研究过。我们的研究表明,黄种人中最古老的人群是我国东南沿海地区和台湾少数民族^[5]。参照人群的选择会直接影响聚类关系,比如黄种人和白种人谁更年轻?因此,我们需要对中华民族的源流和祖先人群进行更深入的研究。让我们从中国人的群体分化现象来探讨这一问题。

中国人群的遗传结构和语言分布有明显的重叠关系^[6]。我们尚无法确定人类语言产生的具体年代,从智人的脑组织具有语言中枢的解剖学证据上看,至少从现代人类出现就或早或晚地开始了语言的使用。在语言学上,中国人群使用三大语系,从北到南分别为阿尔泰语系(Altaic language family)、汉藏语系(Sino-Tibetan language family)和南岛语系(Austroic language family)。各语系内的不同人群在遗传结构上有明显的近缘关系。基因分化度的研究表明,三大语系人群中最为古老的是南岛语系人群,他们在全部中国人群中表现出最为丰富的语言文化和遗传的多样性。阿尔泰语系人群与南岛语系人群在形态人类学上差别最为明显。倘若认为汉藏语系人群是由北到南的过渡人群也不是难以接受的。我们由此推论:如果人类起源于非洲,那么亚洲人群的形成和迁移分别由沿海迁移的南线和陆路迁移的北线,既由新疆和西藏之间的低谷迁移合并而来。古代人口曾经以东南沿海最为密集,因为北至山东,南至海南和广西的沿海是我国人群遗传多样性最为复杂的地区。特别是面积不足 3.6 万平方公里的台湾岛,竟然曾经有几十种截然不同的语族、语支及方言^[7]。此外,该地区人群的遗传多态性也居全国之首。这种多态现象是由 1 万多年前的气候变化引起的。古地理学研究证明,我国东南沿海在最后的冰河期结束时海平面

骤然上升 50 至 80 米,海水隔离了台湾和大陆,并淹没大面积沿海富庶的地区^[8]。不同地区的人群迅速压缩到台湾及东南沿海地区,形成了语言文化和遗传多样性最丰富的群体。

参考文献

- 1 Nei M. Genetic studies on the origin of modern humans. In: The Origin and Past of Modern Humans. Singapore: World Scientific Pub. 1978, 3: 27—41.
- 2 Wolpoff MH, Wu X-Z, Thorne AG. Modern homo sapiens origins. In: Brauer G, Smith FH(eds), Continuity or replacement controversies in homo sapiens evolution AA. Balkema. Rotterdam Brookfield. 1994, 83—98.
- 3 宝来聪. DNA 人类进化学. 日本: 岩波书店. 1997.
- 4 Mader S S. Human Biology (fourth edition). WCB Publishers. 1995.
- 5 Jin F, Saitou N et al. Population genetic studies on nine aboriginal ethnic groups of Taiwan. Anthropological Science. 1999, 107(3): 229—246.
- 6 Jin F, Saitou N et al. Population genetic studies on Chinese. In Interdisciplinary Perspectives on the Origins of the Japanese. Jap. Kyoto: International Research Center For Japanese Studies Press. 1996, 15—24.
- 7 Ruhlen M. A guide to the world's languages. New York: John Wiley and Sons. 1987.
- 8 Bowles G T. Early man in Asia. In: The people of Asia. New York: Charles Scribner's Sons. 1977, 43—59.

Origin of Modern Human — Viewed from DNA

Jin Feng Wan Chunling

(Institute Genetics and Developmental Biology, CAS, 100101 Beijing)

The question on Origin of modern human has been a hot debate in China. Numbers of anthropologists especially on the field of morphology and archaeology insist on that Mongoloid originated inside of China, since there are large amount of ancient ape man remains and fossils excavated from China. They believe that morphological feature of those fossils have successive change from homo erectus to homo sapience. On the other hand, human genetic researchers possess different opinions. Population genetic studies have revealed extremely limited distinction among three major races. Human gene diversity always suggests the single origin theory for modern human. Molecular evolutionary constancy does not support the version that modern human was created by physical work or using fire, tools and languages. Genetic polymorphism study demonstrated that southeast coastal residents and Taiwan islanders probably represent early ancestral population in China.

In the present paper, we put forward a postulate that virus might be “catalyzer” for the great change of facial feature and physical character within no more than 200,000 years among different races.

金 锋 中国科学院遗传与发育生物学研究所副研究员。1956 年出生。毕业于东京大学理学部,获自然人类学硕士、博士学位,日本学术振兴会博士后。从事人类群体遗传学研究近 20 年,着重研究古代和现代中国及亚洲人群遗传多态,发表论文近 30 篇。