

# 关于中华民族起源的一些理论问题<sup>\*</sup>

莫鑫泉

(发育生物研究所 北京 100080)

**摘要** 探索中华民族起源作为跨学部、跨学科、跨世纪的研究项目,一些重大的生物学理论问题将在这里会聚和交锋。文章就该项目的意义和涉及的理论问题,作了观点性的叙述。

**关键词** 中华民族,人类起源,分子生物学

人类对自己祖先的探索大致可分为四个阶段。第一阶段是图腾时期,那时尽管不同的部族受地理阻隔,然而世界各民族几乎都有图腾崇拜的历史记录。图腾是每个部族的精神依托。中华民族图腾之神是龙,所以我们自称是龙的传人。第二阶段是以神话、传说为依据的蒙昧时期,它几乎构成了我国 4000—5000 年前之间的 1/5 的历史。从盘古开天辟地,女娲补天造人,到黄帝、嫫祖、神农等部族领袖创造我国早期的历史。第三阶段是从工业革命到本世纪中叶的时期。1859 年,达尔文进化论的诞生揭示了生物从低等向高等进化的规律,使当时生物学各个领域形成的概念和观念发生了根本的改变。达尔文在人类历史上首次论证了人不是上帝创造,而是从猿进化而来的,从此使人类对自己祖先起源的认识走上了正确的道路。由于分子生物学的发展和渗透,对人类起源的认识进入了新阶段。这一阶段的特点是从过去以化石、工具和考古为主的证据转向以分子生物学为主的证据。

探索人类起源是当代人类社会科技生产力和认识论的最高层次。科学家们越来越认识到它的重要意义,多年来一直将其列入自然科学七大疑难和有争议的问题之一。本文仅从分子生物学的观点对探索人类和中华民族起源所涉及的重大生物学理论问题作一些探讨。

## 1 关于现代人类起源的三种学说

在古人类学界,长期以来对现代人类起源有三种学说的争论。一是多地区起源假说(以下简称“地区说”),认为现代人类是在他们居住地区内的土著(原始居民)经过十分漫长的时间进化而成的。如黄种人由居住在亚洲的北京猿人的后代进化而成。白种人由居住在欧洲的尼安德特人的后代进化而来。我国大部分古人类学学者对“地区说”是认同和支持的。另一学说是非洲起源假说(以下简称“非洲说”),这一学说有过几种名称,如诺亚方舟说、伊甸园说、入侵说、替代说及线粒体夏娃说。认为现代人类是起源于某个地区,一群群现代智人由这个地区迁徙和扩展到旧大陆的其它地方,消灭或代替了所到之处的所有土著人群。因为非洲撒哈拉以南

\* 收稿日期:1996 年 11 月 6 日

被认为是第一批现代人最可能诞生的地方,因而称之为非洲起源说。第三种学说是基因流学说(亦称“杂交说”),认为现代人类起源可上溯到一个古代谱系网,对遗传的贡献在各地区间互不相同。目前,就分子生物学证据而言,在三种假说中以“非洲说”占优势,然而“非洲说”否定了我们对祖先的认同。中华民族有悠久的历史和丰富的类化石资源,在长达 100 多万年间,这些化石具有蒙古人种的相似解剖特征,提示了遗传上的稳定性和进化上的连续性。美国 Wolpoff 曾与我国古脊椎动物与古人类研究所的吴新智研究员合作,以我国近年出土的化石资料作为反驳“非洲说”的证据。我国有 56 个民族、12 亿人口,而国外学者仅从少数几位美籍华人的线粒体中取得的分子数据则相对缺乏代表性,据以得出北京猿人的子孙已被彻底消灭的结论也未免过于仓促。相反,只有在广泛调查的基础上得到我国全民族的 DNA 数理统计资料,才能做出令人信服的结论。

## 2 黄种人及中华民族的起源

每一个物种是生殖上与其它物种隔离的、具有相似形态和解剖特征的遗传群体。由于世界上各民族之间互相通婚并生育后代,因此现代人类严格说只有一个种,即智人种(*Homo, Sapiens*)。所谓“黄种人”、“白种人”、“黑种人”等至多是亚种或地区隔离群的俗称而已,这些亚种如何形成至今还是个谜。就黄种人的起源而言,“非洲说”认为,大约在过去 10 万年前后有一支非洲移民到达中东,6 万年前后又有一支移民到达亚洲(也有可能从中东来),消灭了亚洲的土著先民。然而,有蒙古人(或者说中国人)血统的印第安人祖先在约两万年前就到达美洲了,他们至今保留着蒙古人种的一些特点。这就是说如果“非洲说”是对的,非洲入侵者在 4 万年间必须完成从黑种人到黄种人的过渡,而且在这期间还要与亚洲的土著黄种人共同存在一定的时期(蒙古的扎诺尔人的化石和北京山顶洞人的化石约为两万年前)。这就是说非洲入侵者在前两万年时间内不足以形成一个新的亚种,在后两万年的时间内,他们靠两腿奔跑和石块、木棒,要彻底消灭土生土长在亚洲辽阔地区的北京猿人后裔(欧洲人进入美洲时拥有比上古时期先进得多的武器和交通工具,都未能消灭美洲土著),自己又要抛却黑种人的特征而转变成黄种人,而且还要扩大到一定规模的种群,这样的理论令人难以理解。再者,如果“非洲说”是正确的,则在 4 万—6 万年前这段时间内,在中国出土的化石应该有非洲人和亚洲土著两种类型或第三种过渡类型,但迄今还没有发现这些化石证据。相反,我国主要晚期智人的化石如柳江人、资阳人、山顶洞人、河套人都具有明显的黄种人的特征,与我国的早期智人以至直立人的化石有着连续性、继承性。因此,只要我们取得比 6 万年更久远的中华各民族的分子数据,找到中华 56 个民族的根和各民族形成分支的具体时间,能够在人群中发现“古老的线粒体类型”,证明北京猿人的后裔没有被消灭,则“非洲说”将从根本上动摇,“地区说”将获得有力的证据,从而对黄种人和世界人种形成的理论做出重大贡献。

## 3 中华民族历史上的人口

中华民族在 5 000 年前有多少人口?在一两万年前有多少人口?甚至在 6 万年前非洲人入侵时有多少人口?现在已经可以通过 MHC 的研究进行估算。由于个体间细胞表面抗原的差异,异体器官的移植会被排斥,这种排斥异体器官的特征称为组织相容性。编码组织相容性的遗传位点称主要组织相容性复合物(MHC),它是多态和多变的。免疫遗传学家测定 MHC 中某些基因位点的遗传距离,可以构建出人类进化的系统树。测定 MHC 基因的融合时间和祖先的等位基因数,还可以估算出某一时期古代人群的数量。根据德国蒂宾根的马克思·普朗克生

物研究所 Jan Klein 的测算,现代智人的群体开始时约由 500—10 000 个体组成。群体遗传学(基因融合理论,coalescence theory)和分子免疫学的交叉已成为从另一个角度探索人类起源的支柱。复旦大学遗传研究所的庚镇城教授正在用这种方法调查我国古丝绸之路少数民族间的关系。陈仁彪教授曾对我国部分民族开展过工作。

#### 4 中华民族居群遗传的标志基因

中华 56 个民族中,除汉族分布地域最广泛外,大多数少数民族都分布在相对集中的地域内,长期过封闭式生活,形成了独特的遗传、语言和生活习惯等的特征,是进行人类居群遗传学研究的沃土。美国斯坦福大学的 Luigi L. Cavalli-Sforza 领导的研究组在调查世界范围内 Rh 遗传因子与种族间的关系方面做出了重要的贡献。Rh 因子是红血球膜上的一种抗原,若孕妇的 Rh 因子为阴性而胎儿的 Rh 因子为阳性,则孕妇的血液中会产生 Rh 的抗体,在怀第二胎时,若胎儿仍是 Rh 阳性,则母亲的 Rh 抗体将破坏 Rh 阳性胎儿的红血球,导致胎儿的死亡。Rh 阴性的基因常见于欧洲。非洲和亚洲不常见。东亚、美洲和澳大利亚的土著种族基本上未见到。通过调查 Rh 阴性因子在种族中的分布和比例大小,可以估算出种族间的相关程度。Cavalli-Sforza 因在基因、种族和语言的研究工作中成绩卓著,被评为 1995 年世界自然科学风云人物。与此相类似,我国南方常见一种“蚕豆黄病”,患者系葡萄糖-6-磷酸脱氢酶基因缺损,当吃了蚕豆或吸入其花粉时可引起血红细胞被大量破坏,迅速出现黄疸、贫血、血尿。因此导致蚕豆黄病的葡萄糖-6-磷酸脱氢酶基因也是一个很好的标志基因,可以用来探索我国各民族的居群、迁移同基因流、语言间的关系,推动分子进化的研究。我国过去曾从医学遗传的角度开展蚕豆黄病的调查工作,只是其规模较小,也没有从居群和分子进化的深度去认识。台湾中央研究院的唐堂教授近年来已开始对台湾地区少数民族的葡萄糖-6-磷酸脱氢酶基因进行调查。

#### 5 人类线粒体是否严格的母系遗传

探索现代人类起源的主要分子手段之一是比较线粒体核苷酸的差异。线粒体是位于细胞质中的一种转换能量的细胞器,功能是把葡萄糖转变成三磷酸腺苷,人的线粒体只有 16 569 个核苷酸对,37 个基因,仅是基因组的十万分之二,因此从线粒体着手比较简单。人类在长期进化过程中,线粒体 DNA 核苷酸的 DNA 钟也以大致恒定的速率在走动,而且比真核细胞基因组的 DNA 分子钟快 5—10 倍。因而从线粒体着手比较人类种群间的遗传距离比从基因组 DNA 着手更灵敏。线粒体又是严格的母系遗传,一个卵细胞含有  $10^5$ — $10^8$  个线粒体,但一个精子只含 50—100 个线粒体,且位于尾部,受精时精子的尾部不进入卵细胞,即子女的线粒体只能来自母亲,也不会与来自父系的遗传物质相混,因此可以从线粒体追溯到人类最早的老祖母。Wilson 等就是通过五大洲共 147 人线粒体 DNA 的比较,得出现代人类起源于非洲 20 万年前的一位女性(线粒体夏娃)的结论。虽说线粒体是严格的母系遗传,但严格不等于绝对,已经发现在鼠和鱼中,每传一代,父系线粒体渗漏的机会  $P=0.00004$ ,所以需要抽样检测一个较大的人类群体,才能发现人类的线粒体有无渗漏现象。通过对中华民族线粒体的分析,有可能提供有关人类母系遗传争议的新证据。

#### 6 中性突变理论的验证

用分子生物学方法探索民族起源的主要依据是 DNA 分子钟的理论。该理论假定:(1)发生在蛋白质氨基酸或 DNA 核苷酸的替代(突变)速率是恒定的;(2)核苷酸替代的数量与进化时间的跨度成正比,任何生物在进化的历史过程中,DNA 像时钟一样在精确地走动。



DNA 钟的理论基础来自“中性突变学说”。1967 年在生物学界发生了一件大事,日本遗传学家木村智生,根据蛋白质氨基酸的替换速率大大高于生物表型变化的事实,提出了中性突变学说,认为:(1)生物体中发生的绝大部分突变既无害也无利,即所谓在选择上是“中性”的;(2)突变的速率是恒定的;(3)突变基因的固定不是自然选择而是遗传漂变。达尔文及新达尔文主义认为突变不是有利就是有害,自然选择的压力淘汰了有害突变的个体,选择了有利突变的个体。中性突变学说震撼了统治进化论百年之久的自然选择理论,两者的激烈争论已持续了近 30 年。随着分子生物学的进展,在分子水平上解释进化理论时,中性突变学说占有一定的优势。由于每个生物都要发生突变,都要与所处的环境发生作用,因此中性突变学说是理论生物学的一个重大学术问题。此学说提出之时,我国正处于文革初期,它的学术思想和动态没有及时在我国学术界得到反映。有报道在哺乳类进化到灵长类和人类时,突变速率减慢了。比较中华各民族大量核苷酸序列数据,将最好最直接地验证中性突变理论在人类进化过程中是否正确,并带动我国分子进化学科的发展。

## 7 人类进化速率的估算

现今人类线粒体 DNA 钟的进化速率,是通过比较不同进化阶段的生物核苷酸序列的突变速率,并参照化石资料和地质年代校正后得出的。线粒体 DNA 的核苷酸每改变 2%—4% 相当于 100 万年的进化历程,这种估算法是粗糙的。如果我们能够得到 35 万年或几万年前北京猿人及其后代的一小段 DNA 片段,与现代黄种人、白种人、黑种人的同一 DNA 区段进行比较,就有可能较精确地估算出人类的进化速率,还可以在 DNA 分子水平上寻找我们与祖先在遗传上连续性的证据。一旦获得结果,在学术上将是很重要的突破。我国有占世界约 1/4 的已出土人类化石,具备了探索古人类 DNA 的有利条件。近年来国际上探索古 DNA 的工作已成为分子生物学与考古学交叉的一个新增长点。我国学者发现恐龙 DNA 片段的报道,曾引起学术界的重视和争议。由于恐龙已灭绝,无法与现生种的 DNA 作对比,其学术意义也就不如寻找古人类的 DNA 重要了。

## 8 基因交流在中华民族形成过程中的作用

人种和民族有着不同的含义,人种主要根据肤色、头发的颜色和形状以及眼、鼻、唇的特征来划分;民族则是依据语言、生活地域、生活习惯、经济生活等而划分的。例如黄种人分布在蒙古、中国和东南亚许多国家,甚至还包括爱斯基摩人和印第安人。中国人属黄种,但有的民族如维吾尔族等就混有白种人的血统,可见基因在民族交融的过程中起着重要作用。从距今大约 50 000 年到 10 000 年间山顶洞人、广西柳江人、内蒙河套人、山西峙峪人和台湾左镇人的化石和伴随物推断,当时已进入母系氏族社会。这时已开始了族外群婚制,即从一个母系的同胞兄弟姊妹之间的通婚转变成族群间男女通婚,最后发展到排除按母系计算的一切旁系兄弟姊妹间的通婚。族群间的通婚开始了基因的广泛交流,大大减少了后代因血缘太近而造成对体质的许多不良影响,增强了体质和智力,对早期民族的形成和向文明社会过渡起着重要的作用。大约在距今 5 000 年前后,我国已进入了神话传说的时期,传说炎、黄已成为活跃在西北和黄河流域一带部族的两大领袖,与此同时蚩尤也已统一了南方的九黎各部族,炎、黄在今河南涿鹿的地方打败了蚩尤并兼并了蚩尤的部分残军,成为汉族祖先的开端。在此之后,较大规模的民族间融合或基因交流不断地发生,如秦之统一六国,蒙、满族入主中原等。通过线粒体谱系分析和结合群体遗传学调查,就可以知道在部族形成的早期,哪个部族是人祖,出现的具体年代,现

今的汉族由哪几个原始部族和民族融合而成,以及每个少数民族与中华民族之根的遗传距离(或血亲关系)。

## 9 中华人祖起源于南方还是北方

这也是现代人类进化的两大理论交锋之处。据传说、记载、考证和研究,在距今 5 000 年前后我国的民族已经粗分为南北两大系。黄河流域是中华文化的摇篮,汉族的组成主要是以北方民族为主体。然而根据“非洲说”,入侵者是从南向北移动的,似乎南方部族的出现先于北方部族,而且是从非洲来的远征者,我国南方的自然环境对他们更适合。反之,如果根据“地区说”,在早期智人时期,我国的北方温暖湿润,草木茂密,动物孳生。该时期发现的化石有梅氏犀、印度象、纳玛象等。古地理资料也表明,北京地区、河南等地那时候确有过成片的森林和虎豹等猛兽出没。这些自然条件适合以狩猎和采集为主的原始族群的生活方式,所以北京猿人及后代愿意长期在这里生息,因而认为中华民族的人祖诞生于北方地区。民族的起源虽晚于种族的形成,但仍与人类起源的三大理论紧密交错在一起。探索史前民族的形成和现代人类的诞生,完全无史可考,要揭开萦绕在炎黄子孙心头的千古之谜,分子生物学的探索将提供不可替代的关键证据。

## 10 中华民族基因组多样性的补充

由于人类的生存环境日益恶化,一些珍贵的动植物物种在不断灭绝中,因此生物多样性的问题已提到各国首脑的议事日程,我国也相应建立了有关领导机构,中华民族生物多样性的项目已经列为国家自然科学基金重大项目并已启动,这是以人细胞核基因组的 DNA 限制性内切酶谱为对象的多样性调查。中华民族线粒体的分型,将补充核外基因的资料。从理论上讲,通过线粒体的直接测序得到的多样性资料相对更为精确。另外,MHC 遗传座位亦是核基因组成员。这两者作为对中华民族基因组多样性的重要补充将是一个重要成果。人类线粒体基因组生物多样性在国际上还没有见到过相应的说法,是作者根据分子进化理论在这里提出来的。

探索中华民族起源是以分子生物学为主的系统工程,它横跨三大学部,即生物学部、地学部和社会科学部。在生物学部内,分子进化学科、遗传学科、分子免疫学科和生物化学学科之间又发生广泛的交叉。根据经费支持强度,它可以跨学部全面展开,也可以在生物学部内实施,甚至可以缩小到单独从线粒体 DNA 或 MHC 启动。探索中华民族起源的成果,不仅将阐明本民族祖先诞生和演化的过程,而且也是探索世界人类起源的重要组成部分。现在由社科院主持的“断代工程”和由中科院古脊椎动物与古人类研究所主持的人类起源两个重大项目正在相继酝酿启动,这也为探索中华民族起源系统工程的全面实施创造了良好条件。