

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 年以上, 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 万年以上。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(cenrmen)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。让我们从中国的人群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。

国家知识基础设施的意义*

曹存根

(计算技术研究所智能信息处理开放研究实验室 北京 100080)

摘要 知识是人类活动所生产的一种特殊的“产品”。这种“产品”已成为一种特殊的生活资料和生产资料。如何有效地共享和利用人类知识是一个十分重要的研究课题。拟从知识共享、知识在开发高技术产品中的作用、数字化图书馆计算机辅助教学等方面阐述国家知识基础设施(National Knowledge Infrastructure, NKI)的意义,并扼要介绍国内外有关的研究工作。

关键词 国家知识基础设施



1 什么是国家知识基础设施?

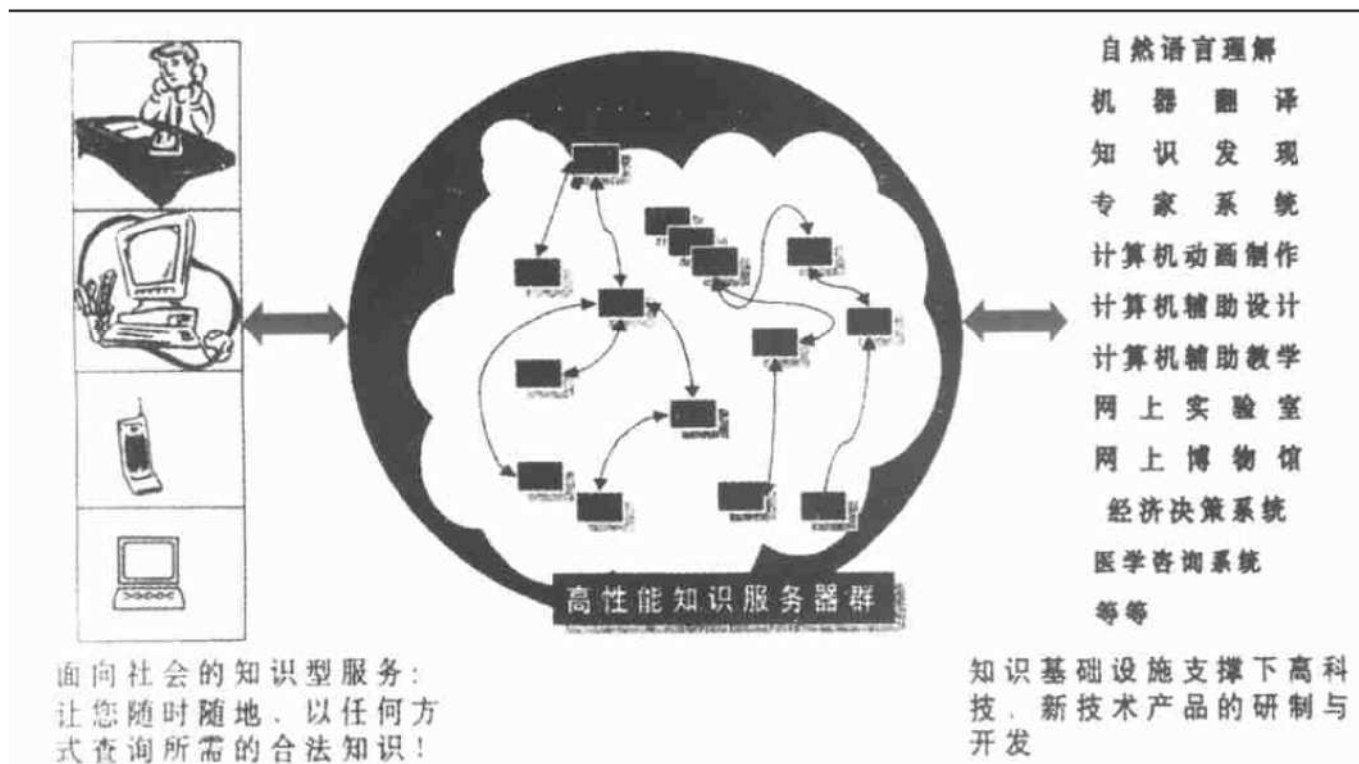
当今社会发展的任何一个阶段,社会生产、科研、教育和知识普及都离不开相应的基础设施,也正是由于有了这些基础设施,社会才能向更高的阶段前进。我们正处在知

识型社会,需要一种特殊的基础设施,一个庞大的、可共享的知识群体,可为科研、教学、科普和知识服务提供有效的帮助。它不仅集成了各个学科的公共知识,而且还融入了各学科专家的个人知识。其学科包括医学、军事、物理、化学、数学、生物、化工、气象、心理学、管理学、金融、历史、考古、地理、地质、文学、建筑学、音乐、美术、法律、哲学、信息科学、宗教和民俗等等。这样一个复杂、完善的基础

设施,称之为“国家知识基础设施(NKI)”,其总体结构如图所示。国家知识基础设施的概念是笔者1995年在世界上首先提出的一个前瞻性的研究课题,目前已开展了基础性的研究,并取得了阶段性成果。

1998年,世界银行的一份研究报告中也提出同样的概念,指出了国家知识基础设施在知识经济、科技发展和国民教育中的战略意义。人们已经意识到,在知识经济中,传统的生产力三要素具有了新的涵义:劳动者的知识水平、劳动资料的知识含量以及劳动对象的有效获取,三者都直接决定着生产力的水平,也直接影响到劳动产品的国际竞争力。彼德·卓克在他出版的 *Post-Capitalist Society* 一书中指出,知识既是关键的个人财产,也是关键的经济资源。如今,知识是极其重要的资源。传统的生产要素土地(即自然资源)、劳动力和资本虽未消失,但它们已变为次要。有了知识,就可以获得这些要素。

* 收稿日期:2001年6月25日



知识基础设施总体结构

2 国家知识基础设施与数字化图书馆的本质区别

英国近代哲学家培根指出,知识就是力量!培根所说的知识是指人脑学到的、并经过消化了的知识,正确地运用这些知识就可产生“力量”。根据这一观点,如果仅仅把一本书拷贝进计算机,计算机本身并不能产生“力量”,因为计算机没有“消化”书本知识,所以不能运用知识。目前,世界上的数字化图书馆基本上是将各学科的书本拷贝进计算机,然后进行简单的主题分类处理,让读者自行查找和阅读有关的电子书本。与此不同,在国家知识基础设施中,我们要对各学科知识进行深层次的概念分析和知识分析,研制一个全国共享的、可操作的和庞大的专业知识群体。我们首先整理《中国大百科全书》中的知识;在此基础上,使用自动的知识获取方法,从其它的知识源获取知识,以使国家知识基础设施中的知识不断地更新和增长。

3 国家知识基础设施是全国共享的知识资源

国家知识基础设施提供的知识是经过标准化

的,可为知识应用软件提供标准化的知识。在过去20多年中以及将来的若干年里,科研单位和科技人员花费大量的人力和财力所建造的知识库,由于没有统一的编码标准(目前国内外仍没有这种标准),不能或难以为别的系统所共用,造成极大的资源浪费。一旦国家知识基础设施建成后,不同学科的科技人员可以按照统一的标准存取所需的知识,增加和修改知识基础设施中的知识,而那些新增加的知识可直接为别的系统所使用。这在人力和财力上是一种极大的节约。

从人类知识保护方面看,国家知识基础设施所提供的知识获取工具将充分吸收人类各种专家的宝贵经验,将它们永久地保存在知识库中,供后人使用或发展。因此,我们不会因为一位造诣深厚的专家的去世而失去其宝贵的个人经验。

4 国家知识基础设施将为计算机高技术产品的开发提供必要的知识基础

成功的经验和失败的教训已反复证明,没有大量的专业知识作后盾,许多研究领域难以有本质上的突破。例如,如果计算机翻译软件没有医学知识,它怎能正确地翻译医学文献呢?如果计算机语