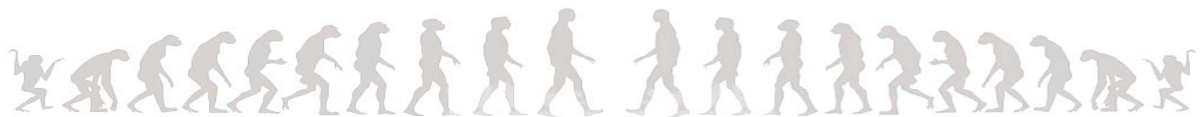
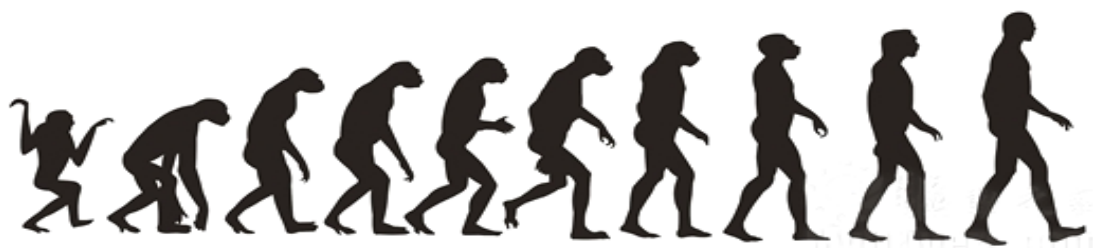


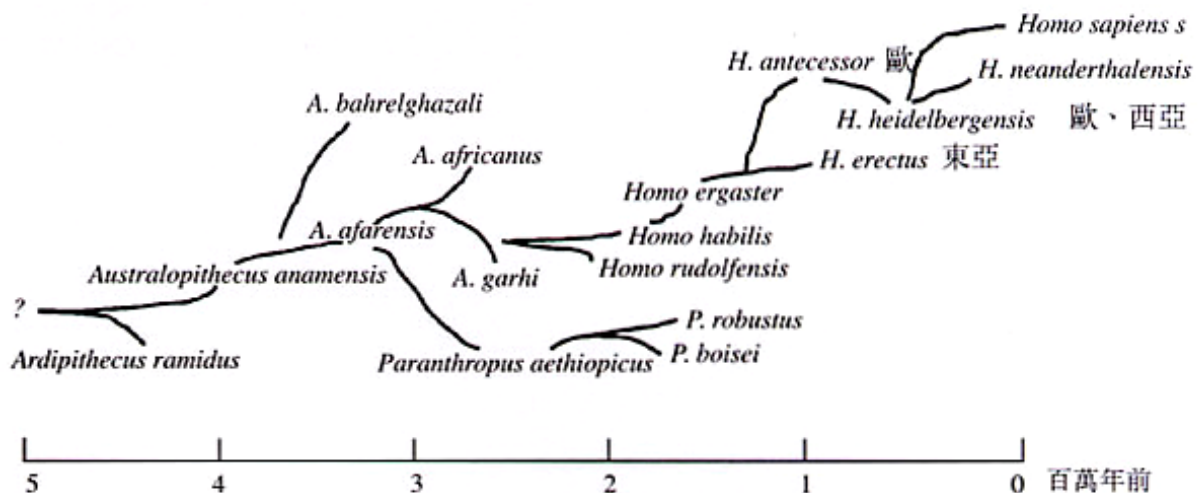


人类谱系的基因解读

作者：李辉、宋秀峰、金力



生物进化论告诉我们，地球上所有生物都是同一起源的，处在同一棵进化大树的枝枝蔓蔓上。人类这个群体也是这棵大树上的一部分，属于动物界-脊索动物门（脊椎动物亚门）-哺乳纲-灵长目（类人猿亚目）-人科。而实际上人科仅仅是为满足人类自以为超然的主观愿望而设的，人类根本只是猩猩科中的几个相近属，黑猩猩与人之间的差距相比其与大猩猩要近得多。所以人类的进化也是与其他生物的进化一样，符合生物进化论的普遍规律。地球上曾经出现过的人类，究根探底都是同一起源的，这也是进化论的基本原则。现存的人类属于一个物种，使我们觉得人类很特别、很孤单。其实，从发现人类化石最早的 440 万年前起，人类谱系的演化经历了一个相当曲折多元化的过程。至少有四个属 17 种人类物种先后出现，在 180 万年前的肯尼亚甚至同时有四个物种生存于同一区域内^[1]。古人类学为我们建立了人类的总体粗线条谱系，最新的现代分子生物学手段又使我们有能力著手构建现代人类的精细谱系，探究现存的人类是怎样产生、分化和演变的奥秘。



一 多地区起源说是否一厢情愿

人类经历了漫长的进化演变历程，从东非直立人 (*Homo ergaster*) 进化到早期智人 (*H. heidelbergensis*, *H. neanderthalensis*)，一直到约 10 万年前进化到晚期智人 (*H. sapiens sapiens*)，即今天的现代人类。最初的人类可能出现于 500 到 700 万年前的非洲，这一观点在学术界没有太多争议^[2]。然而，现代人类如何发展而来？这疑问一直引起学术界的广泛兴趣，并且争论持续不断。目前关于现代人类起源最主要的两种观点分别是非洲起源学说和多地区起源学说。两种假说都认为直立人起源于非洲的东非直立人，然后大致在 100 万年前走出非洲，迁移到欧亚大陆。但非洲起源学说认为现代人类起源于 10 万年前非洲的第二次迁移，走出非洲以后完全取代了其他地区的古人种。多地区起源学说又称独立起源假说，认为世界各地的人类是独立起源，即由各地的非洲直立人、海德堡人、尼安德特人、东亚直立人各自独立进化到现代人类的几大人种（亚种）。

非洲起源学说自 80 年代末首次提出后，得到许多考古学证据支持。然而在包括中国大陆在内的东亚地区陆续出土了大量人类化石，这种化石存在形态一致性的延续和在地域上的广泛分布。因此许多考古学家和古人类学家对非洲起源假说表示质疑，他们认为亚洲与非洲一样存在著“直立人→早期智人→现代人”的进化演变历程，因而认为现代人类起源是多地区的。1987 年，卡恩 (Rebecca Cann) 等人运用母系遗传的线粒体 DNA 多态性研究，提出了著名的“夏娃假说”，揭开了运用遗传学方法探索史前人类历史的序幕^[3]。“夏娃假说”以及对

欧洲尼安德特人的遗传学分析结果都支持非洲起源假说。于是此观点在考古学及古生物学界引起了轩然大波，这样就使得包括中国大陆在内的东亚地区成为验证人类起源模式最受关注的地区。

值得注意的是，多地区起源说也很难解决进化论方面的悖论。生物进化中常常是在生存条件好的时期发生大量物种，当环境改变时则物种大量灭绝。所以淘汰的物种是绝大多数，存活的是极少数。这 100 万年来，亚欧大陆几段生存环境恶劣的时期足以淘汰与其他动物生存能力没多大差异的古人种，各地的人种为何都要存活下来了，而不是与其他生物一视同仁地遵循进化论的淘汰法则？两个物种在分开后，必然是随著时间的久远，差距越来越大。但是按多地区起源说，人类却很奇怪，即便直立人、早期智人和晚期智人没有物种的差别，他们在这 100 万年里非但差距没有变大，而且还变小了，甚至 100 万年的差距还不足以使各人种产生生殖隔离。人类又特立独行地违反进化论的距离法则。我们不禁要问，多地区起源说为人类勾勒的进化路径，是否太一厢情愿了？

二 源于非洲的现代人谱系

“夏娃学说”引起了许多争议，但是随著遗传学技术的不断成熟，这些争议陆陆续续地尘埃落定。运用遗传学技术研究人类群体的进化，就是利用一些遗传标记来追溯人类群体起源迁移事件发生的大致时间及路线。目前研究早期人类进化和迁移最理想的遗传标记，公认是 Y 染色体拟常染色体非重组区段的 SNP 标记（NRY）^[4]。这是由于人体内只存在一份父系遗传 Y 染色体非重组区，可以有效地排除交换重组的

混血干扰；同时 SNP 突变率低更能稳定地遗传，可以忠实地记录进化事件；再由于以单倍体存在的 Y 染色体，其有效群体大小只有常染色体位点的 1/4，所以易产生人群特异性的单倍型。

2001 年斯坦福大学的昂德希尔（Peter A. Underhill）等人利用变性高效液相层析技术（DHPLC），分析得到了 218 个 Y 染色体非重组区（NRY）位点构成的 131 个单倍型，在对全球 1,062 个代表性个体考察结果显示明显的群体亲缘关系^[5]。这是目前遗传学技术发展的可用于人类进化和起源研究最多的遗传标记，通过对这 218 个 NRY 在全世界各地代表群体中多态性分布清晰展示了现代人类的种群大致聚类树。

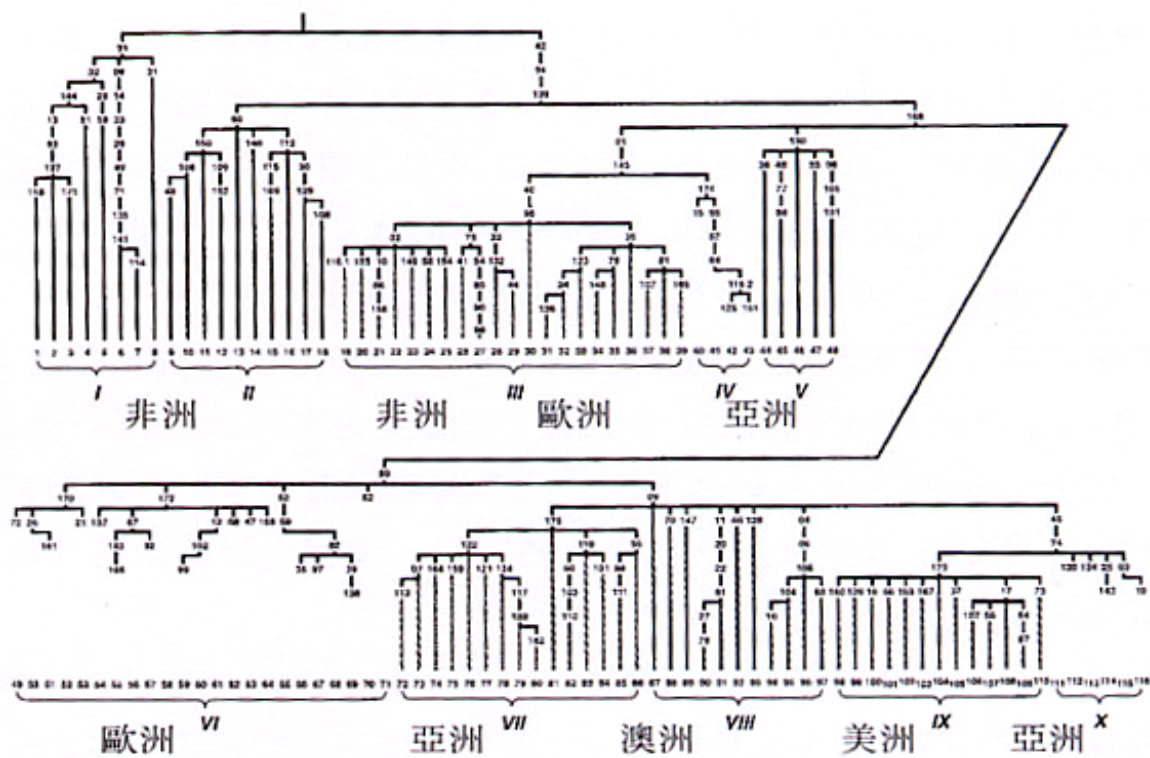


图 2 Y 染色体非重组区（NRY）单倍型系统树（最大简约法）

图 2 展示的系统树从上到下代表了分支产生的早晚。很显然，最早的分支都发生在非洲人群中，而后再分出欧洲和亚洲。美洲和澳洲

的分化都发生在亚洲的分化之下。这说明人类从非洲人群分出欧洲和亚洲人群，美洲和澳洲人群又起源于亚洲人群。这就是与“夏娃学说”相印证的“亚当学说”。根据突变的速率计算出来的非洲人群分化出欧亚人群的大致时间是十多万年。

三 东亚现代人群起源

对东亚人群的起源，争议一直颇多。许多古人类学家至今坚持东亚也是现代人的一个发源地，但是遗传学的研究越来越不支持这种观点。

1998 年褚嘉佑等人利用 30 个常染色体微卫星位点 (Microsatellites) 分析了 28 个东亚人群，包括汉族的南北人群的遗传结构，结果都支持现代中国人来源于非洲，并经由东南亚进入中国大陆^[6]。由于微卫星位点突变率较高，对研究较久远的人类进化事件和人群迁移有一定的局限，因此来源东亚地区的资料并不能令人信服排除多地区起源的假说。

1999 年宿兵等人^[7]利用 19 个 Y-SNP 构成的一组 Y 染色体单倍型，这 19 个 Y-SNP 覆盖了所有东亚和太平洋地区群体具有的单倍型，用这一套单倍型来系统研究包括中国在内的东亚人群的起源和迁移。这一研究将克服褚嘉佑等人的研究因使用常染色体微卫星标记和样本量少带来的遗憾。研究的样本量为 925 份个体，包括中国少数民族和各省份的汉族个体、东北亚群体、东南亚群体和来自非洲、美洲和大洋洲的群体。

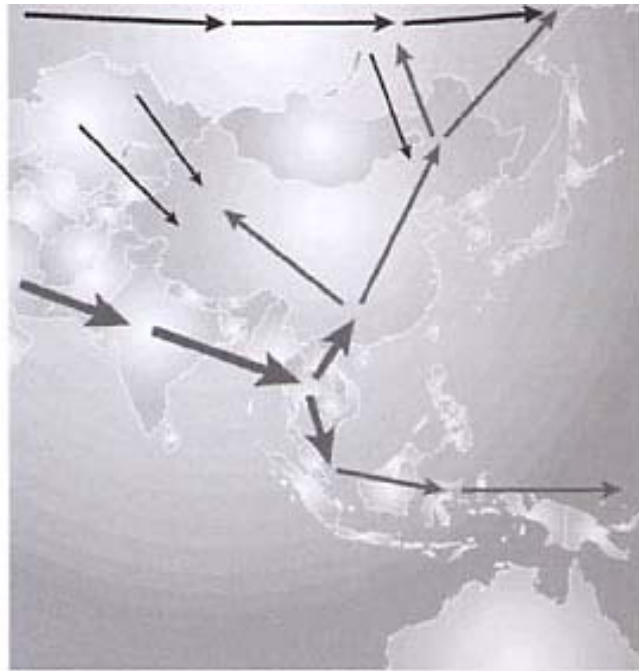


图 3 东亚地区晚期智人迁移路线

在由 19 个位点组成的 16 个单倍型中，一半为东亚人群特有的单倍型。这一明显的群体特异性为研究人群迁移和人群间基因交流提供了理想的工具。研究发现南方人群的基因多样性高于北方人群，各人群的遗传多样性按东南亚非汉族人群、南方汉族人群、北方汉族人群、北方非汉族人群排列逐渐下降。而且南方的单倍型种类包括北方所有的种类。这种单一的梯度格局提示了一种重要的资讯，因为突变发生时间远早于迁徙事件，这些突变不是在迁徙后形成的，所以迁徙应该是顺著梯度下降的方向进行的。这揭示人类进入东亚始于南方。东南亚群体中的单倍型几乎涵盖全部中国和东亚的特异单倍型，因此东南亚可能是早期由非洲迁来的人群进入东亚的第一站，从那儿开始中国人的祖先从东南亚进入中国南方，而后越过长江进入北方地区。这一发现与线粒体 DNA 单倍型分布相符。

在东亚群体的 Y 染色体多态性分析时发现有两个关键的突变位点与东亚群体的非洲起源及随后的迁移密切相关。所有现代东亚人的

Y-SNP 单倍型均来自较晚发生的突变，更早的类型仅非洲群体所特有。因此研究认为在所有被观察的 739 个东亚个体全部来自非洲，这揭示走出非洲的群体有可能是完全代替东亚的当地群体，这种可能性只有进一步扩大东亚人群的研究样本量才能证实。诚然，东亚地区在地质史上是很特殊的，据认为冰川期气候在中国南方仍能适应大型哺乳动物生存繁衍，而中国古人类化石有连续性特徵。虽然这些证据仍有争议，但很难否认会有少数 10 万年之前的中国“原住民”（早期智人 *Homo sapiens*）与后来出于非洲经由东南亚进入中国的“新移民”（晚期智人）共同构成了现代中国人的祖先。

2000 年柯越海等利用了 M89、M130 和 YAP 这三个古老的 Y-SNP，对来自中国各地近 12,000 份男性随机样本进行了基因分型研究^[8]。其目的就是在扩大东亚地区样本量的基础上看这种即使存在也贡献率极少的不完全取代的可能性。所选择的三个 Y 染色体多态型 M89、M130 和 YAP 是在 M168 突变型的基础上产生的三个突变类型。据认为 M168 是人类在非洲时产生的突变型，其原始型仅出现在东非人群，除非洲以外的现代人及部分非洲人都带有 M168 的突变型。M168 是现代人类单一起源于非洲的最直接证据。非洲以外地区没有发现个体具有比 M168 更古老的突变型例子。该项研究结果显示万多样品无一例外具有 M89、M130 和 YAP 这三种突变型之一，并没有发现个体携带有以上三种 Y-SNP 突变型之外的类型，也没有出现破化系统树的单向性的同时具有 M89、M130 和 YAP 突变的个体。这一结果与非洲以外的世界其他地区的基因分型结果是一致的。因此研究显示了 Y 染色体的证据并不支持即便是对中国现代人起源可能起著极小作用的多地区起源假说。

因此，遗传学研究尤其是 Y 染色体证明，东亚的现代人具有共同的非洲起源^[9]，大致在距今 18,000–60,000 年前最早的一批走出非洲的现代人进入东亚的南部，然后随著东亚的冰川期结束，逐渐北进，进入东亚大陆。另一支迁移的路线从东南亚大陆开始，向东逐渐进入太平洋群岛。

至此，对包括中国大陆在内的东亚现代人群体的一系列遗传学研究，填补了过去在现代人类起源研究中缺乏东亚人群资料的情况，同时，通过线粒体、常染色体和 Y 染色体微卫星标记和单核苷酸多态性等多种遗传标记和分型手段对东亚群体的广泛研究，均表明现代东亚人群来自于非洲，支持非洲起源假说^[10]。

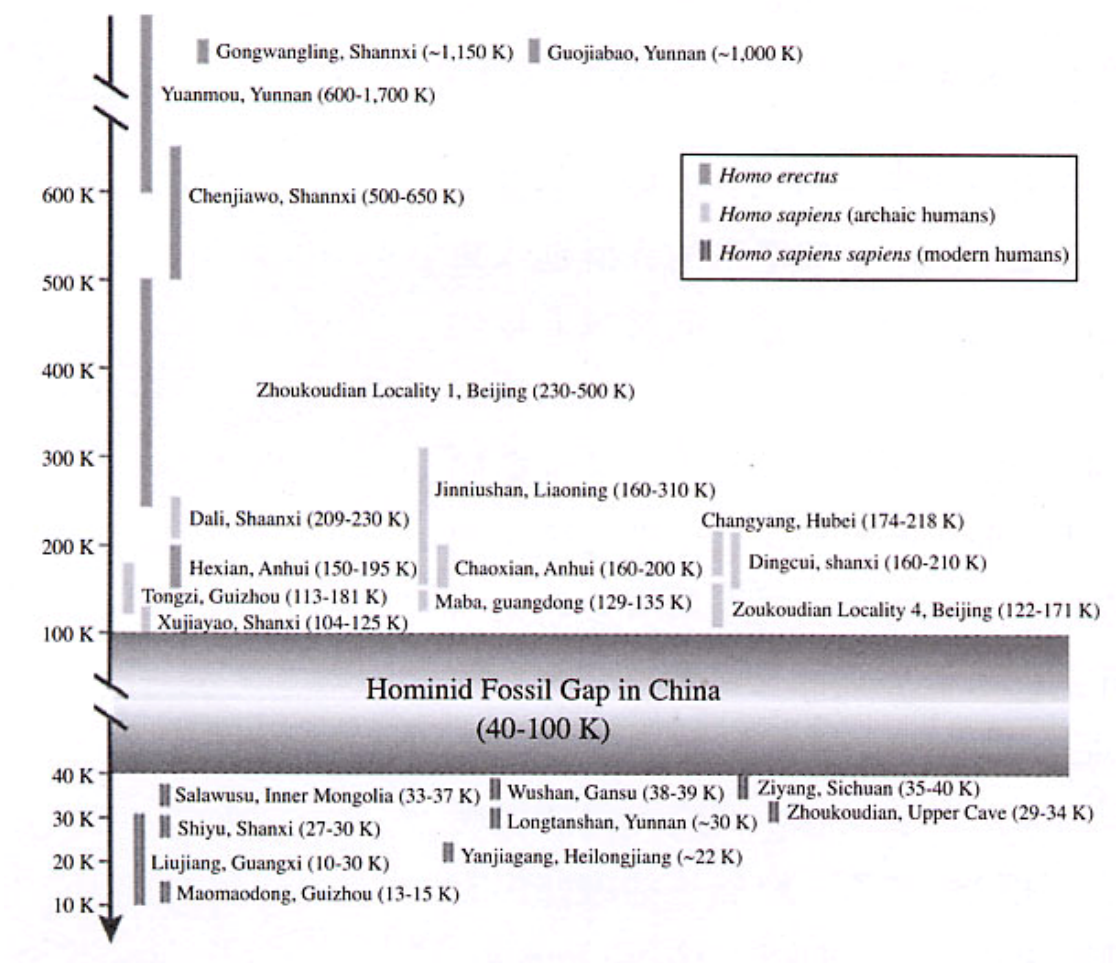


图 4 东亚地区发现的人类化石年代分布显示出的化石断层

多地区起源假说对东亚地区提出质疑的依据是东亚尤其中国大陆发现的大量化石和考古学遗物^[11]。然而在最重要的化石证据上确实出现包括中国在内的东亚地区的化石断层，而且是在现代人起源的关键时期，即 4-10 万年之间。遗传学的解释认为这种化石上出现的断层并非偶然，是由于东亚大陆在这一时期大量的生物物种灭绝造成了这种断层，因为 6-10 万年前的人类化石断层与第四纪冰川期在该地区存在时间大体相符。解释这一现象的可能原因是由于在距今 5-10 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及北进入中国大陆的现代人成了这块领地的新居民。

四 分化年代估计——STR 显示的遗传距离

为了估计早期现代人类进入中国的年代，宿兵等对含三个在汉族-藏缅民族中较多的单倍型（H6、H7 和 H8）的个体用三个微卫星标记位点 DYS389，DYS390 和 DYS391 进行基因型分型^[12]。这一研究共筛选并分析了 160 个携带有 M122 突变汉族特异性单倍型的个体。

根据祖先有效群体大小（ N_e ），微卫星标记的突变速率（ μ ），群体中积累的突变数目（ V ），对人群分化事件发生年代有一公式可以计算：

$$t = -N_e \ln(1 - V / N_e \mu)$$

该公式适用于经历了一次较强的瓶颈效应后产生快速增长的群体^[13]，即从母群体中分化出一小部分人群，再增殖成子群体。对于公式中有效群体大小的估算，目前普遍接受的现代人男性的有效群体大小

为 5,000–10,000。因为考虑到亚洲群体比非洲群体的遗传多样性要小，亚洲男性群体的有效个数被定为 750–2,000，突变率为 0.18%，20 年为一代。

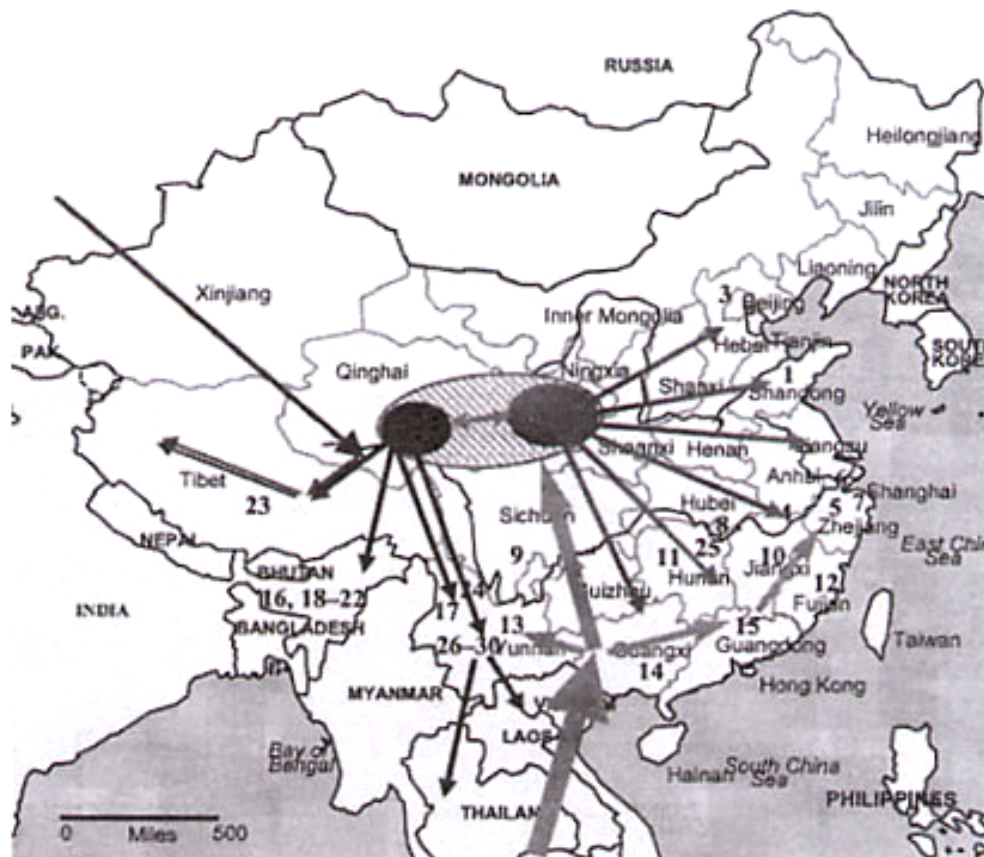


图 5 汉藏语系人群的起源及迁移示意图

据此在全部研究过的含 M122 突变的群体中得出 M122C 突变发生的年代大致是在 18,000–60,000 年前，在汉族和藏缅民族的 M122 突变个体中计算得出两者的分野为 5,000 年（此年代由 DYS390 推算而得，是三个微卫星位点年代中最大的）。一般而言，单纯从遗传学角度对古代人类的群体迁移和基因突变年代的精确估算困难非常大，因为在上述公式中有效群体大小和突变率的估计带来的偏差直接影响结果，但作出这样的年代估算与体质形态学和考古学在齿型、石器和化石的发现相符。考古学研究表明涵盖中国北方地区的北亚人种特有的 Sinodont

齿型发生在 18,000–25,000 年前，而这种齿型是由东南亚地区的类 Sinodont 齿型演变形成的，这与我们用公式推算出的 M122C 发生年代下限是相符的。此外，在西伯利亚、贝加尔湖和阿尔泰地区近来的考古研究表明，这一地区的人类石器文明出现在 25,000–45,000 年前。如果西伯利亚和整个东亚群体由非洲起源并经东南亚迁移而形成，那么现代人类进入东亚地区应该在北亚出现石器文明之前。认为 M122C 突变估算年代的上限 60,000 年前更接近于事实了，因此研究认为 18,000–60,000 年是早期现代人迁入东亚所造成的瓶颈效应的年代。据此，该研究认为随著冰川期逐渐消亡，非洲起源的现代人约在六万年前从南方进入东亚，在以后的数万年中逐渐向北迁移，遍及中国大陆，北及西伯利亚。大约在 8,500 年前，在经历了漫长的蒙昧时期后，以仰韶文化为代表的最早的中华文明开始在黄河中上游地区萌芽。

研究者对于世界人群分化年代的估算也作了大量的工作。坦普尔顿 (Alan R. Templeton) 在今年 3 月的《自然》(Nature) 总结了这方面的研究结果^[14]。由于不同的遗传突变记录了不同的事件，他发现，现代人走出非洲并不只是一次。至少在 84 万年到 42 万年前就已经有少部分人走出非洲了。而以线粒体及 Y 染色体估算，绝大部分人类走出非洲的时间是 15 万年到八万年前，之后又发生了几次人群的回流和进一步扩张。与现代人完全取代古人类不同的是，一批批走出非洲的现代人相互融合，构成现代的世界人群。

五 精细的人群渊源分析

遗传学研究人类谱系达到较精细的程度，就会对发现复杂的人类

群体很难找到头绪。语言学研究以其翔实的材料和客观严谨的方法把人群进行了系统分类，为遗传学研究提供了最理想的线索。东亚地区人群主要分为汉藏语系、阿尔泰语系、侗台语系、苗瑶语系、南亚语系以及南岛语系六个系统，其中汉藏语系无疑是很重要的。特别是关于汉藏语系的起源，以及汉语族与藏缅语族的关系问题，引起学术界的广泛关注。钱亚屏等^[15]和宿兵等^[16]在 2000 年分别报导了对于汉藏语系不同群体的遗传学研究，结果表明：汉藏语系群体的祖先最初来源于东亚的南部，在约 20,000 到 40,000 年前，一个携带 Y 染色体 M122 突变的群体最终到达了黄河中上游盆地，然后在约 10,000 年前，由于粟谷农业的出现，新石器文化开始在这个地区发展起来。人口的增长使群体必须扩增新的居住地，这样在约 5,000-6,000 年前出现了两个语族的分野。其中一个亚群，被称为前藏缅语族群体，离开黄河流域，向西及向南迁移，最后在喜马拉雅山脉南北居住下来。这次迁移就是沿着著名的“藏缅走廊”进行的，这条通道始于黄河上游地区，向西到达青海省，向南到达喜马拉雅山脉。其中景颇语支一直向南，穿过喜马拉雅山脉到达今天的缅甸、不丹、尼泊尔、印度东北及云南省的北部。在与一支来自中亚或西南西伯利亚带有 YAP 突变的群体发生大范围混合后，藏语支向喜马拉雅进发并最终扩散到整个西藏。缅彝及克伦语支向南到达云南西北部，最后到达越南、老挝及泰国。在这 5,000 年中，另一语族，即汉语族主要向东向南扩增，最后在中国各个地区居住下来。

南岛语系的起源问题也是学术界和大众都很关心的问题。这个语系的人群分布在整个太平洋和印度洋岛屿和大陆边缘。关于太平洋中群岛上的波利尼西亚人群的起源，有两种流行的假说。第一种称为“快

车”假说，认为 4,000–5,000 年前从南部中国向东的一次快速迁移，第一站到达台湾，然后到达包括波利尼西亚的太平洋群岛，即认为波利尼西亚起源于台湾。第二种假说认为附近的密克罗尼西亚是波利尼西亚起源地。2000 年，宿兵等^[17]利用 Y 染色体研究结果否定了以上两种假说，认为东南亚的现代人类有部分到达台湾，另有部分 1,500 年前进入太平洋群岛，到达波利尼西亚（这可能是在史前人类最远的一次迁移），两支迁徙毫无关系，在遗传向量距离上也截然相反。

最近的研究提供了越来越多的群体的精细资料，使得东亚的六系人群之间的关系渐渐浮现。根据复旦大学现代人类学中心的最新资料，这六个系统之间的亲疏关系很有可能符合下面的结构。

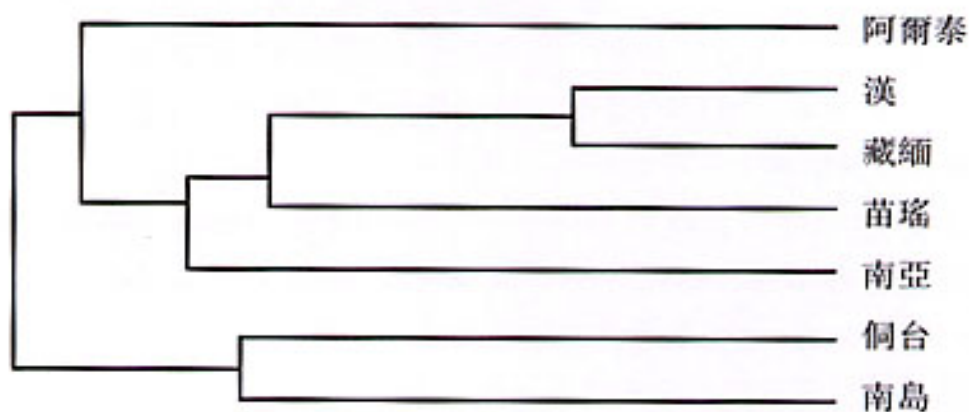


图 6 东亚人群系统间可能的亲疏关系

尽管对于澳大利亚土著群体和东亚人群（包括讲南岛语的太平洋群岛）的遗传关系依然不很清楚，但从 Y 染色体和常染色体的证据显示他们从非洲起源后独立迁移的两支群体。

由此可见，Y 染色体研究可以分析许多精细的结构。相比之下，线粒体的资料就逊色得多了。线粒体上用得最多的两个区段是 D-loop

和 Region V，但是两者的突变都太古老，在人类走出非洲之前就全有了。D-loop 上 CRS 标准序列是欧洲人最常见的，但在我国南方也占到 10% 多的比例，其他序列类型也是只具有大致的人种分类意义。Region V 中有 9bp 的重复，根据重复数分 I 型、II 型和 III 型，II 型最多，III 型很少，I 型的比例相对意义较大。在东亚人群中，I 型在北方较少，长江以南较多，向南又少，到太平洋又剧增，很难说明甚麽问题。故而，线粒体一般很少用作局部人群的结构分析。

六 中亚人群向欧美的扩张

对于东亚以外的欧亚大陆其他地区及美洲群体的起源及迁移的遗传学研究，其中两个重要地区是中亚及西伯利亚。韦尔斯 (R. Spencer Wells)^[18]在对欧亚大陆的研究表明，中亚是欧亚大陆群体中遗传多样性最高的地区。这个地区是两次主要迁移浪潮的起源地，一次是向西进入欧洲的迁移，一次是向东进入美洲的迁移。在研究过的所有欧亚群体中，中亚群体是欧亚大陆上最古老的群体，它具有最高的遗传多样性，尤其是乌兹别克群体，具有非常均一的各种单倍型频率。

中亚群体向北迁移至西伯利亚后，其中一支向东迁移至美洲。宿兵等^[19]的研究认为，美洲群体的祖先是西伯利亚群体。西伯利亚的 Y 染色体类型的多样性比美洲高，这个发现与华莱士 (Douglas C. Wallace) 等 1985 年的研究结果一致。从西伯利亚向美洲的迁移有两次，第一次是从南西伯利亚进入美洲大部分地区，第二次是从东西伯利亚到北美，这可称之为两步模型。而格林伯格 (J. H. Greenberg) 等 1986 年用语言、牙齿及遗传学证据提出了关于美洲人群起源的三步

迁移模型，区分印第安、纳丁（Na-Dene）及爱斯基摩—阿留申群体的来源，线粒体的研究证据支持此模型。宿兵等^[20]2000 年的研究发现 M130T 是一个亚洲特异等位基因，在东亚有广泛的分布，并在西伯利亚下阿穆尔河流域及鄂霍次克海地区达到最高频率。M130T 是起源于东亚的南部群体，穿过中国大陆，在 15,000 年前到达西伯利亚，并最终进入美洲^[21]。

中亚群体向北迁移至西伯利亚后，其中一支向西迁移至欧洲。普遍认为，欧洲现在群体是在旧石器时期（约 45,000 年前）及新石器时期（约 10,000 年前）这两个时期组成，从近东迁移至欧洲西部及北部^[22]。

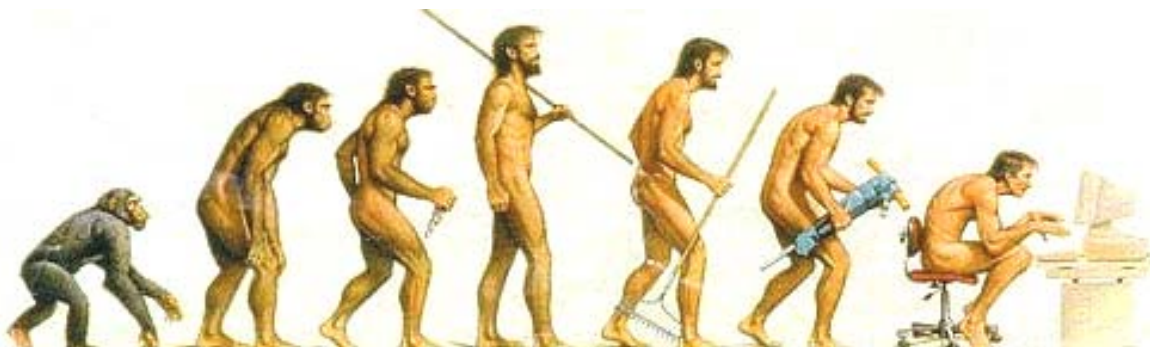
综上所述，一系列对欧亚大陆及美洲群体的研究表明，中亚地区是西伯利亚、美洲及部分欧洲地区群体的祖先。中亚群体向北迁移至西伯利亚后，一支向东迁移至美洲，另一支向西迁移至欧洲^[23]。这些结论应进一步与线粒体、常染色体位元点的资料结果进行比较、验证。

七 结 语

虽然，诸多遗传学证据支持非洲起源假说，但对最终揭示现代人类起源和迁移问题依然有许多工作要做，仍需要许多化石方面的确凿证据来支持，需要解释考古学、古人类学方面的质疑。况且，遗传学本身对现代人类起源于非洲的问题仍有许多说法不一的观点和研究结论^[24]。2000 年瑞典乌普萨拉（Uppsala）大学英曼（Max Ingman）等人通过线粒体 DNA 多样性研究了 53 名来自不同地区、种族、文化的群体，聚类分析发现现代人确实起源于非洲。但 2001 年 1 月澳大利亚国

立大学索恩（Alan Thorne）等人研究显示，现代人类并非像普遍认为的那样直接起源于共同的非洲祖先，而是有可能由不同地区的古人类分别演化而来。研究是从 1974 年在澳东南部新南威尔士州蒙戈湖（Lake Mungo）附近的距今约六万年前人类遗骸成功提取了线粒体 DNA，这是迄今为止从古人类遗体中提取出的年代最为久远的 DNA。在对提取出的 DNA 线粒体进行分析后发现，它与在世界其他地区发现的、据认为是源自非洲的早期现代人类的古老 DNA 在遗传上没有联系。这一结果表明，在澳大利亚出现的早期现代人，其演化路线独立于非洲古人类之外。英曼的新发现质疑了目前学术界流行的“走出非洲”理论。他们提出名为“地区连续性”的现代人类起源新理论认为，起源于非洲的直立人在过去 150 万年间不断迁徙到非洲以外的其他地区，并形成不同分支，这些分支通过混血繁衍，在 10 万到 15 万年前分别在非洲、欧洲、东亚和西亚等地进化为现代人。

由此看出，现代人类的起源可能要比想像中复杂得多，无论是遗传学界还是考古学界的学者都仍将在这一领域继续争论、不断地探索，但这丝毫不影响我们对在不远的将来最终揭示史前波澜壮阔的人类历史的信心。



注释

- [1] Ian Tattersall: 《我们人类曾经并不孤独》, 《科学》, 2000 年第 5 期, 页 8-14。
- [2] Xinzhi Wu, et al., *Human Evolution in China* (Oxford: Oxford University Press, 1995); Ann Gibbons, "Homo erectus in Java: A 250,000-Year Anachronism", *Science* 274, no. 5294 (1996): 1841-42; 吴新智: 《20 世纪的中国人类古生物学研究与展望》, 《人类学学报》, 第 18 卷第 3 期 (1999), 页 165-71; 吴新智: 《中国远古人类的进化》, 《人类学学报》, 第 9 卷第 4 期, 页 312-21。
- [3] Rebecca L. Cann, Mark Stoneking, Allan C. Wilson, "Mitochondria DNA and Human Evolution", *Nature* 325, no. 6099 (1987): 31-36.
- [4] L.B. Jorde, et al., "The Distribution of Human Genetic Diversity: A Comparison of Mitochondrial, Autosomal, and Y-Chromosome Data", *American Journal of Human Genetics* 66, no. 3 (2000): 979-88; Russell Thomson, et al., "Recent Common Ancestry of Human Y Chromosomes: Evidence from DNA Sequence Data", *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 97 (2000): 7360-65; Michael F. Hammer, "A Recent Common Ancestry for Human Y Chromosomes", *Nature* 378, no. 6555 (1995): 376-78; Michael P.H. Stumpf, David B. Goldstein, "Genealogical and Evolutionary Inference with the Human Y Chromosome", *Science* 291, no. 5509 (2001): 1738-42.
- [5] Peter A. Underhill, et al., "Y Chromosome Sequence Variation and the History of Human Populations", *Nature Genetics* 26, no. 36 (2000): 358-61; Peter A. Underhill, et al. "The Phylogeography of Y Chromosome Binary Haplotypes and the Origins of Modern Human Populations", *Annals of Human Genetics* 65 (2001): 43-62.
- [6] J. Y. Chu, et al., "Genetic Relationship of Populations in China", *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 95 (1998): 11763-68.
- [7] Bing Su, et al., "Y-Chromosome Evidence for a Northward Migration of Modern Humans into Eastern Asia during the Last Ice Age", *Annals of Human Genetics* 65, no. 6 (1999): 1718-24.
- [8] Yuehai Ke, et al., "African Origin of Modern Humans in East Asia: A Tale of 12,000 Y Chromosomes", *Science* 292, no. 5519 (2001): 1152-54.
- [9] Li Jin, Bing Su, "Natives or Immigrants: Modern Human Origin in East Asia", *Nature Genetics Reviews* 1 (2000): 126-32; 柯越海等: 《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》, 《中国科学》C 辑, 第 30 卷第 6 期 (2000), 页 614-20。
- [10] Yuan-Chun Ding, et al., "Population Structure and History in East Asia", *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 97, no. 25 (2000): 14003-14006; Alison S. Brooks, Bernard Wood, "Palaeoanthropology: The Chinese Side of the Story", *Nature* 344, no. 6264 (1990): 288-89; 翁自力等: 《中国人群遗传结构分析》, 《人类学学报》, 第 8 卷第 3 期, 页 261-68; S.W. Ballinger, et al., "Southeast Asian Mitochondrial DNA Analysis Reveals Genetic Continuity of Ancient Mongoloid Migrations", *Genetics* 130 (1992): 139-52.
- [11] Milford H. Wolpoff, John Hawks, Rachel Caspari, "Multiregional, not Multiple Origins", *American Journal of Physical Anthropology* 112, no. 1 (2000): 129-36.
- [12]; [16] Bing Su, et al., "Y Chromosome Haplotypes Reveal Prehistorical Migrations to the Himalayas", *Human Genetics* 107 (2000): 582-90.
- [13] Li Jin, et al., "Mutation Rate Varies among Alleles at a Microsatellite Locus: Phylogenetic Evidence", *Proceedings of National Academy of Sciences USA* 93 (1996): 15285-88.
- [14] Alan R. Templeton, "Out of Africa Again and Again", *Nature* 416, no. 6876 (2002): 45-51.
- [15] Yaping Qian, et al., "Multiple Origins of Tibetan Y Chromosomes", *Human Genetics*

106 (2000): 453-54.

[17]; [20] Bing Su, et al., "Polynesian Origins: Insights from the Y Chromosome", Proceedings of National Academy of Sciences USA, 97, no.15(2000): 8225-28.

[18] R.Spencer Wells, et al."Pattern of Y-Chromosome SNP Diversity in Central Eurasia".(Submitted)

[19] Bing Xu, Xiufeng Song, Yuehai Ke, "Genetic Evidence for an East Asian Contribution to the Second Wave of Migration to the New World", American Journal of Human Genetics 67, no.4 (2000): 237.

[21] A.W.Bergen, et al."An Asian-Native American Paternal Lineage Identified by RPS4Y Resequencing and Microsatellite Haplotyping", Annals of Human Genetics, 63 (1999): 63-80.

[22] Ornella Semino, et al., "The Genetic Legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in Extant Europeans: A Y Chromosome Perspective", Science 290, no.5494 (2000): 1155-59; Lucia Simoni, et al., "Geographic Patterns of mtDNA Diversity in Europe", American Journal of Human Genetics 66, no.1 (2000): 262-78.

[23] David Comas, et al., "Trading Genes along the Silk Road: mtDNA Sequences and the Origin of Central Asian Populations", American Journal of Human Genetics 63, no.6 (1998): 1824-38; Anna Perez-Lezaun, et al., "Sex-specific Migration Patterns in Central Asian Populations, Revealed by Analysis of Y-Chromosome Short Tandem Repeats and mtDNA", American Journal of Human Genetics 65,no.2 (1999): 208-19.

[24] Rosalind M.Harding, et al., "Archaic African and Asian lineages in the Genetic Ancestry of Modern Humans", American Journal of Human Genetics 60, no.4 (1997): 772-89; Eugene E.Harris, Jody Hey, "X Chromosome Evidence for Ancient Human Histories", Proceedings of National Academy of Science USA 96, no.6 (1999): 3320-24.

【作者】

李辉 男，1978 年生，上海奉贤人，复旦大学生命科学学院遗传学与遗传工程系获学士学位，现于复旦大学现代人类学研究中心攻读博士学位。对南方民族作了多年的田野调查，研究民族遗传结构、体质特征的遗传分析。

宋秀峰 女，1974 年生，新疆乌鲁木齐人，新疆大学普通生物学专业获学士学位，复旦大学遗传学研究所获硕士学位，现于复旦大学现代人类学研究中心攻读博士学位。主要研究中国北方人群的遗传结构。

金力 男，1963 年生，浙江宁波人，复旦大学生物系遗传学专业学士，复旦大学遗传学研究所与德克萨斯大学联合分子进化学专业硕士，德克萨斯大学(休士顿)。医学生物学 / 遗传学专业博士，斯坦福大学医学院医学遗传学博士后，现为辛辛那提大学与复旦大学教授。