

首 页	学 术 动 态	学 术 专 题	历 史 讲 坛	学 术 平 台	学 术 资 源	投 稿 平 台	公 告
--------	------------------	------------------	------------------	------------------	------------------	------------------	--------

搜索

首页 &gt; 学术动态 &gt; 学术新闻

## 考古基因组学研究发现汉藏同源

作者：陆航 来源：中国社会科学网 时间：2021.03.02

**中国社会科学网讯**（记者 陆航）现代人起源与演化是一个炙手可热的学术问题和社会关注的焦点。古DNA研究是以分子生物学技术为基础发展起来的一个跨学科新兴研究领域，通过古DNA研究结合考古学、历史学、语言学和古生物学等分析古代生物的谱系、分子演化理论、人类的起源和迁移、动植物的家养和驯化过程等。自有了二代测序技术以来的十多年里，古DNA研究已逐渐成为一个用途广泛、极有发展前景的领域。西安交通大学生命科学与技术学院张虎勤教授带领的生物信息人类学团队与厦门大学王传超教授及哈佛医学院David Reich教授展开深度合作，联合全球43家单位，85名共同作者于2月22日在《自然》（Nature）期刊在线发表文章《基因组学解析东亚人群形成历史》（Genomic Insights into the Formation of Human Populations in East Asia）。研究人员利用古DNA数据检验了东亚地区农业和语言共扩散理论，发现了汉藏同源：5000年前黄河流域的农业人群在中国北方传播农耕、汉藏语言和相关技术，在遗传上成为了藏族和汉族的共同祖先人群之一。

张虎勤为论文的共同第一作者，西安交通大学生命科学与技术学院赵静博士、杨铁林教授、吴晓明副教授、林松博士、胡曦博士参加了研究工作。该研究成果发布了东亚地区距今8000到1000年前166个古人类基因组捕获测序数据，涵盖了中国陕西新石器时代五庄果梁遗址、中国台湾新石器到铁器时代汉本和公馆遗址、蒙古国50余个考古遗址、俄罗斯远东地区Boisman、Yankovsky和黑水靺鞨等遗址、日本绳文人遗址等，研究人员还报道了中国和尼泊尔46个现代族群的383个样本的芯片分型数据以及108个考古碳十四测年数据。

该项研究还发现，南岛与壮侗同源：3000—2000年前的中国台湾地区古人与大陆壮侗语人群有紧密的遗传关系，南岛语人群形成过程中还受到来自北方农业人群的基因混合影响，南岛和壮侗的祖先人群向南扩张，传播南岛语和壮侗语，并对南亚语人群有遗传贡献；自蒙古高原、贝加尔湖到黑龙江流域的广大地区的8000多年前的采集狩猎人群与其后的蒙古和通古斯语人群有着较强的遗传连续性，在遗传上并未明显受到来自农业人群的影响，反驳了语言学家Martine Robbeets提出的西辽河农业人群的扩张促成了原始泛欧亚语（Transeurasian）传播的假说。

古人类基因组可以探索古人类的遗传学特征。古DNA是指从人类考古遗迹和古生物化石标本中获取的古生物的遗传物质。对于方兴未艾的现代人类起源与演化问题的研究，目前主要在遗传学、古人类学和旧石器时代考古学三个领域内进行。张虎勤研究团队此次参加的是目前国内外开展的东亚地区最大规模的考古基因组学研究，此次所报道的东亚地区古代人类基因组样本量是以往国内研究机构所发表样本量总和的两倍，改变了东亚地区尤其是中国境内考古基因组学研究长期滞后的局面，对东亚人类发生发展和迁徙提供有力的探索和研究。

## 热门推荐

- 壹 学习贯彻马克思主义国家观铸...
- 贰 历史学家蔡美彪的学术经历与学...
- 叁 大清国建号前的国号、族名与纪年
- 肆 怎样学习和研究元史
- 伍 学术性书评的要求  
学术性书评应该是学术研究的成果，它不同于书讯，更不是广告。学术性书评的目的在于提高学术水平，推进学术研究的发展。

## 学术专题

- |        |        |
|--------|--------|
| 考古研究   | 古代史研究  |
| 近代史研究  | 世界历史研究 |
| 中国边疆研究 | 历史理论研究 |

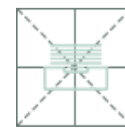
## 学术资源



国家哲学社会科学文献中心



中国历史研究院图书档案馆

中国历史研究院数据平台  
中国历史研究院数字图书馆 <sup>TOP</sup>

中国考古博物馆  
(中国历史文化展示中心)

中国科学院古脊椎动物与古人类研究研究员高星认为，遗传学或分子生物学是现代人类起源研究中异军突起的新秀。遗传学通过对现生人群遗传信息的提取和比较分析，从不同地区人群遗传多样性的多寡和古老基因的子遗情况回溯、反推现代人起源与扩散的过程和祖裔人群可能的生存地，并借助分子生物钟推算现代人基因的起始点；分子生物学在古人类化石上提取DNA并做测序分析，破译该个体及其所代表群体的遗传密码，寻找与其他人群的遗传关系以及与我们现代人类的链接点。遗传学或分子生物学立足日新月异的现代分子生物学技术和信息科技，相较古人类学和考古学具有更好的现代科学基础，具有很强的大数据分析和重复检测能力，能从很小的骨骼碎片上提取DNA，甚至能从地层沉积物中提取人类或其他动物的DNA。该学科强于微观分析，有能力揭示人类演化的内在原因或机理，因为演化的根本原因是遗传变异或DNA复制错误，那些适应环境、有利于生存的变异经过自然选择得以保留并在群体中扩散，带来种群的基因变化，并进而发生相应的体质和行为变化。遗传学介入人类起源与演化研究，为传统的基于人类化石和文化遗存形态观察分析的研究模式带来了冲击和活力，为一些重大问题的破解提供了全新的科技手段，对古人类学得出的结论提供了一个补充、验证的机会。



张虎勤研究团队主要承担了中国陕西新石器时代五庄果梁遗址人类古DNA研究工作，依托生物医学信息工程教育部重点实验室，利用生物医学信息与基因组学中心实验平台，不断调整实验方案和优化实验条件，整合利用陕西区域古人类资源，历时8年潜心研究，获得了陕西新石器时代五庄果梁古人类基因组数据，通过数据分析发现5000年前黄河流域的农业人群在中国北方传播农耕、汉藏语言和相关技术，在遗传上成为了藏族和汉族的共同祖先人群之一，为汉藏语人群同源提供了有力的科学依据。

论文链接: <https://www.nature.com/articles/s41586-021-03336-2>

分 享:

历史讲坛

学术资源

学术动态

中国考古博物馆  
(中国历史文化展示中心)

院属研究所: 考古研究所 | 古代史研究所 | 近代史研究所 | 世界历史研究所 | 中国边疆研究所 | 历史理论研究所

机构链接: 人民网 | 新华网 | 求是网 | 光明网 | 学习强国 | 中国社会科学网

联系我们 Copyright © 2019 中国历史研究院. All Rights Reserved 视觉设计: 北京分形科技

地址: 北京市朝阳区国家体育场北路1号院1号楼中国历史研究院 邮编: 100101

京ICP备 11013869号 京公网安备 11010502030146号

建议使用IE9.0以上浏览器或兼容浏览器