

以骨为证：破解中华民族的开天辟地 ——访厦门大学人类学研究所王传超教授

徐杰舜(问)¹, 王传超(答)²

(1. 广西民族大学, 广西南宁 530006; 2. 厦门大学, 福建厦门 361005)



王传超: 复旦大学人类生物学博士, 哈佛大学医学院遗传学系、德国马普人类历史科学研究所博士后; 厦门大学人类学研究所所长、教授、博士生导师。以第一作者或通讯作者在 Science、Nature Communications、Current Biology 等国内外期刊上发表 SCI 或 SSCI 论文 30 余篇, 担任 SCI 或 SSCI 期刊 Historical Biology、Human Biology、Frontiers in Genetics 等多份学术期刊的副编、编委等, 研究成果由中央电视台新闻联播、中央电视台新闻频道、《探索发现》等全国多家知名媒体广泛报道。

摘要: 文章是对厦门大学分子人类学研究的王传超教授专访, 介绍了王传超教授复旦大学毕业之后进入美国哈佛医学院和德国马普所进行古 DNA 的研究经历以及分子人类学的发展概况。王传超教授团队所开展的分子人类学研究是通过对更多的考古墓葬和遗址的古代样本取样提取 DNA, 建立起一条时间轴线来研究古今人群关系, 尤其对丰富和完善东亚人群历史有重要意义。

关键词: 分子人类学; 古人类 DNA; 东亚人群

中图分类号: C95 文献标识码: A 文章编号: 1673-8233(2019)06-0025-06

DOI: 10.16726/j.cnki.bsxb.2019.06.007

Taking Bones as Evidences: Deciphering the Creation of the Chinese Nation ——An Interview with Professor Wang Chuanchao from Institute of Anthropology, Xiamen University

XU Jieshun (Q)¹, WANG Chuanchao (A)²

(1. Guangxi University for Nationalities, Nanning, Guangxi 530006;

2. Xiamen University, Xiamen Fujian, 361005, China)

Abstract: This article is an exclusive interview with Professor Wang Chuanchao of molecular anthropology of

收稿日期: 2019-10-20

作者简介: 徐杰舜, 男, 浙江余姚人, 广西民族大学民族学与社会学学院教授, 博士生导师; 王传超, 男, 山东阳谷人, 厦门大学人类学研究所所长, 教授, 博士生导师。

Xiamen University. It introduces Professor Wang's experience in studying ancient DNA in Harvard Medical School and Max Planck Institute of Germany after he graduated from Fudan University, and the development of molecular anthropology. The molecular anthropology research carried out by Professor Wang's team is to extract DNA from ancient samples of more archeological tombs and sites, and to establish a time axis to study the relationship between ancient and modern people. It is of great significance to enrich and improve the history of East Asian people.

Key words: molecular anthropology; ancient human DNA; East Asian people

徐:王教授下午好,很高兴借着来厦大参加学生答辩的机会采访你!

王:徐教授您好,您辛苦啦,很高兴有机会见到您并接受采访!

徐:这几年我一直对分子人类学的研究很关注,因为不断有人挑战非洲起源说。我知道你在古人类的基因检测方面很有成就,想了解你的研究,了解你的其人其事,把你推介到人类学的圈子里。很荣幸,我今天有机会采访你,增进大家对你的了解。感谢你在百忙之中接受我的采访。

王:徐老师您太客气了,我是一个后生晚辈,非常感谢像徐老师您这样的学科前辈支持和鼓励我们年轻人在跨学科研究上迈出一步。就像我们之前说的,每一个学科,比如说文化人类学、考古人类学、体质人类学的研究都各自分散,而分子人类学在您这样的前辈支持下,我们才有可能把来自于多学科的证据统一的拿过来进行综合比较。就像盲人摸象一样,单一学科只能解决各自的问题,而我们可以综合起来解读。这也是分子人类学很有魅力的一个地方。

徐:2005年,李辉老师(复旦大学教授,博士生导师)在复旦大学博士毕业答辩,我有幸担任了他的答辩委员,并且十分荣幸能采访到金力老师(中国科学院院士,复旦大学副校长,教授,博士生导师),一下子就过去了14年,现在回想起来好像弹指一挥间。自从和你联系上以后,我感到金力老师的团队发展很快,人才层出不穷。您能否概括下近些年来分子人类学的发展动态?

王:徐教授您刚才提到2005年采访金力老师,而那个时间其实也是分子人类学发展的黄金阶段,金老师实验室也有论文在《Nature》和《Science》这样的高水平期刊上刊出。比如金力老师发表在美国《Science》期刊上的论文用12000条男性Y染色体证明了中国人走出非洲的理论;还有在2004年,我们一个师兄柯越海教授(浙江大学医学院副院长,教授,博士生导师)用分子人类学的方法研究汉族文化传播模式的论文发表在在了英国《Nature》期刊。这两篇论文可以说2005年左右那个时间段内分子人类学的高峰代表作,而2005年到2010年的时候也是我们所说的传统分子人类学,即用Y染色体和线粒体DNA进行研究的黄金阶段。到2010年时出现了一个标志性的事件,德国的马克斯-普朗克研究所成功测序了尼安德特人的全基因组序列,标志着分子人类学进入了一个新的阶段。我们不单是可以去看现代族群的DNA,还可以从成千上万年、甚至是灭绝的古人类样本里提取DNA,甚至是得到全基因组序列这样海量的数据。而我正好也借着这个发展机遇,由复旦大学毕业之后进入美国哈佛医学院和德国马普所进行古DNA的研究,取得了一些小的成绩,也借此机会向徐教授汇报。

徐:王教授客气了。我们顺便问一些比较规范性的问题,你是哪里人?

王:我是山东人,我老家是山东阳谷县,也就是水浒传里边武松打虎的地方。

徐:你说是武松打虎那个地方出来的,山东大汉啊!2005年时你在哪?

王:哈哈,我刚达到山东人的平均身高,算不上大汉。我是1987年出生,2005年的时候我在山东阳谷县读高三。因为曾祖父是老红军,参加过抗日战争,由于曾祖父参军的经历,祖父被推荐是读红专大学,毕业后分配到县里的机械厂当工人,做一些机床的配件。后来父亲接祖父的班去了工厂,所以我小时候随父亲在工厂车间里面去,接触各种零件、工具和机器。因此也培养了我观察、认识和了解我们所处的世界,给我埋下一颗种子,就是我们能够去创造一些具有实用性的东西。

徐:为什么会选择分子人类学的研究?

王:我本科阶段就读于中国海洋大学,选报专业时,我们当时都知道21世纪是生物的世纪,同时又说21世纪也是海洋的世纪,所以我最后选择了海洋生物学专业。由于有着经常参与老师和师兄师姐

们的实验的科研经历,在大三时成功入选了复旦大学优秀大学生夏令营,暑假到了复旦大学。当时金力老师来给我们做了学术报告,并且夏令营最后一天组织了推免复旦大学的面试。我清楚地记得当时我的面试官李辉老师提了一个问题,他说你本科是海洋生物学,研究的是底栖生物线虫,与我们做人类学之间有何关系?我回答说我觉得做人类学研究也主要是观察和描述人与人之间或人群跟人群之间的统一性和差异性。而做线虫研究也是去观察和描述线虫之间的异同,其实研究的原理和方法都是想通的,只是研究对象的差别。面试结束后我拿到了复旦大学的保送资格,但由于中国海洋大学校外保送名额限制,我选择了考研复旦大学并被顺利录取,所以其中还是有一点小小的波折。然后我在2010年2月,还没有过正月十五就提前进入复旦大学做本科毕业论文。因为课题项目很多,能够尽快地参与进去有利于锻炼学生的能力。还有一个小插曲,我父母一直觉得我不可能考上复旦大学,后来我去实验室和金力老师、李辉老师合照发给他们,证明确实在复旦大学参与科研。

徐:你很聪明、很能干、也很刻苦,所以你才能够有这样的一个跳跃式的发展。

王:谢谢徐教授,因为我觉得很大程度上学生阶段的迷茫可能是由于没有确立很好的目标方向,一旦确立后把时间和精力都投入进去很多时候自然水到渠成,比如花时间去用心做实验、分析数据,很多东西自然而然就会呈现出滚雪球,包括论文会越来越多,并且在这个过程中也会发现越来越多的仍待解决的科学问题,那么我们可以去探究的事情也会越来越多。

徐:你博士读几年?

王:博士是读了五年时间,从2010年9月份正式入学到2015年的6月份博士毕业。

徐:等于硕博连读,五年还是很标准的时间,对吧?硕士也好像是两年?

王:对,前两年是硕士阶段,后三年是博士阶段,我们中间有一个硕士转博士的中期考核,你通过考核就可以就进入这个博士阶段。

徐:在复旦硕博期间主要做了什么工作?

王:我在复旦大学是硕博连读,从2010年9月正式入学,到2015年的6月博士毕业,在硕博阶段明确了分子人类学的研究方向。我和同事改进了Y染色体全测序技术,极大降低了成本,通过Y染色体捕获测序精确估算了东亚族群的父系三大支系扩张于新石器时代,正好与中国北方全面转入农业阶段的时间相吻合。我还对汉藏起源和演化的关键地区西藏东部和四川西部的羌藏人群、仡佬族、茶洞人、回辉人、各地的回族和海南黎族的五个分支俅黎、杞黎、润黎、美孚和加茂黎族等进行了分子人类学调查。我们还对全世界人类语言的语音多样性分布进行研究,发现其有一定规律可循的,欧亚大陆的语言语音比较复杂,而非洲的略简单,美洲与澳洲更简单,语音最复杂的前几种语言都出现在中国,论文发表在Science上。

徐:你在博士期间就已在Science上发表论文,可谓成果丰硕!那么你出国做博士后的主要考虑是哪些?

王:之前提到2010年古人类DNA革命性的发展,其实我国对古人类DNA最早的研究始于20世纪七八十年代湖南医学院对马王堆汉墓辛追夫人遗骸的DNA和RNA的提取;到80年代中期,古人类DNA领域一个创始人Svante Pääbo就成功地提取了古埃及木乃伊的DNA,一直到2010年之前的20多年都是对实验技术的探索,比如样本的防污染工作:去除埋藏环境中的细菌和微生物污染,判定提取出来的是古DNA而不是混入的现代人DNA;以及方法和标准的建立,比如您刚刚参观的古DNA实验室里防止外界污染的空气过滤器、正压系统和紫外灯,都是当时摸索出来的一系列方法。这些方法是比较简单的,主要的一个技术手段是直到2008至2010年出现的新的DNA测序方法,我们叫作新一代测序技术或者二代测序技术,可以让我们以极低的成本短时间内测序全基因组。在此之前都是经过简单地建细菌文库或者一代PCR扩增和测序,最多研究几百个基因位点,而我们的全基因组有30亿个基因位点。新一代测序技术使得价格较2000年降了几万倍,给我们大规模开展古人类DNA研究工作提供了条件。所以2010年是古DNA研究的分水岭。我当时觉得分子人类学下一个辉煌十年时间应该运用古人类的DNA然后去回答史前人群的历史和迁徙。

徐:你如何能进入到哈佛和马普这两大世界顶尖学术机构进行科学研究的?

王:我是在毕业前半年的时间开始申请国外的博士后。当时集中申请了国外古人类DNA方向的一些学校,其中德国马普所和哈佛医学院都接受了我的申请。在这个领域,全世界有几家顶尖的单位,德国马普所是全世界古DNA技术水平最高的机构,哈佛医学院是有非常强的对数据的分析和处理能力,丹麦哥本哈根大学是与丹麦国家博物馆合作获取丰富的古代样本。由于德国马普所和哈佛医学院之间密切的合作关系,两家单位的导师商议后决定让我也去做共同的合作项目,在两边做联合培养的博士后。既接受了马普所实验技术的培训,又在哈佛医学院提高了数据处理能力,在国外学习这几年已经掌握了古DNA领域最前沿的技术和方法,而中国的古DNA研究非常少,现在全世界发表的古人类全基因组的数据有3000到4000份,我们中国的数据几乎是零,且运用的多是二三十年前的技术手段和方法,未运用二代测序技术的大数据分析方法。现在是希望在中国这么一片古DNA的空白区域能多做做一些中国的古代样本。

徐:我记得2005年李辉博士答辩时候还有一个学生答辩是做的古DNA。

王:是不是张帆?

徐:我记不清楚了,他当时也是从考古材料里面提取DNA,不过现在好像已经不再做这个事情了。你到厦大来建这个实验室,有没有要向哈佛和马普学习追赶的这种想法?

王:中国的考古遗址众多,古人遗骨等材料丰富,我们是非常急迫要去多做些中国材料。

徐:你在国外做博士后期间负责最重要的项目是什么?

王:我做博士后期间包括自己主导和参与的项目非常多,比如重构东亚人群的历史,大高加索地区距今3000年至6000年间的古DNA样本,美洲人的起源问题,古埃及木乃伊全基因组DNA,距今3000年前鼠疫杆菌比较研究,匈牙利国王DNA研究。其中我主导的项目有两个,一是在位于里海和黑海之间的大高加索地区,我们取样了五六十个来自不同遗址、跨越3000多年时间的古DNA样本进行全基因组测序,通过分析我们发现,大高加索山并不是阻挡人群流动的屏障,山麓南北的古代人群可以观察到遗传上的相似性。另外非常的重要发现是青铜时代中早期的草原游牧人群,颜那亚(Yamnaya)和阿凡纳谢沃(Afnasievo),都有10%到20%的遗传成分来自欧洲的安纳托利亚(Anatolian)农业人群,这对解析印欧语人群的早期起源和扩散具有极其重要的意义。

徐:印欧语这个,一般的读者可能不清楚,我倒觉得你应该用比较通俗的语言来描述一下刚刚讲的最重要的东亚人的迁徙,你的这个东亚人群的研究结果是什么样?

王:我们对东亚地区人群历史的重构,是一个很重要且历时性的项目,至今仍致力于丰富和完善东亚人群历史。在距今5000到1万年间,东亚地区大致存在三个祖先人群,一个是位于中国东北和俄罗斯远东地区的人群,从遗传学上观察到与现在通古斯语人群的相近性;二是位于中国南方的人群,2011年在福建沿海岛屿上发现的亮岛人提取的DNA与现居大陆和台湾的壮侗语和南岛语人群密切相关。三是位于黄河中上游和青藏高原的人群,联系现在的汉藏语人群。早期汉藏语人群在距今5000年左右的农业扩张后经历了汉藏分化,一部分进入青藏高原与土著人群混合形成藏缅语人群,另一部分由黄河中上游向东向南扩张演化成现在的汉族人群。所以如果我们追溯到5000年前,整个中国分布着东北、黄河中上游和南方地区的三个代表性祖先人群。因此,我们在俄罗斯远东地区取样了距今6700年到7000年前的古代样本,全基因组测序后将其整合到东亚地区现代人群数据中进行比较,试图探究史前时期东亚人群经历过怎样的族群迁徙和融合形成了现代的东亚族群。此外,我们还对距今5000年左右的陕北新石器遗址的一批古代样本全基因组测序,发现其遗传结构与现在的北方汉族没有太大差别,人群连续性非常好。这几天,《华夏地理》杂志还特别报道了我们的研究,绘制了一幅东亚史前人群迁徙地图。^①

徐:请你把这幅史前迁徙地图通过邮箱发给我参考,这个的意义价值可不能小看!

王:好的,徐教授,我稍后就发到您邮箱。

徐:传统分子人类学主要是从现代人回溯祖先历史,现在对古人类样本的DNA研究有什么优势?

王:2005年左右分子人类学的研究主要是由后代回溯祖先历史,而我们现在可以直接把古代样本

^① 参见《华夏地理》2019年第5期。

的DNA提取出来,由祖先人群的DNA下溯现代各个族群怎样由几千年前的人群混合来形成的。之前的研究是由今到古,我们现在做的是由古到今。正如之前提到的,古DNA已经重构了5000年之前东亚人群的基本框架,往后我们的工作会集中在最近几千年,通过对更多的考古墓葬和遗址的古代样本取样提取DNA,建立起一条时间轴线,我们就可以像时光机器一样沿着不同年代的古代样本串起的一条线研究古今人群关系。

徐:对,你现在走的是从古到今。我们的读者大都是文化人类学和民族学方向的,你可不可以科普一下古DNA的取样和研究一般是怎样的流程?

王:在古DNA的提取上,首先我们需要从考古遗址取得样本,人骨有两个位置有利于保存古DNA,一是有牙釉质保护的牙齿,二是脑颅骨上深入颅腔的颞骨,DNA受外界污染较少。这两块地方是我们研究的关键材料,如果没有牙齿或颞骨,我们也可以取长骨这样一些骨质比较厚的骨样本。然后我们在古人类DNA超净实验室提取DNA,先去除表面杂质,用次氯酸清洗去除表面污染,再用紫外灯照射清理微生物或来自我们现代人的DNA污染;接下来有两种方法取骨粉,一是直接用非常小的电钻在牙齿上钻孔,用粉末提取DNA,二是把牙齿或小块骨头置入零下80度的液氮脆化成骨粉,粉末状是增大后续化学反应接触的面积;下一步我们用化学试剂裂解细胞,释放其中的DNA,用二氧化硅为主要成分的硅胶把DNA吸附出来后再用盐溶液清洗下来,这就是我们提取古人类DNA的全过程。提取完成后对DNA进行检测,首先需要在DNA两头加上类似于标签一样的短序列,识别真正的古DNA,再经过聚合酶链式反应(PCR)来扩增,通过指数增长将一个DNA片段扩增成上千万甚至几亿个DNA片段,以便于我们下一步通过仪器来定量分析。同时,我们也会结合碳14测年测定样本绝对年代,并根据考古遗址的文化特征判定所属考古学文化,如仰韶文化、龙山文化等。综合起来我们就可以把距今有几千年到上万年的祖先用DNA重构出来。

徐:所以你这个是很专业了,简单的科普了一下,不然别人一般不了解你怎么提取古DNA的。

王:是的,谢谢徐教授提到这个问题。

徐:现在我们国家提倡亚洲文明的对话,亚洲文明对话中的一个重要组成是中华文明。原来的夏商周断代工程主要是从天文历法、文献等材料去研究,通过分子人类学的手段对夏商周文化,即中华文明的起源有什么认识吗?

王:我们的研究首先需要依托考古学材料,关于夏文化,如果我们能把二里头等一些被认为可能和夏有关的考古遗址样本DNA成功提取并测序,就能够从遗传学上研究考古学上被归为夏文化遗址的人群有没有一些自己的代表性特征。即我们可以通过遗传学手段重构彼时的族群,并通过数据整合分析其对现代各族群,包括汉族的遗传贡献率,或许可以一定程度上印证考古学的发现和研究。关于商文化,我们实验室现在有一批殷墟遗址出土的古人类样本,后续提取和测序工作也正在准备之中,希望能顺利完成工作来探究商人的遗传结构。下一步我们也会与更多的考古部门和科研机构密切合作,能够在更多的考古遗址取样,然后把做出来的数据像拼图一样拼起来,把整个的东亚地区,尤其是涉及中华文明起源的关键部分重点研究。现在全国都有大规模的基建考古,如果不及时跟进可能会造成考古样本的流失,所以说我们是在和时间赛跑。同时也希望通过徐老师让更多的文化人类学、民族学、历史学和考古学的专家学者更多地了解我们在做的工作,更多地给我们一些合作和交流的机会。

徐:在距今3万年以前,现代人走出非洲在向东亚迁徙时分成两支人群,一支由缅甸进入云南,另一支从越南进入中国华南地区,中国和东南亚地区的人群关系从分子生物学上能看到什么证据?以及分子生物学怎么解释现在东南亚地区一个山头一个族群,一个海岛一个族群的现象?

王:首先,我们和东南亚的关系。在第一个阶段,如您所说,几万年前我们由非洲走出,沿海岸线进入东亚和东南亚,由于东南亚多山多海岛的地形造成了地理隔离,导致了人群在文化和基因上分化。进入新石器时代后人群伴随着农业扩张,由中国长江中下游地区的早期水稻农业中心向东南亚扩张,并且中国南北方的农业人群还有一条经过福建、台湾向东南亚扩张的路径,是早期南岛语人群由大陆向东南亚的扩张模式。因此我们从东南亚现代各族群中都可以追溯到大量来自于东亚大陆史前人群的DNA类型。而人群在由东亚大陆到东南亚的北向南扩散过程中,南方的族群也贡献了DNA,其实是

一个南北方交流融合的过程。

徐:正如你所说,历史时期中国东南的吴越也在向北发展,但闽越在汉代时被北方华夏汉族移民替换了。我跟李辉合作的岭南民族源流研究,他当时是从民族的基因去分析,而你现在从从古到今来推演来研究,正好就是能够更具体回答我想了解的内容了。我很希望通过你的研究,在李辉老师的基础上进一步的发展和细化,把东亚族群的迁徙与民族学研究结合起来。

王:谢谢徐教授对我们的期待,我们一步步做好。

徐:你的研究非常重要,一定要申报国家的重大课题,没有重大课题的话是难以支持完成的。你要利用国家重大课题或者重大项目的申请立项,你才能够把这些考古的有关部门拉进你的轨道,你才能够建立更加强大、更加设备齐全的实验室。现在的小空间太憋屈啦!你要学会推销自己,因为你讲具体的技术很滔滔不绝,但在这个研究意义上还需要升华,你要用通俗的语言让人家接受你,让人家听得懂。这点很重要,你就是写给社会科学这方面的申请书,你也要用这样的语言来写。那些评委才看得懂。

王:谢谢徐教授的点拨,徐老师您的勾画的愿景是非常好,我们也希望能得到更多的经费支持。我们现在只是处在一个起步阶段,包括实验室空间、经费的争取都是在一个起步阶段,我们一点一点去积累成果。

徐:为什么我要建议你,是因为我们现在中央的意图已经非常清楚了,我们是亚洲文明对话,对不对?亚洲文明对话当中最重要的问题是中华文明,中华文明的开天辟地是怎么回事?要把这个东西说清楚,你才讲得响。我们一起来帮你呼吁,让学界更多的人认识和了解到古人DNA的重要性,对理清中华文明的重要性。

王:谢谢徐教授的指导和支持。

徐:你现在到厦大来很好!好在张先清、邓晓华他们看中了你的人才,我觉得他们是很有眼光的。你要高屋建瓴拿一个大的项目,我就觉得你要把目标对准,你要站得高一点,看得远一点,胆子要大一点,要细化一点。

王:谢谢徐教授的建议。

徐:我听了你的介绍,我觉得非常有意义,非常有价值。我昨天来厦大,我就想今天下午可能没有活动,他们叫我做什么我都不去了,我就是想跟你再聊一聊,说不定就是从你的分子人类学的古人的研究,你就能够破译中华民族开天辟地的大事件。好,也谢谢你接受我的采访,那今天我们就谈到这里。

王:谢谢徐教授!

(录音整理:郭健新)

【责任编辑:黄玲】