

大辞海

生命科学卷

总论 人类学

435 页

近代人类学 是生物人类学的早期阶段。开始于 18 世纪。通过对少量体质特征、生理特性、遗传指标等的研究，运用简单的统计方法，分析人类的起源和演化。其学科理论并不成熟，工具解析度低，对相关人类学问题作出的回答也往往比较粗略，目前看来错误较多，已经被现代人类学取代。

现代人类学 生物人类学的近期发展阶段。开始于 20 世纪 80 年代。通过对大量的体质生理特征，特别是 DNA 分子标记的研究，运用严格的计算生物学方法，解析人类学的各种问题。是在现代分子生物学技术的支持下形成的，并且发展了相对完善的学科理论，对不同人类学问题采用针对性的研究材料和方法，故而有较高的解析度。在现代人类学领域内，生物人类学与文化人类学的各个分支领域开始全面的学科交叉和融合，是人类学的又一次繁荣发展阶段。

人类生物学 研究人类及相近灵长类动物的所有生物学特征及其演变规律的科学。包括行为、形态、生理、生化特性以及遗传基因等生物学特征。其分支学科包括灵长类学、古人类学、人类解剖学、人体测量学、人类生理学、人类遗传学、人类生态学、人类群体病理学、人类行为心理学等等。与生物人类学的概念不同，后者是通过生物学特征研究人类群体的起源和分化过程的学科。

445 页

多地区进化假说 世界各地的现代人分别起源于各地的更原始人种的一种假说，与“走出非洲假说”对称。核心内容是现代的蒙古人种和澳大利亚人种是东亚和东南亚地区更早的直立人进化形成的。证据来自于少量的直立人化石测量数据，故而支持者甚少。但最近基因组人类学的研究发现，东亚直立人可能对澳大利亚人种的形成有少量贡献。

分子人类学 通过计算生物学方法分析 DNA 分子上的多样性标记以解析人类学的各种问题的学科。主要通过分析母系的线粒体和父系的 Y 染色体 DNA 解析人群起源、迁徙和演化问题，以及通过分析常染色体上的基因标签解析人群历史上受到的自然选择和人体形态的形成。

非洲夏娃理论 一种关于现代人母系起源的假说。通过分析母系遗传的线粒体 DNA 在全世界人群中的多样性分布，建立了线粒体 DNA 起源于非洲人群的谱系树，故而推断现代人类的母系起源于非洲。由于线粒体为母系遗传，这一假说被称为“非洲夏娃假说”。根据线粒体 DNA 的分子钟，现代人类的最近共同母系祖先可以追溯到约 20 万年前非洲的一位女性，而非非洲之外的人群的共同母系祖先是 10 多万年前走出非洲的。

走出非洲假说 人类起源于非洲的一种学说，与“多地区进化假说”对称。人属物种有多次走出非洲事件，“走出非洲假说”特指现代人（即晚期智人）于大约 5 万~10 万年前走出非洲，到达世界其他地区，替代各个地区原有的更原始的人类物种。最早由分子人类学领域通过研究线粒体 DNA 而建立，并且得到了包括各种 DNA 标记和体质特征研究的证据支持。

古 DNA 古代生物样本中保存的 DNA 成分。一般保存于动物骨骼以及在干旱、冰冻、琥珀包埋等条件下保存的动物尸体中。由于生物死亡以后 DNA 开始自然降解，DNA 分子渐渐断裂、破碎、变异，对古 DNA 分子的检测难度很大，往往需要严格的实验控制和高精度的检测技术，故而形成了专门的研究领域。目前能够检测的古 DNA 样本往往是 5 万年之内的。

446 页

线粒体 DNA 谱系 利用人类线粒体 DNA 纯母系遗传的特性构建可靠的母系谱系进化树。其中，根部是非洲的 L0、L1、L5 型，从 L1 往非洲北部演化出 L2、L3 型，L3 型演化出 M 和 N 型两个分支走出非洲。非洲之外的各种线粒体 DNA 型都由 M 和 N 两支演化而成。欧洲有 H、J、K、T、U、V、X、I、W，东亚有 A、B、C、D、F、G、Y 和 M、N 下其他分支，澳洲有 M、N 下其他分支，美洲有 A、B、C、D。

Y 染色体 DNA 谱系 利用人类 Y 染色体主干 DNA 的纯父系遗传特性构建可靠的父系谱系进化树。其中，根部是非洲南部的 A 型和 B 型，有 D、E 和 C、F 两个分支走出非洲。其中 D 型到了西藏、日本和安达曼；E 型回到了非洲成为非洲最大类群；C 型到了澳洲、新几内亚、北亚和东亚；F 型之下又分化成了 G-T 各型，成为非洲之外的主体类群。其中 J、G、T 型集中于西亚，H、L 型集中于南亚，I 型集中于欧洲，R 型集中于中亚到欧洲，O 型集中于东亚，N 型集中于东亚、北亚和北欧，S、M、K 型集中于大洋洲，P 型发现于东亚，Q 型集中于北亚和美洲。

非洲亚当假说 一种关于现代人父系起源的假说。通过分析父系遗传的 Y 染色体 DNA 在全世界人群中的多样性分布，建立了 Y 染色体 DNA 起源于非洲人群的谱系树，故而推断现代人类的父系起源于非洲。由于 Y 染色体是父系遗传的，这一假说被称为“非洲亚当假说”。根据 Y 染色体 DNA 的分子钟，现代人类的最近共同父系祖先可以追溯到约 14 万年前非洲的一位男性，而非洲之外的人群的共同父系祖先是大约 6 多万年前走出非洲的。

基因组人类学 分子人类学的分支学科。随着基因组检测和分析技术的发展，对人类基因组检测的精度大幅提高，而成本大幅降低，可以通过分析人群全基因组的海量多样性标记信息，研究人类起源、迁徙和演化的相关问题。

搭车效应 具有生存优势、即受到正向自然选择作用的特定等位基因会在群体中渐渐变多，而在基因组中与其相邻的连锁 DNA 标记也会随之增加频率的现象。是检测基因组中正向自然选择作用信号的基本原理。

人类微进化 现代人类从非洲起源之后扩散到全世界的过程中形成不同体质和遗传特征的人种和群体的过程，也包括各种基因的多样性在不同环境作用下形成群体特异性分布的过程。在人类历史和现代社会中都持续进行，并对人类生活影响巨大。