## 2016 年中国人类学学会学术年会

#### The Annual Meeting Of Chinese Anthropology Scoiety



# 李 辉

博士,博士生导师 复旦大学生命科学院 教授 亚洲(澳门)人文与自然研究院 副院长台湾发展研究院亚洲古文明研究所 副所长

Email: LHCA@fudan.edu.cn

## 简介(Biography):

中国人类学民族学研究会理事,中国人类学学会理事,首届国家优秀青年基金获得者,上海市青年科技启明星,多个国际学术期刊编委。主要研究分子人类学,探索东亚人群起源、进化、适应,以及文明肇始和发展的遗传学效应,曾经研究过曹操家族基因等课题。在 Science、Nature 等期刊发表论文百多篇。出版《Y 染色体与东亚族群演化》(上海图书奖一等奖)、《来自猩猩的你》、《偒傣话——世界上元音最多的语言》、《复旦校园植物图志》等科技著作,《岭南民族源流史》等史学著作,《道德经古本合订》等哲学著作,翻译过《夏娃的七个女儿》(科学时报读书杯佳作奖)、《我的美丽基因组》(2016 第一批全国教师暑期阅读推荐书目)等科学名著,有诗集《自由而无用的灵魂》、《皎皎明月光》等。在复旦大学开设的人类学课程广受欢迎,获得上海市教学成果一等奖。

## 科研方向(Research Interests):

分子人类学,包括人类群体的遗传多样化、基因环境和疾病的协同进化、人体形态特征 的基因关联等。

历史人类学,通过分子人类学与历史学考古学交叉研究分析中华民族的形成过程。 语言人类学,用计算生物学的方法研究人类语言特征的多样化过程及与人群迁徙的关系。

法医人类学,通过人类精细遗传谱系进行个体的时空定位,追踪检材线索。

## 代表性成果(Selected Publications):

- 1. Wen SQ, Tong XZ, Li H (2016) Y-chromosome based genetic pattern in East Asia affected by Neolithic transition. Quaternary International, in press. 东亚地区新石器时代转型形成 Y 染色体遗传结构.
- 2. Wang C, Li H (2013) Inferring Human History in East Asia from Y Chromosomes. Investigative Genetics, 4:11. 通过 Y 染色体研究推测东亚人类历史.

### 2016 年中国人类学学会学术年会

#### The Annual Meeting Of Chinese Anthropology Scoiety

- 3. Wang C, Ding Q, Tao H, Li H\* (2012) Comment on Phonemic diversity supports a serial founder effect model of language expansion from Africa. SCIENCE, 335: 657c. 反驳语音多样性支持语言从非洲扩张的系列奠基者效应.
- 4. Wang C, ..., Li H\* (2012) Present Y chromosomes reveal the ancestry of Emperor Cao Cao of 1,800 years ago. J Hum Genet, in press. 现代 Y 染色体揭示 1800 年前的魏武帝曹操的身世.
- 5. Cai X, ..., Li H\*: the Genographic consortium (2011) Human Migration through Bottlenecks from Southeast Asia into East Asia during Last Glacial Maximum Revealed by Y Chromosomes. PLoS ONE, 6(8): e24282. 末次盛冰期人类通过瓶颈从东南亚进入东亚的 Y 染色体证据.
- 6. Li H, et al. (2011) Diversification of the ADH1B gene during expansion of modern humans. Ann Hum Genet, 75(4):497-507. 现代人扩张过程中发生的 ADH1B 基因的 多样化.

# 从Y染色体谱系推测中华文明初期的族群互动

对于中华文明起源的研究,一直以来属于考古学和历史学两个学科领域。历史学 研究文献记载,对于中华文明起源时期的三皇五帝的记载却莫辨真伪。考古学研究出 土材料,对于城址、器物等文明鉴定标准也是莫衷一是。而遗传学的谱系追踪成为研 究文明起源的第三个窗口。Y 染色体谱系构建可以复原父系的历史渊源,从而为现存 的男性找到必然存在过的共同祖先。在 Y 染色体的谱系中,每一个节点都是真实的个 体,而他们的子孙分支数量差异也体现了其社会等级地位。有大量后代并迅速在群体 中扩张的祖先个体必然是群体领袖。将遗传谱系与考古变迁、历史文献相结合,可以 揭示出中华文明起源与发展的基本图景。中国谱系中最早迅速扩张的父系祖先 Y 染色 体是 O3-F11,时间大约 6800 年前,其后代约占目前中国男性的 1/5。从多样性分布上 看,起源于湖南,下游分支主要扩张到山东与河北。这与考古发现中湖南高庙文化 6800 年前建立中国最早的城头山古城,并派生出山东大汶口文化的现象是一致的。也与古 史传说中太昊-少昊氏传承、以及南蛮-东夷同源关系一致。第二个扩张的世系是 O3-F46, 年代为 6500 年前,是仰韶文化进入巅峰的时期,出现了河南濮阳西水坡大墓。第三 个是 O3-M117,5400 年前,红山文化进入巅峰的时期,辽宁建平牛河梁开始建金字 塔陵墓群。这两个世系可能与炎黄部族的历史有关。特别是 5300 年前的 O3-M117 世 系在全国的扩张,结合当时河南庙底沟文化、湖北屈家岭文化、安徽凌家滩文化、江 浙良渚文化、甘青马家窑文化的兴起,明显看到红山文化扩张的影子,这可能与涿鹿 之战后黄帝成为天下共主有关。遗传谱系的精确构建,为早期历史研究提供了一个新 的可信脉络,是历史人类学籍以重建历史的新基础。