

# 分子人类学的视野:广西世居民族源流新论\*

徐杰舜<sup>1</sup>,李辉<sup>2</sup>

(1.广西民族大学 民族学与社会学学院,广西 南宁 530006;

2.复旦大学 生命科学学院,上海 200438)

[摘要] 在分子人类学的视野中,广西世居民族源流的文化发现,一是历史文献与基因分析的相互印证;二是壮侗语族的核心并不是壮族;三是仡佬族比壮族更古老;四是壮族的发展是从东向西,不是南壮北壮的分层;五是百越与苗蛮似乎是同源的。

[关键词] 广西世居民族;分子人类学;基因分析;民族源流;文化发现

[中图分类号] G95;Q98 [文献标识码] A [文章编号] 1002-5227(2017)04-0029-08

对于广西世居民族源流的研究,人们长期局限于文献,后又加上考古,有的还加上民俗文化,虽历经百年,这个问题在学术领域仍然没有形成一致的观点。近年来,从分子人类学的角度分析民族源流,取得了显著的成效,这将可能使广西世居民族源流史的研究柳暗花明又一村。

## 一、基因分析:分子人类学与民族学牵手的纽带

分子人类学的崛起,给民族历史学家们打开了探究民族源流的第三个新窗口。

分子人类学的研究成果表明:现居于地球上的人类均源自非洲,这一论点,虽偶有争论,但基本上已成为遗传学家和人类学家们的共识。

现代人类约于6万年前走出非洲后,因遥远、险阻的地理隔离和迥异的气候,分化成多个地理种<sup>①</sup>;后又因社会习俗和文化隔绝,分化为众多的族群。这些族群或者以相同的历史聚在一起,或

者以相同的语言和文化聚在一起,或者以相似的地域环境简单的认同为同一群体。鉴于此,通常都会依据语言、文化、体质特点、地理位置等作为分类标准。这种群体分类方法简单、明了。然而,这种简单的群体归类方法多少都带有一定的主观色彩,如果再加上一些人为因素或政治因素的介入,群体的定义就会越来越不精准,致使很多群体的生物学起源、迁徙等问题变得愈加模糊,这无疑给人类学、群体遗传学等学科的研究和发展带来一定的制约甚至误导,因为群体是遗传学研究的基础单位,唯有明确了群体的概念,才能够真正以遗传学角度对该课题开展研究,但很难知道基于这些标准的分类在遗传学上是否合理。

相对于语言人类学和历史人类学来说,分子人类学可能对了解群体的起源及其与周围人群的关系会相对精准和科学得多。因为语言会随着人们对自然界认知的提高而不断丰富,并可能受周围群体外来语言的影响而不断变化,历史也往往只记载强势群体的历史,因此,完全依照文化、语

[收稿日期] 2017-05-15

\* [基金项目] 2005年国家社科基金一般项目“岭南民族源流史”(05XMZ015)

[作者简介] 徐杰舜(1943—),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,研究方向:民族学、人类学;李辉(1978—),男,复旦大学生命科学学院现代人类学教育部重点实验室教授,研究方向:分子人类学。

[引用格式] 徐杰舜,李辉.分子人类学的视野:广西世居民族源流新论[J].广西师范学院学报(哲学社会科学版),2017,38(4):29-36.

① 同一种生物以地区不同所产生的形态差异为区别时,称之为地理种。地理种的形成原因一般认为是地理的隔离。

言等方面的资料确定的族群,虽然在族群文化、语言特性等方面上拥有很多共同点,但在遗传学的角度上分析,两者并非属于同一个群体。

相对而言,人类的遗传物质(脱氧核糖核酸, DNA)则稳定得多。DNA是生物遗传信息的载体,生物物种的特性和物种发展的进化过程都是由遗传物质DNA决定的。尽管DNA也会受环境的变化发生一定程度的变异,但其变异是遵循一定速度和规律的,反而变成了一种遗传的时间和距离标尺。近年来,海量的分子遗传学数据表明,虽然整个人类基因组由数目庞大的碱基对(约30亿)组成,各个民族、群体、个体的基因在大多数区域内是一致的,只是在某些区域内存在差异性,这些不同的区域则被称为人类基因多样性区域,是由于环境的作用选择性保留DNA的变异所致,包括碱基的缺失、插入和置换等。多态(polymorphism)即为DNA序列中某特定位点的变异频率超过1%,不超过1%的则为突变。单倍型(haplotype)指的是有关联的邻近突变形成的组合结构,单倍群(haplogroup)指的是相关联的多种单倍型组成的类群。这些有规律可循的变异或多态可以较为忠实地记录人类起源、进化、迁徙、融合等事件,因此,分析DNA的多态可了解群体的起源及其与周围群体的交流和融合过程。

广西地区山势险峻、地形复杂、交通不便,各群体间往往由于语言不通、习俗迥异等因素,长期缺乏必要的社会沟通和遗传交流,形成一些相对隔绝和孤立的群体,加上广西地区各世居民族大多仅有语言、没有普遍通用的文字,又极少接受汉语教育,其族群的起源、迁徙等历史多为口头传承,对他们的历史记载是汉人到来之后并以汉人的眼光开始的,难免发生信息丢失、错漏和残缺。另外,某些世居民族因语言上的同化及民族心理认同感的偏差,已很难了解这些族群的发生、发展及融合过程。因此,单纯依靠语言和有限的历史资料进行民族群体的确认已显不足,致使一些群体的文化人类学研究及疾病的群体遗传学研究结果备受质疑,严重阻碍了广西世居民族源流问题研究的进展。

分子人类学的崛起,为错综复杂的广西世居民族的生物学甄别以及对他们的起源、迁徙和融合过程的研究带来了契机。可见,基因分析成了分子人类学与民族学牵手的纽带,其不仅有助于对广西世居民族的遗传多态开展研究,还有利于进一步分析东亚人群的起源与迁移路线。

## 二、分子人类学的视野： 广西世居民族源流的文化发现

人的本质在于文化,而文化是需要表达的,表达则需要发现。所以凡有人类学意义的发现都是文化发现<sup>[1]</sup>。分子人类学的视野,给人们打开了探究民族源流的新窗口,使我们在广西世居民族源流的研究上有印证、颠覆和新意三个方面的文化发现。

### (一)吻合:历史文献与基因分析的相互印证

在分子人类学的视野中,首先使我们感到惊讶的是历史文献与基因分析的吻合。

历史文献的记载,壮族的来源可以追述到2000多年前,百越族群集团中“骆越”和“西瓯”这两支族群的后裔。对此,从分子人类学的基因分析也得到了印证。

为了研究广西壮族内部遗传的结构,分子人类学者们通过收集来自广西壮族8个支系的DNA,并对其父系遗传的Y染色体上的9对双等位位点和6个短串联重复微点进行多态分析,也就是所谓的SNP-STR法。并对采集来的DNA进行母系遗传的线粒体高变区测序。明确其两系的单倍群之后,再对8个支系的单倍群频率以及血统主成分、散布结构等开展研究,并通过基因比率来研讨不同分支之间的遗传交融对比,从而对民族语言的演变、民族历史的追溯与当代壮族分支的构成提供良好的科学基础。结果如下:

壮族Y染色体单倍群分布集中在O\*、O1、O2a、O3等东亚人群最为常见的单倍群上,其中,壮族各个支系中数量最多的是单倍群O\*型,其次是O2a及O1次之,在这点上和东亚南方人群的Y染色体单倍型频率分布特点是相同的,从中可知壮族人群属于东亚南方群体的一员。而与之相对的东亚北方人群的Y染色体单倍群O3、O3e、O3e1也存在于壮族群体中,表明壮族与东亚北部人群具有较为频繁的基因交流<sup>[2]85</sup>。

为了更好地梳理广西壮族各个分支的生物学联系,李辉曾经研究壮族各个分支中单倍群的散布图,并得到如下结果:壮族分支虽多,但都是以红水河地区作为主要支点地区,并以之作为堡垒,向古邕州南北两部以及桂林北部不断迁徙演变,并最终在左江、右江以及云桂边界成为迁徙距离最远的壮族分支。换言之,壮族本身的分支蔓延

在地理上是自东向西的,而不是按照南北壮话的差异来进行分类。当然,在桂东北地区的壮族五色人之所以与桂西南的壮族在血统构成上的极度相似,也有可能是来源于独立的迁徙行为<sup>[2]293</sup>。

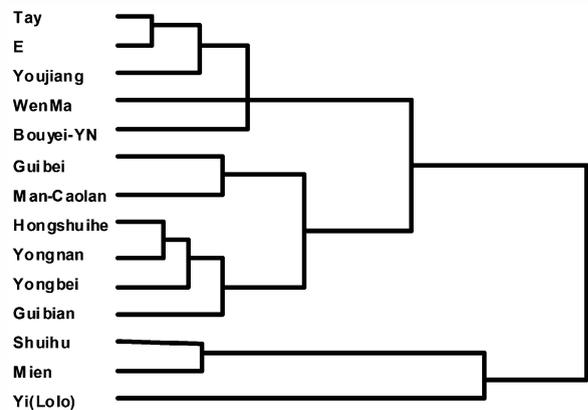


图1 壮族各支系的Y-SNP聚类分析

Tay(岱)、E(五色)、Youjiang(右江)、WenMa(文马)、Bouyei-YN(云南布依)、GuiBei(桂北)、Man-Caolan(高栏)、Hongshuihe(红水河)、Yongnan(邕南)、Yongbei(邕北)、Guibian(桂边)、Shuihu(水户)、Mien(瑶族)、Yi(Lolo)(彝族)。其中瑶族(Mien)和彝族(Yi)为外群<sup>[2]293</sup>。

此外,广西壮族各支系人群 mtDNA 单倍群频率分布,在 213 个样本中,有 17 个单倍群,其中最多的单倍群是 B/F/M7 等,这也和东南亚人群的线粒体 DNA 组成是完全相同的<sup>①</sup>,也显示广西壮族属于东亚南方人群,结果与 Y 染色体单倍型的数据是相同的。姚永刚等的群体研究结果也显示,壮族、傣族、广西汉族之间存在密切的关系<sup>[2]293</sup>。

由此可见,分子人类学的结果和其他学者的资料仍然证明,壮族应该是百越族群集团中“骆”和“瓯”这两支族群的后裔。这也和早年间的史籍资料、文化人类学的学术成果相契合。

壮族的族源得到印证,广西另一个大族群集团——苗瑶的族源也得到了印证。苗瑶之源流,目前学术界公认的看法是:苗瑶语族中的苗、瑶、畚这几个民族都拥有同一个源流,在族属上与“九黎”“三苗”“南蛮”有着紧密的联系。对此,分子人类学的基因分析,提供了新的证据。对此,对瑶族研究造詣很深的张有隽先生,在人们还在历史文献中寻找瑶族族源的答案之时,他于 2000 年把眼光转向了刚兴起的分子人类学,与复旦大学现代人类学研究中心的金力、李辉、文波等人合作,在广西、广东、湖南、云南等地区进行了大规模瑶族人群 DNA 抽样调查,对这些样品进行了最适合

于研究东亚人群的 13 个 Y-SNP 遗传标记基因分型。文波等人撰写的对瑶族的基因分析,取得了重大的突破。张有隽先生根据分子人类学的材料,对苗瑶族群的起源和迁徙作了假想,他说:苗族、瑶族以及汉族、藏缅族群的父系血统关系比较相像,南北族群融合的情况非常突出。通过对苗瑶族群最突出的 O3-M7 单倍群分析,可以判断这个族群的分化起码是在 1.7 到 1 万年前就开始了。所以在将这一信息比对考古学、历史学的研究成果之后,可以认为苗瑶族群的发展历程是:“汉藏—苗瑶”群体在 1.7 到 1 万年前便从最初的族群中分离成为一个独立的族群。到了 8 000 年前,江汉平原一带的苗瑶民众创造了最早稻作的高庙文化。随后,苗瑶族群逐渐开始北向迁徙发展,和黄河流域的各类文化交流、融合,很可能也参与了黄帝与蚩尤之间的战争,并随后在战乱影响下不断往西南迁徙,而向北迁徙的也就是当代苗族的群众<sup>[3]58</sup>。

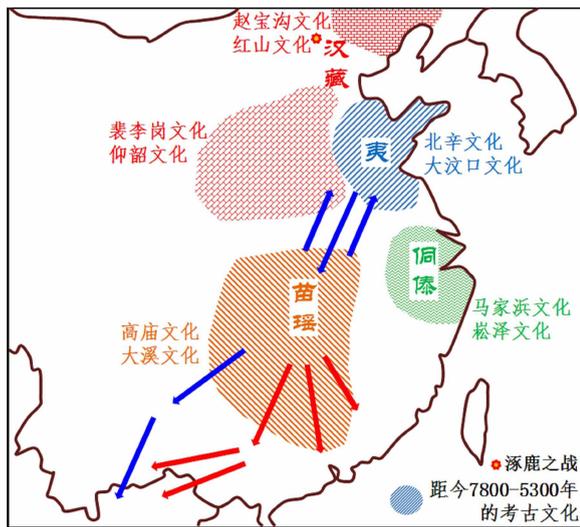


图2 苗瑶族群起源和迁徙路线假想图<sup>[3]58</sup>

注:虚线和实线分别表示苗族和瑶族(先民)的迁徙路线

具体而言,苗族从 1.7 万年前的上古时期开始发源,得益于彭头山文化、高庙文化的稻作而壮大成型,经历了三皇时期的“三苗”“九黎”,再到五帝时期的“有苗”等,以至春秋战国时期的“南蛮”以及汉朝与魏晋时期的“武陵蛮”,最终演变成了唐代的苗族。瑶族与苗族的族群发展经历大致相同,从 1.7 万年前的传说与创世的英雄神话中可

① 高路,董永丽,郝肇菁等:《云南 16 个少数民族群体的线粒体 DNA 多态性研究》,《遗传学报》,2005;李永念,左丽,文波等:《中国布依族人的起源及迁移初探——来自 Y 染色体和线粒体的线索》,《遗传学报》,2002。

以反推,瑶族的远古先祖盘瓠就是属于九黎一族的,最终也成为了武陵蛮、五溪蛮一员。由此可见,在分子人类学的视野中,也证实了苗、瑶以及畲族的同源关系。

## (二) 颠覆:壮侗语族的核心并不是壮族

广西世居民族中,壮侗语族诸族是广西最重要的一个民族集团。在普通学者的眼中,壮族先民们一般被称之为瓯邓、桂国、损子、产里、百濮、九菌<sup>①</sup>等,骆越与西瓯都属于壮族先民,这是因为壮族在文化上属于壮侗语族,学者们的定位也是文化上的。但如果从生物学角度上来看,壮侗语族应该是源于黎族(属于卡岱语族),因为在分子人类学的分析活动当中,Y染色体O1单倍群是壮侗的主流,而黎族具有最古老的O1单倍群,有近两万年分化历史,这一族群特征远远久于壮族先祖<sup>[2]267</sup>。该发现也确实超出了民族学界与历史学界早前的判断。因黎族不是广西的世居民族,在此姑且不论。

对广西世居民族来说,从分子人类学基因分析理论上,壮族既不是最古老民族,也不是壮族与侗族的核心民族。

那么,壮侗语族的核心民族是谁呢?在分子人类学的视野中,壮侗语族的核心民族是侗族和水族,这是很具颠覆性的。

对侗族的分子人类学研究,首先是证实了侗族与百越的源流关系。分子人类学学者在网络结构中发现8个侗水和东部沿海人群的连接结构,其中一个是两个族群的共享单倍型。由此可见,侗族与东部沿海古代越族之间的相互关系是相当密切的。除此以外,分子人类学对侗族基因的分析,还有两点使人惊喜:

### 一是证明了侗族从梧州迁来绝不是无稽之谈,而是有根据的。

侗族古歌传说自己来源于东南方,语言学的研究也认为他们起源于珠江的下游的沿海地带<sup>[4]</sup>,后来在政治压力下向西北方向迁徙。结合分子人类学的研究,可以大致推测,侗族在向西北方向迁徙过程中,首先有部分人走散了,来到雷州半岛和海南岛成为临高人。在广东西北部又留下了一部分人,成为标人。到了湘桂黔交界处,定居下来以后。还就是说侗族古歌的说侗族来源于梧州正是历史记忆的一种沉淀。

### 二是揭示了侗族长期处于地理意义上的中心,又是生物学层面的中心,所以不难判断这是岭南各民族形成的中心。

在对侗族的分子人类学研究中,值得关注的是侗水族群总体的O1单倍群年龄是8000多年,这与台湾少数民族和东部越人群体中的O1年龄相当,而侗水族群的发源地都指向东南方向的沿海地区。这三个族群很有可能是同一时期内分化形成的。从基因分析中,我们发现,台湾少数民族的各个单倍型中,有10个是与大陆族群共享的。其中有5个与东部越人共享,3个与侗水族群共享,还有2个与黎族共享。此外还有3个侗水族群和台湾少数民族相连的结构,4个东部越人和台湾相连的结构。这说明,台湾少数民族与大陆东部越人的关系最为密切,其次是侗水群体,以及海南岛黎族。

那么侗水和东部越人的关系如何呢?分子人类学学者在网络结构中发现8个侗水和东部越人的连接结构,其中一个是两个族群的共享单倍型。由此可见,侗水族群、东部越人和台湾少数民族之间的相互关系是相当密切的。实际上,统计这个网络结构中的关系,我们可以发现,侗水群体几乎和任何一个类群都有连接,远远超过其他族群的联系复杂程度,可见侗水族群为岭南族群起源中心的可能性相当之大。

据相关材料显示,岭南族群起源中线并非侗水,黎族才最接近中心,但是侗水在发展过程中,不断地与其他族群发生着关系,应该是处于岭南人群分布上的中心位置上。也就是说,在壮侗语族人群发育的过程中,侗水族群长期的处于地理上的中心位置,并且是遗传结构上的中心位置。这样,他才有机会和其他族群都发生交流。从地理上看,这个中心位置应该就在广东的东部和福建的南部,这个地区东接台湾,北连江浙古越人,南临黎族,西靠仡佬,西南方向还有马来族群的出发地。这个地区也同语言学推测的发源地基本吻合。

所以我们基本可以相信,侗水族群的发源地在厦汕一带的沿海地区。侗水族群长期以来是岭南人群分化过程中的核心成分。如果把黎族看作岭南人群的“根”,马来和仡佬就是“侧枝”,而侗水则是南岛—侗傣族群的“主干”。“壮傣”族群则是较晚时间从侗水中分化形成的另一主干。

分子人类学的这个研究成果一下子把侗族推到了壮侗语族族群最古老的位置,而让人们刮目相看<sup>[2]323-324</sup>!

① 出自《逸周书·王会解》。

### (三)比较:仡佬族比壮族更古老

仡佬族在广西世居民族中人口少且地处边缘,但比较起族群起源的历史,分子人类学的研究发现仡佬族比壮族更古老。

在分子人类学的研究中,卡岱语族是澳泰语系(南岛语系—侗傣语系)的四个语族(壮侗、卡岱、台湾、马来)之一,所以现代卡岱语族的民族被认为是百越民族的一部分,更有研究认为其中的仡央语支可能是古代的夜郎族群的直接后裔<sup>[5]217-228</sup>。广西那坡县的仡央语群体至今还自称“夜郎”。语言学上认为,他们的语言与同语族的黎语支和壮侗语族的侗水语支最为相近。

在分析卡岱族群的起源之前,必须先了解一点海南的村人<sup>①</sup>。村人对于整个仡央语支人群来说,是孤悬海外的一个群体,距离仡央的主体很遥远。但是,正因为如此,如果他们在语言上真的同仡央语支的其他语种最相似,他们最没有可能是被夜郎同化的结果,因为在近期的历史上他们几乎没有机会接触夜郎文化。分子人类学学者发现,在网络结构中,村人有11种单倍型,其中有4种是与海南的黎语支加茂人相连的,6种与仡央语支的仡佬族相连,还有一种是与仡佬族共享的。如果说村人同海南民族的联系最可能是由于交流产生的,那么他们同仡佬族发生联系则不可能是同样的原因,因为他们位于海南岛上,不可能接触到仡佬族。所以,证据揭示村人非常有可能就是仡央类群中的一个分支。

另外,值得注意的是,与村人联系最多的不是仡央语支央标语群的群体,而是红水河边的青仡佬。这就与广西的仡佬族有密切的关系,也就是说,广西隆林的青仡佬应该是处于仡佬族逆江而上到达的第一站,所以他与村人的联系可以看作是仡央人群起源上的结构。在这个背景下,我们再来看仡佬族的起源,他们应该是来源于红水河下游,某一个与村人分道扬镳的地方。很可能是在广西的东部。仡央语支是卡岱语族的一部分,与黎语支同属一个语族,但是他们的联系几乎没有。那么,仡佬人到底同谁最相似呢?我们还是要回到遗传网络结构中去寻找。我们很惊奇地发现,与仡央单倍型联系最多的是侗水的单倍型,总共发现有16个连接。可见,仡央语言不仅仅与黎语支有相似之处,与侗水语支也有大量的相似处。在这里,我们发现了遗传上的印证。侗水语支与壮傣语支组成壮侗语族,这样看来,壮侗和卡岱两个语族之间的关系决不是简单的两分。卡岱语族

被称为侗傣语系的外围,所以非常有可能是海南的黎语支和贵州的仡央语支保留着侗傣语系的原始形式,而处于中部的壮侗语族却在其他的因素影响下发生了变化,比如在与中原文化互动中被一定程度上汉化<sup>[5]217-228</sup>。所以,虽然实质上仡央的起源与侗水最为接近,文化面貌却有所不同了。

我们继续观察仡央单倍型在网络结构中的分布,发现他们的分布范围很广,从网络的中央到边缘都有,可能是分布最宽的一个类群。这体现出这个族群的古老,所以积累了大量的突变。年代的估算也印证了这一点,01单倍群的整体起源年代超过一万年<sup>[2]436</sup>,超过侗水和壮傣,虽然在黎语支的年代值之下。可见这个族群的历史是非常古老的,他们向西北迁徙的历史也非常长久。相比之下,后起的壮族是不可比拟的。

### (四)改变:壮族的发展是从东向西,不是南壮北壮的演进

分子人类学的基因分析不仅颠覆了壮族在壮侗语族族群集团的核心印象和古老历史,也改变了南壮北壮的演进。

虽然近年来广西考古学者逐渐发现了一些古壮语文字的痕迹,但由于样本太少,不成体系,所以很多年来学界的共识是壮族只能通过汉族文字来实现书面交流,因此壮族本身的发展与分流、迁徙轨迹很难通过文献找到答案,只是凭借言语上的区别将壮族在区分为壮族北部方言组和南部方言组。

但是,在分子人类学的研究中,研究结果表明南部壮族群众与北部的壮族群众在遗传形态上十分近似,不管是在主成分分析还是分子方差分析,都并没有充足证据表明两者的分组一致。甚至在地理与主成分分析结果的复合研究上,也并不能推导出南北向的发展轨迹,语言上的南北差异并不能充分说明生物学上的南北存在差异,相反在东西方向却出现了以红水河作为支点的、渐变扩散的生物学散布轨迹。

对于壮族群众来说,Y染色体的单倍群频率

① 在海南岛西部、昌化江下游两岸、东方市、昌江县境内,生活有将近12万的海南村人,这个族群拥有独特的语言文化,以村话——“仡隆话”为主要交流用语。村人应该是仡佬族向西北迁徙以后留在东南部的群体,而不是仡央走廊向南的延伸段。村人可能原来在附近的大陆地区,在仡佬族大部离开以后,他们辗转来到了海南岛定居,并且吸纳了当地的一些土著居民,这些土著居民与现在的黎族加茂人最为接近。现在村人被法定为汉族,实质上最接近的民族应该是仡佬族。一个有趣的现象是,他们出外时都自称“仡隆”人,与仡佬族的称谓相似。

表里, O\*、O2a 两种单倍群的历史最为久远且出现率较高, 这也就意味着 O\*、O2a 应该就是壮族群众的原始遗传标识, 同时也有很大几率表明了东亚人种是通过广西深入东亚大陆繁衍的。而在第一主成分地图中, 不难发现遗传标识是属于“多点开花”式的繁衍方式, 而且是东北、西南的对角分布。在进行研究之后, 能够看到 O2a 本身是第一主成分在现代的遗传标识, 而且已经经过了超过 1 万年的演变, 可以表明壮族先民们早在 1 万年之前就已经将 O2a 带到了广西。而 O\* 在壮族人体内的标识时间甚至超过了两万年, 所以 O\* 也有一定几率是壮族先民带来的原始单倍群, 这也就证明了东亚人种可能是在早年间就已经到达了红水河, 并向东方向进行繁衍, 在广西境内形成了今日所见的壮族。

O1 单倍群非常突出地展现出了壮族先民中的一些群体在 1 万年前开始从东部向西部迁徙的情况, 这也展现了壮族先民遗传学上的第二次融入, 也表明了当时西瓯人逐渐与骆越人结合的可能。不难看出, 语言学上将壮族划分为南北两部, 在遗传学上是不成立的, 壮族各个分支的发展蔓延是东西向的<sup>[2]311</sup>。这也意味着从前南方壮族、北方壮族的分类认识将有可能被颠覆。

#### (五) 发现: 百越与苗蛮似乎是同源的

从基因的源头看, 百越与苗蛮似乎大部分是同源的, 这应是对广西世居民族源流的一个新发现。

长期以来, 广西世居民族的研究中, 都以百越或苗蛮作为起源。而在百越先民逐渐繁衍形成民族时, 出现了多元分化现象, 在通过多年来的重组与分化后, 一部分成为了华南、西南地区独特的多个民族, 如壮族、傣族、布依族、水族、仫佬族、毛南族等壮侗语族族群, 也有一部分融入了其他民族如汉族、瑶族、苗族等。所以可见, 目前我国壮侗语族的各个民族甚至是其他民族, 都有着一定的百越血统。

历史的演进对族群繁衍发展有着根本性影响, 这一影响在古代苗蛮部族的民族化历程里得到了印证, 今日的苗、瑶、畲民族就是由部分古代苗蛮人发展而来的。

这样, 似乎形成了广西世居民族起源的二元结构。但在分子人类学的视野中, 百越与苗蛮似乎是同源的。

根据分子人类学的基因分析研究, 中国南方的族群分化开始于大约 2 万年前后, 族群之间特

异性的分支开始形成。到了 1 万年以后这种差异在文化上被放大, 遗传的交流就更少了, 终于形成了族系的差别。这时, 中国南方形成了侗傣、苗瑶、孟高棉等各有特色的族群系统。在研究岭南人群的发源地的问题上, Y 染色体更为有力些。但是在东亚人群定居时间、分化时期的大致范围上, 母系的线粒体 DNA 和父系的 Y 染色体 DNA 两种遗传标记的估计是大致相符的。所以我们估计, 广西世居民族的祖先可能形成于北部湾一带, 时间是近 3 万年之前。在其后慢慢地向北发展出侗傣群体, 向东发展出台湾少数民族, 向南发展形成马来族群。从这个长时段看, 百越与苗蛮显然同源, 此其一。

其二, 线粒体的分型在中国的南北方之间存在着显著的差异, 南方比较古老而且多见的是 B、M7、F、R 等单倍群。而在侗傣、苗瑶和孟高棉中, 这些单倍群占有很高的比例, 说明这三个类群最有可能是中国南方的土著族群。众所周知, 侗傣族群被认为是中国古代著名的百越族群的后代。根据中国历史的记载, 百越是我国古代长江以南最大的一个族群<sup>[6]</sup>。在史前, 他们的祖先就在这一区域内创造了辉煌的文化(河姆渡文化—马家浜文化—崧泽文化—良渚文化—马桥文化等)。许多百越群体才被进一步同化, 或者向西迁徙, 成为今天的侗傣族群。

其三, 苗瑶族群受百越的遗传影响也可以观察到, 特别是广西的各个瑶族支系。O1 的比例是: 布努瑶 20%, 江华过山瑶 10%, 富川平地瑶 14.6%, 上思盘瑶 6.3%, 田林盘瑶 9.1%, 勐腊顶板瑶 9.1%, 防城细板瑶 18.2%, 红河山瑶 4.3%。广西大化县是布努瑶的集中分布区之一, 许多地区布努瑶多与壮族, 布努瑶来源于侗水族群的分布区, 这一部分 O1 可能来源于侗水。其他瑶族支系都属于瑶族的盘瑶(Iu Mien)支系, 是瑶族最大的支系, 其中的百越成分可能获得于支系分化之前, 也来源于湘黔桂粤交界处的侗水族群。

总而言之, 通过遗传学分析发现, 古代百越的基因的确与壮族、傣族、侗族三个族群的基因十分相似, 在整体上有承继关系, 同时也发现苗瑶与侗傣的血统交融并不罕见, 只是相互联系稍稍少于东南沿海地区的汉族与侗傣。然而, 对于那些特征性的基因标志, 苗瑶与侗傣仍然有着显著区分, 族群分化都是在近 3 万年以前完成的, 大多数在两万年前左右, 而已经形成大族群的则多数已经有超过 1 万年的遗传分化历史。

所以,通过遗传学研究可以看出,广西世居民族最早应该在3万年前的北钦防聚集,同时和5千年前的百越族群属于同宗同源。

### 三、结论与讨论

历史本来就是记忆的表达,更是后人对记忆的建构。在广西世居民族史的研究中,民族源流是一个古老的话题。

探讨民族的源流,从方法论来说,考证方法不断地变迁着。远的不说,传统方法是以传世文献为唯一合法的证据。20世纪初,随着西学东渐,尤其是考古学和文化人类学等新兴学科的兴起,疑古学派的出现,中国民族源流研究的方法为之大变。考古过程中出现的新发现、新文献,也在罗振宇、王国维等人的史学研究之后,成为了民族源流课题的重要参考。不仅是原本的甲骨文、拓文,连后来的竹简帛书也成为了研究的重要参考,可谓盛极一时,这正是王国维所言的二重证据法。进入21世纪前后,研究的参考文献不仅局限于书面材料,更延伸到了田野调查过程中收集到的非物质文化遗产,例如口头传承的叙事诗、壁画以及文物等,即叶舒宪所称为“第三重证据”的口碑材料,以及称为“第四重证据”的文物和图像<sup>[7]</sup>。

但是,在研究民族源流中,仅凭四重证据似乎还不够,因为民族的源流不仅仅是历史的记忆,也不完全是学者的建构,其根源还有一个血缘因素在内。而血缘因素虽然从文献中可以梳理,但从本质上说这种文献的梳理仍然是一种建构。那还有没有更好的方法去求证呢?有!这就是分子人类学的基因分析法。

分子人类学是人类学与生物学的重要学科,其研究方式为通过分析人类基因组中的脱氧核糖核酸(DNA)序列的系统演变规律,找到人类文明的迁徙、演变、社会变化等课题的答案,是一项学科跨度较大的新学科。DNA在传代过程中会不断积累新的突变,从而造成个体间DNA的序列差异与其亲缘关系的远近成正比。分子人类学的研究方式就是对人类的基本遗传信息DNA的排列进行对比。主要研究思路就是采集不同人群的DNA样本,从而分析各个群体之间有多远的血亲联系。人类学家通过基因组来判断民族发源地以及迁徙、转移的散布,从而解析该群体的繁衍与发展轨迹。分子人类学从20世纪末开始成为人类学与考古学的重要臂助,在人类族群起源、交流与

民族分化、考古鉴定研究等领域做出了突出贡献。

由此可见,分子人类学的方法不是主观的建构,而是客观的表达。正因为它是客观的表达,所以它是科学的。这好比一个人与其父母有没有真正的血缘关系?经过DNA基因检测即可认定,这在当下已无人可置疑了。现在,我们在广西世居民族源流的研究中,引入分子人类学的方法,应该说对梳理厘清广西世居民族源流非常给力。事实上,社会科学不断地采用自然科学的研究方法的发展趋势,称之为社会科学的自然科学化,民族源流的研究引入分子人类学的方法是迟早的事情。

俗话说:习惯成自然。习惯的力量有时是很难扭转的。学术界对民族源流的研究长期在文献证据的轨道上运行,但仍然众说纷纭,许多问题纠缠缠绕,难以突破,难以定论。

对广西世居民族研究的这种态势,人们虽然不甚满意,但东闯西突,在四重证据中绕来缠去,始终在主观的建构中兜圈子,好像处于“围城”之中,收效甚微。今天我们引入分子人类学的方法来研究广西世居民族源流,主观愿望是想运用分子人类学对民族起源的研究成果,来突破“围城”,以扩大广西世居民族源流研究的视野,拓展广西世居民族源流研究的范围,建构广西世居民族源流研究的新范式。

愿望是好的,但做起来很难。徐杰舜在与复旦大学李辉教授合作开始之时,对于分子人类学的专业术语不是头大,就是头晕。但是只要有心,天下就无难事。

当然,真正运用分子人类学的成果来解读广西世居民族源流也难。马克思曾预言:“科学,只有从自然科学出发,才是现实的科学。历史本身是自然史的,即自然界成为人这一过程的现实部分。自然科学往后将包括关于人的科学,正像人的科学包括自然科学一样;这将是一门统一的科学。”<sup>[8]</sup>那么,史学与基因在交融中如何“统一”?我们在合作研究中虽然尽了力,主观上企图把分子人类学的成果尽可能地吸收进来。但要真正达到交融的程度,恐怕还要经过更多学者的努力,还要经过更长时间的磨合才有可能。

难是难,但我们已经牵手,史学与基因的交融也已经开始,本文权当引玉之砖吧!

[参考文献]

[1] 徐杰舜.文化发现与发现文化[J].学术探索,2012

- (1):97-104.
- [2] 徐杰舜,李辉.岭南民族源流史[M].昆明:云南人民出版社,2014.
- [3] 奉恒高,张有隽.瑶族通史:上卷[M].北京,民族出版社,2007:58.
- [4] 梁敏,张均如.侗台语概论[M].北京:中国社会科学出版社,1996:6-11.
- [5] 李锦芳,周国炎.仡央语言探索[M].北京:中央民族大学出版社,1999:217-228.
- [6] 宋蜀华.百越[M].长春:吉林教育出版社,1991:1.
- [7] 叶舒宪.四重证据法:符号学视野重建中国文化观[N].光明日报,2010-07-19(3).
- [8] 马克思恩格斯全集:第42卷[M].北京:人民出版社,1979:128.

## The Perspective of Molecular Anthropology: a New Analysis to the Origin of the Native People Inhabited in Guangxi

XU Jieshun<sup>1</sup>, LI Hui<sup>2</sup>

(1. School of Ethnology and Sociology, Guangxi University for Nationalities, Nanning 530006, China;

2. School of Life Science, Fudan University, Shanghai 200438, China)

**Abstract:** In the perspective of molecular anthropology, the cultural discoveries of the origin of the native people inhabited in Guangxi are the following reasons: the first is the mutual confirmation by historical documents and genetic analysis; the second is that the core of Zhuang and Dong languages are not the Zhuang's; the third is that the Gelao minority has a longer history than the Zhuang's; the fourth is that the development of Zhuangzu is expanded from east to west, not from the south to the north; the five is that Baiyue people and Miaoman people appear to be homologous.

**Key Words:** native people inhabited in Guangxi; molecular anthropology; genetic analysis; national origin; cultural discovery

[责任编辑 杨 军]

[上接第28页]

## On the Phenomenon of “Border Crossing of Poetry and Ci” in the Critical Discourse of Ci Study

ZHANG Xiao

(College of Chinese Language and Literature,

Guangxi University for Nationalities, Nanning 530006, China)

**Abstract:** The phenomenon of “border-crossing of poetry and Ci” in critical discourse is not only reflected in “poem as Ci”, but also in the criticism of “poem compared to Ci” and “poem discussed as Ci” and so on. Discussing the phenomena of these “border crossing” criticism, the logic behind is the oriented law of looking down from up, which further explains the “non-independent” problem in critical discourse of Ci criticism. Of course, there also exist other laws such as typical characters, poetic paradigm, etc. Why do we further explore the cross-border criticism? We can see the important function of Ci as the descendent of poetry, the world outlook of the literati, the flourishing background of Ci study, the way of Ci's popularization, as well as the critical tradition of rhyming verse.

**Key Words:** Ci Study; border-crossing of poetry and Ci; looking down from up; Ci criticism

[责任编辑 杨 军]

[责任编辑 玉 璐]