

伊沛霞谈移民、婚姻与汉族基因同质性

魏玉槐

自 2001 年完整的人类基因组序列图谱绘制完成以来，已公布了越来越多组关于欧亚大陆各族群的基因组数据。中国的数据中最令人震惊的，是汉族基因组中显著的同质性。伊沛霞从历史学视角对这一现象的原因提出两种解释：一是中国的婚姻实践促进了基因流动，二是政府参与到长距离人口迁移中也对此产生了影响。

2018 年 10 月 11 日下午，“北大文研讲座”第九十四期第二场在北京大学静园二院 208 会议室举行，主题为“移民、婚姻与汉族基因同质性”。文研院特邀访问教授、华盛顿大学历史学系伊沛霞 (Patricia Buckley Ebrey) 教授主讲，中国人民大学历史学院教授包伟民主持。文研院院长邓小南教授出席并参与讨论。

伊沛霞首先介绍了本次讲座的研究背景。她表示，这项研究受到了哈佛大学遗传学家戴维·莱奇 (David Reich) 教授新著《古代 DNA 与人类历史的新科学》(Who We are and How We Got Here: Ancient DNA and the New Science of the Human Past) 的启发。莱奇在书中指出，研究古代骨骼基因组或许能比研究现代人基因组揭示更多的信息。研究发现，欧亚人都携带一小部分来自古代原始人 (尼安德特人) 的基因，而东亚人携带一些丹尼索瓦人的基因——这就证明了他们并不仅仅继承了智人的基因。伊沛霞介绍道，该书格外吸引她注意的是中国和印度在基因同质性上的差异。在中国，汉族作为一个人口众多的民族，在数千年来一直进行着频繁的族内基因流动。相比之下，在印度就很少有像汉族一样人口众多的民族。即使是居住地相邻的两个印度民族之间的基因差异性也要比南欧人和北欧人之间的基因差异性高出两到三倍。

如何解释这一现象呢？难道汉族没有同其他民族进行通婚吗？如果有，为什么汉族还会保持如此高的基因同质性呢？遗憾的是，《古代 DNA 与人类历史的新科学》一书并未呈现太多关于中国的材料。为了找寻答案，伊沛霞转向了对相关基因科学研究的系统阅读和梳理。自 2001 年完整的人类基因组序列图谱绘制完成以来，越来越多组关于欧亚大陆各族群的基因组数据已经被公布出来。中国的科研机构在这一领域表现活跃，目前已积累了大量关于中国境内的汉族和少数



伊 佩 霞 (Patricia Buckley Ebrey), 美国华盛顿大学历史系教授

民族的基因组数据。这些科学研究成果为本项研究提供了丰富的参考资料。

讲座第一部分，伊沛霞梳理了关于古代中国基因组的研究文献及其带来的启示。研究者发现，北方移民向南方的大规模流动导致了南方人口基因组组成的变化，促进了汉族人口的扩张和文化的传播，而这一遗传学发现和史料的叙述是吻合的。近年来，根据多篇在重要同行评议期刊上发表的论文我们发现，汉族的基因同质性显著高于世界上的其他民族。而群体的基因同质性与特定等位基因出现的频率有关。在基因同质性更高的人群中，任意两个人携带特定的变异等位基因 (variant allele) 的可能性更高；在基因同质性更低的人群中，他们携带特定的变异等位基因的可能性更低。

固定指数 (Fixation Index, FST) 是衡量不同人群之间基因同质性的重要指标，其范围是 0-1，越接近 0 表示同质性越高。研究发现，英格兰南部和都柏林之间的固定指数的值约为 0.0007。研究者将中部省份河南省同黑龙江、吉林、辽宁等北方省份以及河北、山东、陕西和安徽等中部省份进行配对后发现，其固定指数值接近 0.0000。而在更偏南的地区，中部省份湖南同湖北、四川、江西

和福建等省份的固定指数值也接近 0.0000。可见其显著低于英格兰和爱尔兰的固定指数值。

在讲座的第二部分，伊沛霞介绍了中国古代基因组研究成果对史学研究的意义。首先，学界已有不少研究探讨欧亚大陆西半部的人群基因组同语系之间的关系，其中，关注印欧语系向其他非印欧语系地区的扩散过程的研究成果颇丰。通过基因组数据，或许也可更进一步了解中国的语言。其次，史学界对于中国南方的研究仍比较欠缺。分析基因组研究成果可以探讨语言、移民、亲属关系、社会结构以及国家等因素对于中国南方历史进程的影响。再次，基因组研究也为我们重新审视文化交流提供了新的视角。最后，以学界近年来对曹操及其后人基因组的研究为例，伊沛霞表示，基因组研究同身份认同等问题联系紧密。

紧接着，伊沛霞提出了本研究重点关注的问题：汉族基因的高同质性以及从历史学视角探究这一问题的切入点。第一个视角是文化。以赵鼎新教授为例，他从文化视角提出，中国的民族身份认同感同领土之间的联系并不紧密。第二个视角是婚姻习俗。中国主流的婚姻习俗同欧亚大陆其他人口众多的国家之间存在较大差异。第三个视角是国家行为。现有的研究基本忽视了国家行为的影响，但事实上，国家在促进由中国北至南的大规模迁移中起到了重要作用。第四个视角是语言，方言可能有助于解释中国南方相对于北方更高的基因多样性。

在讲座的第三部分，伊沛霞主要通过婚姻习俗和国家行为这两个研究视角来探讨汉族基因高同质性的成因。关于婚姻习俗，伊沛霞提出了婚姻规例和优势社会地位说 (social advantage) 这两个研究视角。她表示，内婚制在世界上多个国家和地区广泛存在。历史上，许多穆斯林国家鼓励近亲结婚，大量的部落社会仅允许部落内通婚，印度等国的种姓制度对跨种性的婚姻有诸多限制，欧洲的贵族阶层也鼓励族内婚。

相比之下，中国的婚姻制度存在独特之处。

在中国古代，由于纳妾制的存在，精英阶层的基因并不会局限于某个精英团体，跨地域的流动也使得精英阶层的基因不会局限于某个特定的地区。此外，伊沛霞认为，中国存在着基于姓氏的外婚制 (surname exogamy)：既不鼓励姓氏相同的人结婚，也不鼓励不同世代的母系或姻亲的亲属结婚。此外，中国的姓氏并不多，排名最靠前的三个姓氏 (王、李、张) 各有约 9000 万人口，占当前总人口约 20%。因而，基于姓氏的外婚制对汉族内部的基因交流起到了重要的促进作用。伊沛霞认为，如果要在一个横轴上标记各国家和地区的婚姻规例，从内婚制开始逐渐过渡到外婚制，那么，穆斯林国家将在最靠近内婚制的一端，其次是印度，然后是欧洲，而中国则排在最后。

除了基于姓氏的外婚制外，伊沛霞认为，优势社会地位说也有一定的解释力。在中国古代，权力地位较高的人一般有更多的子嗣。也就是说，他们的优势社会地位对繁衍基因相似后代、提高汉族基因同质性有着积极的影响。以宋代为例，宋代皇室在第六代时就有了 5155 位男性成员。按照推算，如果每个人有 3 个儿子得以长大成人、娶妻生子，并且他们每人也生育 3 个儿子，那么到第六代就会有 729 个男性子嗣。要达到 5155 个，就要求每位男性有超过 4 个男性子嗣。

紧接着，伊沛霞讨论了国家行为对人口迁移和基因同质性的影响。基因组科学研究表明，在全球范围内人口流动是很常见的。在研究文化传播时，人们过去仅强调思想或物质文化的传播，但现在也开始关注人口迁移的影响。伊沛霞指出，有两类常见的国家行为会对人口迁移产生重要影响：一是修建道路和桥梁；二是向边境地区的汉族定居者提供帮助，包括军事援助、建立县制等。以南宋王朝对迁往南方的北方难民施行多次救济行动为例，伊沛霞总结了国家行为对于移民及

基因同质性的影响。她认为，实现南方和北方的基因混合有诸多前提条件：需要这些北方难民在南方安定下来，能够繁衍后代，并与在南宋之前就定居在该地区的人通婚。而国家行为在这个过程中起到了重要作用——国家为北方移民在南方安定下来和从事农业活动提供了大量的物质援助和政策支持。

讲座最后，伊沛霞总结了上述研究的意义和今后研究的方向。第一，目前基因组证据为重新考察汉族作为一个民族的历史创造了条件。第二，汉族人口的规模对其基因的高同质性有重要影响，一个人口基数如此大的民族较容易吸收其他民族的基因。第三，国家行动与人口数量的增长有密切关系。由此可见，上述众多的因素相互纠缠，共同塑造了汉族基因的高同质性，而相关问题仍有待后续研究进一步探讨。

讨论环节，邓小南表示，伊沛霞作为宋史、女性史等研究领域的领军人物，始终推动着学界发掘和探索新的问题。近年来，自然科学研究成果逐渐被引入人文和社会科学研究领域。基于基因组的研究成果，国内已有不少学者开始重新审视曹操族系等史学问题，但从基因组研究为切入点探讨更宏大的史学问题的研究很少。邓小南认为，伊沛霞的研究探讨了国家行动和婚姻风俗等因素对汉族基因同质性的影响，是一项具有重要意义的前瞻性研究。

包伟民赞同伊沛霞对于国家行动和婚姻制度等社会结构性因素对汉族基因同质性的影响，但提出了可以进一步探讨的问题。包伟民引述了南宋文学家、史学家陆游在其诗歌中对于农村婚嫁风俗的描述，认为平民的婚嫁风俗同伊沛霞重点论述的士绅阶层可能有较大区别，值得进一步研究。此外，包伟民表示，相关基因组研究所使用的古代基因数据可能不够充足，有待后续研究进一步补充、完善。