
探寻种族——以人类学视角

摘要：反种族主义运动让“种族”一词重回生活与政治舞台。然而，如何界定种族、种族之间是否有清晰界定并未明确。本文以人类学视角，探寻多区域演化论、分子生物学的发展对种族划分带来的影响。本文认为，基因交流与适宜性遗传变异使仅依靠肤色与地域划分人类种族不足够可信。多元文化的背景下，我们不应该放弃现代遗传学对当下划分的种族群体内部和之间的差异探寻，应当理性看待当下划分的种族群体之间某些方面的整体差异，理解环境、变异、交流对基因的影响，正确认识种族内部的个体多样性。

关键词：种族 多区域演化论 分子生物学 肤色 社会建构

中图分类号： Q983 Q986 C912.4

文献标识码： A

1 引言

种族 (Ethnic Group 或 Ethnicity) 一词源自古希腊语 ἔθνος (ethnos)，字面意思为家庭的，或人群的，指具有共同起源的祖先、文化和风俗习惯的人群。二战期间的“种族清洗”“种族卫生”“最后解决方案”等口号，让“种族”一词成为臭名昭著的血腥概念，种族逐渐成为欧洲和北美国家群体分化和优势政治的隐形核心。然而近两年来，反种族主义运动如“Black Lives Matter”“Stop Asian Hate”高涨，种族主义与反种族主义重归日常话题。

我们常谈及“种族”，可似乎总是依靠模糊的族裔“亚裔”“非裔”，或肤色“黑人”“白人”来划分种族群体。反种族主义的文化穹顶之下，有关种族差异的学术研究常常会被人轻易扣上“科学种族主义”的帽子，比如理查德·赫恩斯坦的《钟形曲线》(Bell Curve)、菲律普·洛旭庭的《种族、演化及行为》(Race, Evolution, and Behavior)。但研究也表明，所谓的“种族”之间的确存在明显的解剖学差异、激素水平差异等。人类学提供了比其他社会科学更广阔的视野——鲜明的跨文化比较性视野，帮助我们理解种族。鉴于此，本文尝试以人类学视角，从多区域演化论、表征生物性与分子生物学出发，讨论种族的历史渊源与分类依据，探寻社会建构等文化政治因素给有关种族差异的研究带来的影响。

2 种族的历史渊源：多区域演化论

多区域演化论描绘了在同一个时间段内，世界不同地区的游猎人^①向现代智人的全球性转变。该演化模型认为，自从大约一百多万年前游猎人从非洲向欧洲的洲际迁移起，人类的演化便是多地区同时进行的^[1]。尽管游猎人分布的区域广阔，但由于各地游猎人之间强烈的流动与杂交，大量的基因流动使每一地区的人们都能够共享任何一个地方所发生的任何有益的突变。如果一种基因变化带来了大量的选择优势，那么，它就会迅速从一个群体传播到所有的其他群体——传遍全人类。通过这种方式，非洲、亚洲与欧洲的人类群体在一个广泛的过程中进化成现代智人而非不同物种，共同拥有现代人的特征与行为^[2]。

多区域演化论的支持者在中欧南部、东亚和澳大利亚找到了考古证据化石的共有特征，并把它们归因于遗传相似性，以此应对非洲起源论^②学派的挑战^[1]。例如，Sohn 和 Wolpoff (1993) ^[3]重新分析了 1925 年在以色列 Zuttiyah 出土的中更新世（约 35 万至 25 万年前）的发现，认为，“区别 Zuttiyah 人与尼安德塔人的不同之处在于他与周口店人遗迹更相似，这很可能暗示了他与周口店人的祖先关系。Zuttiyah 人的祖先，不太可能来自欧洲或撒哈拉以南的非洲。”他们认为，“我们的研究推翻了所有现代人都有非洲祖先的假设，亚洲是至少一些现存人口的独特祖先。”

除此之外，现今出土的许多化石考古证据是与非洲起源论相抵触的。考古证据显示：人的某些生理特征在某些地区已经持续存在了几十万年^[2]。例如，在澳大雷西亚 (Australasia) (印度尼西亚和澳大利亚)、中国和欧洲，75-50 万年前的化石与今天生活在这些地区的人们之间有着惊人的相似性，现代中国人和北京附近发现的游猎人化石的“垂直扁平脸”面部相似，印尼游猎人化石和现代澳大利亚土著都有着“大牙浓眉凸脸”的特征，古代与现代欧洲人都普遍具有的“大而突出的鼻子和棱角分明的脸”这一特征^[2]。

在对非洲起源论中“非洲一小群现代人，最终取代了所有其他地区当地更古老的人种”这一论点进行反驳时，多区域演化论支持者坚持认为，大规模的人口取代需要入侵人群的先进技术。然而，考古记录中没有发现任何表明在相关地区和时期存在先进入侵技术的痕迹，因而非洲起源论证据不足^[1]。此外，已知的历

^① Homo erectus，中文多译为“直立人”，此处以其游猎四方的特性译作“游猎人”，下同。

^② 也做夏娃理论，下同。

史案例表明，即使征服者技术强大，也不会消灭该地区所有的原有人口。如西班牙人征服墨西哥后，现今的墨西哥仍有数百万阿兹特克人 (Aztecs)，密斯特克人 (Mixtecs) 和萨波特克人 (Zapotecs) 的后裔。

多地区演化论模型的合理性取决于两个主要的种族相关假设^[1]。第一，由于游猎人的地理范围广泛且生态多样，区域环境对解剖学的连续性的影响必须最小，即生态环境对遗传变异和性状表现的生态影响必须最小。随着时间的推移，区域形态的相似性必须是相似基因的产物，而不是相似的表现遗传环境或基因-环境相互作用的产物。第二，为了防止生殖隔离与分化，不同地区的人类群体之间必须有足够的基因流动。群体间的重要基因流动必须从不同地区的游猎人群体开始并持续。

多区域演化论模型否定了所有现存种群作为一个新物种都有一个共同起源的假设，它暗示了人类“种族”从祖先游猎人的平行进化。在这个模式中，当地的游猎人群体先演化为脑容量接近或相当于现代人的古智人，再由古智人演化为现代智人^[2]。如此，种族和种族特征都是非常古老的，群体之间持续的基因流动降低了种族分化的程度和物种形成的任何趋势^[1]。现代智人体中可能出现的某些分子或基因的冗余，反映的并非是共同起源，而是过去广泛的基因交流。因此，在多区域演化论的支持下，游猎人体内只有一个物种，而且普遍分布，演化过程中没有发生特化。

3 种族划分的依据：表征生物性与分子生物学

3.1 表征生物性

历史上，科学家通常通过种族分类与理解人类差异，来研究人类的生物多样性^[4]。种族分类是指，在共同祖先的基础上将人类划归分立的类别；理解人类差异指着眼于理解具体的差异，如人类群体之间发生渐变而非突变的遗传属性的原因。

理论上，一个生物种族是地理上相互隔绝的同一物种的分支。种族旨在反映不同群体从祖先处继承得到的共享的遗传物质。早期学者通常用表现型性状，即有机体的明显性状，或称表征生物性 (manifest biology)，指代种族分类^[4]。这其中包括人类群体的许多明显躯体性状，如颅骨的圆颅与长颅、肤色的黑肤与白肤，以及毛发颜色等。

基于表现型的种族分类需要解决“哪些性状是主要的”这类问题。过去的几百年里，科学家们通常宣称肤色决定论，即将种族分为：白色人种、黑色人种和黄色人种。这种分类方法将欧洲白人与非洲、亚洲和美洲土著分隔开，与 19 世纪末 20 世纪初殖民时期的对种族的政治利用相一致。据康拉德·菲利普·科塔克，抛开历史和政治，“基于颜色”的种族标签无法给出描述肤色的准确术语^[4]。

“白色人种”是粉色的、米色的、或者棕黄色，“黑色人种”是各种渐变的棕色，而“黄色人种”则是棕黄色或者米色，有时人们用高加索人种、尼格罗人种、蒙古人种这些词语来指代，但三分法不可避免地忽视一些地区的群体。如按照肤色，人们可能将澳大利亚土著与热带非洲人归于一个种族，但是发色（浅色或浅红色）及面部特征上与欧洲人的相似又使某些科学家将他们归于高加索人种；非洲南部喀拉哈里沙漠（Kalahari Desert）的桑人肤色在棕色与黄色之间变化，有些科学家将他们与亚洲人归为一类，但是没有证据表明桑人和亚洲人之间有共同近祖。

当用单一性状进行种族分类，就会出现类似问题。传统的种族分类假设生物特征由遗传决定而且是长期稳定的。然而，由于热带非洲人和澳大利亚土著在没有共同祖先的情况下都能拥有深色肤色，现代许多科学家认为从肤色来界定种族是不准确的。肤色会受到黑色素、移民、自然选择（浅色皮肤在热带会因晒伤易感疾病而成为选择劣势）、体内维生素 D 的共同影响^[4]。

3.2 分子生物学

由于按照肤色划分种族并不可靠，生物技术发展后，人类学家试图从基因视角来对人群做出更为准确的划分。在分子人类学研究的起步阶段，线粒体 DNA (mtDNA) 与 Y 染色体由于不参与基因重组的特点，被选来作为描绘人类迁徙路线的良好标记（图 1）。正是依靠 147 名妇女所捐献的胎盘上的遗传标记，现代智人非洲起源论应运而生。

Rebecca L. Cann 等人（1987）对来自全世界各地区共计 147 名妇女胎盘细胞的 mtDNA 全序列进行 PCR-RFLP 分析（由 12 种高分辨率的限制性内切酶所组成的酶切图谱）^[5]，结果显示所有个体的 mtDNA 单倍型的系统发育均显示出非洲的根，即所有非洲个体均可划分到最古老的支 L 中，而 L 支所衍生的 L3 支系则囊括了部分的非洲个体以及其他各大洲所有群体的 mtDNA 单倍型类群。其中由 L3 支系所衍生出的所有非洲以外的 mtDNA 谱系可分为 M 和 N 两大支系。

N 支系包括了所有西部欧亚特异的单倍型类群 J、K、T、U 等，东亚特异的（A、B、R9、N9 等）单倍型类群以及大洋洲特异的 P 单倍型类群。M 支系下游的谱系分布在东非（M1）、南亚（M1-M6）、大洋洲（QM12）和东亚（C、D、GM7、M8、M9 等）的人群^[6]（图 2）。

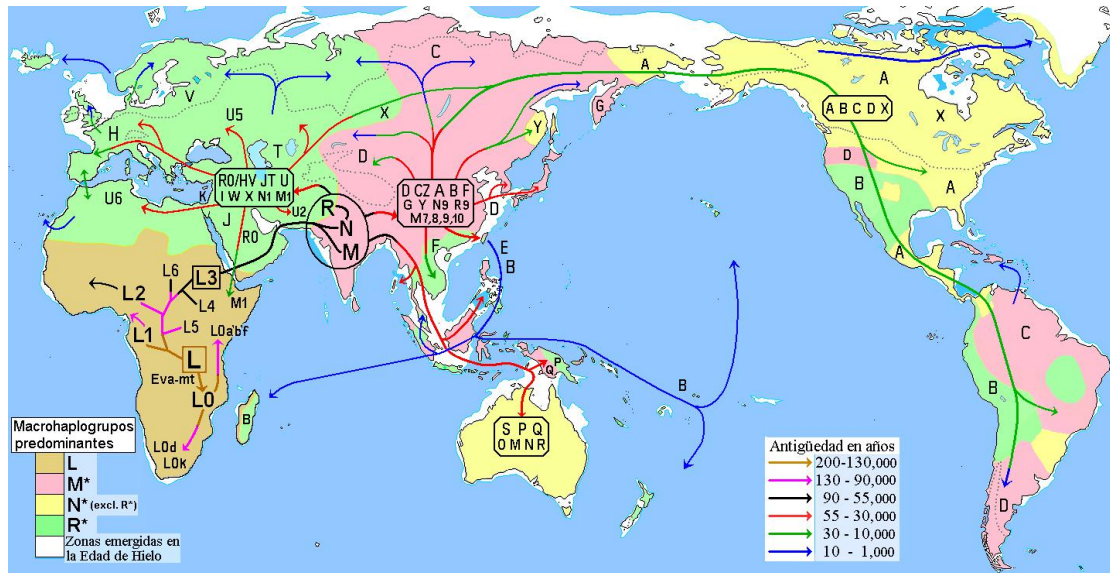


图 1 基于 mtDNA 单倍群遗传关系绘制的迁徙路线

来源：维基百科

即使研究者们试图论证的是现代智人的起源，这些非洲起源论的分子和生物化学支持者在他们最初的样本分组中明确使用了传统的种族类别。“样品代表 5 个地区：20 个非洲人（代表撒哈拉沙漠附近区）；34 个亚洲人（原始自中国、越南、老挝、菲律宾、印度尼西亚和汤加）；46 个高加索人（原始自欧洲、北亚和中东）。”还有澳洲人、新几内亚人（如图 3）。由于“种族”分层用于初始分组，从数据收集和解释过程的一开始就引入了固有的偏见。在这一研究策略中，实际地理位置服从于经典的种族分类。因此，东印地安人、北非人和欧洲人的大而高度多样化的大族群在分析他们的 DNA 之前被假定为高加索人。这种限制和扭曲的解释掩盖了其他的谱系关系，不强调更直接的环境因素对基因组多样性的影响，这可能会影响我们对亲缘关系的真正理解。

在分子生物学的支持下，现代智人的非洲起源论认为人类只来自非洲中更新世晚期一批相对较小的人类群体，人类演化表现为物种分化，用分支树来表示（图 2）。既然不同地区的现代智人都有一个共同祖先，那么“种族”之说就不复存在。虽然研究结果看似否定了“种族”的生物学存在，但是在以上的对于现代智人起源的研究中，研究人员虽未给出“种族”的定义，在测试假设、解释数据、开发

模型中模糊地假设了由地理位置划分的种族和其种族特征的集合。这很有可能是担心明确定义种族会招致歧义与批评。

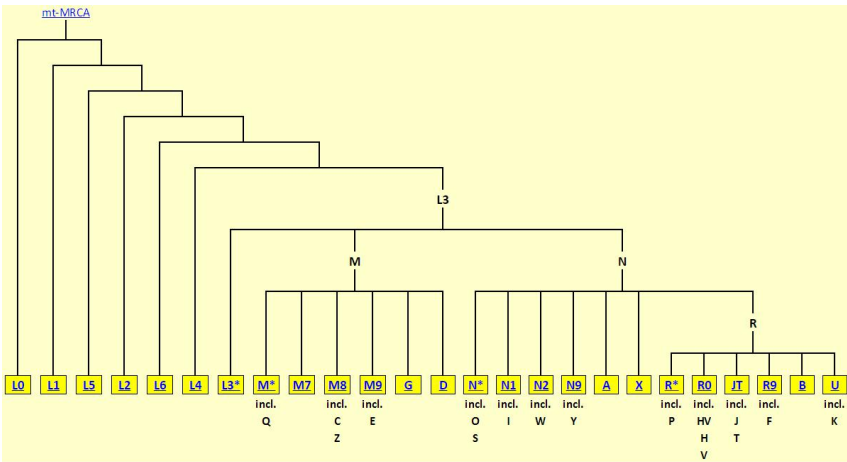


图 2 mtDNA 分支树

图源：[Phylo Tree.org](https://www.phylo.org/)

| Table 1 MtDNA divergence within and between 5 human populations | | | | | |
|---|-----------------------|------|------|------|------|
| Population | % sequence divergence | | | | |
| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
| 1. African | 0.47 | 0.04 | 0.04 | 0.05 | 0.06 |
| 2. Asian | 0.45 | 0.35 | 0.01 | 0.02 | 0.04 |
| 3. Australian | 0.40 | 0.31 | 0.25 | 0.03 | 0.04 |
| 4. Caucasian | 0.40 | 0.31 | 0.27 | 0.23 | 0.05 |
| 5. New Guinean | 0.42 | 0.34 | 0.29 | 0.29 | 0.25 |

图 3 五个人类群体 mtDNA 的组内和组间分异^③

来源：*Mitochondrial DNA and human evolution*^[5]

4 社会建构下的种族

哈佛大学的遗传学教授 David Reich 曾在 2018 年为《纽约时报》专栏撰写一篇题为《遗传学如何改变我们对种族的理解》(How Genetics Is Changing Our Understanding of ‘Race’) 的文章^[9]。他认为，出于对政治正确性的考虑，尽管基因变异确实存在，但科学家们不愿意对人类群体之间的基因变异进行研究，在某些情况下甚至不愿意讨论基因变异。“再也不可能忽视‘种族’之间的平均遗传差异了”。

一些人认为种族差异的讨论已成为禁忌，任何涉及遗传变异概念的著作都将引发激烈的政治辩论。但是，尽管 Reich 的专栏引起了动荡，但其中的实际科学

^③ 最初的样本分组中明确使用了传统的种族类别。

涵义却毫无争议。Reich 用遗传学家广泛认同的方式描述了种族与祖先的复杂关系，而遗传学容易受到政治和伪科学的利用^[10]。例如，美国人在种族上进行自我分类的方式与遗传学之间联系微弱，源于历史上伪科学思想的种族纯度法律（如“一滴血规则”：只要某人拥有一个黑人祖先，就会将其归类为黑人）。奴隶制、歧视和其他形式的种族主义使遗传学家在讨论种族时十分谨慎，几乎否认了人类群体之间存在实质性的生理差异的可能性。

《美国人类学协会关于“种族”的声明》^[7]中提到，来自遗传分析的证据显示多数生物变异，大约 94%，存在于所谓的“种族”内部，惯常的地理“种族”组群之间的基因的差异只有约 6%。这意味着“种族”内部的差异大于“种族”之间的差异。“种族”合理化欧洲人对被征服和受奴役民族的态度和处理，最终作为一种关于人类差异的意识形态扩散到世界其他地区。科塔克认为，“种族”是文化或者社会意义上的分类，而不是生物分类^[4]。

学界公认“种族只是一种社会建构，没有任何生物学含义”。有人认为这只是学术界向公众妥协、追求“政治正确”的表现。然而研究表明^[8]，人类历史上并没有长期稳定的隔离：种族作为生物概念的一致性被人类演化中的基因交流破坏，不同群体之间地缘关系越近交流就越频繁，这直接导致现存的人类的表征生物性、基因多样性呈连续分布。

5 总结

综上所述，在游猎人演化为古智人之前，游猎人并未有“种族”之分。多区域演化论模型中，世界不同地区的游猎人在一个广泛的时间段内向现代智人发生演化，演化过程中没有发生特化，种族构成源于隔离、基因漂移，种族和种族特征都是非常古老的；由现代遗传学与分子生物学等主流学科背书的非洲起源论中，种族差异存在于非洲和非洲以外的人群中，种族构成源于隔离、基因漂移与交流，人类演化表现为用分支树表示的物种分化。两种理论都给出了现代智人起源的解释，而不同的现代智人演化模型会对我们日常思考种族的起历史渊源与划分“种族”产生重大影响。

由于广泛的基因交流与适宜性遗传变异，仅依靠肤色等没有明确定义的表征性状与地理位置划分人类种族不足够可信。然而，现代社会的“政治正确”和反种族主义等敏感话题让人类学研究者使用“种族”一词时慎之又慎，甚至不愿意

对人类群体之间的基因变异进行研究。在我看来，多元文化主义下，我们不应该为了追求所谓的“政治正确”而放弃用现代遗传学对群体差异进行探寻。我们应当理性看待当前粗略划分的“种族”群体之间某些方面的整体差异，正视种族内部的个体多样性。

参考文献：

- [1] LIEBERMAN L, JACKSON F. Race and Three Models of Human Origin[J]. American Anthropologist, 1995, 97(02): 231-242.
- [2] KOTTAK CP. Anthropology: The exploration of human diversity[M]. New York: McGraw-Hill, 2000.
- [3] SOHN S, WOLPOFF MH. Zuttiyeh face: A view from the east[J]. American Journal of Physical Anthropology, 1993, 91(03): 325-347.
- [4] 科塔克 CP. 理解人类多样性: 科塔克人类学[M].方静文译. 北京: 中国人民大学出版社, 2020.
- [5] CANN RL, STONEKING M, WILSON A. Mitochondrial DNA and human evolution[J]. Nature, 1987, 325(01):31-36.
- [6] CANN RL, 范宗理.线粒体DNA和人类进化[J].世界科学, 1989(03): 37-41+64.
- [7] American anthropological association. AAA Statement on Race - Connect with AAA[EB\OL]. <https://www.americananthro.org/ConnectWithAAA/Content.aspx?ItemNumber=2583>, 1998-05-17.
- [8] ARSDALE APV. Population Demography, Ancestry, and the Biological Concept of Race[J]. Annual Review of Anthropology, 2019, 48(1): 227-241.
- [9] DAVID R. Opinion | How Genetics Is Changing Our Understanding of ‘Race’[N]. The New York Times. 2018-03-23.
- [10] IAN HOLMES. What Happens When Geneticists Talk Sloppily About Race[N]. The Atlantic. 2018-04-25.