



人类征服美洲时间的多角度探讨

杨敬敏, 朱东臣

复旦大学生命科学学院现代人类学教育部重点实验室, 上海 200433

摘要: 本文综合考古学、地理学、古生态学、分子遗传学等方面的研究成果对人类最早进入美洲的时间进行探讨, 并通过对文献中提及的迁移时间进行简单的统计分析。我们认为早期人类在征服美洲时有经历了两次高峰期, 一次是在 3.55 到 2.2 万年前, 另一次是在 1.8 到 1.3 万年前。人类在进入西伯利亚后, 继续扩张进入当时曾是陆地的白令地区, 在白令地区发展壮大并进入美洲大陆; 但在 2.2 到 1.8 万年前, 由于最后一次盛冰期的到来, 人类向美洲的迁移受到影响。随着盛冰期的结束, 白令地区通向美洲大陆的通道重新打通, 大约 1.8 到 1.3 万年前, 人类再次快速向美洲扩张。

关键词: 美洲印第安人; 迁徙; 盛冰期; 分子遗传学

Discussion on the Reported Time for Modern Humans Conquered the Americas

YANG Jingmin, ZHU Dongchen

MOE Laboratory of Contemporary Anthropology, School of Life Sciences, Fudan University, Shanghai 200433 China

ABSTRACT: The time for modern human entered the Americas was estimated by various fields including archaeology, geography, paleo-ecology, and molecular genetics. Here some simple analyses were performed on the time reported by many papers in these fields, indicating that there have been two waves for the peopling of the Americas, approximately 35,500-22,000 and 18,000-13,000 years ago. The early migrants to Siberia diffused to the Bering area which was above the sea level at that time, and expanded into the Americas subsequently. During 22,000 through 18,000 years ago, the Last Glacial Maximum stopped the early migrant into the Americas until its end stimulated the migrants entered the Americas rapidly for the second wave 18,000 to 13,000 years ago.

Key words: American Indians; Immigration; Last Glacial Maximum; Molecular genetics

美洲是现代人类最后到达的一块大陆。随着时代的进步, 经济、科技的发展, 各个学科对美洲土著的研究也越来越热。图 1 是在 PubMed 上搜到的从上世纪 40 年代至今关于美洲土著的研究论文的篇数随时间的变化状况。这可以从一个侧面看出对美洲印第安人的研究热度正在不断上升。特别是近二十年来, 这方面的研究成果正呈一个直线上升的趋势。

猿类是猴类衍化成现代人的一个重要中间环节, 考古学发现证明美洲只有猴类而无猿类。在美洲, 人们甚至没有发现早期智人的化石。据此, 科学家推断美洲不是人类的起源地, 美洲的人类是从其它大陆迁徙过去的。但是人类是何时、通过什么路线和途径进入美洲并在美洲栖息繁衍和发展的呢? 现在的美洲原住民又是从何而来? 围绕这些问题, 国内外各个学科的学者都对此进行了深入的研究和探讨, 问题的答案似乎也渐渐明

朗。本文将从考古学、地理学、分子遗传学等方面重点探讨一下美洲印第安人祖先进入美洲的时间问题。

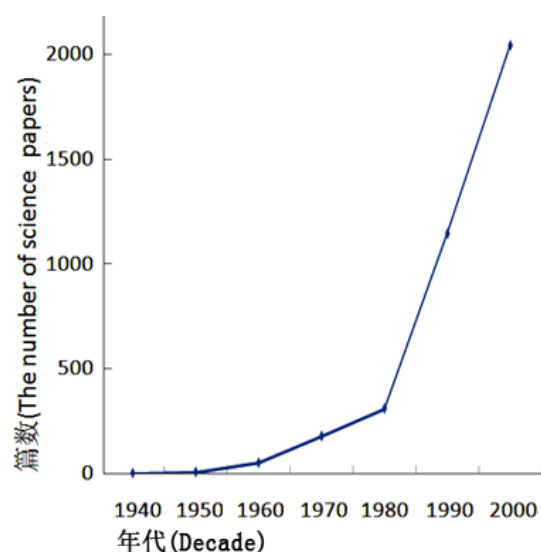


图 1 各时期关于印第安人的自然科学研究论文数目
Fig.1 The number of science papers on American Indians in different decades. Searching in PubMed, key words: "Native American" OR "American indian".

表 1 美洲考古发现及其估算年代 Tab.1 The estimated ages of the archaeological sites in the Americas

遗址编号	考古发现[1, 2]	距今时间 (年)
1	美国阿拉斯加(Alaska State)鹿骨刮刀	27,000
2	德伯特、西伯尔德河、莎利湖(Sally lake)的凹刃尖石	10,000
3	加拿大马更些河(Mackenzie River)以西考古发现	11,000-7,000
4	加拿大育空地区青鱼洞文化	11,000
5	加拿大育空老鸦河考古遗迹	25,000 -30,000
6	加拿大坎卢普斯一具人体残骸	8,250
7	美国阿韦拉的灶台、兽骨及织物等人类遗迹	15,000-12,000
8	美国新墨西哥州克洛维斯附近的石矛	11,200
9	秘鲁南部安第斯山山洞中 1 具人类化石和 4 件打磨过的石器	10,000
10	巴西佩德拉 — 富拉达遗址和智利蒙特 — 维尔德遗址	33,000
11	智利圣地亚哥以南约 800 公里的蒙特贝尔德遗址的古人遗迹	12,500
12	阿根廷圣克鲁斯省南部迪亚夫洛山的山洞里箭簇、石刀	13,000-11,000

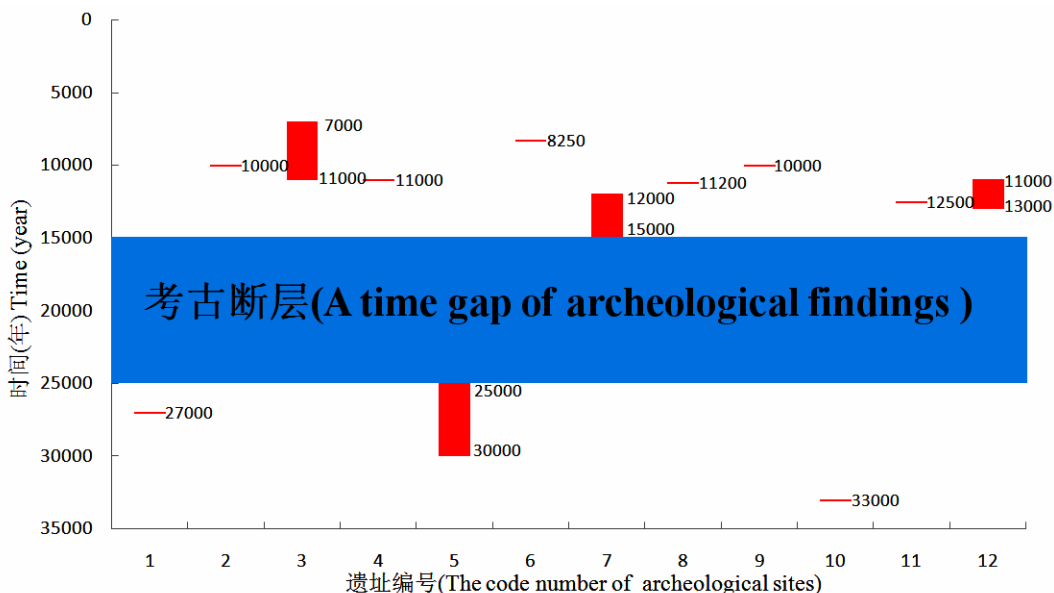


图 2 美洲考古发现的时间断层 Fig.2 A gap between 15,000 and 25,000 for the archaeological findings in the Americas

考古学发现美洲最早的人类遗址属于旧石器时代晚期和新时期时代。对这些遗迹进行分析后发现印第安人来自亚洲。有些研究者认为他们来自西伯利亚，也有些人认为来自蒙古高原北部。这些印第安人的祖先是在何时？如何进入美洲的呢？

通过不断的考古发现，人们在美洲找到了很多美洲先民活动的遗迹，并用一些方法测算这些遗迹的距今时间。其中一些遗迹列在表 1 中。

分析表 1 的考古遗迹数据并作图 2，我们可以清晰地发现在 25,000-15,000 年前这段时间里，考古发现有个断层出现。可能有以

下几种情况：(1)考古遗迹发现还不足，未能填补此断层；(2)这段时间里发生了某一事件，人类的在美洲难以生存，以致人口数下降，从而导致人类活动的范围减少，现在已很难发现那些为数不多的遗迹。

如果是第一种情况，那有待进一步的考古发掘。如果是第二种情况，那是什么事件引起的呢？

地理学和古生态学给我们提供了一个回答：在大约 60,000 到 10,000 年前，地球正处于第四纪冰川期后期，白令地区是一片陆地，连接着亚洲大陆和美洲大陆[3,4]。在这段时间里有一个盛冰期的出现，在这个盛冰期里，

冰盖覆盖了北半球的大片陆地，地球气温较低。横山祐典等人估算出盛冰期的时间为22,000到19,000年前[5]。这个时间段正处于这个考古断层里，这个也许能很好地解释断层出现的原因。随着冰川期的结束，地球的海平面上升，白令地区被淹没，成为白令海峡，亚洲和美洲从此被白令海峡隔开，人类通过白令海峡往美洲的迁移也受到阻隔。

随着分子遗传学的发展，一些新的手段应用于群体遗传学的研究中，如遗传标记STR、SNP的应用。母系遗传的线粒体DNA(mtDNA)和父系遗传的Y染色体DNA一般不发生重组，通过这些DNA上一些遗传标记的研究来探寻人类的进化、迁移、人群历史问题已非常广泛。

美洲印第安人的mtDNA有五种主要单倍型类群，分别为A、B、C、D和X[6]。可以根据mtDNA这些单倍群或者Y染色体DNA上的一些遗传标记的频率差异，或者DNA序列的差异，采用不同的群体遗传学模型来计算人群的迁移时间。不同的研究者得到的数据差异和采用的各参数的值差异，最后推算出的迁移时间也差异较大。

表2 不同文献估算的印第安人迁入美洲的时间
Tab.2 The estimated time of American Indian's entry to the Americas in different research reports

作者	发表时间	起始年	终止年
Bailliet [7]	1994	30000	30000
		12000	12000
Bianchi [8]	1998	13500	58700
Bonatto [9]	1997	25000	40000
Bonatto [10]	1997	22000	55000
Brown [11]	1998	12000	17000
		23000	36000
Forster [12]	1996	20000	25000
		13000	13000
Horai [13]	1994	14000	21000
Lorenz [14]	1997	10000	13000
Ruiz-Linares[15]	1999	9000	11000
		5000	18000
Santos[16]	1999	15000	15000
Seielstad [17]	2003	15000	18000
Silva [18]	2002	18600	23400
Shields [19]	1993	12100	13200
Fagundes[20]	2008	15000	18000
Starikovskaya[21]	1998	13000	16000
		34000	34000
Stone[22]	1998	23000	37000
Torrioni[23]	1994	8000	10000
		22000	29000
Torrioni[24]	1993	17000	34000

搜集尽量多的关于用DNA信息推测早期

人类进入美洲时间的文献，列在表2中。有些文献采用mtDNA单倍群数据，有些采用Y染色体DNA的遗传标记或序列信息。

对表2进行分析，统计各个时间段的文献报道次数，分析结果见图3。其中报道频次最高的是1.5万年前和2.8-2.3万年前，均为8次。在1.9万年前出现了一个低谷，只有4次。5.9万年之内的频次总体均值约等于4。3.9-1万年区间各点的频次大于等于4(1.1万年除外)，再对这个区间取均值(二次均值)，均值约为6，在频次大于等于6的时间区间，最终近似得到两个区间:[3.55,2.2](左边界落在3.5和3.6之间，对其做简单的均值处理)和[1.8,1.3](频次小于6的1.4万年也被包括在内)。

不同文献报道的早期人类进入美洲的时间各不相同，报道的频次越高，结论往往越可靠。如果是这样，我们就可以根据上述分析结果，认为早期人类进入美洲的时间为3.9万年前到1万年之间(频次大于等于总体均值)，在3.55-2.2万年前和1.8-1.3万年前经历了两次迁移高峰(均值大于等于6)，在2.2-1.8万年前可能经历一次瓶颈效应。

前面已经提到在2.2-1.9万年前曾经经历一次盛冰期[5]，在这几千年时间里，地球气温较低，生存条件恶化，特别是北半球高纬度地区。在白令地区，有效群体大小(N_e)下降，妇女群体数甚至降到1000左右[25]。但盛冰期并不意味着在这几千年时间里人类在白令地区无法生存，已有证据表明在盛冰期的部分时间里，白令地区有一些冰期生物种遗区，在生态上和气候上适合人类生存[26]。

KITCHEN等人于2008年提出了一种新的模型，认为人类进入美洲分三个阶段：(1)4.3-3.6万年，从东亚中部走出亚洲，开始向白令地区扩散。(2)3.6-1.6万年，人类占据着白令地区。(3)约1.6万年，人类从白令地区向美洲扩散，一条路线是美洲靠太平洋的海岸线一直往南，另一条线路是沿着东部的Laurentide冰盖和西部的Cordilleran冰盖之间的一条无冰走廊向美洲大陆扩散[27]。

结合这个模型，以及前面提到的有关地理学、古生态学、考古学、分子遗传学的观点和前面的一些简单分析结果，我们认为人

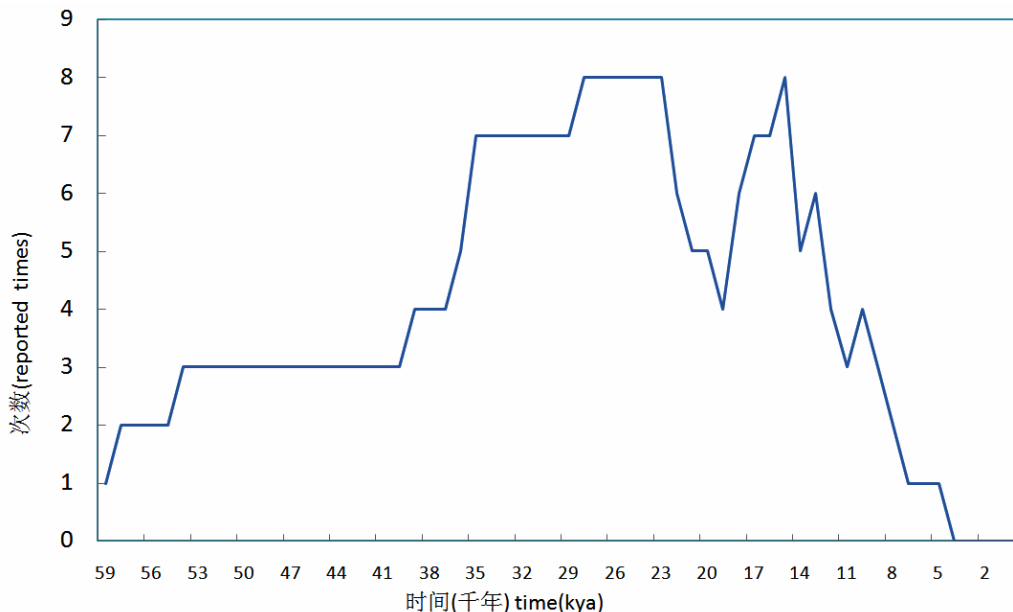


图3 美洲印第安人迁入美洲的不同时间报道频次
Fig.3 The frequency of the reported time for American Indian's entry into the Americas (the same data as in Tab.2)

类在来到西伯利亚后不久便向白令地区扩散, 即 4.3-3.55 万年; 在 3.55-2.2 万年, 占据着白令地区并有部分进入美洲内陆, 可能有部分沿着太平洋沿岸进入中美洲甚至南美; 在接下来的三千年时间左右的时间里, 地球经历了最后一个盛冰期, 在这个时期, 白令地区人口急剧下降, 人类向美洲大陆迁移遇到了极大的困难; 在这个盛冰期过后, 1.8-1.3 万年之间人类又得以再次快速向美洲大陆甚至南美洲扩散, 或通过太平洋, 或通过冰盖间的无冰走廊; 随着冰期的结束, 地球海平面的上升, 白令海峡渐渐形成, 美洲和亚洲被海洋隔开, 白令地区和太平洋沿岸的一些海拔较低的地区渐渐被海水淹没, 有些曾经人类活动过的遗迹长眠于海底; 在最近的一万年内, 随着人类文明的出现和发展, 人类渐渐征服海洋, 结束了从树上下来后, 几百万年来只靠双腿征服世界的历史, 开始了新的征程。

参考文献

1. 陈太荣,刘正勤(1997) 南美洲印第安人起源新说. 拉丁美洲研究 5:54-56.
2. 泰亦赤兀惕·满昌 (2002) 美洲印第安人是蒙古人的分支. 内蒙古民族大学学报(社会科学版) 28 (5):14-21.
3. Elias SA, Short SK, Nelson CH, Birks HH (1996) Life and times of the Bering land bridge. Nature 382:60-63.
4. Pitulko VV, Nikolsky PA, Girya EY, Basiyan AE, Tumskoy VE, Koulakov SA, Astakhov SN, Pavlova EY, Anisimov MA (2004) The Yana RHS site: Humans in the Arctic before the Last

5. Yokoyama Y, Lambeck K, De Deckker P, Johnston P, Fifield LK (2000) Timing of the Last Glacial Maximum from observed sea-level minima. Nature 406:713-716.
6. Schurr TG (2004) The peopling of the New World: Perspectives from molecular anthropology. Ann Rev Anthropol 33:551-583.
7. Bailliet G, Rothhammer F, Carnese FR, Bravi CM, Bianchi NO (1994) Founder Mitochondrial Haplotypes in Amerindian Population. Am J Hum Genet 55:27-33.
8. Bianchi NO, Catanesi CI, Bailliet G, Martinez-Marignac VL, Bravi CM, Vidal-Rioja LB, Herrera RJ, Lopez-Camelo JS (1998) Characterization of ancestral and derived Y-chromosome haplotypes of new world native populations. Am J Hum Genet 63:1862-1871.
9. Bonatto SL, Salzano FM (1997) Diversity and age of the four major mtDNA haplogroups, and their implications for the peopling of the New World. Am J Hum Genet 61:1413-1423.
10. Bonatto SL, Salzano FM (1997) A single and early migration for the peopling of the Americas supported by mitochondrial DNA sequence data. Proc Nat Acad Sci USA 94:1866-1871.
11. Brown MD, Hosseini SH, Torroni A, Bandelt HJ, Allen JC, Schurr TG, Scozzari R, Cruciani F, Wallace DC (1998) mtDNA haplogroup X: An ancient link between Europe western Asia and North America? Am J Hum Genet 63:1852-1861.
12. Forster P, Harding R, Torroni A, Bandelt HJ, (1996) Origin and evolution of Native American mtDNA variation: a reappraisal. Am J Hum Genet 59:935-945.
13. Horai S, Kondo R, Nakagawa-Hattori Y, Hayashi S, Sonoda S, Tajima K (1993) Peopling of the Americas, founded by four major lineages of mitochondrial DNA. Mol Biol Evol 10:23-47.
14. Lorenz JG, Smith DG (1997) Distribution of sequence variation in the mtDNA control region of Native North Americans. Hum Biol 69:749-776.
15. Ruiz-Linares A, Ortiz-Barrientos D, Figueroa M, Mesa N, Munera JG, Bedoya G, Velez ID, Garcia LF, Perez-Lezaun A, Bertranpetit J, Feldman MW, Goldstein DB (1999) Microsatellites provide evidence for Y chromosome diversity among the founders of the New World. Proc Nat Acad Sci USA 96:6312-6317.
16. Santos FR, Pandya A, Tyler-Smith C, Pena SDJ, Schanfield M, Leonard WR, Osipova L, Crawford MH, Mitchell RJ (1999) The central Siberian origin for Native American Y chromosomes.

- Am J Hum Genet 64:619-628.
17. Seielstad M, Yuldasheva N, Singh N, Underhill P, Oefner P, Shen PD, Wells RS (2003) A novel Y-chromosome variant puts an upper limit on the timing of first entry into the Americas. *Am J Hum Genet* 73:700-705.
 18. Silva WA, Bonatto SL, Holanda AJ, Ribeiro-dos-Santos AK, Paixao BM, Goldman GH, Abe-Sandes K, Rodriguez-Delfin L, Barbosa M, Paco-Larson ML, Petzl-Erler ML, Valente V, Santos SEB, Zago MA (2002) Mitochondrial genome diversity of Native Americans supports a single early entry of founder populations into America. *Am J Hum Genet* 71:187-192.
 19. Shields GF, Schmiechen AM, Frazier BL, Redd A, Voevoda MI, Reed JK, Ward RH (1993) Mtdna Sequences Suggest a Recent Evolutionary Divergence for Beringian and Northern North-American Populations. *Am J Hum Genet* 53:549-562.
 20. Fagundes NJ, Kanitz R, Eckert R, Valls AC, Bogo MR, Salzano FM, Smith DG, Silva WA, Jr., Zago MA, Ribeiro-dos-Santos AK, Santos SE, Petzl-Erler ML, Bonatto SL (2008) Mitochondrial population genomics supports a single pre-Clovis origin with a coastal route for the peopling of the Americas. *Am J Hum Genet* 82:583-92.
 21. Starikovskaya YB, Sukernik RI, Schurr TG, Kogelnik AM, Wallace DC (1998) mtDNA diversity in Chukchi and Siberian Eskimos: Implications for the genetic history of ancient Beringia and the peopling of the New World. *Am J Hum Genet* 63 :1473-1491.
 22. Stone AC, Stoneking M (1998) mtDNA analysis of a prehistoric Oneota population: implications for the peopling of the New World. *Am J Hum Genet* 62:1153-70.
 23. Torroni A, Neel JV, Barrantes R, Schurr TG, Wallace DC (1994) Mitochondrial-DNA Clock for the Amerinds and Its Implications for Timing Their Entry into North-America. *Proc Nat Acad Sci USA* 91:1158-1162.
 24. Torroni A, Sukernik RI, Schurr TG, Starikovskaya YB, Cabell MF, Crawford MH, Comuzzie AG, Wallace DC (1993) MtDNA Variation of Aboriginal Siberians Reveals Distinct Genetic Affinities with Native-Americans. *Am J Hum Genet* 53 :591-608.
 25. Elias SA (2001) Beringian paleoecology: Results from the 1997 workshop. *Quat Sci Rev* 20:7-13.
 26. Brubaker LB, Anderson PM, Edwards ME, Lozhkin AV (2005) Beringia as a glacial refugium for boreal trees and shrubs: New perspectives from mapped pollen data. *J Biogeogr* 32:833-848.
 27. Kitchen A, Miyamoto MM, Mulligan CJ (2008) A three-stage colonization model for the peopling of the Americas. *PLoS ONE* 3(2):e1596.