

远东古地中海幽灵假说

李出智

2026 年 8 月 10 日

目录

序言

基本世界观架构与路线

正篇

亚洲边缘地区部落汇总

东亚人群母系多样差异

日本及美洲与南亚结构

史前东亚母系扩散模型

远东古地中海幽灵假说

附章

羌的原始读音与发声学



Mediterraneism.com

序言

基本世界观架构与路线

在正式开始之前我想先确立三个基本框架，如果读者与我的基本预设是有冲突的，那么这篇假说所带来的价值会很有限。首先是关于人类迁徙的基本框架，在现代人类起源于非洲以外观点者，没有对非 MN 的 L3 母系姐妹分支都分布在非洲，以及 CT-M168 的兄弟分支 B 父系也分布在非洲做出合理解释，或者在给出一条现代人类起源于非洲以外迁徙至非洲，之后再折返回欧亚大陆的证据链之前，我个人还是倾向于现代人类追溯至其“直系”祖先阶段，起源于非洲的某地。

但我也对传统的走出非洲学说有一些异议，首先我并不认可“真正意义上的现代晚期智人”的形成关键期在非洲，这个我之后在正文中会粗略说明。其次我也并不认可在现代人类走出非洲以后，对于世界各地零散的其他人属只是简化叙事为一种单向的“到来后消失”，即现代人类进入到某地后，当地古人类就不加以解释的自动消失了，这条逻辑链显然是有空缺的，在解释这件事之前我想先理清物种这个概念的基本定义。

物种这个概念在今天显然不够严谨，而且对大众具有较强的误导性，归根结底是它不具备给生物划分明确界限的能力，或者说自然界的生物更倾向于呈现模糊而非截然的边界。物种这个概念试图用离散单位去描述具有连续性的演化过程，最终的结果是必然出现大量不符合其定义的例外现象，这在近代生物进化学中被称为物种问题（The Species Problem）。

不过也不能因此直接否认物种这个概念，按照亚历山大·派伦（Alexander Pyron）的观点，尽管他不认同用单一标准定义物种，但同时也认为物种是自然界真实存在并具有演化独立性的实体，所以物种也并非是人类完全凭空构建的产物。物种之间存在模糊边界不等于不存在任何界限，毕竟我们确实能够观察到不同生物类群各自相对独立的演化轨迹，现在需要做的只是接受物种这个概念作为连续演化谱系的本质，在使用物种这个概念的同时要清楚这只是强行把演化连续光谱进行切割，但也要清楚在连续的光谱上是存在某个隔离机制使其在特定遗传空间中形成稳定聚类，最终使这些聚类走上独立的进化轨道，这也是物种概念存在的基础。

还有一种解决方案是像艾伦·坦普尔顿（Alan Templeton）那样提出凝聚物种的概念（Cohesion Species Concept），将物种定义为通过内在凝聚机制维持为统一整体的最大进化单元。其界定的核心在于是否存在独特的进化凝聚力，而非传统意义上的以生殖隔离作为核心基础来划分物种。这意味着这类群体并不完全排斥与其他群体的基因交流，并仍能在遗传上保持相对一致性与连续性。

因此物种概念的价值并不在于精准无误地描述世界，而在于在可接受的信息损失范围内提供一个认知支点，使后续研究成为可能。问题不在于使用“不完全真实”的概念，而在于误将其当作绝对本质。目前学界对此更准确的是承认不同层级可使用不同模型，模型之间不必完全一致，只要在各自己尺度上有效，便是合理的。

传统生物学对不同物种的区分主要判断依据是生殖隔离，但在自然界当中生殖隔离通常不是绝对界限的，而是一种相对的存在，这也是物种概念并不明确的诸多证据之一。物种之间的杂交可以大致分为以下三种情况：

第一种情况是完全不育，这通常是完全无法受精，或者胚胎致死率高，母体很快流产，即便生育下来通常在离开母体后很快夭折，即便勉强存活也完全不育，或者杂交种活不到生育年龄。

第二种情况是部分可育，这通常意味着它们部分具有生育能力，杂交种可以活到生育年龄，但雄性通常不育，但至少它们的雌性能与亲本回交产生后代，经过几轮与亲本回交，就会生下相对可育的后代。比如霍尔丹（J. B. S. Haldane）提出的霍尔丹法则（Haldane's Rule）把物种杂交之间拥有两条不同性染色体即异配性别一方存在无法存活或者性别不育。比如雌性骡子早在亚里士多德（Aristotélēs）时代就被观察到有零星的繁殖记录，近代更是不计其数，但雄性骡子则完全不可生育，历史上并没有被观察到的案例。在哺乳动物当中就是雄性后代可能会出现弱精，精子发生异常等生育问题。隐性遗传病增多，免疫系统不兼容，这就所谓的混合不兼容性（Hybrid incompatibility）。

杜布赞斯基（Theodosius Dobzhansky）则认为杂交是进化中的常见现象，其结果既可能有利也可能有害。不同群体长期分化后，基因在各自背景中形成相对协调的组合，一旦发生杂交，这

种组合被打乱，可能导致适应性下降、生殖能力降低等问题，这属于他强调的基因不兼容机制。除此之外，杂交在理论上也可能使某些隐性有害等位基因在后代中以纯合形式表达，从而表现为不良性状或遗传疾病，但这种情况并非杂交特有，在同一群体内部也同样可能发生。因此，杂交带来的主要风险并不在于“产生遗传病”，而在于打破既有基因组合后可能出现的整体不协调。

第三种情况是第一代杂种完全可育，它们的直系后代通常也是，它们很容易与两个亲本物种无差别地繁殖。第二代的杂种动物本身和它们的后代，都是无限繁殖的，既可以相互交配，也可以与由两个亲本物种混合产生的各种杂种动物杂交，并且从中没有看出任何非常明显的问题。

目前全世界范围对物种杂交方面研究的最广泛权威的应该是尤金·麦卡锡（Eugene M. McCarthy），他最初是一名研究鸟类杂交的权威专家，后来开始记录一些其他物种之间的杂交情况，并提出不太靠谱的猪猿杂交理论。他的研究我基本都粗略看了一下，我得出的结论是大部分的物种确实只能停留在第一种情况即胚胎致死或出生夭折，但不能否认自然界也存在大量的可以“跨物种”杂交的现象。

实际上大多数物种种群之间的基因交流能力都是呈现环形物种（Ring Species），即不同种群之间可正常交流，相邻交流频繁的种群彼此之间能够顺利的杂交，因此在整体的分类学上被归为同一物种。但当环形两端的种群相遇时，可能会产生轻微的生殖隔离，在这种情况下物种概念就失效了，这也是物种并非固定的分类单元，而是连续渐变的演化谱系的证据之一。

所以对于物种的界定不能划分的那么死，其他古人类对现代人类造成了非常大的影响，有研究表明澳大拉西亚原住民拥有世界上最高成分的尼安德特人与丹尼索瓦人血统，显然古人类对现代人类的影响也同样不均匀。“物种与”物种“之间的杂交现象是非常频繁的，尤其针对人类来说，最后我的迁徙基本框架更类似于“走出非洲连续进化附带杂交”说，而非传统的走出非洲说。

在解释不同人类群体的体质差异时，大众包括一些传统的学者常用概念是基因突变，他们认为在不同环境下的物种会因为适应环境从而产生与之相适应的基因突变，比如典型的气候变化，

包括气温、紫外线、湿度的改变。但实际上这些都只是停留在假想层面，并没有过多实际的证据支持，也没有合理的逻辑链作为支撑，也并没有足够的观察样本。

任何在局部呈现优势的复杂适应性特征的产生是特定环境，历史机缘，以及特定基因类型物种自身与环境作用的共同产物，这种特征产生是小概率事件，通常是很难被复制的，这并不是单纯的叠加时间就能解决的问题。如果某一个群体偶然演化出该特征，那么其他群体有效获得这种特征的途径并不是等待自身演化出这种特征，而是通过与该群体进行杂交获取相关基因，这种方式叫做适应性渗入（adaptive introgression）。

这种通过杂交产生新物种的模式更接近迈克尔·阿诺德（Michael L. Arnold）提出的物种网状演化（Reticulate Evolution）结构，而非传统生物演化所说的树状演化结构，物种的演化更接近来自杂交的基因转移与渗入这种结论在近几年学术界因为全基因组测序成本下降，才逐渐发现有大量物种之间存在杂交的基因片段，早期因为技术力较弱无法得出结果，现在证据越来越明显的证明物种演化是树状与网状共同结合的。

这就意味着表型趋同有两种路径实现，第一种是各自因为近似的基因外加应对相似环境组合而产生相似基因表型即趋同演化，第二种则是单纯的通过基因交流即杂交的方式去获取完全共同的等位基因，这两种都可以实现表型相似的结果。并且这两种应该是相辅相成的效果，生命在相似的约束力下走向所谓的最优解，在这个过程中通过杂交来加快最优解的实现，当物种进入相似的生态位，行为与表型更接近时，这个时候更容易产生杂交。

达尔文（Charles Darwin）本人相比于大众来说至少有理论的漏洞识别能力与尝试修补能力，以及更为严谨的逻辑能力。他在晚年并没有否认观察到自然界中大量的杂交现象，并且为了解释遗传机制搬出泛生论（Pangenesis）作为进化论的补丁，这种理论结合了拉马克（Jean-Baptiste Lamarck）的获得性遗传。后来泛生论被孟德尔遗传理论所淘汰，在 20 世纪 40 年代学界引入遗传学理论并更新了进化论为现代综合进化论（Modern evolutionary synthesis），而最后的一次更新是 2010 年以后将生物发育学融入到进化论成为延伸综合进化论（Extended evolutionary synthesis）。

物种在长时间范围内是不会变化并不是完全没有道理，居维叶（Georges Cuvier）观察了大量的古生物化石得出结论认为物种不存在体质变化。古尔德的（Stephen Jay Gould）间断平衡论（Punctuated Equilibrium）。威廉·劳伦斯爵士（Sir William Lawrence）认为气候和环境无法影响人类体质，人类体质是遗传基因决定。

按照马西莫·皮格鲁奇（Massimo Pigliucci）宣传的延伸综合进化论（Extended Evolutionary Synthesis, EES）里所提到的主要观点，物种发生变化的主要驱动力并不是基因突变，第一种是等位基因的调控差异，在调控中基因的序列本身不发生任何变化，但其表达性状会发生改变。第二种是物种间的基因交流，这其中包括杂交等通过渐渗的方式让外源基因稳定的融入其他群体重新组合新的性状。

这并不是否认基因突变在物种变化中起到的基础性作用，基因突变仍然是所有遗传变异的最底层来源，但有利突变在自然界真正产生的概率极低，不能作为产生复杂性状的核心驱动力。真正被大量观察到的是基因调控所带来的物种性状变化，而非基因本身突变。

这就像某个特定相貌的人去到另一个相貌迥异的地区，经过若干时间以后他的后代在某一个时间点相貌与当地人逐渐趋同甚至完全融入其中，当这种情况发生的时候首先不应该思考是因为适应了某种环境从而导致这种转变，如长期摄入当地人的特色食物以汲取可能的特定营养，再或者因为为了适应当地气候相关的要素如湿度，温度而做出基因突变。最有可能发生的事情还是这个人或者他的后代不断的与当地人通婚，从而实现一种基因交流，当这种基因交流发生的时候体质自然的就转变了，并不需要复杂而又漫长的基因突变。

包括在研究古人类的遗骸也应当注意这种思路，如果在某一个地区出土了一具遗骸，而在同一个地点挖出了另一具遗骸，只不过该遗骸的时间与前者并不相同，并且呈现体质混合的状态，那么这个时候要收起为了适应环境而做出基因突变这种思路，更应该去思考有哪些人群后来融入了这部分人群当中并进行基因交流。

我并不否认可以通过长期的筛选基因已达到改变体质的目的，这区别于那种快速的基因交流方式，但这是具有特殊性且非常缓慢的，如果一些情况下所展现的是体质快速的发生改变，那么

就不应该考虑这种模式，并且基因突变往往是有害的，稳定的基因最可靠的方式就是通过已有这部分基因的人群进行基因交流，而不是指望基因突变。

所以我对于现代人类不同地区快速的体质改变是持有坚定的立场态度，这也是我的第三个基本框架，即所有的变化几乎都与杂交也就是基因交流有关，俗称混血。与“基因突变”几乎可以说没有任何关系，尤其是涉及到某些案例，这些案例的共同特征是某地区快速的发生体质变化，这在我的基本框架中一定是外来了人群，或者以外来人群为视角进入了新的地区，这个地区有当地属于他们的“外来人群”，总之必然不是当地环境发生变化从而导致基因突变。在我的基本框架中我首先就不会去思考环境发生哪些变化，想办法找到这个外来人群才是我的最关心的。

还要提前说明一点是，以长链条为结构的理论注定在很多环节中缺乏明确的直接证据，更多是通过间接证据的堆砌来实现推断，不过这种情况的出现并不只存在于我身上，而是目前所有整合型理论无论官方还是民间的特点。但在新理论发展初期，更多时候直接证据的重要性反而没有间接证据高，问题在于如果你不能提前把所有的间接证据串联起来，那么即使未来有再多的直接证据也会因为无法理解，从而忽略甚至无视。

所以事情的关键在于，即便目前仍然缺乏直接证据，但新范式的搭建依然要去做，因为任何“直接证据”的发现是建构完理论之后的事情，真正的顺序并不是发现直接证据之后证明一种新理论，而是先有新理论的搭建之后才能“看到”以前没有看到的直接证据，大多数情况下直接证据在没有“想到”之前是看不到的，哪怕它其实已经存在了非常长的一段时间。

这也是为什么我在缺少直接证据的当下仍然要发布这篇假说的原因，只有先设想才会在未来发现更多的实质性证据，不然当所有人都没有这种理论预设之前，即便通过考古挖到直接性证据也会因为无法理解或无法解释而选择拖延公布相应数据。

最后关于对假说的看法，直接全盘接受或者全盘否定都是缺乏思考力与逻辑力的体现，历史的经验一再证明任何新型的解释模型随着时间的推移会显露其正确与错误的部分，我们只需要拾取那些在混沌思考下的正确思路与结论，抛弃掉那些细节上的错误后继续前进即可，真正重要的是思路的呈现，还有是否有能力辨别和承接新范式时代的生成，完全聚焦于理论对错是庸众做法。

正篇

亚洲边缘地区部落汇总

安达曼群岛母系与其他人群

安达曼群岛被划分为偏北部的大安达曼语系人群（Great Andamanese languages）与偏南部的翁甘语系人群（Ongan languages）也称南安达曼语系，前者自 18 世纪末与英国殖民者接触较频繁，最初包括十余支部落，如阿卡-卡里人（Aka-Cari）、阿卡-科拉人（Aka-Cora）、阿卡-博人（Aka-Bo）、阿卡-杰鲁人（Aka-Jeru）、阿卡-科德人（Aka-Kede）、阿卡-科尔人（Aka-Kol）、奥科-朱沃伊人（Oka-Juwoi）、阿卡-普奇克瓦尔人（Aka-Pucikwar）、阿卡尔-巴莱人（Aka-Bale）、阿卡-贝亚人（Aka-Bea）等，但到 20 世纪中后期受外来影响已近乎灭绝。因此，目前所谓的大安达曼人（Great Andamanese），其实只是最初大安达曼语系众多部落中的极小部分幸存人口。

翁甘语系目前已发现或尚未明确的包括詹吉尔人（Jangil People）、加拉瓦人（Jarawa People）、翁奇人（Onge People）、与森蒂纳尔人（Sentinelese People）。其中詹吉尔人由于已经灭绝所以无法考证，森蒂纳尔人暂时无法登陆北森蒂纳尔岛展开研究，其语言归属尚未得到确认，但从已知的地理分布以及其他间接证据来看，大概率属于翁甘语系人群。关于安达曼群岛两种语系的亲缘关系，约瑟夫·格林伯格（Joseph Greenberg）就曾提出，大安达曼语系与西巴布亚语系同属一个更大的语系，而翁甘语系则曾被朱丽叶·布莱文斯（Juliette Blevins）等语言学家认为与南岛语系存在亲缘关系，但这一观点至今仍有争议。持反对意见的学者认为，两者之间的相似之处可能源于接触或借用，而非底层同源。

不过语系划分显然不是这里的重点，其作用仅是为了简要区分安达曼群岛当中各部落之间的内在关系，最后以此为基础从中获取母系与父系的规律性才是关键。从母系上来看，目前已知的安达曼群岛人群基本以 M31 与 M32 母系为主，M31 下游的 M31a1 仅分布在安达曼群岛内部，其

中大安达曼人具有 M31a1a，而居住在小安达曼岛（Little Andaman）的翁奇人与安达曼岛南部的加拉瓦人则错位拥有其姐妹 M31a1b，以及 M31a1c 测自加拉瓦人，M31a1d 测自翁奇人¹。

但 M31a1 的姐妹分支 M31a2 以及 M31a* 则分布在印度以 F-M89 下游的 R-M124、J-M172、H-H69、O-M95 与少量 F-M89* 父系的洛达人（Lodha People）²，还有琴楚人（Chenchu People）、兰巴迪人（Lambadi People）等人群当中³，也分布在缅甸尤其缅北地区，除此之外中国西南地区也有少量分布，同时还分布在斯里兰卡（Sri Lanka）。M31a2 似乎是唯一在斯里兰卡和印度东部、东南部地区出现的 M31⁴。M31a1 的姐妹分支 M31a2a 则在布伊亚人（Pauri Bhuiya）与蒙达人（Munda People）中发现。早期因为样本量少导致 M31 母系的地理分化位置不清晰，但现在基本确定 M31a1 与 M31a2 的分化位置在缅甸或印度东北地区。

M31 母系还发现于印度的卡纳塔克邦、安得拉邦和马哈拉施特拉邦，M31a 的姐妹分支 M31b'c 中，下游的 M31b 在拉吉邦希人（Rajbanshi People）与西孟加拉地区测出，M31b1 下游则主要分布在缅甸，以及云南边境的阿昌族、景颇族等以云南 O2a2b1a1-M117 为核心的藏缅语族⁵，M31c 则在尼泊尔及印度东北地区分布，同时还以约 5% 的频率出现在南亚卡西人（Khasi People）中，并以约 17% 的频率出现在博伊人（Bhoi People）中⁶。

M32 母系的下游 M32a 存在于翁奇人与加拉瓦人，其姐妹分支 M32b 错开其分布存在于大安达曼人⁷，并且除了安达曼群岛以外在马来半岛南部有零星分布，M32a 的姐妹分支 M32c 基本分布在马达加斯加的南岛人。现已经明确来自菲律宾群岛，最初伴随南岛人的扩散在印尼西部做短暂停留后，直接迁往马达加斯加。这支人群由 B4a1a1a1a1 母系及其姐妹分支 B4a1a1a1a2，以及菲律宾的 F3b1b* 及相关分支 F3b1b2、F3b1b3、F3b1b4 组成，同时裹挟了部分印度尼西亚西部和马来半岛南部母系迁往马达加斯加。

除安达曼群岛常见的 M31 与 M32 母系以外，大安达曼人还包括低频的 M3 与 R22。R22 也见于安达曼群岛以南、尼科巴群岛上的尼科巴人（Nicobarese）。尼科巴人还具有高频的 B5a、F1a 母系，中频的 M74b，以及频率较低的 M5c1 与 M6a⁷。生活在尼科巴人以东、泰国西海岸的昭莱人（Chao Lay People），同样具有一定比例的 F1a1a1 母系，但也含有 D4e1a、E1a1a1a、

M21b2、M46a、M50a1 和 M71c 等小众 M 母系⁸。尼科巴人与安达曼人之间是存在明显区别的，如果按照常染分析，翁奇人与加拉瓦人彼此类聚，并与大安达曼人存在一定距离，但这三者都明显远离尼科巴人⁹。与尼科巴人类聚的是来自老挝，属于孟高棉语群体的马尔人（Htin Mal People）。

排除掉大安达曼人当中测出的 R1a1-M459 父系后来被证实是现代混合的结果后，其原生父系则是 F-M89 下游细分的 P-M45、K-M9、L-M20、O-M122、O-M95¹⁰，不过遗憾的是并没有对这些支系进行更进一步的年龄测算，如果采取大安达曼人当中 K1 即 L-M20 与 K2 即 P-M45 与 O-M175 的共祖时间，那么他们之间的内部共祖可接近 4 万年，这对判断安达曼人的登岛时间并没有实际帮助。

但所幸翁甘语系人群中的翁奇人与加拉瓦人同时具有 D-M174 下游的细分分支 D1a2b-Y34736，其内部共祖时间约为 3400 年¹¹。这个时间与 M31a1 母系约 3200 年的内部共祖时间接近，也与安达曼群岛贝丘等遗址目前不足 3000 年的最早考古记录要早一些¹²。此外，安达曼群岛上的野猪已被证明与缅甸野猪同属一个母系分支，在大约 3000 年前伴随人类迁徙被引入岛屿，这一时间同样与前述数据接近¹³。

早期研究者难以判断安达曼群岛与南亚 M31 与 M32 母系之间的迁徙关系，现在基本确定并不是南亚的 M31b 与 M31a2 从安达曼人群回迁，而是从南亚往外扩散所致。所以整个安达曼群岛人包括南部的尼科巴群岛人显然不能被简化定义为孤立的早期人类残存¹⁴。

从父系的共祖年龄来看，尼科巴人的核心父系 O1b1a1a-M95 的内部共祖年龄也在 4000 年左右¹⁵。所以这些人群不仅仅是有多个母系姐妹分支频繁出现在南亚与中南半岛，其父系内部共祖时间也大致集中在 3000—4000 年前，大安达曼人还并未进行测算但应该不会和翁甘语系人、尼科巴人拉开太大差距。

若从考古学来看，安达曼群岛目前已知最古老的众多贝丘遗址，其放射性碳年代也只有距今约 2000 年。安达曼人所含约 2%—4% 的尼安德特人成分与其他出非洲人群相似，丹尼索瓦人成分与东亚人群相比同样没有明显差异，这与巴布亚—澳洲人群形成对比¹⁶。

至于安达曼人的种群归属问题，现代通常将其划入尼格利陀人种。不过在早期人类学当中，“尼格利陀”原本指的是菲律宾地区身材矮小的原住民，后来把这个概念扩散到马来半岛的原住民与安达曼群岛的原住民。后来在 20 世纪研究者就已经发现菲律宾群岛、马来半岛、安达曼群岛的相关人群在体质上彼此独立，尤其是安达曼群岛的原住民，他们与典型的尼格利陀人群体质存在差异，语言上也独立于菲律宾和马来半岛的尼格利陀人，并不与后两者同属一个语系。

如果从来自不同地区的类尼格利陀表型人群的体质差异上来看，安达曼人整体肱骨较短，马来半岛的赛芒人（Semang People）的股骨较短，菲律宾的阿埃塔人（Aeta People）的桡骨较短，19-20 世纪西方人类学界普遍认为这些人群的特殊体质特征显然是各自独立形成的¹⁷。而至于中国西南至中南半岛一带的和平文化人群，在体质上更接近澳洲—美拉尼西亚人群，与安达曼群岛人群存在一定差异¹⁸。

如果从石器技术差异上来看安达曼群岛与和平文化，根据拉德克利夫·布朗（Alfred Radcliffe-Brown）的记录，安达曼人拥有大量小型石刃、复合工具和微型石镞，并掌握了砍伐原木、掏空树干和制作独木舟的一整套技术。这与中南半岛和平文化所使用的旧石器时代苏门答腊石器（Sumatralith）存在明显区别，也侧面说明安达曼石器工业并不属于和平文化体系。

如果从安达曼群岛内部的身高差异上来看，也并不是一成不变的，加拉瓦男性比平均 1.48 米的翁奇男性高约 6 厘米左右，比平均 1.51 米高的大安达曼人高 3.5 厘米左右¹⁹。在印度南部因身材矮小、肤色黝黑以及头发卷曲，早期也曾被认为是一种尼格利陀人、以 H1-M52、F-M89*、C-M130*父系为核心的卡达尔人（Kadar People）男性²⁰平均身高 1.56 米。有研究从卡达尔人木质梳子上的雕刻图案表明，他们可能与马来半岛的尼格利陀与菲律宾群岛的尼格利陀有着非常古老的文化联系，按照埃贡·冯·艾克施泰特（Egon von Eickstedt）的说法，卡达尔人在体质上比安达曼人更有可能属于所谓的“大陆原型”尼格利陀人²¹，在印度拥有类似表型的还有以高频 O-M95 与 H-M69 组成比尔霍尔人（Birhor people）²²。

其实也不止经典的菲律宾群岛、马来半岛、安达曼群岛，以及后来延伸的印度，印尼群岛与新几内亚地区在 19-20 世纪也发现过很多类尼格利陀表型的部落，例如在马当（Madang）西部山

区以以 K2b-P331 父系为核心的“矮化巴布亚”艾奥米人 (Aiome people)，其男性身高约 1.48 米，女性约 1.37 米，面部呈现澳洲人种特征，包括嘴宽、上唇凸出，肤色为浅棕色或者深棕色，但携带新几内亚高地的新石器技术²³，其体内的血红蛋白值普遍偏低，这似乎原始部落共有的特征²⁴，与安达曼人的平均身高 148.4 厘米，阿埃塔人的平均身高为 147 厘米相当。

其他西新几内亚的部落包括以 M-M4 父系为核心的乌纳人 (Una People) 和柯登班人 (Ketengban People)²⁵，他们的身高基本都在 1.5 米左右²⁶，其他诸如巴列姆山谷附近的亚利人 (Yali People)、科西佩人 (Kosipe People)、兰帕萨萨人 (Rampasasa People)，当然也包括东部高地奥卡帕区的福雷人 (Fore People)，群体中都存在一些身材矮小的类尼格利陀人，同时也发现他们都有具备下巴缺失的特征，这也是澳大利亚-巴布亚人 (Australo-Bapuan population) 的独特特征，同时也在弗洛里斯人身上发现。不过 M-M4 的临近兄弟分支 S-B254 为主的胡里人 (Huli People)、吉米人 (Gimi People) 和戈罗卡人 (Goroka People) 则都以高壮的巴布亚人为主。

菲律宾与马来半岛尼格利陀

菲律宾群岛的尼格利陀人群通常被划分为北部与南部，北部主要包括吕宋岛的阿埃塔人 (Aeta People) 与各种地理位置的其他阿埃塔人 (包括 Ayta, Agta, Arta, Atta, Dumagat 等)。居住在吕宋岛西部的被称为阿埃塔人，居住在吕宋岛东部的则被称为阿格塔人 (Agta People)，叫法不同但彼此实际同源只是地理位置分居而已，从父系数据上来看也可以证明，阿埃塔人与阿格塔人两者都以 K-M9*、O-M175、C-M216、P-M45 为核心父系²⁷。菲律宾群岛南部主要指的是吕宋岛以南地区，包括巴拉望岛 (Palawan Island) 的巴塔克人 (Batak People)、宿务地区和帕纳亚岛的阿提人 (Ati People) 以及棉兰老岛的马曼瓦人 (Mamanwa People)。

其中阿埃塔人的一个分支马克布孔阿埃塔人 (Ayta Magbukon)，在此前一项研究中意外发现其拥有目前已知的全世界最高丹尼索瓦人成分²⁸，这比美拉尼西亚的巴布亚人以及澳洲原住民还要高出 30-40%。研究还发现菲律宾的尼格利陀人群都在大约 2200 年前开始与南岛人进行基因交流并从中获得东亚成分，这种交流伴随的是稀释掉了部分丹尼索瓦人成分，马克布孔阿埃塔人

可能只是在历史中错失与南岛人群的接触，混入较少的东亚基因成分从而保留了高丹人成分。并且菲律宾尼格利陀的丹人成分与巴布亚人的丹人片段并不相通，这说明两者的祖先混入不同丹人分支而非分属同支。

与阿埃塔人父系结构呈现不同结构的尼格利陀人群则是巴拉望岛的巴塔克人、马曼瓦人还有偏南分布的阿提人，父系均以 O-M175 为核心，其中巴塔克人以 O1a2-M110、O1a1-P203、O2a2-P201 为核心，外加少量 O1a-M119*、O-M122*、K-M9*组成²⁹，母系以 M21a 为主外加少量 R21、B5a、B5b 混合。

马曼瓦人以 O-M122 与 O-M119 为核心父系外加少量的 K-M9、C-M130、NO-M214、O-M95³⁰。最后阿提人以 O-M110、K-M9、C-RPS4Y 为核心父系，外加少量的 O-M122、O-M7、O-M134 组成。母系则以南岛特色约 60%的 R9c 与 F1a3、F3b2、M7c1c、Y2a1 分支占据主导，并含有少量的 M19、M21c、M24、以及东亚主流 D 母系的姐妹分支 M80，M21c 的下游分支 M21c1a 则分布在吕宋岛³¹。

菲律宾群岛的尼格利陀如阿埃塔人，阿格塔人、马曼瓦人的 R 母系除南岛人带过来的分支包括 B4a1a、B4b1a、M7c3c、E1a1a、E1b1、Y2a1、R9/F 外还具有美拉尼西亚特色的 P9 与 P10，最后包含低频的中南半岛小众母系 M7b3。阿埃塔人与阿格塔人还具有较为高频的 M52 与 M58 母系，有研究表明这似乎来源于印度，至于马曼瓦人则拥有高频独特的 N11，M7b3a，M7c3，M74b1³²。

马来半岛的原住民有类似尼格利陀表型的赛芒人（Semang People）与赛诺伊人（Senoi people），也有与新石器华南地区南下融合形成并不具有明显尼格利陀表型的“原始马来人”（Proto-Malay）。赛芒人当中的马尼人（Maniq People）父系几乎以 K2b1-P397 父系为主，共祖年龄约 4.1 万年。母系以 2.3 万年的 M17a、1.8 万年的 M21a、9 千年的 R21 为主³³，并患有高比例 2 型糖尿病的潜在风险，有研究认为这与他们开启农业的时间较晚有关³⁴。

赛芒人当中的贾海人（Jahai People）与马尼人结构较为相似，但贾海人中的 R2a-L266 与 R1a1a1b2a-Z94 应该是晚近混入，检测出来的 K2b-P331*则是原生居民，并且母系当中具有高频的 R21 与 N9a6、M21a，还有部分低频的 M21b。另一个赛芒人分支门里克人（Mendriq People）则只测出了 K2b1-P397，当中共祖时间约 8000 年的 R21 与共祖 8000 年的 F1a1a，要远小于共祖 2.3 万年的 M21a 与共祖 1.9 万年的 M17a³⁵。

马来半岛的尼格利陀人诸如赛芒人、赛诺伊人的其他共同特征是都拥有高频的与 Gua Cha 遗址编号为 MA911 样本相同的母系 M21a 以及姐妹分支 M21b，同时还包含少部分新石器时代母系 F1a1 与 B5b1，赛芒人与赛诺伊人还拥有高比例异常的小众 R 母系分支 R21³⁶。马来半岛的赛芒人与赛诺伊人在父系类型基本以 O-M175 与 K-M9 两者混搭为主。一个显而易见的常识是，赛芒人与赛诺伊人包括菲律宾群岛的阿埃塔人等都代指一个群体，而群体下会有不同的支系部落，这就像安达曼群岛当中的大安达曼人一样，并不是指大安达曼人这个部落，而是大安达曼人是众多部落的统称。所以赛芒人与赛诺伊人显然还有众多部落没有被统计到，但既然都同属一个群体，母系与父系的构成应该差的不会太多。

从目前古 DNA 的结果与现代人群的比对来看，他们也是目前已知保留和平文化祖源成分（Hoabinhian ancestry）最丰富的现代群体之一，尤其是马尼人和贾海人在很多研究中都显示他们与 LA368 的遗传距离非常相近³⁷，更有一些研究指出现代马来半岛的赛芒人与 Gua Cha 遗址具有很强的连续性³⁸，这从地理分布与母系上也能够看出。如果以目前仅测出的两例和平文化年代稍晚的样本 LA368 与 MA911 为代表，那么现代东南亚保留最多的群体之一就是马来半岛的贾海人、巴泰克人（Bateq people）、门里克人，他们的母系以 M21a 占据绝对主导，其次以 B5b、M21b、R21 为辅。

不过考虑到目前和平文化的古样本年代普遍较晚并且已测的数量极度空缺，所以结论还不能下的过早。从年代上来看，和平文化的鼎盛时期大约在 0.8 万年至 1.5 万年前，距今 7000 年前老挝 Pha Faen 遗址的 LA368 正是处于和平文化由盛转衰的前夕，再晚出土于距今 3900 年前马来西亚 Gua Cha 遗址的 MA911 则基本处于和平文化末期与中南半岛新石器技术的交接时代。

从整个中南半岛的角度来讲，和平文化从距今 6000 年前开始正式进入衰落阶段，古 DNA 来看就是 O1b1-F2320 以及 F1a1、B5a1 在越南频率大幅提升正好对应南亚语族的兴起，也确实约 6000 年前开始有 O1b1-F2320 父系在中南半岛测到，并在后来距今 3000-4000 年中南半岛开始逐步转向新石器时代。

Gua Cha 遗址的和平文化层大约开始于约 8000-9000 年前，约 3000 年前左右正式开始新石器时代³⁹。MA911 生活的年代，马来半岛很多地区已经开始出现陶器，磨制石器，新石器习俗的墓葬，显然 MA911 样本对于和平文化的研究还是太晚近。如果从体质的角度来看，大卫·布尔贝克（David Bulbeck）研究 Gua Cha 遗址出土的几十具遗骸，他得出的结论是 Gua Cha 遗址从体质上并不接近和平文化典型的澳美人种（Australo-Melanesian）特征，当然也与当地东南亚人有一定距离，而是以一种复杂的组合特征呈现⁴⁰，其实就是晚近混血人群的特征。

从数量上来看，在中国南方到苏门答腊岛这片范围普遍存在的和平文化（Hoabinhian）目前总计发现了将近几百处遗址，光越南境内就有多达 150 处⁴¹。年代稍微早一些的有 1.8 万年前的福迪洞（Fodongdi）、2 万年前的德丹洞（Dedan）、2.3 万年前的典姆洞（Diem cave）⁴²、2.4 万年前的特朗洞（Hang Trong）、2.5 万年前的昆蒙洞（Con Moong）、3 万年前的桑昆洞（Tham Khuong），最早的则可以追溯到距今 2.4-4.3 万年前最古老的和平文化小洞遗址（xiaodong）⁴³，但这些年代比较早的遗址目前还尚未有古 DNA 数据，同样越南北部宁平省距今 1.2 万年前和平文化晚期的 Thung Binh 1 洞遗址出土 M59 母系的 TBH1 同时并没有公布父系数据⁴⁴，还有 2025 年最新发现的距今约 3 万年前的泰国大隐洞（Tham Din Cave）的 Pangpond 儿童样本，这些同样都是任何基因数据的。

还有一些如曼巴遗址（Manbac）在体质学测量上非常偏向典型的和平文化遗骸，这些已知有明确遗骸并具备基因检测的重要遗址仍然尚未有数据，所以目前仅公布的距今 7000 年的 LA368，C1b-F1370 父系 M5 母系，M5 母系虽然主要分布在印度，但在尼泊尔跟缅甸北有一定分布。以及距今 3900 年前的 MA911，D1b*-TY92016 父系 M21b1a 母系很难支撑起对历史上整个和平文化的研究，其中 M21b1a 母系至今还是东南亚包括中南半岛及马来半岛土著的常见母系。

除此之外有一些研究推测姆拉布里人 (Mlabri People) 也是类似赛芒人那样是和平文化的直系后裔⁴⁵，不过姆拉布里人混入了更多新石器时期从华南地区南下的以共祖将近 1000 年的 B5a1b1 母系为主，O1b1a1a1b-M1283、O1b1a1a1a1-F2924 父系为核心⁴⁶的新石器居民，其与泰国东北部同受这方面影响的萨克人 (Seak People)、索人 (Soa People) 和布鲁人 (Bru People) 的基因关系最密切。这些人群同样与以 O-M175 为核心，外加少量 C1b1a2-B65、C1b1a2b-F725、C1b2a-M38、F2-M427、S-B254、P-M45 (18%)⁴⁷的现代马来人关系更密切。

以姆拉布里人为代表的原始马来人不同于马来半岛的尼格利陀人，他们更多由两种血统混合而成，比如雅昆人 (Jakun People) 的底层是类似赛芒人、赛诺伊人的类和平文化的马来半岛狩猎采集原住民成分，而上层则是新石器华南稻作人群大规模迁入带来的东亚血统⁴⁸，即两者的混血。从母系上来看呈现的效果是雅昆人由 50% 的 F1a1a 与 50% 的 M* 混合而成，而现代马来可以被拟合成马来原住民与华南新石器移民与晚近印度商贸移民的混血，前两者贡献是最大的，并且有明显的母系差异⁴⁹。这也可以解释赛芒人的分支马尼人有大约 35% 的东亚相关祖先成分来源，以及 65% 的类和平文化混合而成，前者是由后来的农业相关人群带过来的。

原始马来人诸如塞梅莱人 (Semelai People)、特穆安人 (Temuan)，他们的母系特征主要是高频携带一些晚近南亚语族带来的 B5a 与 F1a1，以及中南半岛更早一步迁徙过来的 R21 与 N9a6，还有一些与 M21 母系相关的姐妹分支 M21b、M21a、M21c，再加上南岛语族的 M7c1。

其他原始马来人如卡纳克人 (Kanaq People)、实里达人 (Seletar People)，虽然目前没有找到母系相关的数据但应该都是相似的，而后来的现代马来人在此基础上增加了部分 B4c、C、D、E、F3、H、M7b、M12、P、Q、R9、Y2，这里的 Y2 应该指的是南岛语族特有的 Y2a1。

其中 R21 与 R22 同属于东南亚的小众 R 母系分支，在当地的存在感并不如 M 母系与晚到的 B 与 R9/F，但内部年龄明显小于 M 母系分支，这可能是由于部分母系晚来并没有早到的 M 母系占据地理先发优势，又不像后来的南亚语族与南岛语族当中的 B 与 R9/F 那样具有完整的农业优势。

至于东南亚包括马来半岛、婆罗洲、菲律宾群岛以及整个印尼群岛的原始马来人的相貌，其实 18-20 世纪的众多西方探险家与人类学家记录了印尼群岛包括马来半岛、婆罗洲、菲律宾群岛、苏门答腊岛、爪哇岛、小巽他群岛众多边缘部落，老旧的文字与图像书籍资料实际上要比人们想象的要丰富，共同的描述大致是前额低而圆，鼻子非常宽且扁平呈现一种展开的状态，脸颊丰满但颧骨不明显，眼睛呈圆形，下巴发育不明显也就是呈现圆钝状，嘴唇大小不一有时则向外翻，体毛较少通常稀疏且杂乱。

新几内亚与澳洲的基因构成

历史上与东南亚印尼群岛有过些许基因交流的就是比他们更偏东南的大洋洲人群，即美拉尼西亚与澳洲原萨胡尔大陆一带，但在父系上除了共同集中于 CF-P143 外还是与原始马来人略有区别，比如澳洲原住民诸多地区均以 CF-P143 下游的 C1b2b-M347、K2-M526*，S-B254 父系为高频外加较低频 C-M130*，M-Z30840 父系⁵⁰。还有排除近 3500 年来不断融入新几内亚低地沿海地区的南岛拉皮塔人分支 O-M119 与 O-M122 外，新几内亚巴布亚人的父系类型高度集中在 F-M89 下游的 K-M9、K2b1-P397 下游的 S-B254 与 M-Z30840 父系，以及部分 C-M38⁵¹。

K2b1-P397 几乎仅局限于印度尼西亚东部、大洋洲、澳洲原住民和菲律宾阿埃塔人，这其中 K2b1a1-P308 仅分布在澳洲。K2a-M214 (NO) 与 K2b-P331 (PQR) 同时期分化的 K2c-P261、K2d-P402、K2e-M147 则以极低频的形式广泛分布在印尼群岛⁵²。所以似乎 CF-P143 在东南亚的多样性要略高于大洋洲，大洋洲可能只是延伸，C-M38*的 STR 多样性也在印度尼西亚东部达到最高频率，而不是美拉尼西亚，其下游 C-M208 仅限于美拉尼西亚和太平洋岛屿⁵³，以及印度尼西亚东部的 M-P34 与 S-M254 多样性则超过了新几内亚。

从母系层面来看，B4a1a 与 E1a 并非北萨胡尔原住民母系，萨胡尔地区主要以 QP 母系为主，以及低频的 M27、M28、M29 分布，还有来自北萨胡尔极低频的 R14 与 M73。C1b2-Z31885 父系为主的澳洲原住民主要以 N13、N14、O、S1、S2 这些 N 母系为主，而 K2b-P331 与 M-Z30840、S-B254 父系为主的巴布亚人主要以 M 母系下游的 M15、M27、M28、M29‘Q 母系为主⁵⁴，以及 R 母系下游极低频的 R12 与 P 母系都在澳洲原住民与巴布亚人中有一定比例的分布⁵⁵，其中 P3a

和 P4b 分布在澳大利亚，而 P3b 与 P4a 则分布在新几内亚，说明萨胡尔-澳洲在史前有持续的基因交流⁵⁶。

其实也不仅是这两地之间，M42 的下游 M42a、M42c 仅局限于澳洲，但 M42b 则分布在南印度部落人群当中，有研究表明其分化时间在 5.5 万年以上。M42 的姐妹分支 M42'74 当中的 M74 还出现在 3.5 万年前 C-M130*父系，M74 母系的保加利亚的 GoyetQ376-3 样本。

遗憾的是关于美拉尼西亚与澳洲原住民的古基因非常少，后者的一些关键样本也被现代澳洲原住民重新安葬，目前已知的最早印度尼西亚并已公布的古 DNA，只有一例距今 7200 年前在南苏拉威西岛蝙蝠洞（Leang Panninge），出土了一具 17-18 岁左右的属于托利安文化（Toalean）的贝塞少女（Bessé'），其母系为 M*⁵⁷。

西南与古华南地区人群遗骸

目前中国出土的遗址中与“澳美人种”有颅骨相似特征的，除了古福建奇和洞 3 号与昙石山、以及广西顶狮山文化等人群，还有相对知名的 O1a1b-CTS5726 父系 E1 母系的亮岛 1 号，该个体在颅面和牙齿形态上属于巴布亚-澳洲类型，即澳美人种⁵⁸，并伴随着身形矮小，早期华南原住民才有的侧身屈肢葬，深肤色且颧骨外扩，面部扁平。与之对应的是古福建的另一个奇和洞男性样本，还有宁波大榭遗址的 M7b1a1 人群都携带矮壮、粗糙、颧骨外扩等特征。

比他晚 600 年有研究表明是 R9 细分分支 R9c1*的亮岛 2 号⁵⁹女性，从体质人类学来看则明显远离澳美人种特征，头骨更偏向现代东亚人，身高近 1.7 米。亮岛人在后来明显发生了体质、石器技术与文化风俗等各方面的直接巨变，中间似乎没有任何过渡，同时父系没有发生变化但母系发生变换，变换前是 M 母系而变换后是 R9 母系，这两者显然有不同的来源。

年代更晚的亮岛 2 号比亮岛 1 号有更多现代东亚北方成分⁶⁰，与和平文化的亲和性也不如仰韶文化、山东古人、现代北方汉族，这说明亮岛 2 号混入基础东亚成分比东亚北部人群还要少，而亮岛 1 号与奇和洞 3 号明显不是这样的，现基本可以确定是 R9 母系相比 M、E 母系更晚在东亚进行扩散，R9 母系也应该是更晚到新石器时代开始才融入亮岛 1 号父系人群的。年代比亮岛

人更早的奇和洞遗址就位于亮岛的西南方，同样经历了从 E 母系到 R9 母系变迁的同时体质及文化巨变。

所以亮岛古人其实是史前北方东亚成分南下与华南沿海原住民混合，在扩散至台湾、菲律宾群岛的中间关键祖先。后来的台湾原住民如阿美族和泰雅族也表现出与东亚北部相关的祖先，即甘青—黄河上游新石器人群成分，这与菲律宾吕宋岛的科迪勒人（Igorot people）混合较少形成对比。不仅仅是菲律宾，台湾小马洞出土的女性身高在 1.4 米左右，头骨与菲律宾群岛境内的尼格利陀人群相似，至少可以证明台湾在几千年以前应该与菲律宾相似生活着一定规模的类尼格利陀人群⁶¹。

亮岛 1 号和亮岛 2 号还有一个关键区别在于，后者拥有东亚主流的浅肤色基因 OCA2 rs1800414，但是 8000 年前的亮岛 1 号并没有携带，只有 7000 年前的亮岛 2 号才发现了这个基因，而这个基因的产生是在将近 1 万年之前，所以早期观点认为 OCA2 rs1800414 诞生于南岛人并从南向北传播过去显然是不准确的，因为比亮岛 1 号更久远的亮岛 1 号并不携带。

欧洲把 OCA2 基因用于虹膜颜色，东亚把 OCA2 基因用于浅肤色，R9 在扩散前原先的 E 母系并没有携带东亚型 OCA2 浅肤色基因，早期西南地区的 M9、M71、M61 母系也一概不携带，后随着 R9/F 与 B 母系的扩散并成为主体母系就都携带。但即使如此现已引入 F1a1 与 B5a1 母系的南亚语系人群例如佤族仍然是倾向深肤色，虽然头骨已经以现代人为主。

目前古人样本方面已明确的亮岛 2 号已发现 OCA2 rs1800414 突变，还有距今 3800 年前的日本船泊遗址（Funadomari site）的 F23 绳文个体同样具有 rs1800414 C/T 杂合型，相比之下，这个突变在北方东亚直到晚全新世才开始明显增频，并在过去约 3000-2000 年间迅速扩散。与此同时以 K2b-P331 与 C1b-F1370 为主的大洋洲地区 rs1800414 衍生等位基因基本缺失。

与亮岛人有着密切关联的奇和洞 3 号在最初的官方论文当中标注为 R9c1b 母系⁶²，但后来民间平台利用原始数据进行测算发现奇和洞 3 号与奇和洞 2 号存在编号疏漏，奇和洞 3 号（qihe3）应是距今 11700 年的 E*母系且并未测算出父系，而奇和洞 2 号（qihe2）则是距今 8400 年的 R9c1b 母系。其中年代更久远的奇和洞 3 号呈现出新石器时代南、北方人群与更新世晚期人类的

混合特征⁶³，其面部高而狭窄、中眶型、鼻骨宽阔而低矮、颅骨长而大，骨壁薄、眉间不突出、颧骨突出、上面扁平、下颌纤细等，表现出兼具原始与现代特征的“镶嵌性形态”。

而年代更晚的奇和洞 2 号女性有一整套完整新石器技术方案，以吃谷物为主，身高也在新石器时代南方成年女性个体中处于较高水平⁶⁴，反观奇和洞 3 号的男性样本并没有新石器技术痕迹，同时身高较矮没有吃谷物且患有糖尿病。这两者的关系与福建亮岛人有着相似的结构，奇和洞整体的常染也接近亮岛人⁶⁵，在相同的地理位置但不同年代具有不同的石器技术以及体质特征，并且都以较早的 E 母系与较晚的 R9 母系为结构。差别只是奇和洞的两例样本年代相差约 3000 年，而亮岛的两例样本年代只相差几百年。奇和洞的母系变迁就是亮岛母系变迁的前兆，切换母系不但直接改变体质，技术生活也发生变化，人口规模也得到大规模增长。

亮岛 2 号除了与亮岛 1 号、奇和洞等古华南样本有基因联系以外，按照目前已知的数据来看，其实还与一个较为边缘的部落人群有某种异常关联，这就是安达曼群岛的翁奇人（Onge People）。在说明这件事之前先回顾一些前提背景，在一开始我就提到当年英国殖民者登陆安达曼群岛的时候，众多大安达曼语系部落由于离登陆点距离较近是损失最为严重的，以至于后来在 20 世纪下半叶近乎灭绝，与之相反生存在安达曼群岛南部的翁甘语系人群由于地理位置因素所以人口相对得以保留，并在之后因居住在小安达曼岛的翁奇人采样较为轻松以及岛屿天然隔离的影响，作为后来分子人类学论文的安达曼人代表，但要清楚翁奇人只是众多安达曼部落的其中一个，所以以下的结论还有可能只适用于翁奇人而非整体安达曼人，也有可能适用于整体安达曼人。

事情大概是这样的，在某些研究当中特定的 f4/qpGraph 模型里，亮岛 2 号与翁奇人会呈现出明显的额外亲和性⁶⁶，如在论文 Wang et al. 2021 中可以直接把亮岛 2 号拟合成约 27% 的类翁奇人祖源。问题在于亮岛 2 号和和平文化去并不相近⁶⁷，但翁奇人与和平文化在几乎所有研究中都非常接近。这种现象至少存在两类较为直观的解释，其一是翁奇人本身可能就是晚近的混合结构，这个群体混入了一种来自类东亚相关的成分。其二是翁奇人与亮岛 2 号共享的是某种更深层的祖

先分支，都继承了一个更早，但是现在还没有采样到的东亚南部深层幽灵，只不过翁奇人后来继承了更多的类和平文化祖源，所以最后翁奇人可以被拟合为和平文化与亮岛 2 号的混合。

如果采取前一种解释，那么可以进一步推测翁奇人在晚近时期混入了一种来自东亚成分的人群，或者某种类亮岛 2 号群体南下混入了大量和平文化常染后形成翁奇人，也可以被解读为某种纯和平文化人群在晚近时期接触了一种南下的类亮岛 2 号人群。前面提到过由于针对安达曼群岛的研究更多只针对翁奇人，所以翁奇人的现象并不能直接带入到其他安达曼群岛人尤其与翁奇人距离更远的大安达曼人当中。最终结论到底是所有安达曼人都具有这种特点，还是说只有与翁奇人相关的翁甘语系人群具有，这个还需要等未来学界把大安达曼人、加拉瓦人与亮岛 2 号做对比才知道。

近 9000 年前 B4a1c 母系 O2a2a1a2a1a1-F1275 父系的独山人携带全套芋作农业，并且有石磨、家鸡，但呈现以福建奇和洞为代表，与北方-华东沿海地区的晚近混血状态。虽然独山人的年代早于 6000 年前的兴义遗址 M61 母系以及 8000 年前的亮岛 1 号 E1 母系，但技术与文化全面领先这两者，这也再次说明技术演化与时间晚近并没有直接对应关系。

云南马鹿洞人 M9 母系按照体质测量的说法既有原始古老人类特征，也有现代人类特征，两者呈现混合状态，这种体质是与古人类杂交所致的可能性很大。而 1.4 万年前马鹿洞人的基因与华南、东南亚古代与现代人群有最强的遗传连续性，和北方人群亲缘关系较弱⁶⁸。遗憾的是目前早期西南地区古人目前没有男性样本，云南马鹿洞人的 M9，广西隆林人的 M71，还有贵州清水苑人的 M71⁶⁹ 都仅有女性。与广西隆林人的头骨具有相似特征的是位于云南楚雄元谋县的磨盘山遗址，该遗址中样本同样为 Mopanshan_M3 编号的 M 母系下游 M13a1b 母系女性。

距今 7100 年的新石器早期兴义遗址编号为 Xingyi_H4 的样本是 M61a 母系⁷⁰，没有陶片与细石器技术痕迹。而后来距今 4000 年的新石器晚期兴义遗址中测出高频的 M75 母系，并且包括兴义遗址及其他云南新石器晚期中部地区的遗址呈现出 M75 母系与 F1a1 母系混居的现象，父系高频集中在 O1b1a1a-M95，技术与体质发生巨变并且伴随着晚近混血的痕迹，并伴随引入一套成熟

的新石器技术方案以及制陶与稻作技术。后来的 F1a1 母系在现代中南半岛的南亚语族也保持高频，M75 与 M61 等母系的频率则在现代人群中大幅下降，兴义遗址很明显在新石器晚期至青铜时代发生母系结构剧变。其中的突发体质与技术巨变并不是自发的，而是外来人群涌入使本土人群被动迎来全方位剧变。

现在 M75 的姐妹分支 M23 现基本分布在马达加斯加，可能是最初 M75 沿着东南沿海西进到广西，随后 M23 母系在面临瓶颈期后随 B4a1a1b 跟 F3b1b3 以及 M7c1c3 迁徙至马达加斯加，即使云南测到 M75 母系的兴义遗址在云南位于东南方向，M75 母系在藏缅语族尤其更西且海拔更高的藏族族基本可以认为没有分布。

从常染成分来看，相较于古代东亚人，Xingyi_EN（新石器早期兴义成分）与 Xingyi_LN（新石器晚期兴义成分）并没有密切的亲同性，后者并不携带前者的古老祖源成分，这就是人群发生替换的诸多证据之一。从现有的资料来看，更多是母系发生了替换，东南沿海的古福建已经上演过母系变迁所带来的全方位变化，东南地区与西南地区在新石器时代距今 6000-9000 年间突然发生飞跃，体质变化的同时伴随外来石器技术的引入，从分子人类学的数据上是主体母系切换，与体质人类学时代的结论一致。

Xingyi_EN 最早被定义为青藏高原古人群的幽灵祖先，如果把东亚北部黄河人群定义为 Shimao_LN（新石器晚期石峁成分）与亮岛 2 号的混合，那么现代藏族人群可以被拟合为 85-90% 东亚北部黄河人群加 10-15% 的 Xingyi_EN 成分。不过遗憾的是含有高 Xingyi_EN 成分的个体古样本目前较为稀少，除了广西隆林人可以被拟合为 50% 的 Xingyi_EN 混合 50% 的古福建奇和洞 3 号以外，还有一例近期来自 3500 年前西藏南部玛布错（Mabu Co）遗址的 C2b1b1-CTS10923 父系，D4j1b 母系⁷¹，他可以被拟合为约 60% 与 Xingyi_EN 相关，40% 带有北方东亚成分，也是目前已知含有最高 Xingyi_EN 成分的古 DNA 之一。

除了与青藏高原古人直接相关的样本以外，Xingyi_EN 所代表的深层祖源在东亚南部其他史前人群中也留下了一些不同程度的遗传联系。例如昙石山等福建晚期新石器人群在部分遗传统计

中表现出对 Xingyi_EN 较高的共享漂变，当然这种亲和并不能直接等同于明确的 Xingyi_EN 祖源输入，还有约 1.1 万年前的广西隆林人已经能够被拟合出明显的 Xingyi_EN 祖源。但是以齐家文化喇家遗址等黄河上游人群为代表的相关古人总体更接近北方东亚人群，并未表现出青藏高原古人中那种明显的 Xingyi_EN 祖源。

尤其是非高原人群如汉族、彝族、纳西族、那加族，以及云南的大理白族和怒江普米族，他们普遍具有较高水平的北部东亚血统，例如现代拥有一定比例 D1a1b1-P47 父系的怒江普米族可以被拟合为 85%的东亚北部祖先与 15%的 Xingyi_EN 成分，以及古代云南中部新石器晚期至青铜器时期各种遗址中，最适合作为 AR14K 与 Shimao_LN 两个北东亚祖先与 Xingyi_LN 相关祖先混合体的高寨遗址⁷²测出高频 D1a1b1-P47 父系。

地理位置更偏南部的红河哈尼族则显示了更多的云南中部血统，如果对比大理白族和红河哈尼族，这两个族群都可以被拟合为 Shimao_LN 与 Xingyi_LN 相关祖先的混合，但大理白族的北部东亚祖先成分相较红河哈尼族更多，两个族群的父系差异是大理白族测出约 10%左右的 D1a1a1a1-Z27269 父系，而红河哈尼族没有测出。

泰国的克伦人，南亚人群包括布朗族和佤族，他们的祖先与 Xingyi_LN 即云南中部祖先的关系高于北部东亚祖先。O2a2b1a1-M117、O1b1a1a-M95 父系高频的佤族，O1b-M268 父系高频的芒族则具有更高水平约将近 90%的 Xingyi_LN 成分和较低的东亚北部祖先。壮侗人群可以被拟合为约 60%的亮岛 2 号，30%的 Xingyi_LN 成分与 10%的东亚北部成分。南亚人群则可以被拟合为 50%的 Xingyi_LN 成分，25%以 LA368 为代表的和平文化成分，以及 25%的东亚北部成分。而中南半岛中 K2b 与 O-M175 高频的赛芒人与赛诺伊的细分部落如巴泰克人、切翁人（CheWong People）、贾海人、金塔克人（Kintaq People）和门里克人则表现出 Xingyi_LN 和 LA368 相关祖先的混合。

参考文献

- [1] Maji S, Krithika S, Vasulu T S. Phylogeographic distribution of mitochondrial DNA macrohaplogroup M in India[J]. Journal of Genetics, 2009, 88(1): 127-139.
- [2] Thangaraj K, Chaubey G, Kivisild T, et al. Maternal Footprints of Southeast Asians in North India[J]. Human Heredity, 2008, 66(1): 1-9.

- [3] Endicott P, Metspalu M, Stringer C, et al. Multiplexed SNP Typing of Ancient DNA Clarifies the Origin of Andaman mtDNA Haplogroups amongst South Asian Tribal Populations[J]. PLoS ONE, 2006, 1(1): e81.
- [4] Wang H W, Mitra B, Chaudhuri T K, et al. Mitochondrial DNA evidence supports northeast Indian origin of the aboriginal Andamanese in the Late Paleolithic[J]. Journal of Genetics and Genomics, 2011, 38(3): 117-122.
- [5] Barik S S, Sahani R, Prasad B V R, et al. Detailed mtDNA genotypes permit a reassessment of the settlement and population structure of the Andaman Islands[J]. American Journal of Physical Anthropology, 2008, 136(1): 19-27.
- [6] Sitalaximi T, Varghese N, Kashyap V K. Genetic differentiation of Andaman Islanders and their relatedness to Nicobar Islanders[J]. Human Gene, 2023, 35: 201148.
- [7] Sitalaximi T, Varghese N, Kashyap V K. Genetic differentiation of Andaman Islanders and their relatedness to Nicobar Islanders[J]. Human Gene, 2023, 35: 201148.
- [8] Kutanan W, Srikummool M, Kampuansai J, et al. Maternal genetic origin of Chao Lay coastal maritime populations from Thailand[J]. BMC Biology, 2025, 23(1): 45.
- [9] Thangaraj K, Singh L, Reddy A G, et al. Unique origin of Andaman Islanders: insight from autosomal loci[J]. Journal of Human Genetics, 2006, 51(8): 800-804.
- [10] Thangaraj K, Singh L, Reddy A G, et al. Genetic Affinities of the Andaman Islanders, a Vanishing Human Population[J]. Current Biology, 2003, 13(2): 86-93.
- [11] Sitalaximi T, Varghese N, Kashyap V K. Genetic differentiation of Andaman Islanders and their relatedness to Nicobar Islanders[J]. Human Gene, 2023, 35: 201148.
- [12] Cooper Z. Analysis of the nature of contacts with the Andaman Islands during the last two millennia[J]. South Asian Studies, 1989, 5: 133-147.
- [13] De A K, Sawhney S, Jeyakumar S, et al. First Account on Maternal Lineage of Andaman Wild Boar (Moupin Pig), an Endangered Endemic Species of Andaman Archipelago[J]. Exploratory Animal and Medical Research, 2022, 12(1): 54-68.
- [14] Chaubey G, Endicott P. The Andaman Islanders in a Regional Genetic Context: Reexamining the Evidence for an Early Peopling of the Archipelago from South Asia[J]. Human Biology, 2013, 85(1-3): 153-172.
- [15] Mishra R K, Singh P P, Rai N, et al. Reconstructing the population history of the Nicobarese[J]. European Journal of Human Genetics, 2024, 32(12): 1875–1883.
- [16] Mondal M, Casals F, Xu T, et al. Genomic analysis of Andamanese provides insights into ancient human migration into Asia and adaptation[J]. Nature Genetics, 2016, 48(9): 1066-1070.
- [17] BANERJEE, A. R. 1957: Further histological studies on Negrito hair: the Onges of the Andaman Islands. Man in India, 37: 249-256.
- [18] Matsumura H, Yoneda M, Dodo Y, et al. Terminal Pleistocene human skeleton from Hang Cho Cave, northern Vietnam: implications for the biological affinities of Hoabinhian people[J]. Anthropological Science, 2008, 116(3): 201-217.
- [19] Sitalaximi T, Varghese N, Kashyap V K. Genetic differentiation of Andaman Islanders and their relatedness to Nicobar Islanders[J]. Human Gene, 2023, 35: 201148.
- [20] ArunKumar G, Soria-Hernanz D F, Kavitha V J, et al. Population Differentiation of Southern Indian Male Lineages Correlates with Agricultural Expansions Predating the Caste System[J]. PLoS ONE, 2012, 7(11): e50269.
- [21] Gates R R. The Melanesian dwarf tribe of Aiome, New Guinea[J]. Acta Geneticae Medicae et Gemellologiae, 1961, 10(3): 277-311.
- [22] Kumar V, Reddy A N S, Babu J P, et al. Y-chromosome evidence suggests a common paternal heritage of Austro-Asiatic populations[J]. BMC Evolutionary Biology, 2007, 7(1): 47.
- [23] Moyne L, Haddon K. The pygmies of the Aiome Mountains, Mandated Territory of New Guinea[J]. The Journal of the Royal Anthropological Institute of Great Britain and Ireland, 1936, 66: 269-290.
- [24] Champness L T, Kooptzoff O, Walsh R J. A STUDY OF THE POPULATION NEAR AIOME, NEW GUINEA[J]. Oceania, 1960, 30(3): 209-222.
- [25] Kayser M, Brauer S, Weiss G, et al. Reduced Y-Chromosome, but Not Mitochondrial DNA, Diversity in Human Populations from West New Guinea[J]. American Journal of Human Genetics, 2003, 72(2): 281-302.
- [26] Tommaseo-Ponzetta M, Mona S, Calabrese F, et al. Mountain pygmies of Western New Guinea: A morphological and molecular approach[J]. Human Biology, 2013, 85(1-3): 285-308.
- [27] Heyer E, Georges M, Pachner M, et al. Genetic diversity of four Filipino Negrito populations from Luzon: comparison of male and female effective population sizes and differential integration of immigrants into Aeta and Agta communities[J]. Human Biology, 2013, 85(1-3): 189-208.

- [28] Larena M, McKenna J, Sanchez-Quinto F, et al. Philippine Ayta possess the highest level of Denisovan ancestry in the world[J]. *Current Biology*, 2021, 31(19): 4219-4230.e10.
- [29] Scholes C, Siddle K, Ducourneau A, et al. Genetic diversity and evidence for population admixture in Batak Negritos from Palawan[J]. *American Journal of Physical Anthropology*, 2011, 146(1): 62-72.
- [30] Delfin F, Salvador J M, Calacal G C, et al. The Y-chromosome landscape of the Philippines: extensive heterogeneity and varying genetic affinities of Negrito and non-Negrito groups[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2011, 19(2): 224–230.
- [31] Tabbada K A, Trejaut J, Loo J H, et al. Philippine mitochondrial DNA diversity: a populated viaduct between Taiwan and Indonesia?[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2010, 27(1): 21–31.
- [32] Delfin F, Ko A M S, Li M, et al. Complete mtDNA genomes of Filipino ethnolinguistic groups: a melting pot of recent and ancient lineages in the Asia-Pacific region[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2014, 22(2): 228-237.
- [33] Kutanan W, Kampuansai J, Changmai P, et al. Contrasting maternal and paternal genetic variation of hunter-gatherer groups in Thailand[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 1976.
- [34] Herzog T, Larena M, Kutanan W, et al. Natural selection and adaptive traits in the Maniq, a nomadic hunter-gatherer society from Mainland Southeast Asia[J]. *Scientific Reports*, 2025, 15(1):4123.
- [35] Aghakhanian F, Hoh B P, Yew C W, et al. Sequence analyses of Malaysian Indigenous communities reveal historical admixture between Hoabinhian hunter-gatherers and Neolithic farmers[J]. *Scientific Reports*, 2022, 12(1): 13578.
- [36] Hill C, Soares P, Mormina M, et al. Phylogeography and Ethnogenesis of Aboriginal Southeast Asians[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2006, 23(12): 2480-2491.
- [37] Yang M A. A genetic history of migration, diversification, and admixture in Asia[J]. *Human Population Genetics and Genomics*, 2022, 2(1): 1-32.
- [38] Higham C F W. Hunter-Gatherers in Southeast Asia: From Prehistory to the Present[M]//Bellwood P, Renfrew C. *The Global Prehistory of Human Migration*. Oxford: Wiley-Blackwell, 2014: 227–243.
- [39] Adi Haji Taha. Gua Cha and the archaeology of the Orang Asli[J]. *Bulletin of the Indo-Pacific Prehistory Association*, 1991, 11: 363-372.
- [40] Brumm A, Bulbeck D, Hakim B, Burhan B, Oktaviana A A, Sumantri I, Zhao J X, Aubert M, Sardi R, McGahan D, Saiful A M, Adhityatama S, Kaifu Y. Skeletal Remains of a Pleistocene Modern Human (*Homo sapiens*) from Sulawesi[J]. *PLoS One*, 2021, 16(9): e0257273.
- [41] Nguyen K S. Hoa Binh Culture in Vietnam after Nearly A Century since Its Discovery[J]. *Vietnam Social Sciences*, 2021, 202(2): 26-43.
- [42] Kandyba A V, Nguyen K S, Chekha A M, et al. Diem Cave: A Stratified Late Pleistocene and Early Holocene Site in Northern Vietnam[J]. *Archaeology, Ethnology & Anthropology of Eurasia*, 2023, 51(3): 130-139.
- [43] Ji X P, Kuman K, Clarke R J, et al. The oldest Hoabinhian technocomplex in Asia (43.5 ka) at Xiaodong rockshelter, Yunnan Province, southwest China[J]. *Quaternary International*, 2016, 400: 166-174.
- [44] Stimpson C M, Wilshaw A, Utting B, et al. TBH1: 12 000-year-old human skeleton and projectile point shed light on demographics and mortality in Terminal Pleistocene Southeast Asia[J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2025, 292(2032): 20251819.
- [45] Kampuansai J, Wongkomonched R, Kutanan W, et al. Genetic diversity and ancestry of the Khmuic-speaking ethnic groups in Thailand: a genome-wide perspective[J]. *Scientific Reports*, 2023, 13: 14975.
- [46] Kutanan W, Kampuansai J, Changmai P, et al. Contrasting maternal and paternal genetic variation of hunter-gatherer groups in Thailand[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 1536.
- [47] Sun J, Wei L H, Wang L X, et al. Paternal gene pool of Malays in Southeast Asia and its applications for the early expansion of Austronesians[J]. *American Journal of Human Biology*, 2020, 33(3): e23486.
- [48] Yap W S, Cengnata A, Saw W Y, et al. High-coverage whole-genome sequencing of a Jakun individual from the “Orang Asli” Proto-Malay subtribe from Peninsular Malaysia[J]. *Human Genome Variation*, 2025, 12(1): 4.
- [49] Hatin W I, Nur-Shafawati A R, Etemad A, et al. A genome wide pattern of population structure and admixture in peninsular Malaysia Malays[J]. *The HUGO Journal*, 2014, 8(1): 5.
- [50] Nagle N, Ballantyne K N, van Oven M, et al. Antiquity and Diversity of Aboriginal Australian Y-Chromosomes[J]. *American Journal of Physical Anthropology*, 2016, 159(3): 367-381.
- [51] Mona S, Tommaseo-Ponzetta M, Brauer S, et al. Patterns of Y-Chromosome Diversity Intersect with the Trans-New Guinea Hypothesis[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24(11): 2546-2555.

- [52] Karafet T M, Mendez F L, Sudoyo H, et al. Improved phylogenetic resolution and rapid diversification of Y-chromosome haplogroup K-M526 in Southeast Asia[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2015, 23(3): 369-373.
- [53] Karafet T M, Hallmark B, Cox M P, et al. Major East–West Division Underlies Y Chromosome Stratification across Indonesia[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2010, 27(8): 1833-1844.
- [54] Nagle N, Ballantyne K N, van Oven M, et al. Mitochondrial DNA diversity of present-day Aboriginal Australians and implications for human evolution in Oceania[J]. *Journal of Human Genetics*, 2017, 62(3): 343-353.
- [55] Pedro N, Brucato N, Fernandes V, et al. Papuan mitochondrial genomes and the settlement of Sahul[J]. *Journal of Human Genetics*, 2020, 65(10): 875-887.
- [56] Gandini F, Almeida M, Foody M G B, et al. Genomic evidence supports the “long chronology” for the peopling of Sahul[J]. *Science Advances*, 2025, 11(47): eady9493.
- [57] Carlhoff S, Duli A, Nägele K, et al. Genome of a Middle Holocene Hunter-Gatherer from Wallacea[J]. *Nature*, 2021, 596(7873): 543-547.
- [58] Hung H C. The formation and dispersal of early Austronesian-speaking populations: new evidence from Taiwan, the Philippines, and the Marianas of western Micronesia[M]//*Austronesian Diaspora: A New Perspective*. Yogyakarta: Gadjah Mada University Press, 2016: 35-56.
- [59] Larena M, Sanchez-Quinto F, Sjödin P, et al. Multiple migrations to the Philippines during the last 50,000 years[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2021, 118(26): e2026132118.
- [60] Larena M, Sanchez-Quinto F, Sjödin P, et al. Multiple migrations to the Philippines during the last 50,000 years[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2021, 118(26): e2026132118.
- [61] Hung H C, Matsumura H, Nguyen L C, et al. Negritos in Taiwan and the wider prehistory of Southeast Asia: new discovery from the Xiaoma Caves[J]. *World Archaeology*, 2022, 54(2): 207-228.
- [62] Wang T Y, Wang W, Xie G M, et al. Human population history at the crossroads of East and Southeast Asia since 11,000 years ago[J]. *Cell*, 2021, 184(14): 3829-3841.e21.
- [63] 吴秀杰, 范雪春, 李史明, 等。福建漳平奇和洞发现的新石器时代早期人类头骨 [J]. *人类学学报*, 2014, 33 (4): 448-459.
- [64] 方园, 范雪春, 李史明。福建漳平奇和洞新石器时代早期人类身体大小 [J]. *人类学学报*, 2015, 34 (02): 202-215.
- [65] He G L, Sun Y T, Duan S H, et al. Ancient genomes give insight into 160,000 years of East Asian population dynamics and biological adaptation[J]. *Genome Biology*, 2025, 26(1): 420.
- [66] Yang M A, Fan X C, Sun B, et al. Ancient DNA indicates human population shifts and admixture in northern and southern China[J]. *Science*, 2020, 369(6501): 282-288.
- [67] Wang T Y, Wang W, Xie G M, et al. Human population history at the crossroads of East and Southeast Asia since 11,000 years ago[J]. *Cell*, 2021, 184(14): 3829-3841.e21.
- [68] Zhang X M, Ji X P, Li C M, et al. A Late Pleistocene human genome from Southwest China[J]. *Current Biology*, 2022, 32(14): 3095-3109.
- [69] Bai F, Zhang X L, Ji X P, et al. Paleolithic genetic link between Southern China and Mainland Southeast Asia revealed by ancient mitochondrial genomes[J]. *Journal of Human Genetics*, 2020, 65(8): 1125-1128.
- [70] Wei X Y, Zhang M, Min R, et al. Neolithic to Bronze Age human maternal genetic history in Yunnan, China[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2025, 52(4): 483-493.
- [71] Ran J K, Liu Y C, Wangdue S, et al. Ancient genomes reveal Basal Asian ancestries and dynamic population interactions over time on the southern Tibetan Plateau[J]. *iScience*, 2025, 28(10): 113676.
- [72] Wang T Y, Qiao S Y, Chen Z H, et al. Prehistoric genomes from Yunnan reveal ancestry related to Tibetans and Austroasiatic speakers[J]. *Science*, 2025, 388(6730): eadq9792.
- [73] Macholdt E, Arias L, Duong N T, et al. The paternal and maternal genetic history of Vietnamese populations[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2020, 28(5): 636-645.
- [74] Xu Y, Wiradnyana K, Zhou H, et al. Reconstructing the west-east genetic division in Indonesia using ancient genomes[J]. *iScience*, 2026, 29(6): 115974.

东亚人群母系多样差异

南岛 B 母系呈分支单一状态

首先对早期认为 B、F 等东亚主流 R 母系伴随南岛语族从南向北，即从东南亚迁徙到东亚地区做出一些数据上的反推，先不论现在已经明确证实南岛语族是从中国沿海迁往东南亚地区，而且即便从母系多样性分支来看，从现有的数据是无法对这一结论做出合理的解释。

如果比较四川彝族与南岛语族的母系，前者的四大母系分别为 A、B、D、F，后者的四大母系分别为 B、E、F、M7，两者共同的只有 B 与 F 母系，且南岛人群的 B 与 F 母系从数据上看只有外来特定分支，在分支单一的同时内部共祖约 6000 年左右。四川彝族的 B 与诸多 R9 分支众多且内部共祖普遍在万年以上，原生主导分支特征相对更强，四川彝族与台湾高山族的区别是，前者位置更偏西。

这就像 B4a 与 B4b 母系最开始命名自南岛语族，后来发现南岛语族只有 B4a1a 下游特定的南岛分支，B4b 也只有 B4b1a2 下游特定的南岛分支，台湾高山族拥有的 B4a1a1 与 B4a1a2' 分支，在大陆尤其广东与福建有比较高频的非 B4a1a1 与 B4a1a2 外的 B4a1a 其他分支，B4a1b 在中国东南沿海与东北亚分布，B4a1e 在距今 9000 年的广西独山人中测到，B4a* 的多样性集中在大陆地区，菲律宾与印尼群岛等南太平洋的南岛人当中 B4a 就仅限于 B4a1a1a 的下游分支。

南岛母系 B4a1a 姐妹分支 B4a1 在华南以及福建一带，B4a1 的姐妹分支多样性在四川附近一带的各个族群，B4a4 也是汉藏共有母系之一。只是 B4a1a 在南岛语族的扩散太过顺利，导致早期以为 B4a 主要分布在南岛语族并从东南亚北上往东亚扩散，以及后来再从东部往西部扩散。但如果考虑到 B4a3、B4a4、B4a5 都在拉达克测到，其中 B4a5* 又主要测自西部藏缅语族，以及南岛语族的 B4a 单一的多样性，那么假设 B4a 是从东部沿海过去会显得反常。

B5 母系只有 B5a2a2 与 B5b1c1 下游的南岛分支，并且从年龄与多样性来看是中后期参与进去，F2 母系没有南岛分支，F3 母系只有 F3b1 下有，F4 只有 F4b1 下有，F3b1 虽然有 F3b1b3 马达加斯加这种代表性分支，但 F3b1 南岛分支按分支多样性高度集中于台湾高山族，况且大陆东

南地区也存在一些 F3b1*, 再考虑到汉本遗址测到很多 F3b1 尤其 F3b1a, 而 F3b2 与 F3b* 主要分布在中国西南及华南, 云贵川一带, 显然 F3b1 下游的南岛分支更接近于特定分支迁往东部。

新石器时代开始后, B5b2 是第一批沿着黄河从西往东迁徙的 B 母系分支, 并在 9000 年前山东目前已知最早的新石器文化博山遗址当中测到, 而其他东部地区的 B、F/R9 母系要晚到 4000-5000 年前的大汶口晚期尤其龙山文化才开始出现。B5b2 的姐妹分支 B5a1 也是第一批从西向东, 往华中方向迁徙的 B、F/R9 母系分支, 并参与古苗瑶-南亚语族的形成后又往中南半岛扩散迁徙, 这也是为何 B5b 母系主要在汉藏语族以及云贵川的 B5a 也在藏缅语族分布的原因, B4a1 走南线两广地区的同时 B4a4 走北线黄河流域, 分别从西往东扩散的背后是 B4a 母系本来就来自西部, 现在的分支多样性同样如此。

再看美拉尼西亚地区的 B 母系多样性就更不会是起源地, 因为其本质上只是继承南岛人所带来的特定 B4a1a 分支。最初南岛人到达美拉尼西亚地区与当地巴布亚人群相遇时, 南岛人作为外来人口在环境适应上不占据优势, 以及可能晚近时才逐渐更换为父系社会, 但在当时距今 4500-5000 年前仍观察到南岛人处于母系社会, 也就是知识文化乃至祭司被少部分高知女性掌控的情况下, 最后造成的结果是史前南岛人在大约 3300 年前从台湾岛出发快速抵达美拉尼西亚, 并在新几内亚与低地沿海的父系社会巴布亚人进行轻度融合与扩散, 最终以南岛女性嫁入本土巴布亚人的形式融入并达成部落结盟, 在这个过程中南岛人几乎是对巴布亚人单方面输出母系²。

并且随后原本说巴布亚语的人群受到母系影响逐渐变更为南岛人的语言, 学界已经有各种研究证明那些说南岛语的美拉尼西亚人群中, 语言是通过南岛人母系传播的, 也就是最后南岛人带来了一种属于原大洋洲的语言, 影响了当地的非南岛人居民放弃了他们的当地语言, 但是原美拉尼西亚人的父系影响大于母系, 而南岛人的父系则相反³, 现在说南岛语的美拉尼西亚人中, 其中 O-M110 和 O-M324 是南岛人起源, C-M38、C-M208、M-P34、K-M9、K-P79、K-M254 和 K-M226 这些则是原美拉尼西亚人起源。这种外来母系改变了当地文化与技术的模式不仅存在于南岛人群, 同样按照谢国先教授的说明, 史前西南地区的藏缅语族普遍存在天女传播谷种的说法, 至少从神话角度来看女性传播文化并不罕见⁴。

F 母系的地理分布与多样性

F1a'c'f 的下游分支 F1a*分布在西部区域尤其汉藏语族，F3a、F3b*、F4a 与 F4b*同样如此，考察起源当然不能只看特定下游的人口占比而是要综合比较各地多样性。与 F1a 同属于 F1a'c'f 的 F1c 和 F1f 是汉藏共有母系，共祖年龄约 9000 年的 F1a1 作为稻作农业的标志性母系，横跨汉藏语族、侗傣语族、苗瑶语族、南亚语族人群，其中南岛语族的 F1a 只有共祖约 2000 年的 F1a4a1 与共祖约 4000 年的 F1a1d，并且 F1a 的分支多样性明显在中国大陆尤其南部地区。对于早期认为 F 母系是东南沿海或者东南亚地区起源，并且从东部往西部扩散的说法，需要解释的是南岛人的 F 母系分支仅有 F1a1d 或 F1a4a 下游分支参与，并且 F1a1 不仅有北方分支，同时 F1a1c 还遍布西部各个族群，反而东南沿海与南岛的人口规模主要由 F1a1d 一个分支支撑，这侧面说明 F1a1 最初扩散源头并不偏向东南沿海，要往西一些或许在湖南这一带。

F 母系最初命名自中南半岛，后来在 F1'2 的原有基础上由 R9 母系的其他分支更名为新的 F3、F4 分支，相比较 F3 与 F4，F1 与 F2 的亲缘性更近，从人群的分布来看 F2 母系显然比 F1 母系更晚扩散，并且出场即汉藏共有母系，如果排除掉晚期汉藏语族变更民族外，F2 母系就直接与南岛语族、南亚语族、通古斯语族毫无关系，只是在苗瑶语族与壮侗语族有低频分布，但是广泛分布在汉藏语族。

包括克什米尔地区的拉达克藏族、福建畲家人、斯基泰人都含有 F2 母系，但是苗瑶语族和壮侗语族的频率很少并且没有参与南迁中南半岛，而南岛语族与南亚语族则没有分支分布，侧面说明扩散比较迟，并且明显是从汉藏语族扩散出去的。包括现在青藏高原西北部还有许多诸如 F2a、F2b、F2g、F2e、F2f、F2h、F2i 的小众 F2 母系类型，虽然 F2 母系在青藏高原的扩散不如 F1c、F1d，这可能是最初人口基数就存在差异导致的，但不影响 F2 最初是在青藏高原东北角，然后沿着半月弧带往南北同时也往东西扩散，因为往东南扩散时，南岛语族与南亚语族已经迁出大陆所以这才没有参与，侧面也说明最初不在东南且扩散较晚。

F3 母系只有 F3a1 与共祖约 6000 年左右的 F3b1 下游在南岛分支获得人口增长，并且 F3*基本在西部云贵川一带低频分布，F3 与 F4 母系的情况很相似，F4a1 除了南岛分支以外，其他

F4a1*也主要分布在西部地区，与之相比 F3a1 至少还走向各地。并且分化于约 8000 年前的南岛母系 F3b1a'b，姐妹分支 F3b1*及上游姐妹分支 F3b*便是同时广泛分布于中国西南的藏缅语族如彝族，或壮侗语族如水族等少数人群中。F1a4、F3b1、F4b1 的其他姐妹分支还是在广东与福建等地分布，只是其中个别分支参与南岛语族形成，以前被标记为 R9a 的 F3b 则出现在云南白族，中国南部与西部低频分布。

所以 F3、F4 的分支多样性分布在中国西部地区，类似的还有 R9b、R9c 母系，R9b 与 R9c 显然不是从东南亚扩散到东亚的，整个西部不管汉族或者藏缅语族普遍有少量上游小众分化的 R9b 与 R9c 母系分布，比如保留着比广西壮族更正宗的壮侗语族早期分化风俗包括语言的贵州布依族，在一些研究中非 F 的 R9 母系不但占比高并有很多是未命名分支。

只不过南岛分支及其姐妹分支人口大规模增长，而西部藏缅语族那一部分根本没有获得人口增长，以至于小样本量筛查中没有，大样本量筛查也呈现低频状态。如果细看各个母系的分支情况，B4b'd'e'j 中的 B4e 与 B4j 在中国的人口占比可以忽略不计，B4d 中除了 B4d1 占中国人口规模将近 0.5%以外，其他分支基本没有人口规模。再比如汉藏共有的 F1d、F1c1a，是随仰韶文化东进也就是 5000 年前才开始从原古汉藏分离出来汉语族东进华北才开始，F1b1、F1d、F1c1a 这三支大概占了近 2.5%，加上同样晚到四五千年前扩散的 F3a1，这四支 F 母系分支占比约 3%，F 母系除去以上六支，占比从约 15%直线下降到不到 6%。所以 F/R9 与 B 母系在东亚的人口扩散只是其中十几支在新石器时代获得超常规的人口增长，其他大部分小众分支则在西部地区，B4、B5、B6、R11 母系没有扩散的分支按分支多样性同样主要在中国西南的非高原地区。

从人口频率方面，在汉族中 F 母系频率通常占比约 16.5%，其亚分支 F1a1 为 3.5%，F1d 为 0.5%，F1c 为 0.85%，F1g 为 0.8%，F2a 为 2.5%。F3 与 F4 只有个别分支直到新石器时代才大面积扩散，F1 是新石器时代南北同时扩散的类型，而 F2 则扩散很晚要到南方汉族常染形成，F2a 是最近 5000 年在中国东南沿海迅速扩散，成为仅次于 F1a1 第二大 F 母系的分支。并且只有 F2a 成为全国性母系，其他姐妹分支主要分布在西部地区，并且在汉藏语族外少见。F3 与 F4 往东南

扩散更早，但因为外来并没有大规模扩散，F1 的扩散直接改写南北方母系结构，F2 比 F1 更晚扩散所以只有 F2a 获得一定规模的人口。

排除掉东南亚北上的可能性后，史前西伯利亚的 F 母系基本集中在祭祀阶级并且从古 DNA 来看主要为 F1b1，其余母系已经观察到了 B4d1、F1b1、F1d，并且姐妹分支与上游多样性都在藏缅语族，蒙古语、满-通古斯语族群的 F1b 母系分支单一且多为 F1b1 下游分支，也就是说 F1b1 的其他小众姐妹分支 F1b1*还要到藏缅语族北部人群尤其陕甘川一带的北方汉族当中寻找，这种情况同样出现在之前提到的南岛语族与南亚语族，其 B、F/R9 母系都是下游特定分支。

包括从西伯利亚流入日本的 F 母系也仅有最近 2000 年在日本爆发的 F1b1a 一支，日本从古 DNA 来看，在 F1b1a 扩散前除了后来的古坟时期以及中国移民迁去了部分 F 母系分支，但这些分支本质是往日本具有人口规模的 F1b1a 母系稀释，这与 F 母系在中国的分支多样性有着明显区别。原因在于 F 母系虽然是西部母系，但其实来东亚很长时间都是在西部北方，所以才会有斯基泰人测到 F2a 母系，以及斯基泰后裔人群测到 F1f 与 F1g 等，没有测到 M71、M74、M75 或者 M7、M9、M12 是因为最初扩散前的初始位置就不同。

在排除掉西伯利亚南下至东亚这种可能性以后，再来看汉藏分离初期的早期藏缅语族，以目前现有的古 DNA 样本 O-M134 外加少量 D-Z27269 父系组成齐家文化为例，其母系方面有着高频 A、B、F 母系，齐家文化喇家遗址目前已知的总共 21 例母系，其中 NR 母系中 A 母系为 6 例，B 与 F 母系各为 4 例样本，除此之外还有一例 R11'B6 下游的 R11a，总占比约 70%。M 母系中 G 母系为 3 例，M10a1 与 M11a 各一例，D4h1b 一例⁵，这要高于现代汉族人群 ABF 母系的总占比。

以及 LJM25 样本测出的 B4c1b2c2 母系，还出现在伴随古斯基泰人扩散至西方斯拉夫后裔的瑞士人当中，也出现于早期仰韶文化南扩或黄河中下游的龙山文化，并且晚期融入南亚语族出现在越南与泰国等地。B4c1b2c2 的上游姐妹分支 B4c1a 在距今 10000 年左右的东北后套木晦木嘎遗址测出，后来在日韩以及西伯利亚等地分布，并同时在中国西北与西南地区分布，B4c1b2c2 也是非南岛分支，并还在拉达克藏族测到的以汉藏为主的母系。

与 B4c1b2c2 共祖更近的 B4c1b2a2 是南方汉族与南岛语族的母系分支，早期认定主要分布于中南半岛地区的 B4c2 母系，近年来发现遍布云南各个民族，中南半岛只是云南的扩散延伸。对这些数据较为合理的解释是 B4c 母系最初在中国西部的某个地区，B4c2 直线南迁时相对较晚南迁的 B4c1 既有往北迁为主的 B4c1a 及 B4c1c，也有主要往东南迁的 B4c1b，这其中包括更早一些南迁后往东并同时参与形成南方汉族及南岛语族的 B4c1b2a2，以及较晚南迁以及部分甚至往西北迁的南北方各族同时有存在感的 B4c1b2c2。

藏族母系结构分布与多样性

西藏藏族的母系特色是几乎没有主要分布在东部的 N9a 母系，B 母系的频率在西藏各个地区也只有不到 5% 的频率，但是 A 与 F 母系以及晚近融入的西欧亚母系频率都是超过汉族平均值。比如 F 母系在除阿里地区普遍达不到 10% 以外，其他地区均在 15% 左右的频率，部分地区如日喀则定日约为 27.27%，昌都丁青约为 24.19%，林芝波密县约为 24%，这些地区都在平均约 25% 的频率⁶，还有很多则都在 20% 左右。A 母系西藏各地的采样也基本在 10-20% 之间，也就是说 A 母系在西藏的频率是汉族平均的将近 2 倍。不过西藏藏族几乎没有云南藏缅语族普遍测出的 F3 与 F4、R9b 与 R9c，但 F1 与 F2 涉及很多分支并且内部共祖时间达到近万年⁷，再往边缘扩散的尼泊尔 F1 有 F1c、F1d1、F1g，F2 有 F2b⁸。

藏族母系的最大来源是仰韶文化沿着黄河上游从青藏高原迁徙过去，包括青藏高原最高频的 B4 母系 B4d1，与最高频的 F 母系 F1d 同时出现在仰韶文化时期的河南汪沟遗址。藏族的 ADF 母系姐妹分支也基本是分布于甘肃、青海等周边，齐家文化就是没有登上青藏高原早期分化出来的藏缅语族，之前提到过主要母系就是 ABDF 其中并不包括现在西藏藏族四大母系的 M9，还有齐家文化以及西南非高原藏缅语族普遍有较高频的 B 母系，说明高原藏族形成的时候 B 母系参与较少，但 M9 母系则经历了大扩散。青藏高原的 F1b，F1c1a，F1d，F2，B4d 本身为马家窑—齐家文化体之后迁往青藏高原很正常，但同时青藏高原上的 M13a、M62b 分布在南亚语族。

因此藏族与其他藏缅语族在母系上的区别是，前者以 A、D、F、M9 为前四大母系，后者以 A、B、D、F 为前四大母系。西藏藏族平均有大约 25% 的 M9 母系并集中在共祖约 5000 年的

M9a1a1c1b, 而 M9 母系在中国的平均只有约 1%左右。M9a 的姐妹分支 M9b 则完全不集中在藏族人群, 而是分布在中国南方与西南地区以及中南半岛的非藏族人群, M9 下游的 M9a' b 与 E, 其中 E2 母系的 E2a 分布在印尼群岛与马来西亚东部、菲律宾, 而 E2b 则分布在台湾⁹。E1 下游的 E1a1 分布在台湾, E1a2 与 E1b 分布在在印尼群岛与马来西亚东部, M9b1 分布在浙江, M9b2 分布在中南半岛的越南。

值得注意的是白马人, 即生活在甘肃东南部一种说藏语方言的人群, 有 60%以上频率的 D-P47 与 D-F729 父系, 这与藏族的父系结构类似。白马人与西藏藏族的母系相似之处是同时有高频的 A、D、F 母系, 但不同在于藏族的第一大母系 M9a1a1c1b 在白马人当中低频¹⁰, 并且斯基泰人来源的 H6a1b 占比 5%。若从目前西藏 M9a1a1c1b 的古 DNA 数据来看, 主要是集中在同样共祖约 5000 年左右的 O-M134 西部藏缅语族特色分支 O2a2b1a1a1a4a1-CTS5308。如果按照 M9 在西藏各个地区的频率分布, 那么 M9 最高频的地区在日喀则江孜县约为 40%, 另外西藏 M9 各个地区的平均频率大约是阿里约 26%, 昌都约 13%, 拉萨约 23%, 林芝约 12%, 那曲约 16%, 日喀则约 30%, 山南约 25%, 其中昌都、林芝、那曲这三个地区要明显的少于其他地区。

参考文献

- [1] Trejaut J A, Kivisild T, Loo J H, et al. Traces of Archaic Mitochondrial Lineages Persist in Austronesian-Speaking Formosan Populations[J]. *PLoS Biology*, 2005, 3(8): e247.
- [2] Jordan F M, Gray R D, Greenhill S J, et al. Matrilocal residence is ancestral in Austronesian societies[J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2009, 276(1664): 1-9.
- [3] Kayser M, Choi Y, van Oven M, et al. The Impact of the Austronesian Expansion: Evidence from mtDNA and Y Chromosome Diversity in the Admiralty Islands of Melanesia[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2008, 25(7): 1362-1374.
- [4] 谢国先. 论中国少数民族谷种起源神话 [J]. *民族文学研究*, 2006 (4): 17-23.
- [5] Li C X, Li J, Cui Y Q, et al. Ancient Mitochondrial Genomes Reveal the Maternal Diversity and Genetic Influence of the Qijia Culture in Prehistoric Eastern Asia[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2026, 53(1): 45-54.
- [6] Qi X B, Cui C Y, Peng Y, et al. Genetic Evidence of Paleolithic Colonization and Neolithic Expansion of Modern Humans on the Tibetan Plateau[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30(8): 1761-1778.
- [7] Li X, Zhang X P, Yu T, et al. Whole mitochondrial genome analysis in highland Tibetans: further matrilineal genetic structure exploration[J]. *Frontiers in Genetics*, 2023, 14: 1221388.
- [8] Basnet R, Rai N, Tamang R, et al. The matrilineal ancestry of Nepali populations[J]. *Human Genetics*, 2022, 141(12): 1823-1838.
- [9] Soares P, Trejaut J A, Loo J H, et al. Climate Change and Postglacial Human Dispersals in Southeast Asia[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2008, 25(6): 1209-1218.
- [10] 毛乙臻, 王飞, 刘雨佳, 等. 线粒体 DNA 基因组揭示的白马人群的遗传结构 [J]. *中国科学: 生命科学*, 2025, 55 (1): 153-167.

日本及美洲与南亚结构

冲绳白保人与绳文母系

日本目前最早的古 DNA 数据都来自冲绳石垣岛东海岸的白保竿根田原洞穴遗址（Shiraho Saonetabaru Cave），其中部分已完成测定的有约距今 2.5 万年前直到现在还在冲绳少量分布约占 0.5%，并与美洲原住民 B2 母系所在的 B4b 同属于 B4b'd'e'j 分支的 B4e 母系，还有一例尚未更进一步分型的 R*，其余 3 例则是后来高频出现在绳文人当中的 M7a¹。也正因为日本冲绳最早测出 B4e，所以 B4e 与后来在日本测出的 B4f 最初都命名自日本，不过年代较晚的绳文时代母系目前已测出的集中在 M7a 与 N9b 当中。

所以日本母系方面的古 DNA 特色首先是因为地理位置偏远缺乏小众 M 与 N 母系分支，并且后来的绳文时代几乎仅局限于 M7a 与 N9b 这两个母系，但日本更早期数据则出现小众且尚未分型的 R 母系痕迹。如果考虑到日本特有并具有一定年代，这里指接近万年级或以上的母系分支那么日本就仅限于 B4e、M7a、N9b，以及那例尚不清楚具体支系的 R*，若再考虑 M7a 是横跨日韩分布而 N9b 并不是，韩国有约 1-4%不等的 M7a 但 N9b 几乎趋近于 0%。那么日本目前特有并分型清晰的母系分支以目前的数据来看就仅限于 B4e2 与 N9b 这两支。

而现代日本最高频的 D4 母系，包括 D4a、D4b、D4c、D4e、D4g 等各自内部共祖时间普遍不超过 9000 年，这远小于日本 M7a 与 N9b 的共祖时间。并且从目前已掌握的少数古 DNA 数据来看，日本早期出土的 D4 母系如土井浜遗址（Doigahama）弥生中期编号为 D1604 的 D4h1a2 女性²，按照测算的基因成分来看其更接近现代韩国人而非现代日本人，所以日本没有久远古 DNA 数据并且高频占比的 D4 母系是晚近至少相比 M7a 与 N9b，从朝鲜半岛到达日本后剧烈扩散，但在此之前并非日本本土原生母系。

其次若比较日本古 DNA 主流的 M7a 与 N9b 母系的上下游支系的分布情况，两者的上游母系姐妹分支都广泛分布在中国东部即接近史前三海平原范围当中。但下游母系姐妹分支存在显著不同，前者的分支多样性不仅集中在日韩地区而且广泛分布在亚洲地区，但是后者的下游母系目前来看仅分布在日本。如 M7a 最近的姐妹分支 M7b'c，其下游 M7b 当中除了 M7b1a1a1 分布在日

韩以外，其余姐妹分支包括 M7b1a1a2-7 与 M7b1a1b 均分布在中南半岛地区。M7b1a2 分布在台湾原住民以及其他南岛语族当中，M7b1a 还与一例 M7b*则测自良渚文化区域内的宁波大榭岛遗址³，前者也高频分布于云南壮侗语族的云南傣族、苗瑶语族的广西瑶族、南岛语族的阿美族，以及中国南方地区。M7b1b 则分布在中亚，西伯利亚等地，而 M7b2、M7b3 在中南半岛。M7b‘c 的另一个下游分支 M7c，其中 M7c1，M7c2，M7c3 主要分布在南岛语族，东南沿海地区如以 O1a1-M119 与 O1b1-M95 为核心的晁家人，母系方面出现高频的 M7b 与 M7c⁴。

反观 N9b 的下游分支则全部分布于日本，以及 N9b 在日本不仅古代包括现代的地理分布特点是整体偏东部，几乎分布在日本本州东部与东北部还有北海道地区。从考古上来看也是有区别的，日本从北海道至本州岛中部以北的东日本地区，大多采用纵长剥片的细石刃石器，与之相对的是西日本地区更多采用与中国华北以及东南沿海地区接近的横长剥片技术。所以日本 N9b 与 M7a 的分布规律区别在于，包括古代在内的日本 N9b 在东部及东北部占比多，M7a 虽然在日本古遗址中东西两侧各有分布，但从已知研究来看呈现出西部占比更多的特征⁵。再考虑到绳文成分在日本本州关东及东北地区比例更高，四国与近畿较低⁶，N9b 与这种成分的地理位置更同频，而不是 M7a 与这种占比更符合。

对于 M7 母系日本分支 M7a 的地理分布来说，最合理的解释是史前 O1-F265 父系进入东亚时，受到末次冰盛期影响导致 O1b-M268 父系除 O1b2-P49 往东迁徙以外，O1b1-F2320 与 O1a-M119 则是沿着东部往南迁徙。这也直接导致 M7 母系划分成日韩的 M7a 与中国南部的 M7b‘c，这也是考虑到 O1b2-P49 大概于 2.8 万年前分离出来，M7a 母系的起源时间按照测算也大约在 2.6 万年前，两者的诞生时间也相近。近些年的研究当中频繁发现日本绳文人当中出现了与现今南岛语族、以及来自东亚南部沿海人群成分⁷，这应该与最初 M7a 母系所带来的成分有关。

与 M7a 同为日本古 DNA 主要母系的 N9b，从东亚整体的角度来看，N9 母系在东亚的分布及分支多样性重心也偏东部，史前可能起源于三海平原地区，这也是后来造成 N9a、Y 与 N9b 跨岛屿分化隔离的重要原因。并且事后看来 N9b 仅分布在日本地区，其姐妹分支 N9a 与 Y 在中国东部及朝鲜半岛与东北亚地区广泛分布，N9a 下游主要分布在中南半岛的 N9a6。通过古 DNA 得

知后来较早往东欧西迁的 N9a8 与 N9a9 只是东亚东部地区 N9 母系的略微波及，更重要的一点是共祖约 2500 年的 Y2a1 在亚洲偏南的南岛语族高频分布不能证明 N9 母系是从南往北扩张的。

Y2a 的姐妹分支还有当时没有南下往日韩扩散的 Y2b 与 Y2d，以及往西伯利亚扩散的 Y2e。与扩散前大本营可能在河套地区然后往东北日韩还有东南扩散的 Y2 母系不同，Y1 母系后来的扩散主要是往半月弧形地带扩散。尽管 Y2 母系下游的 Y2a1 分布在偏南部的南岛语族，但 Y2a 的其他姐妹分支则分布在东亚地区，其中 Y2*也主要分布在汉族，Y2a*分布在中国东南沿海省份以及台湾地区，Y2b、Y2c、Y2d、Y2e、Y2f 分布在中日韩，共祖 2500 年的 Y2a1 则完全分布在菲律宾，印尼，东南亚等地区。Y2a2 分布在台湾，Y2a3 分布在文莱。除此之外此前针对台湾汉本遗址 LMCM1 与 LMCM2 的研究，作者也认为 Y2a1 是伴随南岛人从东南沿海地区进入印尼群岛而非相反⁸。

日本史前石器技术文化

日本的石器技术在旧石器时代一直与中国华北-西北地区处于同一水平梯队并全面领先远东其他地区，这里主要指中国华南、中南半岛、印尼群岛、菲律宾群岛与华莱士线以东的澳大拉西亚等地。以及日本绳文时代的绳文人在历史上出场就具备完整的磨制细石器技术，如琉球北部的种子岛(Tanegashima)，旧石器晚期考古发现了如边磨轴、片状工具、梯形、磨石和饭石，还发现了带有木炭的燃烧卵石簇和狩猎陷阱，其中微刀片与在日本本土九州发现的微刀片相似，这也正常毕竟距离近而且很可能之前岛屿之间是相连的，与之相反的是东南亚、华南地区在新石器时代开始也还不具备细石器技术。

细石器技术除了制造投掷用的石簇外，还有作为贸易网的手工艺品与装饰品，以及制作各种生活用品，如骨针可以缝制衣服与制作头簪，也可以用作剔骨、挖骨髓工具，还有石磨把种子等食物磨得更细，这样可以减轻对咬合肌的需求，退化咬合肌就不用保留颧骨外扩。尤其还可以制作锅具等烹饪用品用于熬汤，绳文人在历史上出场就出土陶器痕迹，并有了初步的锅煮食体系，日本不仅本州地区包括冲绳地区，如下原洞穴遗址（Shimobaru Cave）在 1.6 万年前就发现了特定

陶器碎片。陶器的用途除了储存外就是烹饪，如果石簇代表的是细石器时代早期阶段，那么陶器代表的就是细石器晚期阶段。

还有就是日本绳文时代按照目前学界的研究是明确存在原始农业的，绳文人并不是纯粹的狩猎采集者，如日本北部青森县三内丸山遗址（Sannai-Maruyama Site）发现绳文人在此之前存在刻意驯化栗子(*Castanea crenata*)、日本核桃(*Juglans mandshurica*)、大豆(*Glycine max*)和红豆(*Vigna angularis*)⁹等作物。当然这不同于后来从朝鲜半岛过来的弥生人所带来的完整稻作种植农业技术，前者只是原始初步农业而后者是完整晚期农业。

不过需要注意的误区是，日本历史上晚近从朝鲜半岛渡来的弥生人群，按照现在的研究表明其与日本本土绳文人存在相似的基因成分。或者说进一步说目前真正在弥生时代本州出土的男性个体普遍绳文成分较高，甚至高于现在的琉球群岛地区，已研究的古弥生人大概可以被拟合为约50%的绳文成分与50%的东北亚相关成分¹⁰，这两者与之后出现在古坟时代大量来自东亚黄河流域相关的基因人群流入才形成现在的日本人。这意味着弥生人本身就属于晚近混血人群，而且可以简单理解为是绳文成分人群与史前东北亚相关人群的二分混合，并且其所含有的绳文成分是要远高于现代日本人体内10%左右的绳文成分的。

其次考虑到弥生人当中同样含有高频的日本绳文人父系D1a2a1c-CTS6609的兄弟分支D1a2a1a-M125，后者史前似乎更偏向于朝鲜半岛起源。韩国南部庆尚南道金海市大城洞（Daeseong-dong）的墓葬，伽倻（Gaya）时期最重要的统治阶层墓葬群，其中就发现了一例D1a2a1-CTS9988¹¹，这也侧面说明史前整个D1a2a-M55的分布并不仅仅局限于日本列岛，还有库页岛与堪察加地带，尤其朝鲜半岛南部应该也有所涉及，所谓弥生人的形成早在O1b2-P49与朝鲜半岛南部分布的D1a2a-M55相遇就开始了。

美洲原住民母系的关联

至于堪察加地带以外是否还有延伸，从20世纪90年代开始学界就已经正式否决美洲最早的人类活动痕迹是克洛维斯文化（Clovis Culture），无论是目前已经明确的距今2.4万年前位于加拿大育空地区的蓝鱼洞（Bluefish Caves），还是近几年新发现的距今2.1-2.3万年前新墨西哥州

的白沙公园（White Sands）脚印¹²，这些都要比传统的克洛维斯文化早约近 1 万年。除此以外一些更早的诸如距今 3.3-2.6 万年前墨西哥奇基维特洞穴（Chiquihuite Cave），因为目前挖出的石器无法明确证明其是人工打造所以暂时不算在内，不过这些遗址似乎都不是重点。

更值得去关注的信息是目前发现的前克洛维斯诸多文化与后来的美洲原住民文化之间的石器技术是没有传承关系的，这些人群各用一套不同的石器技术体系。在北美洲西北地区如距今 1.4 万年前的天鹅角遗址（Swan Point），就曾发现与距今约 2 万年前东北亚地区阿尔丹河流域的迪克泰洞（Dyuktai Cave）两者存在石器技术的相似关系，这些是以窄楔形细石刃石核（wedge-shaped microblade cores）技术为主的涌别技法（Yubetsu technique）细石刃传统，这区别于后来侧重于大型投射武器的克洛维斯文化。同样的北海道早期绳文人也使用的是这种涌别技法的细石叶技术，这部分石器技术其实都是与东北亚、堪察加，以及北美洲西北部地区共享的。

20 世纪一些苏联学者如阿列克谢·奥克拉德尼科夫（Alexey Okladnikov）在观察北美洲那部分先进印第安文化后得出过很多类似的结论，即史前存在一个“绳文—勘察加—印第安”北太平洋文化共同体，北美核心印第安人的细石器技术与绳文人的细石器技术有着共同来源。所以大致意思是在 2.5 万年以前东北亚地区出现了一种先进的细石器技术，后来影响到了部分日本绳文人、堪察加以及往东的白令海峡与北美西北部地区，只不过这个人群目前尚未发现任何可证实的古基因数据，只有间接的石器技术痕迹，而这部分未知人群没有影响到的美洲地区，其实事后看来就是南美洲地区。

早期的研究认为南美洲原住民如苏鲁伊人（Suruí People）、卡利吉亚纳人（Karitiana People）以及巴西高原的沙万特人（Xavante People）等，携带少量的澳大拉西亚即澳洲与新几内亚原萨胡尔大陆等地的原住民成分¹³，后来发现这种成分不仅出现在亚马逊原住民当中，还同时出现在泛南美洲的太平洋沿岸人群，也就是说这是一种广泛分布在南美洲原住民人群当中的一种成分，但与之对比的是北美洲与中美洲却没有检测到这种成分，或者即使部分群体测出也十分微弱¹⁴。如果从目前已知的古 DNA 角度来看，北美洲确实发现过一些类高加索人种特征的早期人类遗骸，如距今 8500 年前北美洲的肯纳威克人（Kennewick Man），学界对此进行颅骨测量的最初判断是

与波利尼西亚人尤其北海道阿伊努人相似，并且缺乏明确的美洲原住民特征¹⁵。但后来进行的全基因组测试显示其与美洲原住民有着更紧密的联系，肯纳威克人的 Q-M3 父系、X2a 母系都是现美洲原住民的主要支系。

肯纳威克人明确与父系 Q-L54、母系 D4h3a 的 Anzick-1 男孩有明显不同，后者更多与中美洲和南美洲的现代部落如阿瓦洪人（Awajún People）、阿约雷人（Ayoreo People）、瓜拉尼人（Guarani People）、卡利吉亚纳人、西里奥诺人（Sirionó People）、苏鲁伊人、齐马内人（Tsimané People）等更具有亲缘性。而其与南美洲出土的距今 9000 年前 Q-M848 父系、D4h3a 母系的 Sumidouro5 同为 D4h3a 母系，后者是被证实与澳洲原住民人群存在亲缘关系。D4h3 其实是美洲原住民中除 D1 母系外另一支 D4 母系下游分支，比如南美洲南部的巴塔哥尼亚人（Patagonia）最初是 D1、C1、D4h3a 母系的组合¹⁶，约 4000 年前陆续有 B2 母系流入北部巴塔哥尼亚，这时巴塔哥尼亚人还是粗糙的细石器技术，后来 B2b 母系直接给出一整套美洲版新石器技术，再之后的 2000 年时间直接成为频率最高母系并同时有一整套新石器技术完整方案。

而 B2 母系其实就是共祖约 1.5 万年的 B4b2，其姐妹分支 B4b1 则分布在中国尤其东北部地区，同为 B4b'd'e'j 支系的 B4j 现在也是东北亚的主要母系。并且 B2 母系的美洲人口几乎是最近 6000 年内爆发式增长而来，多样性集中在北美中南部地区，后来美洲的农业扩散更是完全与 B2 母系扩散同步，这也造成美洲原住民在相貌、风俗、文化、技术上分化出两种截然不同的风貌，比如南美洲原住民与新几内亚巴布亚人都有相关的系统性食人习俗，完整的内食人（endocannibalism）即吃掉本部落死去的亲人以让亲人的生命力量回归家族，还具有战争复仇性质的外食人（exocannibalism）以烤熟的形式，但北美洲原住民则并不存在系统性食人祭祀仪式，即便食人也只是在特定饥荒条件下，三者在同为 F-M89 下游的 K2b-P331 父系情况下，明显的差异其实就是母系不同所带来的常染不同，从更庞大数量的 18-20 世纪资料所记载的相貌来看，北美洲与南美洲原住民也存在巨大差异。

南亚原住民的阶级母系

这种生活在同一地区但风俗、相貌等千差万别的模式并不仅仅存在于美洲大陆，同样南亚次大陆也有这种情况，历史上印度西北及北部地区与印度南部地区也存在显著成分差异。南亚人群的形成可以简化理解为，距今 7400-5700 年前伊朗早期农夫从印度西北部进入南亚地带，与当地古南亚原住民混合形成原始达罗毗荼人又称德拉威人（Dravidian people）¹⁷，这种形成发生的时间就是后来所谓的印度河文明时期（IVC）。此后停留在北部的原始达罗毗荼人与后来更晚来自中亚草原游牧民族（Central_Steppe_MLBA）混合形成古北印度人群（Ancient North India, ANI），往南迁徙的则没有受到过多的中亚游牧人群基因影响，随后混合更多古南亚南部原住民并形成古南印度人群（Ancient South India, ASI）。

不同人群成分上的影响混合比例甚至对后来的印度种姓阶级有着某种关联，因为众所周知印度的种姓阶级基因成分与非重组区并不是均匀的，如印度上层的婆罗门与刹帝利相比下层种姓就携带更多的古代北印度人群（Ancient North India, ANI）成分，而南部底层的达罗毗荼人群更多以本土古代南印度人群（Ancient South India, ASI）成分为主¹⁸，整体呈现出越倾向于西北地区的巴基斯坦、克什米尔等地区 ANI 比例同步持续增高。

从非重组区来看，婆罗门当中的 R1a1a1b2-Z93 父系占比明显高于印度整体的其他阶层，也是目前学界认为的婆罗门创始父系¹⁹。并且西欧亚母系在印度高种姓当中出现频率更高，印度最常见的 R 母系分支如 U 或 R5 在种姓人群中占比 15%，但在未划入种姓制度的部落人群中占比 8%²⁰，U 母系在部落与种姓人群中的多样性也不同，比如部落完全没有发现 U2e，U1 与 U7 的频率很低，但是上层种姓则存在 U2e，并且随着阶级越高其频率也越高²¹。H 与 T 在印度北部相比印度南部更常见，不过 J 母系仅在印度南部人群中出现。

相反 M 母系在部落群体中最高。M 母系在印度的分布频率呈现向南和向东倾斜，与 U 母系呈现反相关²²。南印度部落群体的 M 母系频率为 70-80%，相比南印度种姓群体频率为 65%要稍高，维达人的 M 母系频率是最低仅为 18%，而其 R 母系频率约 45%也是最高的主要是 U1a 与 U7a。僧伽罗人的 R 母系主要是 R30b，但这些相关民族都发现了部分西欧亚人群的贡献。

除此之外，M 母系在印度是从南向北逐渐减少，N 母系则刚好相反。东印度和南印度的德拉威语人群（达罗毗荼人）拥有高频率的 M 母系，从南印度纳亚克波德部落的 76.32% 到东印度奥拉昂部落的 81.58% 不等²³。R30b 产生于约 4.4 万年前的印度北部地区²⁴，其中 R30b1 主要局限于印度北部，包括旁遮普邦、查谟和克什米尔邦、北方邦和古吉拉特邦。R30a1c1 仅局限于印度南部的库鲁巴人（Kurumba People）的一个部落“定居库鲁巴人”（Uru Kurumban）人群当中，R30 中 R30a 在南亚的分布最为广泛，R30b2a 在斯里兰卡的维达人中有测出。

相比于 U 母系这种明显从近东晚期到达南亚的 R 母系，还是有一些起源于或很早到达南亚的 R 母系诸如 R6、R7 与 R8。R7a 的频率主要集中在印度比哈尔邦、贾坎德邦和恰蒂斯加尔邦，R7b 的频率峰值在安得拉邦，R7a 的姐妹分支 R7b 就似乎仅限于印度南部的德拉威语使用者而非北印度人。R7 母系在南亚语系人群主要是北蒙达语人群的科尔瓦里人（Kherwari People），当中出现了高频的 R7 母系为其下游共祖仅 3000-7000 年的 R7a1，反观 R7 在南蒙达语人群中则非常罕见²⁵，所以 R7 是南亚语系人群带来的也不太可能，最好的解释是本土起源或在极早期迁徙至南亚。R8 母系在旧石器时代中晚期就已经分化，同样高频出现在印度东部的奥里萨邦，并低频分布于印度各个地区。最后南亚属性强烈的 N 母系应该包含 N5、R5、R6、R7、R8、R30、R31、R32，另外 R1，R2*UT，R4、N2、N3、N6 这种属于泛近东、伊朗、南亚西北地带，所以相比前者南亚属性并不强烈。

R0a 与 HV*多样性显然是在近东黎凡特一带，属于没有参与动迁待在近东大本营的 R 母系分支，部分 R0a 还跟 U6 一起往北非退。而 HV 母系整个多样性重心要比 R0a*、R0*往中亚方向靠。这也导致后来 V 母系成为主要分布于东北欧的分支，以及 H 母系在印欧人扩散中是最大母系。H 母系在西欧亚母系中的人多势众，确实只要是与印欧人一起扩散而成。

按照目前的研究，古代南印度祖先（Ancient Ancestral South Indian），即 AASI 的标杆人群是一些南印度原住民部落如以高频的 F-M89、H-M69，中频的 K-M9、C-M130，以及低频的 P-M45、R-M207、Q-M242 组成²⁶的伊鲁拉人（Irula People）。还有以高频 F-M89、少量 C-M130

以及低频的 J2a3- M68 和 K-M9 组成的帕尼亚人 (Paniya People)²⁷, 两者可以被视为目前已知最能代表 AASI 的印度边缘部落原住民, 其体内含有的北方伊朗新石器血统占比极小。除此以外印度西南海岸以高频 U1a1a、U2a1、M3a2a、M30 母系²⁸组成的科拉加人 (Koraga People) 也可以被拟和为类 AASI 与伊朗新石器相关混合²⁹。

与这些人群拥有相似父系结构的还有卡尼卡兰人 (Kanikaran people), 帕利扬人 (Paliyan People)、普拉亚尔人 (Pulayar People) 和卡达尔人 (Kadar People)、桑塔尔人 (Santal People)、科尔瓦人 (Korwa People)、帕尔哈亚人 (Parhaiya People)、琼格人 (Juang People)、哈里亚人 (Kharia People)、伊鲁拉尔人 (Irular People)、帕尼扬人 (Paniyan People) 等印度无法确切估计数目的边缘部落原住民, 他们的共同特点都是以高频的 F-M89*、H-M69 外加一定频率的 C-M130、K-M9 组成, 我想这些研究当中的 K-M9 除了 K-M9*以外应该主要还是指小众未分型的 R1-M207 和 R2-M479, 这也是最有可能并非其原有的晚近外来父系。AASI 成分偏高的人群的普遍相貌特征, 大概就是肤色黝黑, 卷发, 身材矮小, 鼻根凹陷, 鼻梁凹陷等类澳洲人种特征, 这是对 H1a1-M52、F-M89*、J2b2-M241、C1b1-AM00694、R2a-M124、L1a-M76、Q1-M242 父系组成的索里加人 (Soliga People)³⁰的描述。

被大众误以为可以代表 AASI 成分的维达人 (Vedda People) 与安达曼人则并不能直接代表 AASI, 前者被证实混入了更多的伊朗相关成分从母系上就能够看出, 后者实际上是印度大陆 AASI 成分的姐妹分支。如果从母系的频率来观察维达人与纯粹 AASI 部落的区别, 会发现维达人的 N 母系比例确实要远多于 M 母系, 其中就包含 R30b、R8a1a3、R5a2b、U7a、U2a、U1a'c 等 R 母系³¹, M 母系包含 M3c1、M6a、M36a、M36d、M73'79、D4a、G3b1。如果对比维达人所居住的斯里兰卡其他居民比如僧伽罗人 (Sinhalese), 其包含更多样性的 M 母系包括 M2a1、M12a1b、M36a、M45、M52、M33a1b、M35、M65a、M66, N 母系包括 W、N1a1'2、R30b、R8a1a3、R5a2b、R6a、U1a'c、U7、U7a、P4a³²。

如果从父系的区别来观察安达曼人与印度代表性 AASI 部落的区别, 主要在于前者包含两种语系人群, 即大安达曼语系 (Great Andamanese languages) 与翁甘语系 (Ongan languages) 的同

时，整体主要呈现出 K2b-P331 与 D1a2b-Y34637 的混合形态，考虑到印度殖民者在 18 世纪入侵安达曼群岛之前大安达曼语系的人口数量要远多于翁甘语系的人口，即便是 K2b-P331 占主导不过依然混入了部分 D1a2b-Y34637，而代表性 AASI 边缘部落如印度的伊鲁拉人（Irula People）和帕尼亚人（Paniya People）则是 100% 的 F-M89 并不具备 D-M174 下游分支。

参考文献

- [1] Shinoda K, Adachi N. Ancient DNA Analysis of Palaeolithic Ryukyu Islanders[J]. *Terra Australis*, 2017, 45: 51-59.
- [2] Kim J, Mizuno F, Koganebuchi K, et al. Genetic analysis of a Yayoi individual from the Doigahama site provides insights into the origins of immigrants to the Japanese Archipelago[J]. *Journal of Human Genetics*, 2024, 69(12): 789-797.
- [3] 文少卿, 雷少, 孙畅, 等。浙江宁波大榭遗址一期人骨的古 DNA 研究 [J]. *南方文物*, 2020 (06): 261-266.
- [4] He G L, Zhang Y, Wei L H, et al. The genomic formation of Tanka people, an isolated "Gypsies in water" in the coastal region of Southeast China[J]. *American Journal of Biological Anthropology*, 2022, 178(1): 154-170.
- [5] Yoshida K, Wakiyama Y, Nakamura Y, et al. Demographic history of the Jomon people: insights from whole-mitogenome analysis[J]. *Anthropological Science*, 2026, 134(1): 15-28.
- [6] Watanabe Y, Ohashi J. Modern Japanese ancestry-derived variants reveal the formation process of the current Japanese regional gradations[J]. *iScience*, 2023, 26(3): 106130.
- [7] Yang M A. A Genetic History of Migration, Diversification, and Admixture in Asia[J]. *Human Population Genetics and Genomics*, 2022.
- [8] Xu Y, Wiradnyana K, Zhou H, et al. Reconstructing the west-east genetic division in Indonesia using ancient genomes[J]. *iScience*, 2026, 29(6):115974.
- [9] Fujita M, Mizuno F, Yamasaki S. Prehistoric Migration of Homo sapiens in the Ryukyu Islands[A]//Ono R, Pawlik A. *The Prehistory of Human Migration: Human Expansion, Resource Use, and Mortuary Practice in Maritime Asia*[C]. London: IntechOpen, 2024: 1-20.
- [10] Cooke N P, Mattiangeli V, Cassidy L M, et al. Ancient genomics reveals tripartite origins of Japanese populations[J]. *Science Advances*, 2021, 7(37): eabh2419.
- [11] Gelabert P, Blazyte A, Chang Y, et al. Northeastern Asian and Jomon-related genetic structure in the Three Kingdoms period of Gimhae, Korea[J]. *Current Biology*, 2022, 32(15): 3211-3223.
- [12] Pigati J S, Springer K B, Bennett M R, et al. Independent age estimates resolve the controversy of ancient human footprints at White Sands[J]. *Science*, 2023, 382(6666): 73-75.
- [13] Skoglund P, Mallick S, Bortolini M C, et al. Genetic Evidence for Two Founding Populations of the Americas[J]. *Nature*, 2015, 525(7567): 104-108.
- [14] Castro-Silva M A, Ferraz T, Bortolini M C, et al. Deep Genetic Affinity Between Coastal Pacific and Amazonian Natives Evidenced by Australasian Ancestry[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2021, 118(18): e2025739118.
- [15] Rasmussen M, Sikora M, Albrechtsen A, et al. The Ancestry and Affiliations of Kennewick Man[J]. *Nature*, 2015, 523(7562): 457-461.
- [16] Postillone M B, Cobos V A, Urrutia C, et al. Mitochondrial DNA Diversity and Evolutionary History of Native Human Populations of Northwest Patagonia (Argentina)[J]. *Human Biology*, 2020, 91(2): 1-22.
- [17] Narasimhan V M, Patterson N, Moorjani P, et al. The Formation of Human Populations in South and Central Asia[J]. *Science*, 2019, 365(6457): eaat7487.
- [18] Moorjani P, Thangaraj K, Patterson N, et al. Genetic Evidence for Recent Population Mixture in India[J]. *The American Journal of Human Genetics*, 2013, 93(3): 422-438.
- [19] Sharma S, Rai E, Sharma P, et al. The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system[J]. *Journal of Human Genetics*, 2009, 54(3): 194-201.

- [20] Metspalu M, Kivisild T, Metspalu E, et al. Most of the extant mtDNA boundaries in South and Southwest Asia were likely shaped during the initial settlement of Eurasia by anatomically modern humans[J]. BMC Genetics, 2004, 5: 26.
- [21] Maji S, Basu S, Mukherjee N, et al. Distribution of Mitochondrial DNA Macrohaplogroup N in India with Special Reference to Haplogroup R and its Sub-Haplogroup U[J]. International Journal of Human Genetics, 2008, 8(1): 85-92.
- [22] Basu A, Mukherjee N, Roy S, et al. Ethnic India: A Genomic View, With Special Reference to Peopling and Structure[J]. Genome Research, 2003, 13(10): 2277-2290.
- [23] Singh R, Thangaraj K, Singh L, et al. Common genetic heritage and admixture among Indian population groups as revealed by mtDNA markers[J]. Annals of Human Genetics, 2012, 76(6): 487-496.
- [24] Desai S, Kumar L, Sylvester C, Krishna M S, Rao J S, Chandrasekar A. South Asian Maternal Lineage haplogroup R30 Provides Phylogenetic Evidence of human dispersal across South Asia[EB/OL]. bioRxiv, 2025.
- [25] Chaubey G, Karmin M, Metspalu E, et al. Phylogeography of mtDNA haplogroup R7 in the Indian peninsula[J]. BMC Evolutionary Biology, 2008, 8: 227.
- [26] ArunKumar G, Soria-Hernanz D F, Kavitha V J, et al. Population Differentiation of Southern Indian Male Lineages Correlates with Agricultural Expansions Predating the Caste System[J]. PLoS ONE, 2012, 7(11): e50269.
- [27] Yelmen B, Mondal M, Marnetto D, et al. Ancestry-Specific Analyses Reveal Differential Demographic Histories and Opposite Selective Pressures in Modern South Asian Populations[J]. Molecular Biology and Evolution, 2019, 36(8): 1628-1642.
- [28] Sequeira J J, Vinuthalakshmi K, Das R, et al. The maternal U1 haplogroup in the Koraga tribe as a correlate of their North Dravidian linguistic affinity[J]. Frontiers in Genetics, 2024, 14: 1303628.
- [29] Sequeira J J, Krishna M S, van Driem G, et al. Novel 4400-year-old ancestral component in a tribe speaking a Dravidian language [J]. European Journal of Human Genetics, 2025, 33 (12): 1897-1905.
- [30] Rowold D J, Chennakrishnaiah S, Gayden T, et al. The Y-chromosome of the Soliga, an ancient forest-dwelling tribe of South India[J]. Gene, 2020, 763: 100026.
- [31] Ranasinghe R, Tennekoon K H, Karunanayake E H, et al. A study of genetic polymorphisms in mitochondrial DNA hypervariable regions I and II of the five major ethnic groups and Vedda population in Sri Lanka[J]. Legal Medicine, 2015, 17(6): 539-546.
- [32] Ranaweera L, Kaewsutthi S, Tun A W, et al. Mitochondrial DNA history of Sri Lankan ethnic people: their relations within the island and with the Indian subcontinental populations[J]. Journal of Human Genetics, 2014, 59(1): 42-49.
- [33] Adachi N, Shinoda K, Umetsu K, et al. Mitochondrial DNA analysis of Hokkaido Jomon skeletons: Remnants of archaic maternal lineages at the southwestern edge of former Beringia[J]. American Journal of Physical Anthropology, 2011, 146(3): 346-360.

史前东亚母系扩散模型

史前 R 母系的技术诞生史

古 DNA 显示在距今 4 万年前的保加利亚巴乔基罗洞穴（Bacho Kiro Cave），以下简称 BK 洞，考古发现其陪葬品中就出现洞熊牙穿孔吊坠、象牙珠等个人装饰品，在体质、生产技术、生活形态上就已经接近现代智人¹。与之相反的是距今 1 万年前的广西隆林人与云南马鹿洞人在未进行基因检测前长期被误认为是非智人并且错认成男性，在体质与文化上全方位落后 BK 洞的女性古人。

以及距今 3 万年前东北地区有骨针技术的 AR33K 女性古人，同时 AR33K 还有石磨及刻意采集种子的意识，这为制陶奠定基础并催生需求。所以在部分 R 母系大规模快速扩散以前，与其

间隔几万年的 M 母系姐妹分支相遇时，各方面应该有着明显的差异。远东真正意义上现代晚期智人的体质特征，并不来自于末次冰盛期后东北地区的类鬼门洞人群以及华南新石器时代前的类广西隆林人与云南马鹿洞人。

除了晚期智人，所有已知人属下的各人种全部止步于旧石器时代，在走出非洲直面尼人的生存压力下，需要制作出投掷类武器，还衍生出一整套工具与生活方式，还有精细加工食物的可能，并衍生出骨针与骨笛，可以用于装饰品如发簪，还能用骨针缝制衣服，甚至草鞋、草篮、草船，或者皮缝制船，这也是为什么美洲原住民会制作草制船的人群只集中在部分地区而非所有美洲原住民。

以标准化细石叶、背刃小石器和复合镶嵌工具为特征的技术，在晚更新世并非所有现代人群共同拥有。尼人虽然擅长近身格斗但未发现掌握细石器技术的小型镶嵌石器，只有一些刺矛与手投矛等狩猎工具，这也是后来智人对尼人的优势之一。但如果假设人类出非洲就已经掌握细石器技术，那么无法解释广西隆林人与云南马鹿洞人仍主要使用石核—石片和砾石工具，早期亚马逊地区也并没有出现东北亚式楔形细石叶传统。这恰恰说明细石器技术并非完全伴随所有人群的扩散而稳定携带，而是在不同地区独立产生。

如果细石器技术是人类标配，那么近代人类学家据考古以及体质分析认为制作细石器技术且有贸易网络要等到将近 6 万年前才开始零星出现。R 母系出现在 5-6 万年左右，从现在的古 DNA 数据来看是空白的，但这段时间其实是现代晚期智人现代化行为的萌生、强化、稳定遗传、并初步扩散时期，直到 4.5 万年左右 R 母系出现在中欧时就已经是现代智人的早期形态，这些人群旧称克罗马农人，现泛指欧洲早期人类，他们其实就是 4 万年前最早的一批在欧亚大陆北部发生 R 母系化的人群。

所以真正意义上的晚期智人，即现代解剖学、行为学意义上的晚期智人并不是走出非洲的标配，N 母系的下游 R 母系正是崛起于尼人带来的生存挑战，R 母系开始扩散的同时正好也对应着尼人开始陨落。R 母系出场就有细石器技术，而尼人众所周知并未发明细石器技术，最后也许就是通过细石器技术突破尼人防线，也就是 5 万年前欧洲还是尼人的生存空间，但是在约 4.5 万年

前携带细石器技术的 R 母系从考古来看就已经占据德国与保加利亚等地，尽管 3.9 万年前那不勒斯超级火山爆发中断过这一进程，但之后依然源源不断从近东地区往过迁徙。

实际上约 5 万年前 N 母系人群就尝试往欧洲包括法国东南部以及德国等地扩张，但事后来看到尼人没有决定性优势，扩散并不顺利。欧洲的 4.5 万年是一个分界线，在此之前迁来的 N 母系受限于石器技术还未升级到细石器技术并不能实质性对尼人产生优势，再之后 N 母系的下游分支 R 母系过来面对尼人时，在多层天灾与投掷工具的使用下就直接永久性替代尼人。而在此之前智人数十万年无法走出非洲就是因为近东与欧洲盘踞着近身格斗能力极强的尼人。侧面也说明 R 母系从近东扩散相较于 M 与 N 母系都更偏晚，包括最早前往远东的澳洲大陆则是 MN 母系混合人群同时明确没有 R 母系。

R 母系作为旧石器时代晚期至现今频率不断且飞速提升的母系，显然是受益于细石器技术的，而且还是唯一受益于这一技术变革的母系大类，这是尼人的生存压力导致 R 母系行为发生转变，进而有了细石器技术及体质社会等的改变，同时在基因上留下痕迹包括表达时的选择偏好。并且 R 母系在分离时就已经会有意识的进行采集种子，所以美洲、南亚、北非、欧洲、东亚各地的 R 母系人群都能自主升级到农业时代。

东亚 R 母系多样性的分析

中南半岛的南亚语族 B 与 F 母系高度集中于 B5a1、F1a1 与 F1f，考虑到 F1a1 同时遍布东亚各个族群，并且 F1a 的姐妹分支 F1c 与 F1f 都主要分布于藏缅语族，F1 的姐妹分支 F2 甚至基本没有分布在南岛语族与南亚语族，而后迁徙至中南半岛的苗瑶语族与壮侗语族也只是少量分布，但藏缅语族包括拉达克藏族都很高频。对于这种现象的最好解释是，F2 母系比 F1 母系扩散更晚，所以完全错过了南亚语族与南岛语族的扩散。

这类似于 B6 同时存在于汉藏人群与中南半岛相关人群当中，但是 B6 的姐妹分支 B6'R11 下游的 R11 则基本没有在南亚语族与南岛语族分布。R11 母系在 9000 年前出现在嫩江流域，还有甘肃的仰韶文化也有古 DNA，汉藏延伸出去的蒙古语、满-通古斯语族群母系都是半月弧文化分布。所以南亚语族如果排除分支单一的 F1a1 与 B5a1，则几乎以各种小众的 M 母系为主，单

柬埔寨境内就具有 M20、M12b1a2、M13c、M7b1a1、M17a、M17c、M21b、M23'75、M24、M74b、M46b、M73c、M21b3、M74b3、M74c 等²。

类似的还有，北方汉族与藏缅语族的 B、F/R9 母系多样性是高于南方汉族与壮侗语族、苗瑶语族的，其中部分甚至是纯粹的南方特有分支，如 F1a'c'f 只有 F1a1'4 可以当作南部特色分支，即便如此仍然还是南部与北部以及西南、汉藏语族同时分布。而东南亚境内的主流的 B、F/R9 现存最早约 4000 年，上限可能最多达到 6000 年左右，再考虑到南亚语族还有南岛语族都是约 4000 年前才大面积往中南半岛与南太平洋群岛扩散。

早期主张从中国东南登陆的说法，这就意味着需要论证 R 母系史前从巽它古陆起源，但是南岛语族与南亚语族的分支单一且共祖不超过 6000 年，并且南岛人最初来自东南沿海往外扩散这已经是国际定论，从语言以及母系分化来看都很明显。苗瑶语族与壮侗语族出场即有稻作农业，而且有母系主导的神话体系，与西南低海拔藏缅语族同样都有女神来自高山的传说。其 B 与 F 母系的频率也高，虽然多样性局限在南部特有分支，但涉及分支也远超南岛语族与南亚语族。

所以东亚主流的 B、F/R9 母系从现代分布到古 DNA 还是当下分支多样性，都可以看出其在新石器时代大规模扩散前，最初来源于横断山脉以东、也就是现今陕甘川一带，只有这样 ABF 母系在新石器时代扩散的同时，既可以西迁中亚参与斯基泰人的形成，也可以北上参与西伯利亚，也可以东进东部平原，或者往南迁徙至西南、中南半岛地区，而其他母系受限于地理位置所以无法呈现出这种现代分布。若除去那十几支爆发于新石器时代的分支，那么上游姐妹分支现在还基本在云贵川西部，以及横断山脉以东的陕甘川还有云南等地的汉藏语族人群。

因此，新石器时代前 B、F/R9 母系在东亚的大本营位于青藏高原东北边缘的陕甘川一带，末次冰盛期时主力沿着横断山脉东部南下，这也是现代这一带早期分化的小众分支多的原因，新石器时代以后碾压式的往南方与东南亚扩散，这也是 F1a1 不但遍布南方同样遍布北方，同时 F1a 的姐妹分支 F1c 与 F1f 也主要分布在藏缅语族。F1a1 虽然目前占比超过 3%，但只有约 9000 年，新石器时代扩散剧烈。如果把思考的重点放在对于很多人群来说 B、F/R9 母系较晚外来，

且扩散前原先居住的地区海拔较高，并且多样性在横断山脉以东偏原始的汉藏羌人群当中，苗瑶语族与壮侗语族只是其延伸，而南亚语族与南岛语族只是稍微波及，就可以很好解释某些看似异常的现象。

远东 R 母系最初伴随父系

所以这些线索都指向，存在一个目前尚未察觉的人群，最初伴随东亚与东南亚主流的 R 母系分支迁徙至远东地区，共同向东亚提供古近东地区的外貌性状特征尽管后来被不断稀释，这种成分从北向南依次从东亚流向东南亚地带，甚至过程中可能间接的影响了部分北美洲地区。但从目前来看并没有对印度尼西亚群岛造成太多影响，美拉尼西亚以及澳洲大陆则几乎看不到这种影响。受限于当今分子人类学的局限性，我们始终无法掌握某种直接的决定性证据，但可以通过各种间接的证据去堆砌，在这里并不只能满足一个条件，而是要相比其他可能性满足更多甚至全部的条件才能支持这种设想。

一、该父系是旧石器时代最早一批出发前往远东并最早到达远东的父系之一，但关键点在于这个人群显然与其他人群抵达或扩散上要稍晚，这不仅对应现东亚主流的 R 母系扩散相对较晚，同时我之前反复提到过，澳洲大陆与美拉尼西亚地区受这部分人群的影响是最小的，而这两个区域也是远东最深入并且学界明确最早一批迁徙的现代人类。所以在排除美洲大陆作为人类在远东最晚踏足的土地不作为参考以外，我的意思是在该人群在澳洲大陆以及美拉尼西亚地区的分布应当较少或甚至没有分布都是有可能的。

二、早期扩散的人群无法避免的是与其他当地古人类进行基因交流，反之越晚扩散的人群就越晚接触到这部分常染，那么与之对应的，既然该父系在扩散上相对较晚，那么有关古人类成分诸如尼安德特人或者丹尼索瓦人，以及最近对于中国直立人基因的占比也应该比其他人群更少。

三、之前多次暗示 R 母系其实最开始就来自近东地区周边，这意味着该父系具有的两种可能性，其一是直接为近东起源并携带一部分当地的 R 母系，其二起源于非近东地区但是在前往远东的途中途径近东，这意味着如果是第一种情况，那么该人群的平级分支应该还残留在近东周边地区，如果是第二种情况，那就只能通过其他分析判断该人群的迁徙是否途径近东。

四、最关键的一点是，结合我之前对东亚-东南亚的主流 R 母系分析，以及一个人类学界不成文的定理，即在除非已灭绝或濒临灭绝的情况下，父系与父系之间无法轻易交换母系多样性，所以扩散末端越孤立的人群分支越单一。所以该父系与 B、F/R9 的多样性应当是同步的，也就是更多集中在汉族、藏缅语族、其次是苗瑶语族、壮侗语族可能有零星分布，而南亚语族、南岛语族应当是最少分布。

五、同样的也应当同步 R 母系的扩散，也就是至少有一个分支在新石器时代以前明显集中在青藏高原东北部边缘地带，在西北地区拥有着比其他地区更高的多样性与频率。如果从中国范围来看，那么该父系的分布特征应当是偏西分布。

六、最后也不排斥该父系在未受过多其他人群影响的情况下，序言中我提到过人群的长相除非混血否则是不易变动的，所以可能会保留从近东过来时的长相，即呈现出一种类古高加索的相貌，这可能在近代被一些西方人类学家认为是带有高加索特征的人群，但是由于这批人群是旧石器时代以前迁徙过来的，与现今的近东人群显然不是同一人群起源，所以在只用于检测非重组区的粗糙测算时会被认作东亚特征，在一些基因分析程序上尽管有痕迹但可能看不到其与近东人群存在直接关系。所以即便观察到肉眼可见的高加索特征最后也会被划分为“伪高加索特征”。

全部符合以上这些条件的远东父系其实就是 D1-M174，从地理分布来看，D1-M174 的绝大部分人口几乎仅局限于东亚地区，另外的人口以低频的形式分布在中南半岛与中国西南交界处的各个国家。除此以外印尼群岛、菲律宾群岛、美拉尼西亚、澳洲大陆的原住民部落在分子人类学这十几年的发展当中反复不断的测试，目前的情况是原生部落以 CF-P143 下游的 K2-M526 与 C1b-F1370 父系为主，完全没有 D1-M174 的痕迹。

D1b-L1378 作为整个 D1-M174 最深入远东的支系，目前仅商业测自没有原生边缘部落的菲律宾中部宿务区域附近，还有中南半岛及马来半岛等地区。疑似在史前扩散到巽它古陆北部，但从现代地理分布来看显然没有深入 K2-M526 以及 C1b-F1370 所在的印尼群岛、澳大拉西亚等地

区，也就是说不仅其仅局限于华莱士线以西，而且巽它古陆南部即现印尼群岛的苏门答腊岛、爪哇岛、婆罗洲的众多边缘部落目前都没有检测到。

哪怕不考虑其他的因素，仅从现代地理分布来看，就可以推测 D1-M174 相比同时期前往远东的 CF-P143 下游，K2-M526 与 C1b-F1370 父系稍晚前往，或至少是稍晚深入远东地区，具体相差时间仍然未知，但考虑到这几个父系同为早期前往远东的父系，可能有几千年的时间间隔，这个间隔足以造成这种地理分布的差异。

再考虑到现存整个 D1-M174 的共祖时间经过各机构的测算约 4.5 万年，还有琉球群岛考古证据表明至少约 3.5 万年前就有人居住，青藏高原北部边缘最古老的遗址将近 4 万年。所以我推测 D1-M174 在 4.5 万年前开始从地中海东岸附近出发往东迁徙，随后在距今 3.5-4 万年前 D1a1-F6251 与 D1a2-M55 陆续抵达阿尔泰山脉附近与堪察加-日本列岛地区，其余 D1-M174*可能直接朝南行进向巽它古陆深入，但从现代数据来看并未穿越华莱士线以东地区。

巧合的是尼安德特人与丹尼索瓦人的基因恰好广泛且高频的分布在华莱士线以东地区，这包括菲律宾群岛、美拉尼西亚、萨胡尔大陆等地³，他们的丹尼索瓦人含量在各项研究中都是明显高于其他人群的⁴，更何况大洋洲人群已经明确证实含有大量丹尼索瓦人的免疫系统基因片段，这当然是长期基因交流接触的结果⁵。以及之前提到的最高丹尼索瓦人成分在以 K2b-P331 父系为主的菲律宾马克布孔阿埃塔人（Ayta Magbukon）尼格利陀检测到。

像巴布亚-美拉尼西亚，澳洲地区的原住民具有与尼安德特人同样的罕见 RHD（Rh 血型）系统变体组合⁶，这意味着如果一名尼安德特人生活在现代社会，他需要紧急输血，这个时候去新几内亚与澳洲土著原住民社区寻求这种血型以达到最大效率得到匹配的血型，这种现象的产生只能通过与古人类的基因交流。这也是为什么尼人成分在澳洲-美拉尼西亚上要高于东亚-东南亚人群，东亚-东南亚人群的尼人成分又高于欧洲人群，而欧洲人群要高于北非-非洲人群，对这种比例上的差异合理的解释是，史前 E-M96 基本没有和尼人进行频繁的基因交流或者接触较少，CF-

P143 与 D1-M174 父系可能在出非洲时与尼人有部分基因交流，而 F-M89 的下游 K2-M526 尤其 K2b-P331 在历史上则是与尼人进行频繁的基因交流。

所以尼人与丹人的高比例成分地理分布完全避开了 D1-M174 的分布范围，还有目前针对绳文人的研究，其被证实体内的丹人与尼人成分在古今东亚人群当中是最低的，甚至相当于现代西欧亚水平⁷。研究认为这只能说明绳文人来自一个根部东亚谱系，而该谱系与丹尼索瓦人，也包括尼安德特人接触较少，是绳文后期才通过与其他东亚人的接触获得少量丹尼索瓦成分。而这个东亚存在的一个早期分化且几乎没有受到丹尼索瓦人影响的现代人谱系就是早期来远东的 D1-M174。

至少也说明最初来到远东的人类与一些古人类杂交中，绳文人并没有过多参与，其他有关的父系分支还没有明确进行这类研究但应该也是如此。包括东亚与美洲的特色突变 EDAR 370A 突变在绳文人群体当中基本没有频率。绳文人也没有大部分东亚与美洲原住民的铲形结构门齿，铲形门齿最初认为与直立人有关系，很多出土的直立人化石都显示其牙齿存在铲形特征。

如果从牙齿的大小来看，世界范围内牙齿最大的是澳洲原住民，其次是美拉尼西亚、密克罗尼西亚、撒哈拉以南非洲与美洲原住民，以及菲律宾的尼格利陀人（Negritos）。位于中间的则是东亚、东南亚与波利尼西亚。而牙齿最小的则是西欧亚、日本绳文，与日本现代阿伊努人，同时这些牙齿最小的也是最早使用陶器烹饪来准备食物的人群⁸。包括之前提到的云南马鹿洞人、广西隆林人、福建奇和洞人与亮岛 1 号也是牙齿偏大。但晚期直接过渡到成熟新石器时代的 B、F/R9 母系直接小牙齿。不仅是大小，特纳二世（Christy G. Turner II）在对比美洲和巽他古陆牙齿形态时，也发现绳文人与前者的铲形门齿有显著区别。

现代阿伊努人的父系几乎由 82% 的 D-M55* 原生分支，以及可能后期流入的约 7% 的 D1a2a1a-M125 大和分支，还有约 12% 晚期融入的库页岛尼夫赫人的 C-M217* 组成⁹。考虑到尼夫赫人并没有检测到 D-M55*，还有阿伊努人至少有很大一部分北亚母系元素，所以这种流入是尼夫赫人群流向阿伊努人的。并且由于受到类鬼门洞人群的直系继承者下阿穆尔河、鄂霍次克海地区的原住民影响，后期阿伊努人经常会出现一种混合长相特征，这种相貌兼具扁平的面部与浓

厚的胡须，这也是 19 世纪末西方人类学家拍摄阿伊努人时会观察到阿伊努人夫妻经常会出现完全不同的情况。

至于起源近东或者途径近东，早期的远东父系在我看来都是符合的，K2-M526 的兄弟分支 K1-L298 目前部分就分布在近东地区。C1a-M8 与 C1b-F1370 的兄弟分支 C1a-V20 也是最早参与欧洲进程的父系。同样的 D1-M174 的平级兄弟分支 D2-FT75 现就分布在近东-西非地区，所以就这一项来说各个支系间无太大差异。

从现代分布来看最初 C1b2-Z31885 与 K2-M526 可能也携带了部分 NR 母系，这可以解释欧洲原住民中有一定比例的 N13、N14、O、S。以及 P 母系的多样性分布于菲律宾群岛与美拉尼西亚，并于末次冰盛期约 2 万年前迁入澳洲，随后不久成为美拉尼西亚与澳洲原住民的主流母系分支，P5 母系还存在于印度以及斯里兰卡的泰米尔人，P4a 还测自斯里兰卡与南亚有关系。但由于过于缺乏古 DNA 相关信息，以及这些显然并不是后来大规模扩散并携带远东特色现代体质的母系分支，当然还有东南亚的 R21、R22、R23、N7、N8、N11、N21、N22 由于目前掌握的信息过少所以我当前的研究不会涉及这些母系的判断分析。

关于父系与母系的同步扩散问题，D1a1-F6251 是唯一满足最高的多样性集中在汉藏语族，其次苗瑶语族、壮侗语族、而 R 母系多样性最低的南亚语族、南岛语族的父系。南方汉族、苗瑶语族、壮侗语族相比南亚语族、南岛语族在父系上的差异恰恰是前者有一定比例的 D-F1070 父系频率，而后者则没有任何 D1a1-F6251 分支频率。

所以这也就是为什么壮侗语族、南岛语族还有苗瑶语族、南亚语族都是携带核心东亚常染的 B、F/R9 母系往南扩散，只有 B、F/R9 南方分支并且更外围的南岛语族跟南亚语族还分支非常单一，壮侗语族跟苗瑶语族都找不到北方分支，但是 D1a1-F6251 深度参与的藏缅语族直接各种分支齐全。

虽然壮侗语族与苗瑶语族也同样拥有多样性丰富的 B、F/R9，但是其特点是不考虑晚近汉族融入，那么几乎没有北方分支的痕迹，而四川以及后来南迁云南的部分贵州藏缅语族，B、F/R9 虽然主要为北方分支但也横跨南北同时占据一定比例。

又因为 D-F1070 只是在距今 2 万年前末次冰盛期时脱离 D-F849 大部队，分支多样性大概是不如 D-Z27269 的。所以同时位于西南地区、苗瑶语族与壮侗语族的 B、F/R9 仅局限于南方特定分支而没有北方分支，而藏缅语族是 D1a1-F6251 父系明显高频的人群就同时存在北方分支与南方分支。

D1a1-F6251 在中国平均占比 2.5%人口的分布显然并不是均匀的，按照早期的研究所提供的数据，其在中国北部与西部的频率要高于平均水平，如陕西汉族为 9%，甘肃汉族为 6%，云南汉族为 4.4%，广西汉族为 3.7%，湖南汉族为 3.3%，四川汉族为 3.2%，而东部沿海省份包括江苏、浙江、福建的汉族人群就只有大约 1-1.5%，甚至甘肃、四川、贵州、云南有一些地区汉族采样超过 10%¹⁰，反之东南沿海地区有些采样直接逼近 0%。

如果从人口密度来看，D1a1-F6251 的人口主要集中于陕甘川一带，如果从人口频率来看，那么 D1a1-F6251 则高频集中于西藏、青海，甘肃这三个省份。所以整体上来看是有从西北往东南方向递减的趋势，西部的多样性与人口高于东部。从 D1a1a1a1-Z27269 的官方分布频率也可以看出集中在西部地区，东南地区频率最低¹¹。

若从古 DNA 来看，截至目前 D1a1-F6251 最早的样本在距今 5750±200 年的甘肃天水王家阴洼遗址，所以从现代基因研究、古代基因研究、民族历史记载等多方位考察，史前 D1a1-F6251 基本可以确定起源于兰州以西黄河中上游的河湟一带，并在历史上不断的往南即现在川西地区，部分往东部平原扩散，以及后来在马家窑时期一部分支系迁徙至青藏高原地带，初始扩散地就位于甘肃周边一带附近。

D1a1-F6251 下的 D1a1a1b-F1070 是相对较早南下的支系，在末次冰盛期时脱离 D1a1a1-F849 主部队南下，其下游除了一支形成于 3500 年前的 D1a1a1b1a-Z41068 集中分布在广西地区以外，

其他的分支如 D-Z41207 则基本集中于湖南、贵州等长江中上游流域一带。而 D1a1a1b-F1070 的另一个平价分化出来的小众分支 D-MF56257 现在就分布在四川以及长江流域省份。至于其他父系情况，西部藏缅语族的 O2a-M134 基本是分布偏西分支尤其是奠基者效应强烈的 O-CTS5308，相比较之下 D1a1-F6251 父系在西部不存在奠基者效应，分支多样性高，至少目前具有明显西部属性的大父系分支，就只有 D1a1-F6251 一支。

最后按照近代西方人类学家的如来自苏联的尼古拉·切博克萨罗夫 (Nikolai Tscheboksarow) 等学者的说法，认为在东亚当中日本北海道阿伊努人、中国川西一带，以及部分台湾原住民混入过高加索常染，导致外貌性状会出现类高加索特征。19-20 世纪多位著名实地考察过阿伊努人文化与语言的英国传教士巴特勒 (John Batchelor)，与法国人类学家乔治·蒙坦顿 (George Montandon)，还有更多专业的体质人类学家如德国人类学家埃贡·冯·艾克施泰特 (Egon von Eickstedt)，美国人类学家玛丽亚·因泽·希尔格 (Marie Inez Hilger)，美国人类学家卡尔顿·S·库恩 (Carleton S. Coon)，英国伊莎贝拉·伯德 (Isabella Bird)，英国托马斯·赖特 (Thomas Wright) 都一致认为阿伊努人携带高加索人特征，按照他们的说法阿伊努人是欧亚原始高加索残留。一些说法认为阿伊努人是与史前俄国人混血，但从父系与母系上来看未发现任何相关痕迹。

当然会有一些人刻意寻找 20 世纪以后阿伊努人与尼夫赫人大规模混血后的扁平退化型阿伊努人，这是毫无意义的，因为近代其实有非常多专业的西方人类学家在较为原始的阶段就已经实地考察过，他们是亲自前往实地考察，并且年代足够早，又满足了专业人类学储备知识的基本功底。阿伊努人作为历史上在近代以前巨量没有接触过现代文明的人群之一，其技术水平还有文化风俗基本可以被认为属于第一梯队，得出这个结论只需要去反复对比南亚、东南亚、澳洲、南美洲、撒哈拉以南非洲那些千奇百怪的边缘部落即可。

至于尼古拉·切博克萨罗夫所说的川西地带，事后从分子人类学的角度来看川西一带是 D1a1b1-P47 高频分布区域，而阿伊努人则是非大和分支 D1a2a-M55*的高频分布区域，最后台湾原住民则是继承高频 B、F/R9 母系并具有奠基者效应的 O1a-M119 与 O2a-M324。

早期体质人类学界对藏族人群划分为两类，第一种叫做僧侣型也称藏 A 型，主要分布在卫藏地区，具有短宽颅（brachycephaly），阔面（euryprosopic），面部宽阔扁平，面中部舒展，乳突偏小、枕外隆突平缓、眉弓弱等特征。第二种叫做武士型、康巴型也称藏 B 型，主要分布在康巴、安多地区，具有长狭颅（dolichocephaly），头颅前后更长、横向窄，脸型狭长、面部立体纵深更强，鼻骨前突、眉弓粗壮；乳突发达外凸、枕外隆突显著突出、眶上隆起明显等特征。

按照目前官方提供的已知藏区 D1a1b-P47 父系的占比数据，卫藏地区包括日喀则藏族占比约 40%、拉萨藏族占比约 48%、山南藏族约占比 38%，阿里藏族占比约 30%。安多地区包括甘南藏族占比约 52%、青海藏族占比约 48%、那曲藏族占比约 54%。最后康巴地区包括昌都藏族占比 62%、川西藏族占比 57%，木雅人占比 60%¹²。如果按照更大规模的统计来看，D1a1b-P47 父系在西藏的分布从低到高的规律分别是是日喀则、山南约占 40%，阿里、拉萨约占 55%，林芝、昌都、那曲约占 70%左右¹³。

至于安达曼人，18 世纪英国殖民者登陆安达曼群岛时，以 K2b-P331 为主外加少量其他 F-M89 分支的大安达曼语系人群被粗略估计约为 5000 人左右，以 D1a2b-Y34637 为主的翁甘语系人群被整体粗略估计约在近千人左右，这意味着在排除近现代殖民的影响下，前者的人口是后者人口的数倍不止。不过安达曼人无论是对于 K2-M526 还是 D1-M174 来说，因为长期地理隔离并经历过强烈的遗传漂变，有效种群大小偏小以及分支多样性偏少，研究 K2-M526 优先参考巴布亚相关人群，而 D1-M174 则应该选择分支更多样的藏羌，绳文人群。安达曼人的 K2b-P331 分支尽管直到目前还没有细分，但猜测应该与 D1-M174 情况差不多都是共祖年龄很晚近的分支。

我这里的意思并不是把父系染色体与外貌绑定，而是现有数据所指明的一种倾向性，这本质上是概率问题。并且在新石器时代如中国地区各个人群的父系与母系尚未大规模融合时，体质差异是真实存在的，尽管融合至少在东亚地区 4000 年前基本已经融合均匀，现在更是如此，所以

并不是说这种差异存续到了现在，并且即便现在看似实行内部婚姻的孤立的人群，但可能在历史登场时就已经出现晚近与其他人群混合的情况，所以纯粹未被影响的人群是不存在的。

R 母系其他诸多隐秘证据

把最初设定 D1a1-F6251 的伴随母系从藏缅语族五大母系 ABDFG 中的 DG 母系，改为 ABF 母系那么所有自相矛盾的地方瞬间引刃而解。最主要还是要需要去观察西藏东南部、印度东北地区的藏缅语族如 O-M134 父系占比能达到 95%以上的僜人、门巴族，其 DGM9 母系各研究数据普遍要比藏族、珞巴族更高¹⁴。以 O-M122 为主的那加人（Naga People）还具有独特的 M49、M55、M72、M83 等母系，其中 M49、M55 与 M83 也同时存在于以 O-M122 与 O-M95 为主的钦族（Chin People），而 M84 则共同分布于钦族与若开人（Rakhine People），后者还有独特的 M24、M82 母系。以及 M90 存在于克伦族（Karen People），M91 存在于达维人（Dawei People）¹⁵。

无论是 M49、M72、M83 所处的缅甸与周边地区，还是 M54、M55、M84 分布于缅甸与印度东北部的边界地带且有众多小众分支，亦或是 M24、M90、M91 在缅甸与西南地区分布，这些地区的人群都可以用 O-M122 父系人群概括。另外郑州大学人骨考古实验室已经明确以 O-M117 父系的双槐树遗址最高频的母系约 18%为 M46 母系，M46 与 M13、M61 是属于 M13'46'61 的姐妹分支，并同时存在于藏缅语族与南亚语族，青藏高原的 M61a 还存在于西南地区，以及其姐妹分支 M61b，后来与壮侗语族与南亚语族南迁至中南半岛。

但现在 M46 下游基本仅分布于中南半岛的南亚语族群如柬埔寨，还有泰国也具有一定频率。M13c 分布于云南及中南半岛地区，云南傣族就测出虽然低频，侧面也反映出南亚语族前往东南亚相比壮侗语族早。M13a 在西藏也有一定频率分布，不过在云南南亚语族的德昂语族以及印缅同样也有。

M13'46'61 原为中国西南早期原住民母系比如主要分布于南亚语族的 F2-M427 父系，O-M117 作为藏缅语族扩散外围及扩散主力前锋，往中国西南扩散时不可避免会接触 M13'46'61 母系。虽然 M46 母系现基本分布于中南半岛的南亚语族，M46 的姐妹分支是 M13 跟 M61 同属于

M13'46'61，而 M13 与 M61 就是藏族尤其 O-M134 分布的海拔较低藏南及缅北的主要非 CDG 的 M 母系。还有南亚语族比如以 O-M117、O1b1-M95、N 为核心外加低频 C-M217 与 F2 为核心父系的云南佤族跟拉祜族。史前原住民在 DG 母系频率很难下降的情况下，优先选择 M46 这种低频母系逐渐替换为 B、F/R9 母系，早期中原也测出占比较多但无法归类为 D 或者 M7-12 的母系，但现在几乎看不到了。

位于印度的南亚语族蒙达人，还有靠近喜马拉雅山脉的藏缅语族以及壮侗语族的阿萨姆邦阿洪姆人（Ahom people）都是 O-M175 父系为主体民族的，基本都呈现出低频的 B、F/R9 母系，但藏缅语族 D1a1b-P47 高频占比 35%的¹⁶锡金邦菩提亚人却有着高频 F 母系。还有印度东北地区以 O-M95、O-M175*、O-M134、O-M122、P-M45、R-M173、F-M89、C-M217、K-M9、H-M69 组成的卡西人(Khasi people) 含有 M48, M49, M50, M31c 和 M33b 这些小众 M 母系，其中 M33a 在加罗地区达到 55%的频率，而在卡西人中只有 5%的频率，M33b 在卡西人中仅测出 0.4%，但是在以 O-M175 为主的普纳尔人（Pnar People）中含有 22%¹⁷。

这不仅是母系上的频率与多样性问题，还有一些文化习俗也可以看出端倪，比如东南亚包括中南半岛、印尼群岛、菲律宾近代以前含有高频 B、R9 母系的部落人群，都采取类似印度的手抓方式获取食物，但问题是汉藏语系相关史前人群参考宗日遗址很早期就开始使用餐具了，这意味着从东亚迁徙到东南亚的过程中吃饭的方式都发生了改变。对此的一种合理解释是，B、F/R9 作为外来母系，在吃饭方式上改变不了当地旧有传统，只能适应当地习俗。

东亚当今主流的 R 母系分支在新石器时代以前最初与 D1a1-F6251 同源，并在新石器时代以后的最近几千年伴随人口基数更庞大的 O-M175 实现人口大规模爆发与扩散，两者并不相互冲突，在研究过程中当然需要考虑到扩散群体与最初常染来源群体不一致的情况。

参考文献

- [1] Hublin J J, Sirakov N, Aldeias V, et al. Initial Upper Palaeolithic Homo sapiens from Bacho Kiro Cave, Bulgaria[J]. Nature, 2020, 581(7808): 299-302.
- [2] Kloss-Brandstätter A, Summerer M, Horst D, et al. An in-depth analysis of the mitochondrial phylogenetic landscape of Cambodia[J]. Scientific Reports, 2021, 11(1): 10816.
- [3] Teixeira J C, Jacobs G, Hudjashov G, et al. Widespread Denisovan ancestry in Island Southeast Asia but no evidence of substantial super-archaic hominin admixture[J]. Nature Ecology & Evolution, 2021, 5(5): 616-624.

- [4] Vernot B, Tucci S, Kelso J, et al. Excavating Neandertal and Denisovan DNA from the genomes of Melanesian individuals[J]. *Science*, 2016, 352(6282): 235-239.
- [5] Choin J, Mendoza-Revilla J, Arauna L R, et al. Genomic insights into population history and biological adaptation in Oceania[J]. *Nature*, 2021, 592(7855): 583-589.
- [6] Condeani S, Mazières S, Faux P, et al. Blood groups of Neandertals and Denisova decrypted[J]. *PLoS One*, 2021, 16(7): e0254175.
- [7] Yang J, Peyrégne S, Gakuhari T, et al. An early East Asian lineage with unexpectedly low Denisovan ancestry[J]. *Current Biology*, 2025, 35(20): 4898-4908.e4.
- [8] Hanihara T, Ishida H. Metric dental variation of major human populations[J]. *American Journal of Physical Anthropology*, 2005, 128(2): 287-298.
- [9] Tajima A, Hayami M, Tokunaga K, et al. Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages[J]. *Journal of Human Genetics*, 2004, 49(4): 187-193.
- [10] Zhong H, Shi H, Qi X B, et al. Extended Y chromosome investigation suggests postglacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2011, 28(1): 717-727.
- [11] Luo L T, Liu Y L, Liu Y L, et al. Paternal genomic history and Y-chromosome phylogeny from the Chengdu Plain reveal multiple Indigenous East Asian farmer contributions to ancient Shu and their descendants[J]. *BMC Biology*, 2026, 24(1): 54.
- [12] 王飞, 王萌, 张兴华, 等。中国西南地区 3 个隔离人群遗传亚结构分析 [J]. *遗传*, 2022, 44 (5): 424-431.
- [13] Qi X B, Cui C Y, Peng Y, et al. Genetic Evidence of Paleolithic Colonization and Neolithic Expansion of Modern Humans on the Tibetan Plateau[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30(8): 1761-1778.
- [14] 毛乙臻, 王飞, 刘雨佳, 等。线粒体 DNA 基因组揭示的白马人群的遗传结构 [J]. *中国科学: 生命科学*, 2025, 55 (1): 153-167.
- [15] Li Y C, Wang H W, Tian J Y, et al. Ancient inland human dispersals from Myanmar into interior East Asia since the Late Pleistocene[J]. *Scientific Reports*, 2015, 5: 9473.
- [16] Debnath M, Palanichamy M G, Mitra B, et al. Y-chromosome haplogroup diversity in the sub-Himalayan Terai and Duars populations of East India[J]. *Journal of Human Genetics*, 2011, 56(11): 765-771.
- [17] Reddy B M, Langstieh B T, Kumar V, et al. Austro-Asiatic Tribes of Northeast India Provide Hitherto Missing Genetic Link between South and Southeast Asia[J]. *PLoS ONE*, 2007, 2(11): e1141.

远东古地中海幽灵假说

东亚主流母系扩散历史回顾

B、F/R9 母系约 9000 年前陆续抵达华南一带，之后约 6000 年前登陆台湾岛，并往外扩散至印尼群岛、菲律宾群岛等地，南岛人最初形成于 B4a1a 与 M7c 的融合，后者目前遍布华南以及华东地区，但是在西部藏缅语族罕见。在融合后开始逐渐边缘化 E 母系，与此同时另一边开始往中南半岛试探性扩散，再之后新石器时代开始 B、F 母系的扩散速度就大幅超过 D1a1-F6251 父系。

最初的中南半岛母系应该是以 M5、M13c、M20、M21、M60 等东亚至今仍非常罕见的 M 母系分支为主，随后受到了一波中南半岛现高频的 N9a 分支即 N9a6 母系的扩散，但这次扩散并没有彻底更改母系结构，类似的可能还有中南半岛更早并且未知起源，没有在东亚与美拉尼西亚

检测到的 R21、R22、R23、N21、N22 也是小规模扩散。在此之后又有一波 F1a1 母系的扩散，这次扩散彻底改变了中南半岛的母系结构，并使中南半岛全面进入新石器时代晚期，同时也是至今中南半岛最高频的母系分支。在随后的青铜时代与铁器时代，更多的分支如 F1c1a2、F1e、F1f 还有 B5a1a、B5a1d 以及 G2b1a 与 M7b1a1 等这些在中国为全国分布的主流母系分支进入至该地区。

当 D1a1-F6251 从阿尔泰山南下抵达西部甘肃一带时，东部地区基本已经遍布 O-M175 父系。D-F6251 与 B、F/R9 母系到达东亚后，新石器时代前的大本营大概就在青藏高原东北角即甘肃一带，后来往青藏高原扩散属于就近扩散，也是为何现今青藏高原 D1a1b1-P47 高频的原因，群体性迁去就是仰韶文化马家窑那会，也就是约五千年前，四千多年前青藏高原上有多处马家窑文化风格的彩陶遗址。

R9 与 B 母系的扩散时间也并不完全同步，前者像是被后者保护在西部后方，如果就现代分布来看，部分 B 母系分支更早往远东深处迁徙，这也可以解释美洲有 B2 母系但是没有 F 母系，还有日本史前同样存在 B4e 母系但是没有 F 母系，南岛人还有苗瑶语族、南亚语族的 B 母系频率高于 F 母系，这意味着 B 母系更早往远东迁徙扩散，以及新石器时代更早往东部扩散。

D-F6251 是 D-M174 史前迁往远东的本部分支，日本从古 DNA 还是现代数据来看，都应该不存在 F/R9 母系分支，即使 B 母系也只有 B4c2 一支。从对照来看，同样处于海岛边陲环境的绳文人的文明状态要高于美拉尼西亚人，但也因为处于边缘地带，文明的冲突及升级还有人口规模这些是无法享受到的，但好处是可以确保自身主体性并且不易受周围人群影响。

从古 DNA 以及分支年代来看，在东亚扩散较晚，在东南亚扩散更迟。D4 母系早在 LGM 时代就在华北与东北成为主体母系，高频分支也在那时分化出来，类似的还有 M7b'c 母系在南方也是早就主体母系且早就分化，反观 B、R9 母系是同时在南方跟北方频率大幅提升，且扩散分支都是在约一万年新石器技术在东部扩散同步大幅扩散。

母系社会的摩梭人与其关联民族，纳西族与普米族具有高频的 D1a1b-P47 分支¹，纳西族与普米族的 B4 母系与青藏高原相同主要为 B4d1，并且还有高频的非 F1b1 的 F1b*分支，再考虑白

马人也有高频非 F1b1 的 F1b。摩梭人还有一个特色是 B 与 F 母系高频，B 母系占比 30%，F 母系占比 21% 共计高达 50% 以上，纳西族也是如此。古汉藏核心人群，大概于 9000 年前全面扩散，往北至阿尔泰语联盟，往东南的壮侗南岛以及苗瑶南亚，以及往南的藏缅和往东的汉语族，还有往西的埃兰、斯基泰，同时进行。

所以 B、F/R9 母系尽管现在占比将近中国的三分之一，但基本上是近几千年剧烈扩散的结果，这也是藏南缅北及印东北几乎纯 O-M134 的藏缅语族以 DGM9 母系为主少有 ABF 母系的原因。较东部的大汶口文化除 B5b2 这一支外几乎没有其它 B、F/R9 母系分支，而河南仰韶文化现基本把汉藏共有的 B、F/R9 母系分支测出，这部分母系分支后来又出现在山东的龙山文化中，也有一些分支出现在拉达克藏族。西北与中亚少数非汉藏母系分支，因为最初就是待在黄河上游地区所以同时往中亚及华北扩散，并主要发生于仰韶文化，也往南扩散参与藏缅语族，还有支往北参与北亚及中亚的阿尔泰—突厥语族形成，东北分支则后期参与日韩的形成。

现在要解决的是配套的南北线迁徙问题，南线如果成立需要很多考古遗址，但考虑到南线土壤酸性大保存性差，北线冻土保存性相对较好，截至目前南线几乎没有可证实的人类遗骸，也缺少史前认为痕迹，目前国际上也推测东亚的 B、F 母系走的是北方路线²。

”如无必要，勿增实体“不仅适用于各个领域，同样也适用于分子人类学，一切能够通过简单逻辑推演得出结论的，就不要额外凭空添加复杂假设。比如在考古学、历史学、以及现代分布下多方位可以确定 D1-M174 普遍偏北的情况下，就没有必要假设它走南线，如果走南线还需要证明 D1-M174 到达并主力分支居住过印尼群岛以及华莱士线以东等地，但现实是目前的数据来看并没有，从历史学上来看，D1a1-F6251 代表的藏羌民族也从来没有学者认为从南往北扩散的，也就是说南线还要证明 D1a1-F6251 是先从南向北扩散，然后再近千年内闲的没事又往南迁徙，这种结论的得出就是需要更多的假设，这就是徒增实体，让理论变的摇摇欲坠，正确的思路就是在巽它古陆普遍缺少 D1-M174 原生边缘部落，以及历史已经给出其所代表的史前民族的迁徙路线的情况下，优先考虑北线。

实际上在很早以前学界就已经否认了纯粹南线的可能性，北线在东亚定居史上有着重要地位，现在更多的争议在于在南线、北线同时存在的情况下，两者是否有长期混居或长期孤立的可能性。目前来看前者的可能性要远高于后者，即南北线人群在抵达东亚北部后长期混居与基因交流³。整个藏缅语族尤其藏族常染比北方汉族还要偏北，绳文人也是更偏向东北亚，吴新智时代还通过体质测量也提出了日本绳文人来自大陆东北地区。

如果从分布来看，之前详细讲述过 D1-M174 的地理分布（以整个远东包含萨胡尔大陆为中心）总体上也是偏北的，在中国不仅东南沿海地区，南部地区比如海南原住民父系也基本以 O1a 与 O1b1 为主，D、N、Q 父系并不存在⁴。F-Y27277 是真正的集中分布于西南地区，也是目前东亚主流父系当中南线可能性最大的，但目前还是缺少古 DNA 证据⁵。

研究人群迁徙路线不仅仅有非重组区，同样还有一些特殊血型，比如 GM 血型与 HLA 血型这种具有高度多态性的免疫遗传的血型。从 HLA 血型的角度出发，阿伊努人拥有较为高频的 DRB*1406，这是一种原先被认为在美洲原住民与东北亚民族呈现高频，在中国南方并没有发现⁶。阿伊努人总体上介于其他东亚人群与美洲原住民之间。从更宏观的层面来说，一些针对 HLA 的研究发现东亚人群中本身就存在一条来自中国西北方向从北向南扩散的迁徙路线⁷，至少从 HLA 的角度来看阿伊努人与藏族整体上都属于北东亚人。

而且在日本冲绳发现了一种特有的幽门螺旋杆菌也可以作为众多证据之一，冲绳两类特有的菌株亚群分别是较近期分化的 hspOkinawa 占比 14%，与更古老分化的 hpRyukyu 占比 16%，其余则是东亚常见的 hspEAsia。hpRyukyu 占冲绳现有菌株的 16%并分化于 4.5 万年前，其最近的亲缘菌株来自阿富汗、旁遮普（巴基斯坦）和尼泊尔，研究推断其起源于中亚。

研究通过基因流分析，排除了携带该菌株的人群通过南线沿海的路线迁徙至日本冲绳，而是推测其经过北线绕过喜马拉雅山脉北麓迁徙至东亚⁸。日本本岛大多数幽门螺杆菌都是来自南线的 hspEAsia 菌株。HspEAsia 在中国、韩国、越南、泰国、不丹等国家分布广泛。

D1-M174 父系大概于 4.5 年前从地中海东岸或中亚附近朝远东方向出发，早期国际上把 D1-M174 的起源地定为中亚，我认为这在思路上是准确的，但也要考虑到更早的起源，因为目前所有 DE-M145* 都并不在中亚分布，但我想 D1-M174 相对比其平级兄弟分支往中亚靠倒是有可能的，毕竟是当中唯一前往远东，这种行为背后肯定要有某种理由，相比其他兄弟分支往中亚靠一些倒是一个合理的理由，但如果一定要选择一个起源点，我直觉更倾向于地中海东岸的某地，但这些都需要以后的古 DNA。

末次冰盛期前，D1a1-F6251 父系的大本营可能在阿尔泰一带，末次冰盛期后使得整体南移至甘肃一带，新石器时代之后开始东扩平原并南下四川盆地。D1-M174 整体在穿过阿尔泰地区以后，日本 D1a2a-M55 继续往东。藏族之所以 D-M533 频率高，是因为 D-F6251 本身是甘肃一带的原住民父系，临近扩散，后来 D-M533 分批次往青藏高原扩散，类似的还有日本的情况。

D1-M174 因为来得相对较迟，在到达东亚时各人群已遍布各地，所以在末次冰盛期之前几乎很少深入东亚腹地，往往都是停留在其边缘。但还是有一些支系深入的，如 D1b-L1378 应该曾试图深入巽它古陆，但从地理分布上来看并没有越过华莱士线，在东部最多到达菲律宾群岛。当然肯定也存在其他因为人口太少技术停滞于旧石器晚期，深入远东与当地发生冲突遭遇不测，或曾短暂到达过中南半岛但后期意外灭绝的 D1-M174*。

还有 D1a2b-Y34637 的安达曼分支选择直接南下穿越横断山脉抵达中南半岛与部分 K2b-P331 分支相遇，M31a1 母系最初就是来自横断山脉以东然后途径云南缅甸，可能机缘巧合下在 3000-4000 年前与 D-Y34637 一起往马来半岛沿海，并伴随当地 K2b-P331、P 父系的大安达曼人一同前往安达曼群岛迁徙，M32a 母系最初就在马来半岛。

东亚人群体质变化分析模型

从考古上来看，8000-9000 年前虽然农业已经在中国存在但并非主流现象，所以这时 R 母系还只是试探性扩散，而等到 6000-7000 年前则猛烈扩散并逐步与各地区人群混合，同时伴随的是体质与文化上的全面变迁。

所以史前中国体质与技术的剧烈变迁，近代体质人类学阶段认为逐步发生于约 6000-9000 年前，在大约 4000 年前就基本稳定下来并延续至今。分子人类学以后，以 F1a1 为代表的 B、F/R9 分支正好是在近万年左右开始在东亚扩散。按照吉林大学的赵冬月（Zhao dongyue）对汉民族体质起源的研究，在新石器时代以后古西北类型就逐步占据中国主流，并逐渐向南方与西南地区流动。古西北类型主要分布在甘青地区，考虑到古西北类型参考的也是宗日文化这种距今 5000 年前明显已经混合的，所以古西北类型其实也可以看作最初混合的类型。

新石器时代的居民中，与现代汉族距离最近的依次是古华北类型、古西北类型、古中原类型和古华南类型。所以不仅是现代汉族，现代华南居民也较新石器时代以前的古华南居民距离更远，甚至如果按照她的思路那么最后推导出的结果是现代华南汉族的祖先最初来自北方。由于古华南类型在现代华南人群当中已经完全消失，这意味着现代华南人群体质与新石器以前的如以亮岛 1 号为代表的人群，几乎可以被看作是两个人群。所以无论是现代北方人还是现代南方人，都最大程度继承了史前古华北至古西北类型。

到了青铜-早期铁器时代由于人群进一步融合，古西北类型的居民有着明显的鼻颧角增大，意味着上面部扁平度增加，鼻型变阔，这种时间越晚测量得出的面部扁平度变大的情况其实日本也存在。日本在江户时代以前的绳文人头骨特征通常要比现代日本人更为显著，如果对比 19-20 世纪初与当代日本人的头骨，会发现现代日本人颅骨有着明显的系统性形态变化，头更短更宽形成“短宽头化”（brachycephalization），即头颅横向变宽、前后缩短、顶骨弧度和颅顶高度发生相对改变⁹，前者更接近康巴地区藏族武士型头骨特征，而后者面部则更扁平。实际上日本人的颅骨尤其是在江户时代以前，一直有比较重的绳文特征。

所以其实东亚人的面部立体度从历史到现在并不是变得越来越扁平或者越来越立体，而是逐渐趋近于混合态，即本身立体的人群变得稍微扁平，本身扁平的人群又更趋近于立体。然后就是东南亚人，如果从印度东北的情况来看，马来成分可以被拟和为藏缅与 AASI 的混合。马来人的面部特征，其实可以简单类比为类尼格利陀与类高加索人群的混合，正是因为所谓东南亚的“马来长相”是晚近混出来的，所以兼具现代人但又透露着难以言说的原始特征。以及因为晚近混合

所以东南亚人的肤色比东亚更深，而几乎更少受到东亚影响的美拉尼西亚以及澳洲原住民、还有马来半岛、安达曼群岛原住民则是近乎纯棕黑肤色以及原始状态。

东亚史前人群接触母系社会

K2-M526 父系尤其 K2b-P331 应该是人类历史上首发父权制的人群，可能受体内尼人成分较高的缘故有着种族灭绝、杀男留女以及考古明确的活人献祭等风俗，在美拉尼西亚巴布亚人，以及美洲原住民、古代东欧草原当中相当常见。这种风俗具体形成原因未知，尼安德特人成分高的影响也只是一种可能性，但无可争议的是无论古 DNA 还是现代人，高尼安德特人成分都与 K2-M526 父系人群有相关性。

田园洞人的特殊之处在于所携带的尼安德特人比例比现代人高一些，这与 4.2 万年前罗马尼亚的 Oase1 相似，Oase1 的尼安德特人成分大约在 6-9%，这意味着 Oase1 的家族在 4-6 代以前就有一个纯尼安德特人祖先¹⁰，同时这也是 K2-M526 的特征之一，之前提到过目前世界上尼人含量最高的就是 K2b-P331 高频的巴布亚-澳洲人群，其次是东亚-东南亚，然后是欧洲与近东地区，这个占比顺序也符合 K2-M526 父系的人口基数。

所以关键在于不能下意识的把 R-M207 父系西进的历史模式生搬硬套进史前其他地区尤其东亚的历史进程，新石器早期的中国尤其北方地区，属于大母神信仰下的神权制部落联盟，并没有发现早期欧洲那种印欧人西进一个村接一个村的屠杀模式，以及后来进入南亚开启阶层分明的种族隔离制度。所以对于 D1a1-F6251 这种以宗教为纽带的人群，如果有共同信仰就是一家人心理，是不可用的。虽然 D1-M174 父系内部也盛行阶级分明、敬语丰富的封建制，但早期毕竟并非父权制，加之神权制下有很多漏洞，拉入阵营的方式可能直接采取替换对方中上层母系，与史前不由分说搞屠杀的 K2b-P331 有所不同，这也是史前欧洲走的是父系更替，东亚走的是母系更替的原因。

D-F849 史前从西北往东部扩散，在与东部人群的拉锯战中即使短期内占据优势也无法撼动根基，在局势不利的情况下减少己方母系，局势有利的情况下增加对方母系，往西部回退时带来

的是混合原生常染与东部 M 母系常染的新常染人群。回退的人群必然会把扩散期间融入的混合常染带回大本营，虽然原生成分含量有所下降，但对东方的适应同时也在增加，如果一直处于人数劣势不如直接混血获得相对适应力。

所以在与当地原住民起冷兵器冲突的情况下，赢意味着要死本就为数不多的族人，输一次就得退回西部，最优解肯定是拉拢周围部落加入神权部落联盟，实现文化与母系扩散，父系能在当地中上层有一定分布即可。新石器时代开始前 O2a2b1-M134 尤其下游 O2a2b1a1a1-F8 应该是 D1a1a1-F849 往东扩散时最先接触的原住民分支¹¹，后来两者共同扩散又早发生育优势，这就是东部占据庞大人口基数的人群与西部人群进行混合。D5*6 母系同样是东部沿海母系，只不过 D5 母系因为仰韶文化西扩更为顺利，但是西部频率还是明显低于东部并且分支多样性不如东部与 D6 类似。

所以东亚在史前文明化进程时，采取的不是 R1b-L151 在欧洲种族灭绝模式，还有美洲那种大驱逐，也不是 R1a-Z93 在印度建立的种族隔离制度，而是与当地适应性更强的原住民上层采取合作的神权部落联盟。在相对和平的融合下，只要拥有共同的信仰体系，并改变语言等文化风俗，就会友好发展。但外来人群若没有大面积采取种族屠杀或者种族隔离，那么外来人口必然会繁殖不利，早期还可以通过宗教信仰制衡，但后期在绝对人口规模悬殊面前很容易信仰崩塌进而推翻。并且从历史发展来看，形成广域国家除了需要明确的人员分工、私有财产、城市文字等，最关键的一环可能还是父权制，在人类未产生父权制以前，还是以神权国家联盟这样有着共同信仰但松散的部落构成。

从历史与考古，还有现代的角度来看，D-M174 史前是采取母系社会传统，这不利于父系传播，早期西北藏羌人有着明确的母系社会历史记载，日本绳文时代是明确的母系社会并且武装斗争在世界考古范围内都少，现代中国唯一明确的母系社会摩梭人，还有近现代才逐渐转向父系社会的普米族、纳西族，巧合般的 D1a1b-P47 高频¹²，喜马拉雅山脉至今附近还有一些一妻多夫制习俗的人群，这种一妻多夫制的形成最初不同于印度原住民如托达人（Toda People）那样人为溺杀女婴从而压制女性人口不同，还有历史上四川甘孜丹巴的东女国。当然大部分分支在历史上已

经受周边 K2-M526 父系影响转变为父权制。其中 D1a2a-M55 最先实现人口大爆发的就是在半岛南部受 O1b2-P49 影响转变为父权制的日本天皇家族 D1a2a1b2b1a1a-CTS8093 这一支，实现有规模扩散的从目前看来都是最先转变父权制的。

几乎纯 O-M134 的傜人明确拥有绝对的父权社会以及一夫多妻制习俗，还有傜人与珞巴族的区别在于，前者的 A 与 F 母系极低频，母系结构几乎由 M9、D4、D5'6、M*、M12'G、Z，还有低频的 C 与 M11 组成，A、B4、F 等 N 母系占比不超过 10%¹³，远少于珞巴族与藏族。珞巴族与藏族属于兄弟同源关系，并且历史上有从北向南迁徙的记录¹⁴，在母系遗传结构都有着高频的 A、F 母系尤其 F1c1a，N 母系占比超过 45%，还有文化上与傜人呈现出差异，这也是藏区 F 母系与 D1a1-P47 父系有相关性的众多间接证据之一。

霍尔丹 (J. B. S. Haldane) 提出的霍尔丹定律 (Haldane's rule)，这也可能也是尼安德特人灭绝的因素之一，与早期智人的杂交过程中雄性后代可能会夭折或者不孕不育，这个定律不仅能解释生物界的很多现象，还可以解释一些地区的男性 Y 染弱精的现象，这个其实就是外来人群和当地人群的融合所导致的。

外来人群按照目前的研究还有一个特点，就是男性普遍出现生精障碍的比例高，具体原因还未知，但我想可能与早期融合的时候人口基数占比较大的一方更快适应新常态有关系。西南地区出现生精障碍概率更高的人群就是小众父系包括 F*、K*、N1*、D1* (D1a1) 这些支系¹⁵。

日本的 D1a2-M55 也同样很明显，有研究证明日本 D-M55 和 K*父系对比生精障碍远高于正常组，O2-M122 父系生精障碍最少¹⁶。同样的还存在于安达曼群岛当中的翁奇人，翁奇人是世界上生育能力最差和最不育的民族之一。大约 40%的已婚夫妇不孕不育。翁奇人女性很少在 28 岁之前怀孕。婴儿和儿童死亡率在 40%左右¹⁷，这些都是晚近混血后外来男性会在一段时间内降低生育力的体现。

同样的情况也出现在阿伊努人身上，早期西方人类学家如狄金斯 (Frederick Dickins) 观察阿伊努人除了多毛的特征以外，还发现阿伊努人存在混血现象，事后知道这是与尼夫赫人混血，

而混血的后代毛发变得稀疏，并且通常三、四代以后会变得不育¹⁸。当然我并不认为会完全的不孕不育，但至少按照霍尔丹法则，男性后代会在未来一段时间内降低其生育力是肯定的。

出非洲基底父系的伴随母系

非 R 的 N 母系在中国实现人口扩散的分别是 A 与 N9，其中 A 母系偏西部，N9 母系偏东北，西欧亚的情况则是与 HUJT 母系地理分布较近的 N1'5、N2、X。澳洲原住民高频的 N 母系包括，N13、N14、O、S 但人口基数较低可能仅几十万人，类似的还有 N8 母系发现于距今 1200-2100 年的泰国西北部铁器时代，但在现代中南半岛原住民中没有测出，与 N10、N11 母系的情况一致，都是没有实现大规模扩散的 N 母系分支。华南地区与东南亚，在 B'R11 与 F/R9 母系实现大规模人口增长前，N 母系是小众母系，占比可能 10%都不到。

非 F 的 R9b 与 R9c、还有 R11 等分支人口规模比 A 与 N9 少，但也超过中南半岛的 N10、N11。在 R 母系没有大规模增长前，世界范围内 N 母系人口大幅度低于 M 母系，是因为在没有完全技术优势的情况下，早期因为路线选择原因主体直面尼人，在这个过程中诞生 R 母系是后来的事情。非 R 的 N 母系全球人口占比较少大约 5%，其中与 R 母系伴随的 A 母系就贡献将近 40%。也就是说如果 N 母系没有下游 R 母系后期大规模人口爆发，那么 N 母系包括其伴随人群现在的全球人口占比是远低于 M 母系人群。只是后来 N 母系下游的 R 母系超常发挥，各地父系逐渐把主体母系换成 R 母系，欧洲、亚洲、美洲、撒哈拉以北的非洲都是如此。

所以 M 母系与 N 母系走出非洲以后最大的区别其实在于一开始选择的迁徙路径，两者同为 L3 母系下游两大出非洲基底母系，但从现代地理分布上来看，M 母系人群至少主力分支最初选择偏离尼人的路线，即往远东与伊朗高原方向的南亚地区迁徙，而 N 母系人群在后者已经往东部迁徙的情况下，只能选择继续北上与尼人展开长期拉锯战，而从现在的 N 母系与 M 母系的人口数量来看，最初 N 母系人群应该是损失了大量的人口。这也是现代地理分布中 M 母系的大本营在南亚以及中南半岛，N 母系的大本营在阿拉伯半岛尤其黎凡特地区的原因。后来在史前 N 母系与 M 母系人口比例悬殊的情况下，N 母系的下游 R 母系频率反超 M 母系。从欧洲-近东与南亚

来看，R 母系较容易融入 M 母系阵营，但 M 母系较难融入 R 母系阵营，这可能也是古欧洲测出过 M 母系古人但没有留下成规模的后代，但南亚则不同。

M 母系除 M1 母系，还有晚近印度与东北非有一些往来，以及南岛语族扩散至马达加斯加以外，M 母系几乎对非洲没有影响，非洲东南部的马达加斯加与塞舌尔群岛（Seychelles Islands）的 M 母系包括 M7c 等，之前提到过是由南岛人带过来的纯粹的下游分支，并且呈现特定区域分布且不超过 2000 年的历史。

但 R 母系是非洲北部最大母系，从考古来看也同样如此。NR 母系在非洲有很多分支，在撒哈拉以北是主体母系，在撒哈拉以南则是以文明传播者的形式已经发现很多古 DNA。并且 M1 母系属于 M1'20'51，M1'20'51*还有 M20 与 M51 是佉族的主体母系，早期分子人类学还把 M1'20'51、M12'G、M80'D 整体分到 M-b 下游，后来发现联系较少，但至少侧面说明三者相比其他分支呈现更亲近关系。

在年龄方面，非洲内部的 M1 母系相比近东-南亚地区的 M1 母系共祖年龄小，并且在非洲西北部与近东地区而不是东非发现了大量的 M1*母系¹⁹，从地理上看 M1 与 U6 母系也存在同步扩散的可能，在地中海其他地区与西西里岛也被发现，U6 母系起源于欧亚大陆已被明确证实。所以 M1 母系在非洲最初扩张发生于西北部而不是东部地区，近东最可能是原始 M1 扩散的起源地，西到非洲，东到中亚。抛开多样性的巨大差异，非洲内部的 M1 母系起源年龄约为 4.8 万年，而南亚的 M 母系起源年龄则在 5.6 年左右²⁰，还有研究表明 M1 母系 3.2 万年前诞生于印度并从海路带入东非。

若按目前已公布的古 DNA 数据，具有一定年代的 F-M89 父系样本，分别为两例距今 4.3 万年前 F-Y27277 的 M 母系（AA7-738、F6-620）²¹，距今 4.5 万年前两例 K2a*-FTH1 的 N 母系（RNI013、RNI010），距今 4.5 万年前的 Ust'-Ishim 为 K-M2308 的 R 母系，距今 3.8 万年的

Oase1 为 K-M2308 的 N 母系，以及著名的距今 4.1 万年前北京周口店田园洞人为 K2b-P331，B4'5 母系。

田园洞人是已灭绝的 B 母系且最初就被体质人类学时代认为具有混血特征，在现代遗传学的 DNA 数据后常染分析也是同样的结论。田园洞人可以拟和为 60% 的类 Onge（翁奇，安达曼）成分与 40% 的早期人类迁徙至西伯利亚相关的东欧亚人群，后者与保加利亚 BK 洞穴有远亲关系，这恰恰说明田园洞人的父系与母系可能有不同的来源。

除此之外田园洞人与距今 3.5 万年前的比利时古人 GoyetQ116-1 的 C1a2-V20 父系，M32'56 母系有更多的关联。还有 Oase1、CC7-335、F6-620，这些人都与田园洞人有亲和关系而与 Kostenki14 差异明显，后者与 BK1653 的 K2a 父系 U8 母系更接近欧洲人²²。所以田园洞的意义在于证明东亚的混合历史并不是从新石器时代就开始混合，而是至少在 4 万年前就已经零星开始。从股骨指数来看，田园洞人可能与赤道附近人群即美拉尼西亚、印度尼西亚等地区相似²³。

距今 4.5 万年前的 CC7-335 为 C-F1370 父系，N 母系。距今 4.5 万年前的 BB7-240 为 C-F3393 父系，N 母系。距今 3.5 万年前的 GoyetQ116-1 的 C1a2-V20 父系，M32'56 母系。与 GoyetQ376-3 的 C-M130 父系，M74 母系。距今 3.3 万年前的 Kostenki12 为 C-Y37006 父系，U2 母系。距今 2.9 万年前的 FRL006，C1a2-V20 父系，M5 母系。以上这些样本除了 Kostenki12 以外的共同特征是类 Onge 成分都不低。

印度斯里兰卡中石器时代狩猎采集者 Udapiyangalge 洞穴和 Alugalge 洞穴出土了距今 5500 年以前的 M18a 母系和 M35a 母系²⁴，M18a 在现代分布在以 F-M89*、H、L、J、R2a 为核心的现代僧伽罗人²⁵、斯里兰卡泰米尔人和斯里兰卡印度泰米尔人，M35a 谱系在所有斯里兰卡人群中都被观察到，在僧伽罗人高频分布，并且现代僧伽罗人同时还拥有 M45、M5a2a、M6a1a、M30b、M37*、M65a、M30、M18'38、M30c、M37e、M30b、M65a、M35a1、M64、M65a、M2a1、M3c、M52a、M53。

斯里兰卡从 4.8 万年前开始就有人居住，已经挖出了 24 具遗骸并进行了基因检测，但至今没有公布父系与母系数据²⁶。南亚地区一直是古 DNA 数据的洼地，印度目前已知最早的现代人

类遗骸在斯里兰卡，其中以围绕更新世晚期巴兰戈达人（Balangoda Man），附近的法显洞（Fa Hien Cave）出土了 3.8 万年前的人类遗骸，贝利莱纳洞穴（Belilena Cave）出土了 3.2 万年前的十具人类，还有巴塔多姆巴莱纳 (Batadombalena) 同样出土了久远的人类。

现代斯里兰卡的人群父系跟母系，与印度大陆的差别是很小的，毕竟只是末次冰盛期过后海平面下降导致两者失去联系，但是史前应该是直系人群交流。比如斯里兰卡的泰米尔人（Sri Lankan Tamils）与印度的泰米尔人（Indian Tamils）的母系相似度就很高，区别仅在于后者有 M53、M65b、M35b 但是前者没有，前者有 M34a、M35a、M38a 但是后者没有。所以目前印度最早的遗骸发现于斯里兰卡并不影响对印度古 DNA 数据的整体判断。

其他地区如大洋洲、印度尼西亚群岛属于南太平洋板块，遗骸保存状况不理想，目前只有几例毫无意义距今几百年的样本，其他的测试也不积极，可能极少数测出来也会像中南半岛那样暂时不公布。澳洲的情况是早期珍贵的人类遗骸被当地原住民二次埋葬，所以已经无法获得有效 DNA。不过印度尼西亚的东爪哇图隆阿贡县出土了两具 Wajak 1 距今 2.8-3.7 万年前原始澳大利亚人种的头骨，可以结合印度古样本进行对比。

如果从当前的古 DNA 数据角度来看，出非洲父系 CT-M168 其下游 DE-M145 目前没有超过 3 万年级以上的久远样本，其中 D1-M174 甚至没有超过万年级样本，未来冲绳白保人可能会刷新记录但现在仍然还没有公布。而 CF-P143 的早期样本呈现出 NM 母系的混合形态。若从现代地理分布来看，整个 E-M96 与 D2-FT75 父系所分布的区域没有南亚次大陆、中南半岛、马来群岛那样的 M 母系极度多样性的形态。

从现代 DNA 数据来看，南亚目前已知的属于 M 母系的包括 M2、M3、M4、M5、M6、M18、M30、M31、M32、M33、M34、M35、M36、M37、M38、M39、M40、M41、M47（与 M42 有共同点位）、M43、M44、M45、M49、M52、M53、M54、M56、M57、M58、M60、M63、M64、M65、M66、M67、M78、M81、M84、M86（M42'74*、M4'67*）²⁷ 及其姐妹下游。

随后 M 母系的另一个多样性聚集区中南半岛包含 M12、M13、M20、M51、M61、M16、M17、M19、M21、M22、M75、M24、M26、M48、M74、M71、M72、M73、M79、M76、

M82、M83、M91、M68、M69、M50、M55、M77、M59 及其姐妹下游，新几内亚包含 M25、M27、M28、M29、Q、M29，澳洲包含 M14、M15、M29‘Q、M42。以及目前只存在于青藏高原的 M62 与 M70，前者古 DNA 包含 D-BY12979、O-MF10037、N-CTS4714 父系，但后者目前古 DNA 全部测自 N1-F963 父系。

E-M96 父系分布区如果去掉班图人近几千年来扩散到撒哈拉以南以非 L3 为主的 L 母系以外，其余分布区排出 M1 母系外几乎完全为 N 母系下游，而 E-M89*则在阿拉伯半岛与黎凡特地区检测到。CF-P143 高频的南亚维达人，东亚的拉祜族，东南亚的马来半岛与印尼西部的原住民，都拥有分支高频而多样性丰富的 M 母系，并且西欧亚最早的古 DNA 同时包含 M 母系。E-M96 在印度也仅低频分布于印度伊斯兰教什叶派（Shia）并且集中在 E1b1b 这一支，在分子人类学发展至今也未在任何南亚边缘部落当中测出²⁸。

目前 DE 的 YAP 插入突变起源地争议较大，有东北非起源说与欧亚大陆起源说。D1-M174 的兄弟分支 D2-FT75 以极低频的形式分布在阿拉伯半岛与西非地区，其余的 DE-M145*目前散落在地中海东部附近。根部支系，即同时时间分化但因没有过多扩散可能保留了更为原生地理位置的分支，这才是需要重点参考的支系。

R 母系下游的 U、H 在南亚还有 B、F 母系在东亚及东南亚都有明显晚近扩散的痕迹，以及 NR 母系在全球的分布上明显相对 M 母系偏西且较晚走出非洲，而相对 CF-P143 父系分布较西且较晚走出非洲的就是 DE-M145 父系。NR 母系的主体分支从古至今都一直分布在近东地区，所以只是史前有一小部分 NR 母系分支伴随未知人群前往远东，E-M96 父系迁往撒哈拉以南地区并没有伴随 M 母系扩散是因为最初 DE-M145 父系伴随 N 母系。

但显然走出非洲以后，CF-P143 父系除没有走出南亚的分支，其他分支接触 N 母系人群要明显更早且规模更大，DE-M145 可能后期也接触了部分 M 母系人群，但从现代地理分布以及古 DNA 数据来看，规模并没有前者大。从人口数量上来看，史前走出非洲的 NM 母系人群因为选择道路不同，面临的困境也有所不同，导致人口数量上出现巨大差异，之前提到过 N 母系人群

在后来其下游 R 母系没有大爆发之前，人口数量上相对 M 母系是相对较少的。这也是史前 M 母系与 F-M89 具有伴随性的众多间接证据之一，毕竟 F-M89 父系的人口数量在史前大概是要超过其他三大出非洲基底父系，如果父系人口如果不能对上母系人口，这种凭空繁殖显然是不合理的。

所以 M 母系的分支多样性就集中在南亚与中南半岛这一带，可以说人类在走出非洲以后很长时间，除了近东、北非还有澳洲地区，非洲以外长期都是 M 母系一家独大。澳洲尽管有 M14、M15、M29'Q、M42 但在 P 母系过来之前也是少数 N 母系比 M 母系高频的地区。所以这也是 R 母系显得很另类，如果后期 R 母系不扩散在撒哈拉以南几乎纯粹的 L 母系的情况下，非洲以外除了部分地区其他都是 M 母系一家独大。

距今 5-6 万年前 DE-M145 的活动范围应该还在整个北非、东北非、地中海东岸附近，之前提到过 D1-M174 更有可能在阿拉伯半岛北部靠近中亚那一带，最终从中亚附近出发并走向远东，然后 D2-FT75 留在阿拉伯半岛并且部分回撤至西北非。对于早期研究认为 F-M89 分化于南亚我个人是不认同的，因为这无法解释近东地区同样很早期就出现部分 F-M89 分支，不能只看 F-M89 很多小众支系都发现于南亚地区，我个人倾向于 CF-P143 是在伊朗高原附近开始分化的，其中主力分远东以及南亚地区扩散，部分支系如 GJ 等高加索典型父系回流至欧洲东南部。考虑到现代人的地理分布，CF-P143 显然并没有全部迁徙至南亚，有一些可能停留在西亚附近，之后回迁至欧洲地区如 C1a-V20，GIJ 父系，部分可能直接北上西伯利亚地区如 K2 父系。

所以合理的推测是人类走出非洲时期的 5-6 万年前，DE-M145*父系的分布大致在北非-西北非-黎凡特地区，这种分布不仅为回撤非洲以及撒哈拉以南提供空间，还可以解释目前 DE-M145*围绕环地中海以及近东地区分布，部分 E1b1b-M35 迁往巴尔干半岛，更偏南高加索分布的 D1-M174 也能够有足够空间理由往远东迁徙。CF-P143*父系的分布大致在伊朗高原-南亚西北部地带以及部分阿拉伯半岛北部周边地区，这可以解释后来 F-M89*主力分支往南亚迁徙，以及部分 GHIJK 分支回流至东南欧，还有一些分支直接走北线进入西伯利亚区。

最后在 5-6 万年的时间里地中海东岸逐渐产生一个稳定的早期现代智人群体，D1-M174 从中继承了部分 NR 母系并于 4.5 万年前开始往东迁徙，至于这个群体范围中除了 D1-M174 以外还包

括哪些 CT-M168*父系人群，以及走向远东并携带 R 母系但已灭绝的父系，这些都已经不可考证，还有最初 D1-M174 是如何继承的，是本身起源就携带还是与其他 CT-M168*人群进行交流这些也都已经不可考证，我唯一能够断言的是 D1-M174 是在前往远东之前就已经获得这部分常染，有一些人类学者如果知道上述信息可能会称 D1-M174 为“古高加索人”。

未来古样本愿景与可能数据

目前的结论也只是通过现有的数据来进行间接性推测，至于能否证明模型的准确性还需要更多直接的古 DNA 证据，在没有掌握更多直接证据之前，一切也只是众多模型当中的一种假设，只不过这种假设可能契合了某种思路当中的数据，但并不一定完全符合现实。

目前关于西南地区万年以上，并且体质技术文化全面落后的古样本只涉及女性而没有涉及男性父系样本。云南马鹿洞遗址出土几十例人类遗骸碎片，目前学界认为可辨认的至少来自 5 个不同的个体，目前也只公布了一例女性样本。东南沿海的亮岛 1 号最初选择拖延公布，而与其体质、文化风俗相近的奇和洞男性直到目前仍然没有公布。同时还需要考虑到不同地区的人类遗骸 DNA 保存情况，比如成都高山古城遗址有 116 例遗骸样本，考虑到保存不当最终只公布 3 例，其中女性样本为 M9a1a，但男性样本 D-Z31591 与 O-Z25915 有父系数据没有母系数据是很反常的，因为通常线粒体比父系染色体更容易测出。

齐家文化喇家遗址是目前西北地区 D1a1a1a1a1-F729 父系早期同时拥有古 DNA 数据以及体质数据的遗址。按照以往对齐家文化喇家遗址的头骨数据研究，得出的结论是喇家遗址不同于其他甘青地区的头骨，喇家遗址的头骨测量数据接近“欧罗巴人种”，在面部扁平度方面，鼻颧角为 141 较小说明面部很立体，接近“南亚蒙古人种”的变异范围，额倾角为 89 说明额头很直，颅高为 147 说明非常高颅²⁹，与甘青地区其他古代居民中等偏大的鼻颧角有较大的差异。

但研究又指出并没有发现任何欧罗巴人种的基因痕迹，其实这个所谓的欧罗巴人种是一个人类学旧称，泛指头骨形态呈现类高加索并分布在近东-欧洲-北非一带的人群，论文作者无法对这些数据进行解释是因为并不具备过硬的分子人类学知识储备。齐家文化毕竟是已经完全混匀的早

期藏缅语族，对 D-Z27269 的早期形态与常染参考价值有限，齐家文化与云南青铜器时代遗址相对来说还是有些晚，但至少证明了 D-Z27269 从常染来看是晚期从西北来。

从现代基因层面，拥有较为高频 D1a1-P47 与低频 D1a1-Z27269 父系的康巴、黑彝、嘉绒、川西羌，这些人群在基因成分测算程序当中与陇西仰韶成分非常相似，汉代羌人和喇家遗址也有同样有强烈的西部仰韶特征。绝大部分的藏缅语族常染比北方汉族还要偏北一些，但彝族当中只有 D-Z31591 更为高频的黑彝符合，但是白彝并不是。

关于 D-M174 最早的古 DNA 数据，截至目前 D1a1-F6251 最早的古样本数据来自 D-F729 的下游 D-F17412，测自距今 5750 ± 200 年前且距离大地湾遗址仅几公里的甘肃天水王家阴洼遗址，王家阴洼遗址与大地湾、西山坪、师赵村等遗址同属早期大地湾文化辐射区域。这例样本的 A25 母系后来还出现在双槐树遗址与石峁遗址，这两个遗址都是原汉藏语族群往汉语族分化的早期的重要遗址。以及 D1a2a-M55 最早的古样本数据来自日本关东群马县伊亚伊岩棚遗址 (Iyai Site)，距今 7544 ± 26 年前的 D-Z1513 父系、N9b 母系，这也是目前整个 D1-M174 明确的最早样本。

众所周知仰韶文化分为早期、中期、晚期，但其实还存在一个前仰韶文化时期，这就是所谓的大地湾文化一期，也是最有可能测出高频并具有一些年代的 D1a1-F6251 的相关文化，大地湾第一阶段即公元前 7800-7300 年被称为前仰韶文化时期，而目前这一时期的大地湾样本是完全空白的，目前最多只有中晚期的样本。以及更晚期已经混合的白家村遗址、西山坪遗址、师赵村遗址。仰韶文化包括半坡遗址、姜寨遗址、北首岭遗址、西坡遗址、南佐遗址。再到后期的马家窑文化、宗日文化、宝墩文化、齐家文化、四坝文化、辛店文化、十二桥文化，这些遗址应该理论上都可以测出一定频率的 D1a1-Z27269。

距今 6000 年前的大溪文化应该会含有 O1b1-M95、O2a-M7 以及 D-F1070 的下游如 D-Z41207，还有部分 B、F/R9 偏南分支，大溪文化的前身是湖北城背溪文化，城背溪文化的前身是距今 9000 年前的彭头山文化，也是长江中游第一个明确有人工栽种水稻的新石器时代文化，大溪文化往东南外扩的同时，南岛语族与南亚语族群退出中国南方。大溪文化的后裔，主要参与形成了壮侗、苗瑶以及南汉，所以 D-F1070 的久远样本可以寄希望于各个长江中上游的遗址。

但这些都是新石器时代的样本，对早期形态的参考价值有限，如果再往史前追溯，宁夏回族自治区灵武市的水洞沟遗址可以作为备选项，但该遗址现在仍然没有发现任何遗骸。理论上讲青藏高原东北边缘以及日本群岛包括周边海底，外加堪察加一带都有概率找到 D1-M174 距今万年甚至 3 万年级以上的古样本，至于想要达到 4.5 万年级以上就需要未来在地中海东岸，西亚各国或中亚高加索等地区碰运气。

目前最有可能的是距今 2.7 万年前的日本冲绳白保人，中国方面是甘肃省天水市武山县狼叫山遗址距今 3.8 万年前的两例武山人，其中分别有 20 岁残缺的男性头盖骨与 35 岁完整的女性头骨，在这个位置出土那么可能性还是存在的，毕竟史前 D1a1-F6251 的大本营就在甘肃天水附近。其次是中国甘肃省平凉市泾川县牛角沟遗址距今 2-5 万年前的泾川人，出土一具约 20 岁左右的男性头盖骨，并伴随欧洲同期人类化石常见但东亚不常见的枕外隆凸特征，与同期武山人头骨对比，二者可能为共享共同祖先的“姊妹群”。

参考文献

- [1] 文波, 石宏, 任玲, 等. Y 染色体、线粒体 DNA 多态性与云南宁蒗摩梭人的族源研究 [J]. 中国科学 (C 辑), 2003, 33 (4): 375-384.
- [2] Stewart J B, Chinnery P F. The dynamics of mitochondrial DNA heteroplasmy: implications for human health and disease[J]. Nature Reviews Genetics, 2015, 16(9): 530-542.
- [3] Di D, Sanchez-Mazas A, Currat M. Computer simulation of human leukocyte antigen genes supports two main routes of colonization by human populations in East Asia[J]. BMC Evolutionary Biology, 2015, 15:240.
- [4] Li D N, Li H, Ou C Y, et al. Paternal Genetic Structure of Hainan Aborigines Isolated at the Entrance to East Asia[J]. PLoS ONE, 2008, 3(5): e2168.
- [5] He G L, Wang Z Y, Jiang Y T, et al. Complex peopling history and expansion events inferred from large-scale modern and ancient Y chromosome sequences[J]. Science Advances, 2026, 12(14): eadu7935.
- [6] Bannai M, Tokunaga K, Imanishi T, et al. HLA class II alleles in Ainu living in Hidaka District, Hokkaido, Northern Japan[J]. American Journal of Physical Anthropology, 1996, 101(1): 1-9.
- [7] Di D, Sanchez-Mazas A. Challenging Views on the Peopling History of East Asia: The Story According to HLA Markers[J]. American Journal of Physical Anthropology, 2011, 145(3):351-364.
- [8] Suzuki R, Saitou N, Matsuuri O, et al. Helicobacter pylori genomes reveal Paleolithic human migration to the east end of Asia[J]. iScience, 2022, 25(7): 104477.
- [9] Usui S, et al. Secular Changes in Cranial Morphology and Pattern of Sexual Dimorphism in Modern Japanese: A Geometric Morphometric Analysis Using Post-Mortem Computed Tomography Data[J]. American Journal of Physical Anthropology, 2026, 189(3): e70235.
- [10] Fu Q, Hajdinjak M, Moldovan O T, et al. An early modern human from Romania with a recent Neanderthal ancestor[J]. Nature, 2015, 524(7564): 216-219.
- [11] Wang L X, Lu Y, Zhang C, et al. Reconstruction of Y-chromosome phylogeny reveals two neolithic expansions of Tibeto-Burman populations[J]. Molecular Genetics and Genomics, 2018, 293(5): 1293-1300.
- [12] 谢选华, 李辉, 毛显云, 等. 从 Y 染色体遗传结构看藏缅语族人群的起源 [J]. 遗传学报, 2004, 31 (10): 1023-1029.

- [13] 毛乙臻, 王飞, 刘雨佳, 等. 线粒体 DNA 基因组揭示的白马人群的遗传结构 [J]. 中国科学: 生命科学, 2025, 55 (1): 153-167.
- [14] 廖小韵, 郝晓光, 胡小刚, 等. 藏南地名佐证门巴与珞巴的民族归属[J]. 地理空间信息, 2011, 9(2): 136-138.
- [15] 冉静, 丁显平, 等. Y 染色体单倍群与西南地区男性生精障碍的相关性 [J]. 遗传, 2013, 35 (1):75-80.
- [16] Sato Y, Shinka T, Iwamoto T, et al. Y Chromosome Haplogroup D2* Lineage Is Associated with Azoospermia in Japanese Males[J]. Biology of Reproduction, 2013, 88(4): 107.
- [17] Sharma A N. Tribal Development Andaman Islands[M]. New Delhi: Sarup & Sons, 2003: 64.
- [18] Dickins F V. Aino hairiness and the Urvolk of Japan[J]. Nature, 1887, 35: 534.
- [19] González A M, Larruga J M, Maca-Meyer N, et al. Mitochondrial lineage M1 traces an early human backflow to Africa[J]. BMC Evolutionary Biology, 2007, 7(1): 123.
- [20] Roychoudhury S, Roy S, Basu A, et al. Genomic structures and population histories of linguistically distinct tribal groups of India[J]. Human Genetics, 2001, 109(3): 339-350.
- [21] Hublin J J, Sirakov N, Aldeias V, et al. Initial Upper Palaeolithic Homo sapiens from Bacho Kiro Cave, Bulgaria[J]. Nature, 2020, 581(7808): 299-302.
- [22] Hajdinjak M, Mafessoni F, Skov L, et al. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry[J]. Nature, 2021, 592(7853): 253-257.
- [23] Shuangquan; Chen, Fuyou; Trinkaus, Erik (17 April 2007). "An early modern human from Tianyuan Cave, Zhoukoudian, China" &. Proceedings of the National Academy of Sciences. 104 (16): 6573-6578.
- [24] Fernando A S, Wanninayaka A, Dewage D, et al. The mitochondrial genomes of two Pre-historic Hunter Gatherers in Sri Lanka[J]. Journal of Human Genetics, 2023, 68(2): 103-111.
- [25] Urban Aragon J A, Bandyopadhyay E, Ranasinghe R, et al. Population histories of the Indigenous Adivasi and Sinhalese from Sri Lanka using whole genomes[J]. Current Biology, 2025, 35(12): 2745-2754.e5.
- [26] Bourgon N, Oelze M, Amano N, et al. Pre-agricultural intensification of plant use in Pleistocene Sri Lankan rainforests[J]. Nature Ecology & Evolution, 2026.
- [27] Chandrasekar A, Kumar S, Sreenath J, et al. Updating Phylogeny of Mitochondrial DNA Macrohaplogroup M in India: Dispersal of Modern Human in South Asian Corridor[J]. PLoS One, 2009, 4(10): e7447.
- [28] Zhao Z, Khan F, Borkar M, et al. Presence of three different paternal lineages among North Indians: A study of 560 Y chromosomes[J]. Annals of Human Biology, 2009, 36(1): 46-59.
- [29] 王明辉. 青海民和喇家遗址出土人骨研究 [J]. 北方文物, 2017 (4): 25-30.
- [30] Sato Y, Shinka T, Iwamoto T, et al. Y chromosome haplogroup D2a1 is significantly associated with high levels of luteinizing hormone in Japanese men[J]. Andrology, 2015, 3(4): 520-525.
- [31] Mao X W, Zhang H C, Qiao S Y, et al. The deep population history of northern East Asia from the Late Pleistocene to the Holocene[J]. Cell, 2021, 184(12): 3202-3213.e13.

附章

羌的原始读音与发声学

羌的原始发音在语言学界其实已经达成共识了，主流拟音体系都认同把羌拟作以声母舌根送气塞音 k^h ，其中 k^h (kh) 为舌根送气塞音，发音类似舌根爆破之后伴随一股较强喷气，听感近似用力咳出来的气流，拟音的争议目前仅在于该音节是否存在复辅音流音-l-，以及如何处理可能的前置隐式辅音，这也就是一部分体系不采用 $*k^hl$ -复辅音，即 $*k^hlaŋ$ ($kang$)，另一派则拟作 $*k^hlaŋ$ ($klang$)。之后在历史的语音演变中，这个音丢失过爆破感并简化为擦音 h ，也丢失过送气感简化为不送气的 k 。至于其来源有一些小众观点认为来自吐火罗语 $klānk$ ，有“战车兵”之意。

不过我本人对语言学拟构及其含义不是很感兴趣，这方面的功底也并不扎实，作为一个人类学独立研究者我关心的问题更多在于，为何最初发“k”音，但后来逐渐演变为“q”音，我想这个问题一直以来并没有得到很好的解决，也似乎没有人真正从人类学角度而非语言学角度进行切入。实际上这种现象在现代汉语中也是相当普遍的，丘比特在传入国内之前为 *Cupido*，但是传入国内进行后把最初的 k 音换为 q 音。丘就却的原始读音是 *kujula*，与丘比特一样传入后则把 k 音转变为 q 音。与之类似的是君，最初读作 *kun*，现代为 *jūn*。气，最初读作 *ki*，现代为 *qì*。还有一种情况是 g 音最后转变成 j 音，比如家，最初读作 *gia*，现在读 *jiā*。见，最初读作 *kian*，现在读 *jiàn*。

类似的现象其实在现实中还是很普遍的，比如各个地区方言的口音，有些口音在极端情况下给人感觉像是上赶着往前发音，最后的结果就是整个音都挤到了最前面，口腔的舌头重心也都在前面。导致最常见的特征是平翘舌不分，把翘舌音变为平舌音，发音时舌位偏前所以根本发不出普通话那种靠后的翘舌音，这种形式在不同地区皆以不同的口音方式呈现，但核心规律是把 *zh/ch/sh* 读成类似 *z/c/s* 的发音，比如支持 (*zhī chí*) 读作资瓷 (*zī cí*)，老师 (*lǎo shī*) 读作老丝 (*lǎo sī*)，吃饭 (*chī fàn*) 读作毗饭 (*cī fàn*)，猪 (*zhū*) 读作居 (*jū*)，类似的就不过多举例。

所以我们其实会发现存在两种规律，但起源上似乎具有相同机制的发音问题。第一种情况最明显的是会让人说话时整个发音往前挤，这是一种发音实现层面的前移（phonetic fronting），特点是把部分舌根音比如 k 从软腭往硬腭上发音，这个音位还在，但实际上发出来会更靠前，舌根音整体向舌面移动，在整体听感上造成“更尖、更挤”的效果。部分地区的方言都带有这种前移趋势，这种属于部位前移但并不腭化，导致整体听感集中在口腔前部。如果一个方言长期倾向于使用前部舌位，那么最终不仅是 k、g 音会前移，连带着擦音，元音的共鸣位置也会偏前，这就是有一些方言会给人造成“很挤”的感觉，尤其是某些地区。

而第二种情况则是直接把舌根音如 k、g 发成 q、j 音，这种发音规律是一种音位层面的直接替换，专业术语叫做舌根音腭化（Velar Palatalization）现象，主流定义是“当语音过程通常是由前元音的高舌位驱动的，这导致原本在软腭处产生的发音向前移动到硬腭”，这会导致软腭塞音如 k、g 经常转变为龈后塞擦音 /tʃ/、/dʒ/。这种舌根音腭化现象其实比我们想象的还要广泛，比如在上古汉语中三、四、五、六、七、九等字的声母都属于 k/g 舌根音，发音部位在喉咙深处，而到了元明之后，这些舌根音普遍发生前移，也就是舌根音腭化，k/g 逐渐变成 q/j 等发音更靠前的音，让整体发音越来越靠前，这也是汉语语音几千年间最核心的音变规律之一。

部分方言在舌根音腭化上表现的更极端，把原本舌根音挪到舌尖位置，所有发音都集中在口腔前半段，所以听感上会觉得像是夹着舌头说话，声音扁而不浑厚，其原理和上述音变规律完全一致，核心都是发音部位前移、发音器官没有发出全部功力。有意思的是真正继承中古汉语发音的反倒是一些南方地区以及现代日语，比如日语和现代汉语是呈现反规律的，日语的普遍发音规律是 j、q 音发 k 音，比如汉字的辅音是 j，到了日语就转变为 k，如君在日语读作 kun，家在日语读作 ka，这就像有些地区把拼音 j 转成 g，解字读 gai 一个原理。

现代语言学把这种舌根音腭化现象解释为历史上的古人为了使舌肌省力，发音更顺畅，所以在不断的演变过程中抛弃这种软腭发音。但这种逻辑显然是经不起推敲的，如果是单纯为了省力，那么人类的所有不同文化、不同时期、不同地区的人群应该有着相当比例的腭化现象，但现代还

有很多语言并没有出现这种顎化现象，只是在某一部分地区存在，如果这当中有省力的规律存在，那么无法解释还有很多地区是不存在这种现象的。

包括中国内地这种变化也并不是均匀的，所以仅靠“给舌肌省力”的说法显然并没有完整的解释问题，在我看来主流学界对舌根音顎化现象的解释仅停留在浅显的理解层面，并没有解释更深层次的原因，这约等于没有进行任何解释，如果不从解剖学或人类演化、甚至基因的角度来解释这个问题，我想是不完整的。

其实不仅是部分地区的方言口音，与舌根音顎化类似的现象是舌根音前移（Velar Fronting），这通常发生在人类婴儿早期阶段，到 3 岁以后会逐渐消失，这个时候婴儿由于生理发育不成熟、口腔舌肌力量控制弱，喉部发声器官没有长全。因为发出舌根音如 k/g 需要舌根向后上方抬起，精准顶住软腭，这对婴儿宽大且灵活度不足的舌头来说非常累，所以最终会导致出现把 k/g 音前移，发音部位向硬腭靠拢的现象。

这也是婴儿发软腭音（舌头抵住软腭发出的音如 k/g）通常会被齿龈音（舌头抵住上齿后方发出的音，如 t/d）取代的原因。其实互联网上针对矫正婴儿发不出 k/g 音的贴文有很多，最常见的问题是把“哥哥”（Gēge）说成“的的”（Dēde），把姑姑（Gūgu）说成嘟嘟（Dūdu），把狗狗（gǒu gǒu）说成抖抖（dǒu dou）。在英文中类似于把"Key"读作"Tey"，把"Goat"读作"Doat"，把"Cake"读作"Take"，把“cup”发音为“tup”等。

把这种规律性错误归结为婴儿的听觉失误肯定是不准确的，现代医学早就认为这种情况是因为早期舌肌发音控制能力尚未成熟，因为舌根音需要精确控制舌后部和软腭的接触，而前部音涉及到舌尖的更容易控制，这个时候会出现用“更容易发的音”去替代“还掌握不好的音”。但这基本在成年之后就会自行消退，其实大多数情况下不需要刻意的去矫正婴儿，等婴儿成年以后自然会好转。

但对婴儿发音的研究并不能解释某些地区的口音会出现这种类似的规律，因为语言包括其发音本质上都应该由已经掌握部落权利的成年人相互交流慢慢形成的，而不是由完全没有部落权利

的人类婴儿决定的，所以这其中的逻辑只能是婴儿长大以后模仿部落当中的成年人，而不是部落当中的成年人刻意反过来去学习人类婴儿的发音习惯。

之前提到婴幼儿具有的舌根音前移现象是因为喉部以上发声器官还没有发育完全，所以导致其出现类似舌根音顎化的解决方式。而根据目前学界的研究发现和婴幼儿发音器官接近的还有一种人，就是尼安德特人。

按照认知科学家菲利普·利伯曼（Philip Lieberman）此前对尼安德特人骨骼结构进行的气道重建研究，并通过计算机程序模拟发音，他最后得出的结论是尼安德特人喉部以上的发声器官与人类婴幼儿相似。这可能是由于尼安德特人的枕骨大孔通常是比较靠后的，可能会导致头部轻微前伸，喉位也要比现代人类高一些，随之而来的是咽腔也会缩短，这导致了其舌头的位置太高、太靠前，舌头几乎完全位于口腔内而未下沉至咽腔，相应的灵活性也会变少。

所以当现代人类尝试发出 k/g 音时，是在声道中段即口腔、咽腔交界处做一个突然、精准的阻塞。但尼安德特人可能并没有咽腔中段收缩的能力，因为咽腔太短、舌头位置太高，无法在这个关键位置形成阻塞。当然利伯曼本人并没有否认尼安德特人完全无法发出 k/g 这类舌根音，这也是很多反驳者对他的误解，他的原意类似于，受限於短咽腔与高位舌头这种特殊的声道结构，尼安德特人发出这种音要比现代人类更“困难”，因为无法在声道中形成精准，突然的阻塞，这导致他们在尝试发出 k/g 音时会更偏前，并且稳定性较差，无法在日常连续语言中真正使用。

所以这并不是说他们无法堵舌根，而是发力会更困难，更费力气，能勉强发出类似 k/g 的声音，但不支持现代人类语言里那种清晰、稳定、可用于连贯语音的 k/g 音，并且他们的 k/g 音会进行前移，更像硬腭音即软腭前音，而非软腭音。这意味着如果你让一名尼安德特人尝试自然的发出 k/g 音，如果不对他进行强行矫正，那么他在成年以后可能会继续保持这种前移的特色，所以在自然的情况下，尼安德特人会倾向于把 k/g 音前移，或者我之前提到的另一个方案，那就是直接进行舌根音顎化，把 k/g 音读作 q/j 音。

稍微有一点慧根的读者应该都能意识到，我这里所说的“尼安德特人”显然是一种代指，背后所暗含的与尼安德特人处于同一时期散落在世界各地其他的古人类当然也包括直立人。他们的共同特征可能都是枕骨大孔靠后，脑袋前伸，喉位就会比较高，只不过区别在于不同群体的情况可能会更标准或者更糟糕，但是原理是一样的。而在旧石器时代与当地直立人基因交流频繁的人群可能会继承这种声道或头骨结构，当然我的意思并不是说现在持有这种发音习惯的人群声道结构一定就是存古的，但我可以确认他们所继承的这种口音、即发音习惯，追溯至最开始发出这种声音的初始群体，他们大概率不会过于自然的发出 k/g 音，平翘舌不分，声音往前挤等听感就是部分方言口音的特色。

所以历史上某些带 k/g 音的字词很容易因为当地人声道的改变从而变化其本来的读音，这当中舌根音腭化现象最为严重，像常见的 k 改为 q 音，如 Kujula 原本应该读作库俱拉，但现在却读作丘就卻，羌也是一样的道理，原本必然不可能发 q 音读作羌，而更应该是发 k 音，如果转成汉文的读音应更像是读作“康”，所以西羌原本应该读作西康，羌人原本应该读作康人，反之亦然，民国时设立的西康省其实也可以当作西羌省。

如果顺着这条线，就会发现康巴这两个字直接含义就是羌人的意思，康巴藏语读作 ཁམས་པ།，威利转写为 khams-pa，这里的 ཁམས་པ། 即 khams 就是指康，而其中的 པ། 即 pa，巴在藏语里就是指人，或某地之人的意思，也就是说康巴合起来的意思是“康地的人”，前面我又提到羌原本的读音应当是康，康的发音才更接近历史上“羌”的真正发音，所以康巴的直接意思其实就是“羌地的人”，康巴直白来讲就是羌人的直接含义。

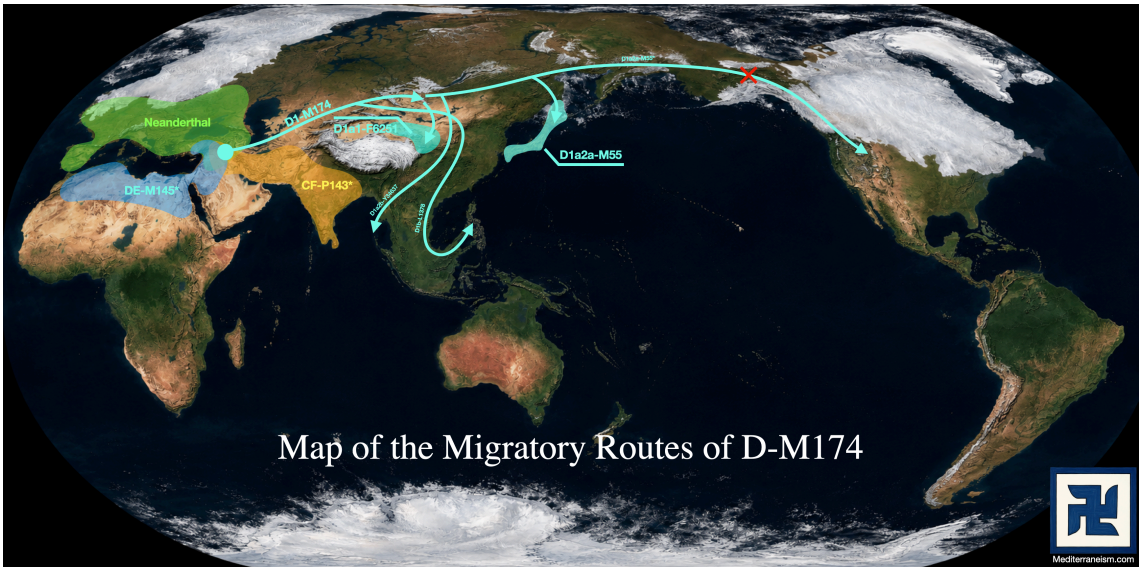
这样来看现今川西、藏东一带的“康巴”人群至少在称谓上要比一些现代民族划分当中所谓的“羌族”可能更接近历史记载当中的羌人，所谓“羌人”是对西部众多部落的泛称，但在历史上绝大多数羌人不断的融入汉族和藏族，现代羌族作为一个统一民族身份形成以前，很多今天被划入羌族的人群并不普遍自称“羌人”。但康作为地域名称的历史却已经长期存在，所以康巴不是一个

近现代创造出来的民族名称，而是建立在传统藏区地域划分基础上的文化身份，当然“康巴”作为广泛的区域文化身份也是在近现代逐渐强化的。

康巴作为对康区（kham）操康方言藏族的统称，范围大致相当于现今西藏自治区的昌都市，那曲市与林芝市东部，青海省的玉树藏族自治州，以及四川省的甘孜藏族自治州和云南省迪庆藏族自治州。按照目前各个时期的论文研究，还有我之前在正篇中提到的对藏区父系占比统计，昌都市、那曲市还有林芝市的 D1a1-F6251 总体频率在约 60-75%不等，其中以 D-M533 为主要比例外加少量的 D-Z27269 组成。

历史上的西羌是泛指散落在各地的西部游牧民族，至于现代社会所谓的羌族在历史上已经被不断被其他民族的人群稀释，再考虑到历史上绝大部分羌人支系不断的融入汉地，所以很多羌人在现代已经无法通过 DNA 进行考证了，像 D-Z27269 尤其下游 D-F729 在历史上应该是最早东扩并且汉化程度最深的羌人，所以与其用一些来历不明的羌族作为研究历史上羌人的样本，不如把注意力放在川西、藏东一带那些自称“康巴”，直到近现代以前实行内部通婚且具有 70%以上比例 D-P47 的康巴人。

附图



D-M174 迁徙路线图