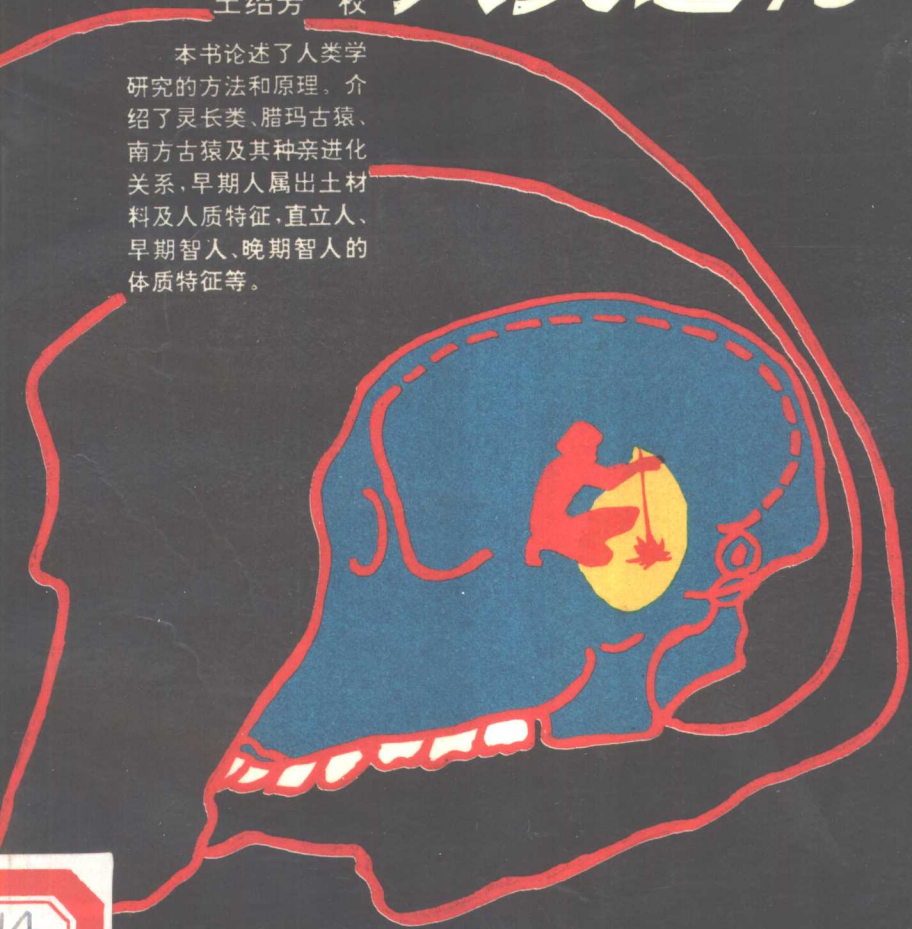


生物学进展丛书
[英] B. A. Wood 著
郑晓瑛 译
王绍芳 校

人类进化

本书论述了人类学研究的方法和原理。介绍了灵长类、腊玛古猿、南方古猿及其种亲进化关系、早期人属出土材料及人质特征、直立人、早期智人、晚期智人的体质特征等。



北京大学出版社

人 类 进 化

〔英〕 B. A. Wood 著

郑晓瑛 译

王绍芳 校

北 京 大 学 出 版 社

新登字(京)159号

生物学进展丛书

人 类 进 化

[英]B. A. Wood 著

郑晓瑛 译

责任编辑:李宝屏

*

北京大学出版社出版发行

(北京大学校内)

北京大学印刷厂印刷

新华书店经售

*

787×1092毫米 32开本 3.5印张 78千字

1992年9月第一版 1992年9月第一次印刷

印数:0001—2000册

ISBN 7-301-02088-0/Q·55

定价:3.90元

译 序

《人类进化》一书是《生物学进展丛书》中的一册，这本书是迄今较全面地综述人类进化及最新理论进展的，既适用于专业人员，也适用于科普的杰出著作。作者 B. A. 伍德(B. A. Wood)是英国米德尔塞克斯医学院教授，他长期从事古人类学及生物进化的研究，是世界上非常著名的人类学家。

本书共分七部分，分别详细地论述了人类学研究的方法及原理；介绍了这个学科的新进展；叙述了灵长类及人们关注的腊玛古猿；并将用蛋白质结构测定生物进化变化的新方法介绍给读者，使读者耳目一新。同时也提纲挈领地讲南方古猿及种系进化的亲缘关系，早期人属出土材料和体质特征，直立人、早期智人和晚期智人的体质特征及世界上争论的焦点展现在读者面前，并提出较为合理的解释。最后，将现代人种的起源做了精辟的论述。

纵观《生物进化》一书，我们感到这本小册子有以下几个特点：

第一，跨学科性强。本书涉猎了几乎所有与生物进化有关的领域，如地质学、生物学、考古学、埋藏学、数学、医学、动物学等等，反映了有关生物进化的最新研究成果。作者旁征博引，有许多独到之处。

第二，结构严谨、条理清晰。全书以灵长类到现代人的进化方向为主线，以科学的研究方法对腊玛古猿、南方古猿、直立人、早期智人、晚期智人(现代人)分别展开了论述，各部分

既互相关联又独立成章。

第三,简练又具有权威性。它不是一种古板的教科书,而是一本学习指南,书中每部分既简明扼要地论述了各学术观点的精华,又提出问题,引导读者找出新的研究方向。

第四,通俗易懂。为了便于不同层次、不同专业的人员理解,作者对书中所涉及的各学科的术语都给出了定义,并附示意图解释书中的难点。在每一部分之后都作一小结,并给出参考书目,为希望就某一问题进一步深入研究的读者提供了一份有用的书目。

总之,这本书的信息丰富,参考价值大,可为弥补目前我国这方面书籍短缺做出应有的贡献,是值得向研究生物学、医学、人类学、考古学、地质学的人们推荐的一本好书。

本书在翻译过程中得到吴汝康教授、韩康信老师的指导,并得到宋力生博士的大力帮助。

误漏之处,请批评指正。

《生物学进展丛书》编者的话

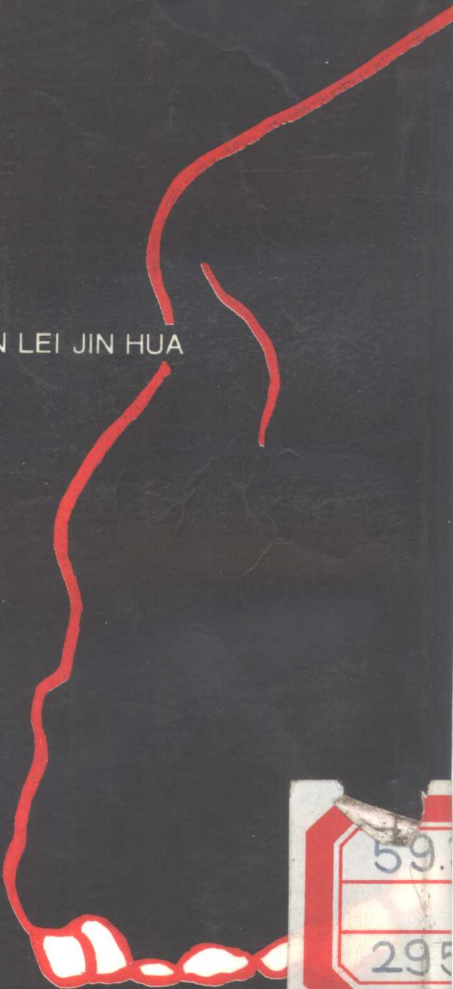
攻读生物学科的学生在大学最后的几年和研究生的开头几年,都希望能熟思一些所学学科的前沿研究。新的研究成果发表在极多样的出版物中,而且必然涉及到生物科学的许多细节。研究刊物和论文数量之大也引起混乱和人们吸收的困难。评论性文章总以读者具有本学科的背景知识为条件,这样涉猎范围就必然相当局限。因此,需要有一本既简练、又有权威的书来介绍现代生物学研究的各个领域,便于学生学到各种学术观点的书中都不会涉及的知识。这套系列丛书正是为满足这种需要而设计的。我们邀请一些作者编写一本他们本学科的简明概要,并假定他们的读者已读过并能记住那些标准的引论性生物学教科书的大部分内容。这本概要正是建立在这个基础上,向读者提供现代研究工作正在取得进展的概念框架,目的是给读者指出理论和实践中存在的问题,要不断地取得研究上的进展,就必须解决这些问题。我们希望学生能进一步阅读详细的评述和论文以开阔眼界,并知道如何去适应现代研究工作的总结构。这样可以帮助学生们去选择为之而奋斗的研究方向。这套书是指南,不是教科书。现代科研工作不考虑学院式的学科分类,而在某种程度上,生物学教学和引论性教科书必须按学科分类而设计。因此,在本丛书里,我们集中提供几个相关领域或涉及几种不同学科的指南,而正是在这方面,教科书和研究论文之间存在着最大的差异,因

而最需要我们指导。我们这样做是希望能扩大或补充而不是要代替主要的课本,以帮助学生了解现代生物学研究是如何进展的,同时为同学们获得优异的考试成绩奠定基础。

责任编辑 李宝屏

封面设计 张虹

REN LEI JIN HUA 人类进化 REN LEI JIN HUA



ISBN 7-301-02088-0/Q · 55 定价: 3.90 元



目 录

1. 序言:科学根据	1
1.1 序言	1
1.2 证据的线索	1
1.3 化石的分类和分类学	2
1.4 形态测量学	7
1.5 年代测定	8
参考文献	13
2. 人类起源	16
2.1 灵长类的出现	16
2.2 渐新世的祖先	18
2.3 中新世猿	19
2.4 腊玛古猿——第一个人科成员?	20
2.5 巨猿学说	23
2.6 蛋白质的证据	25
参考文献	25
3. 南方古猿——人类的祖先还是进化旁支?	28
3.1 介绍	28
3.2 南方古猿非洲种	28
3.3 南方古猿粗壮种	33
3.4 东非材料	35
3.5 非洲以外的南方古猿?	37
3.6 究竟有几个南方古猿的分类单元?	37
3.7 种系关系	41

参考文献	41
4. 早期人——人属最早的证据	44
4.1 介绍	44
4.2 能人(<i>Homo habilis</i>)	45
4.3 肯尼亚(Kenya)库彼福勒地区的人属成员化石	49
4.4 哈达(Hadar)	52
4.5 莱托里(Laetolil)	54
4.6 斯瓦特克朗和斯特克方丹的化石归人属吗?	55
4.7 总结	57
参考文献	57
5. 直立人	61
5.1 介绍	61
5.2 亚洲的材料	63
5.3 非洲	69
5.4 欧洲	71
5.5 总结	75
参考文献	76
6. “尼安德特人”的问题	80
6.1 介绍	80
6.2 “尼人”的形态特征	81
6.3 “尼人”的起源	84
6.4 现代人种与“尼人”同时代吗?	85
6.5 远东和非洲的“尼人”材料	85
6.6 “尼人”形状改变的意义	85
6.7 考古的证据	86
6.8 总结	86
参考文献	87
7. 现代人的材料	90

7.1 介绍	90
7.2 欧洲	90
7.3 非洲	91
7.4 亚洲	93
7.5 澳大利亚	93
7.6 新大陆	93
7.7 现代各人种的起源	94
参考文献	95
《生物学进展丛书》书目	97

1. 序言：科学根据

1.1 序言

全部现代人种群都归属一个亚种,即智人同名亚种(*Homo sapiens sapiens*)。虽然过去林耐(Linnaeus)^[1]和其它人曾提出把各个地理种族都视为亚种,但现在这个亚种分类单元包括了所有地理位置不同的现代人。地理上的差异或种族的变异充分说明现在的智人种是多型种,但大多数统计资料表明,种族间的差异没有超出现代人总变异的10%。这一亚种在自然界的数量之多、分布范围之广是少有的,通常认为这是由于人类获得了文化,成为生物界的一个奇迹。现代人物种的单一性是许多著名的人类进化争论的根源。直到人们认识到一些动物可以称为人科(Hominid)类,(人科中的任何成员)而不一定是智人(*Homo sapiens*)时,许多漫长而迷惑人的人类化石记录才得以澄清和剔除。

1.2 证据的线索

对任何进化研究可以采用两类重要的证据:1) 现生动物比较研究的结果;2) 化石证据。

1.2.1 比较证据

这些研究是根据同源性原理^[2],以及从骨骼到酶和蛋白质结构方面的证据而进行的。这些方法基于这样的概念,即两个现代动物群具有越多的相似性状,则它的共同祖先距今越

近。生物解剖比较研究没有验证这一概念,但是应用古生物学的证据,确定一个假定分支点的时间,利用计算机程序绘出各种最近的进化路线,并假定进化是单向的并以恒定的速度变化或突变,生物学家已经根据肽和蛋白质的结构差异尝试重建标准进化树^[3,4,5]。这些研究的前提不一定完全正确;Maxon和 Wilson^[6]已经发现全面的相似与氨基酸的差异之间没有关联。同时也逐渐认识到氨基酸顺序的点突变和进化的进程毫无关系^[7]。进而对蛋白质演化的规律性也提出了疑问,愈来愈多的证据表明灵长类动物核苷酸取代速度远不如其它哺乳动物^[8]。

尽管人类和与之亲缘关系最近的黑猩猩之间有许多生化方面的相似之处(如肌红蛋白在 153 个氨基酸分子中,仅有一个不同^[5]),但在基本结构、功能和行为方面,人与现生猿之间有许多区别,如果没有化石证据,我们对人类进化就不会有任何认识。

1.2.2 化石及其解释

化石是石化的骨骼,随着年代的增加,这些骨骼中的化学成分或多或少的被围岩内的岩石成分所置换。人类化石通常发现于洞穴或与河湖有关的沉积岩中,以前古人化石的采集常得自偶然发现,现在则大多是在已经知道有脊椎动物化石的地区进行有计划的考察和发掘时获得的。

1.3 化石的分类和分类学

1.3.1 分类

动物分类的原则已由 Simpson^[9]明确规定而成为传统的方法,他对人类古生物学的一些特殊问题做了有益的论

述^[10]。首先要根据形态上的相似性和测量数值的分析,弄清楚化石与已知的化石之间是否有关联,这是一种主观的判断,而且是基于形态变异在不同的分类水平上可能的变化范围。观察现生种的变异范围是一种有用的标准,但选择哪一个物种作为参考就存在着争议。科学家们或者倾向于轻易地建立一个新种(“主分派”),或者是保守性(“主合派”)慎重地定新种;古人类学中当前的倾向是“合并”。

为了确定某个化石属于这一类或那一类,对类别本身要有定义,但这一定义中特别重要的是那些在相同的分类单元上,可以把这一类与那一类区分开来的性状特征。某一类或亚类共有的特征被称为共派生性特征(synapomorphous)^[11],下定义必须根据这些特征,而不是根据几个分类单元从共同祖先那里遗传下来的共同原始特征(symplestiomorphy)^[12]。共同派生特征的确定至少要假设进化事件的模型,并要将其中一系列形态改变的方向确定下来。

在人类古生物学中还有另外两个值得注意商讨的方法论上的问题。第一个问题是在进行化石分类和确定其进化系统位置时要遇到的,就是所有观察到和测量的性状特征是否具有同等的重要性,还是根据已知的进化趋向,某些特征具有更大的重要性。尽管在权衡资料时存在着固有的曲折性,但它们是分类学沿用的传统方法^[13]。应用尽可能多的特征而不加以区别的纯表型学方法有着这样的危险,即会以为相同形态特征有着相同的进化历史,也即无趋同现象。虽然这一方法有着某种缺点,但由于它的较大客观性,在某些方面还是受到支持。

第二个问题是关于年代资料的化石的分类以及随之而来

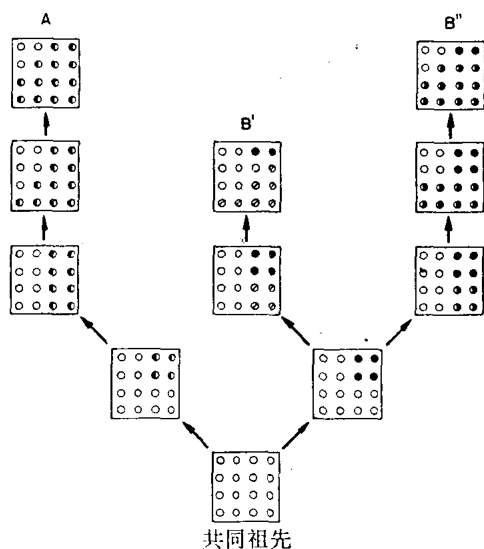


图 1.1 B'' 的分类应利用该分类单元所特有的特征,如果根据从共同祖先遗传下来的特征进行分类,就不能使它与其它分类单元相区别

的各个分类单元在进化系统中顺序安排是否受化石年代的影响?大多数学者都会同意确定化石的分类位置,形态资料是首要的,不应受时代影响。然而在作任何进化系统的推论时,难以不考虑年代因素。虽然化石的年代资料不准确,但如果提出一种进化模式,而后裔型标本只出现在早期的进化阶段,显然这是不能让人信服的。

1.3.2 进化模式

通常进化的概念是新种产生于逐渐变化的过程:或是沿一个系统逐渐变化(种系进化),或是由于地理隔离的种群逐渐进化成与原来系统有明显差异的旁支(分支进化)。许多年

来,渐变论的理论占统治地位,进化系统中的所有空缺都归因于化石材料的不完全。最近有人提出应该以强调地理隔离产生新种理论来代替所谓的“系统渐变论”^[14]。在这样一个区域性新种形式的模式中,化石的记录必然会有许多的短缺,因为新种不是在他的祖先所在的地区内形成的。同样,在新的物种形成的事件之间很长时间内,相对的变化极小。这种假设叫做“间断平衡论”。科学家们在解释人类进化事件时会受到这个较新进化模式的影响。

1.3.3 分类叙述的意义

花费一点时间来检查同一个种或属的化石人类的真正含义是什么,这是值得的。与古生物研究相对的现生生物研究中,对一个种的定义是比较清楚的,通常是根据生殖标准而定的^[13]。雌雄两性有相当大的差别是常见的,因而一个种的雄性可以更像另一个种的雄性而不像与自己同种的雌性。用这种形态学的标准去鉴定种是不完善的,那么在古生物学中又怎样去鉴定种和属呢?

虽然现生生物学的基本分类单位是物种,但古生物学工作者更倾向于用属。其理由并不难理解,在许多情况下,由于化石材料太少,而不能确定一组化石是同一个物种内的多型变异还是完全不同的物种。如果化石是在相似的时期发现的,则其差异是重要的;三个同时代的人种意味着三个平行进化的种系,而只有其中一支与现代人有直接联系。化石分类的另外一个方法是引入特殊的物种名目,如古生物种^[15]或进化系统上某一阶段的时代种^[16]。不幸的是,这些大体上“同义”的术语却有时被用来包括一个系统内的所有化石组群,或在另一些场合下又被用于一个系统的某些特殊部分。后者最可能

的应用是把连续的“种”放入单一的一个属。例如人属(*Homo*)中,“能人”(*H. habilis*)、“直立人”(*H. erectus*)、“智人”(*H. sapiens*)都是同一系统内的不同物种。

当属名用于联系同一系统中一系列分类单元时,通常是用来鉴定赫胥黎(Huxley)^[17]称之为“进化支”(clade),即一群共同遗传起源的物种,一种所谓的单源系统。属的另一种应用是即使一些物种属于不同的系统,但其结构达到相似水平,所以归属为一个属内,这样的属是赫胥黎所谓的“级”(grade)。“级”分类的困难在于它忽视了群体分类的起源。

1. 3. 4 重建种系进化

重建种系进化的古典方法就是在化石群之间建立祖先-后裔的关系;形态学、地层学、年代测定是这种方法的主要内容。最理想的是科学家希望找到明显的共同派生形态,这些形态在进化中改变的速度足以追踪一个化石群到另一个化石群的进化,但这种理想的情形是很难有的。

另一种重建系统树的方法由亨尼希(Hennig)^[11]提出的;即所谓的“亲缘关系理论”。它用共同派生性质寻找与最近共同祖先最相近的两个分类单元;这样两个分类单元称为“姊妹群”。采用联系每个“姊妹群”的方法,最后将化石或现生分类单元联系在一个分支网中。这种关系被认为是代表了种系进化的亲缘关系,但这样的网状图尽管看上去很像进化树,可是实际上并不是。这种方法的主要好处是不与时间发生关系,而提出了另一种种系进化的形式,且无需一个分类单元分裂成两个或更多的后裔分类单元的物种形成。有些学者已将此法运用到人的进化中^[18,19]。分支网被称为“分支进化图”,这个术语易与赫胥黎使用的术语“进化支”相混淆。“进化支”可以