

# 分子钟假说与化石记录

唐先华<sup>1</sup>, 赖旭龙<sup>1</sup>, 钟 扬<sup>2</sup>, 李 涛<sup>1</sup>, 杨淑娟<sup>1</sup>

(1. 中国地质大学 地球科学学院, 湖北 武汉 430074; 2. 复旦大学 生物多样性研究所, 上海 200433)

**摘 要:**进化是整个生命科学研究的核心和灵魂,而早期的生命演化在生物进化过程中具有重要地位,是科学界研究的前沿和热点问题。基于生物的遗传距离所建立的分子进化速率,可用于进一步推测不同生物类群在进化历史上的分歧时间。这一间接时间数据可与化石记录所反映的直接数据进行比较。分子钟研究为探究早期生命演化提供了一个新的途径,不仅可用于对基于化石记录的传统结论加以验证,同时对于化石记录不完整的生物类群起源历史的推测具有特殊意义。然而,利用分子钟方法所得出的不同门类起源时间总是早于化石记录,因此分子钟与化石记录的矛盾仍十分突出。文中综述了基于化石证据研究后生动植物起源、寒武纪生命大爆发及被子植物起源等早期生命演化的研究进展,介绍并分析、讨论了分子钟方法及利用分子钟研究早期生命起源时间问题及其与化石记录间的矛盾,同时认为古 DNA 的证据有利于分子钟的校正。

**关键词:**早期生命演化;化石记录;分子钟;古 DNA

**中图分类号:**Q91;Q7 **文献标识码:**A **文章编号:**1005-2321(2002)02-0465-10

生物进化是生物与其生存环境相互作用过程中,其遗传系统随时间而发生一系列不可逆的改变,并导致相应的表型变化<sup>[1]</sup>。在大多数情况下,这种变化导致生物总体对其生存环境的相对适应。因而,进化是整个生命科学研究的核心和灵魂。

化石记录是古生物存在的见证,是证明生物进化最直接、最重要的材料,同时又存在着许多模糊之处<sup>[2]</sup>。一方面化石记录具有不完备性。另外一个方面,尽管古生物学的系统研究已有 100 多年的历史,并随着大量古生物化石记录的发现,揭示了地质历史时期的生物演化的总体轮廓,但因受多方面条件的限制,所发现的古代生物群只是化石记录的一部分,这一点可以从现在仍不断有古生物的新发现所证实。因此,依据化石记录所揭示的地史时期生物的起源、演化只能说是纲要性的,而不是无懈可击的。

分子进化是生物分子层次上的进化,分子系统学是从生物大分子(蛋白质、核酸)的信息推断生物进化历史,或者说重建系统发育关系,并以系统树的

形式表示出来。例如,通过对古代生物遗骸中 DNA 的分析,直接揭示了古代生物极其重要的遗传信息,可使人们在分子水平上直接发现漫长年代中生物种群的系统发生和演变规律<sup>[3]</sup>。尤其重要的是,应用分子钟假说,人们可以根据现代基因库的材料以及古 DNA 的证据在分子水平上讨论和推导不同生物门类的起源和进化。

## 1 分子钟假设与应用

### 1.1 分子进化和分子钟的原理与方法

分子进化从组织层次上说是生物组织的基础层次的进化,它有两个显著特点:进化速率相对恒定和进化的保守性。生物的进化速率指的是单位时间内生物进化改变的量,这里涉及时间尺度和进化改变量的尺度。时间尺度有绝对地质时间和相对地质时间两种。在计算进化速率时应使用相对地质时间。进化改变量的衡量通常应用 3 种尺度:(1)形态学尺度——以可度量的形态特征的量值变化来衡量;(2)分类学尺度——以分类学单元(种、属、科)产生或消失的数目来衡量;(3)分子尺度——以生物大分子一级结构的改变量为衡量尺度,即以蛋白质分子的氨基酸替换数或核酸分子的核苷酸替换数为衡量尺

收稿日期:2001-09-17;修订日期:2001-11-21

基金项目:国家自然科学基金海外合作基金资助项目(40028201)

作者简介:唐先华(1970—),女,博士研究生,研究方向为分子古生物学。

度。与以上 3 种进化变量对应的是 3 种进化速率: 形态学进化速率、分类学进化速率和分子进化速率<sup>[1]</sup>。

分子系统学是从生物大分子的信息推断生物进化历史, 或者说重建系统发育关系, 并以系统树的形式表示出来。生物大分子进化速率相对恒定是建立分子系统树的理论前提。近年来一些最重要的分子系统学研究的进展有: (1) 生物进化系统的 3 条主干, 即 30 多亿年以前, 整个生物界就分为原始真核细胞生物、原始真细菌和原始古细菌三大界。(2) 分子系统学的研究支持了真核细胞的共生起源说。(3) 分子系统学的研究结果大部分与传统的根据表型比较而建立的系统树相符合, 但也有一些与传统的系统进化观点不吻合的结论。(4) 揭示了一些过去表型系统树上模糊不明的或争论未决的系统进化问题<sup>[1]</sup>。

分子钟 (molecular clock) 假说最早由 Zuckerkandl 和 Pauling 于 1965 年提出<sup>[4]</sup>。他们认为生物分子进化过程中普遍存在有规律的钟, 即分子进化速率近似恒定。因此, 分子钟假设成立的先决条件是对任意给定的大分子 (蛋白质或 DNA 序列) 在所有进化谱系中的进化速率近似恒定的。虽然一些传统分类学家对基于分子钟概念的分子系统学提出了质疑, 认为目前分子系统学是对众多并不真实反映自然发生的分子变异量的分析, 也就是在对“虚拟”的自然过程进行的分析和检验, 但这个假说仍然激起了科学家利用大分子研究进化问题的极大兴趣。原因有二: 首先, 如果大分子进化速率恒定, 就可用来测定物种分歧时间和其他类型的进化事件, 这类似于利用放射性同位素测定地质年代。而且, 速率恒定条件下重建系统发育关系也比速率不恒定条件要简单得多。另外, 谱系间变异速率的程度对分子进化机制的研究提供更多的观点<sup>[5]</sup>。分子进化改变量 (替换数或替换百分率) 与分子进化时间呈正比。由已知的资料可以获得分子进化改变量-进化时间的对应曲线, 并用它来推断未知进化事件发生的可能时间。根据分子钟假设, 可以通过基因序列间的分歧度及序列的平均置换速率来估计速率恒定分支间的分歧时间, 这一间接时间数据可与化石记录所反映的直接数据进行比较。因此, 分子钟研究为探究化石生物类群的分歧时间提供了一个新的途径, 不仅可用来对基于化石记录的传统结论加以验证, 同时对于化石记录不完整的生物类群的起源历

史的推测具有特殊意义。分子钟研究为人类学家、生物学家和古生物学家的的工作提供了一套丰富而独立的结果<sup>[6]</sup>。

欲根据分子钟利用序列间的分歧度及平均置换速率来估计物种分歧时间, 相对速率检验 (relative-rate test) 是一个不可缺少的步骤。Sarich 和 Wilson 于 1967<sup>[7]</sup> 提出的相对速率检验, 是一种统计检验方法, 用于检测分子系统树中不同分枝上核苷酸置换速率的差异显著性。检验各类群的进化速率, 寻找进化速率恒定的谱系。根据系统发生分析结果选择参照分歧点, 推测各类群间的分化时间。该方法是检验分子钟假设正确与否的有效工具<sup>[5,8~10]</sup>, 随后又有许多作者对该方法进行了改进, 提出了更为简便、可行的方法<sup>[11,12]</sup>。

## 1.2 物种分歧时间计算原理和方法

在图 1 所示的分子系统树中<sup>[5]</sup>, 设 A、B 为比较类群, O 为参照类群, X 为 A 与 B 的共同祖先,  $T_1$  为 A 与 B 的分歧时间 (divergence time),  $T_0$  为 O 与 X

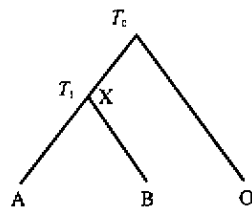


图 1 比较类群 (A 和 B)、参照类群 (O) 与分歧时间 ( $T_0$ ,  $T_1$ )  
Fig. 1 Taxa to be compared (A, B), reference taxon (O), and divergence time ( $T_0$ ,  $T_1$ )

的分歧时间。在分子钟假设下, 核苷酸置换速率  $r$  应当是恒定的。上述分歧时间可用下列公式计算:

$$T_1 = K_{AB}/2r \quad (1)$$

$$T_0 = (K_{OB} + K_{OA})/4r \quad (2)$$

式中,  $K_{AB}$  为 A 与 B 间的分歧度 ( $K_{AB} = K_{BA}$ );  $K_{OB}$  和  $K_{OA}$  分别为 O 与 B 间和 O 与 A 间的分歧度 (即 DNA 序列或蛋白质序列置换量)。

类群序列的获取既可自测, 也可从 GeneBank 等国际公认分子生物学数据库中索取。

## 1.3 应用实例

分子钟理论尽管只是一种假说, 但它已经成为演化分子生物学的一个热点, 大多数现代分子生物学家常常据此进行分子进化机制的研究<sup>[13]</sup>, 并推算现有一些重要生物的起源时间<sup>[14~39]</sup>。下面主要从 3 个方面予以介绍。

(1) 后生动物起源及寒武纪生物大爆发的研

究。后生动物起源的时间和寒武纪生物大爆发近年来一直是古生物学家研究的热点问题。与此同时,

因进行系统发育分析(选自 8 个科的 8 种裸子植物作为外类群)得出 ANITA (*Amborella*, Nymphaeales, Illiciales-Trimeniaceae-*Austrobaileya*) 代表了被子植物进化的最初阶段, *Amborella* 是所有其他被子植物的姊妹群(sister group), 并且来自早白垩世的花的结构化石证据也表明和 ANITA 的有相似之处。Mathews 等<sup>[35]</sup>用细胞色素基因(PHYA 和 PHYC)DNA 序列分析得出相同的结论。另外, Barkman 等<sup>[36]</sup>选用 6 个和 9 个线粒体、质体、核苷酸基因序列, 采用 RASA(relative apparent synapomorphy analysis)分析方法得出 *Amborella* 和 Nymphaeales 的组合是被子植物谱系的最早分支。

钟扬等<sup>[37]</sup>对被子植物红树科 6 属(含作为红树林主要成分的红树族 Rhizophoreae 4 属及陆生的竹节树族 Legnotideae 2 属) cpDNA *matK* 基因和 *rbcL* 基因和 nrDNA 序列进行了相对速率检验及分歧时间的估计。结果表明, 红树科 6 属间的首次分歧时间为 132.25 Ma 前, 即红树科起源的时间。而根据化石证据, 最早发现的红树科植物化石是在约为 91~95 Ma 前的美国东部上白垩统西若曼尼期的 Raritan 植物群中<sup>[41]</sup>, 分布于内陆的竹节树族(除竹节树外)与分布于海岸的红树族间的平均分歧时间为 64.13 Ma 前, 而陆生的大叶竹节树和旁杞木最后的平均分歧时间为 19.92 Ma 前。Muller 等人<sup>[42]</sup>根据化石资料估计, 东南亚地区的红树科陆生种类(如竹节树属和 *Anisophylla* 属)应起源于始新世约 54 Ma 前。由此可见, 利用分子数据估计的红树科植物分歧时间早于化石资料。

(3) 人类起源的研究。分子生物学能为人类进化历史的研究提供定量和客观的信息, 同时也为研究人类与其他物种的遗传关系提供了一种新的方法。由于线粒体 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA) 具有高拷贝数、没有重复序列、高置换率和母系遗传方式等独特优点, 常用来研究哺乳动物尤其是人类的演化<sup>[43~45, 38, 39]</sup>。早在 1986 年<sup>[46]</sup>牛津大学的科学家们研究了来自现代 8 个种群的 700 个个体的  $\beta$  胡萝卜素基因, 并认为他们所取得的数据与现代人类的演化是一致的, 即人类的祖先产于非洲, 然后从非洲不断向外迁移, 并形成现在所有的非非洲人种(non-Africa population)。Cann 等<sup>[38]</sup>提取了选自 5 个地理区域人群 147 个人的胎盘提取 mtDNA 进行研究, 结果表明所有这些 mtDNA 的主干都来自 200 000 年前的一个非洲妇女, 并且除非洲地区

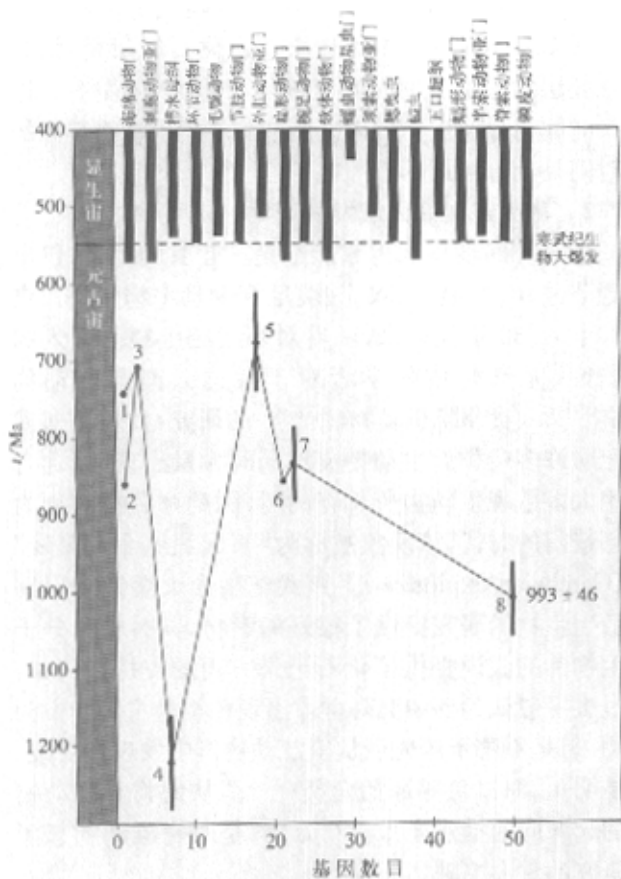


图2 不同作者研究得出的原口动物与后口动物的分歧时间<sup>[14]</sup>

Fig. 2 Time of divergence between animal phyla (protostome-deuterostome) as measured by different studies

图中顶部的条带表示不同生物门类的化石记录时间, 下部的折线部分代表分子钟推算的各门类的起源时间。

1—Brown 等, 1972<sup>[15]</sup>; 2—Runnegar, 1982<sup>[16]</sup>; 3—Runnegar, 1986<sup>[17]</sup>; 4—Wray 等, 1996<sup>[18]</sup>; 5—Ayala 等, 1998<sup>[19]</sup>; 6—Feng 等, 1997<sup>[20]</sup>; 7—Gu, 1998<sup>[21]</sup>; 8—Daniel 等, 1999<sup>[14]</sup>

许多现代分子生物学家也予以高度重视, 他们利用分子钟的理论和现代基因库的数据对后生动物的起源时间从不同方面进行推断(图 2)。

从图 2 可以看出, 依据分子数据推算, 现代后生动物很多门类应起源于前寒武纪, 而早寒武世的化石记录只反映了各门类的生态分异度, 并非各门类的起始点。类似的结论也由 Bromham 等<sup>[22]</sup>、Lynch<sup>[23]</sup>得出。根据分子钟方法得出的结果均早于化石记录的时间, 其中所推算的最早时间可达到 12 亿年<sup>[18]</sup>。

(2) 被子植物起源的研究。被子植物的起源是科学界普遍关心的热点问题。对于被子植物起源问题的研究, Qiu 等<sup>[40]</sup>用 5 个线粒体、质体、核苷酸基

外的其他地区的人群有着多种起源。根据化石记录, 现代智人 (*Homo sapiens*) 在解剖学上的改变首先出现在 100 000~140 000 年前的非洲<sup>[47]</sup>。这样分子生物钟所估算的人类起源的时间要早于化石记录的时间。

从以上实例来看, 根据分子钟所推算的一些生物门类起源的时间总是早于化石记录的时间, 因此分子钟与化石记录的矛盾是很明显的, 这也成为当前古生物学家们和分子生物学家们争论的焦点。

## 2 早期生命演化的化石证据

早期生命演化对于研究生命起源、进化具有重要地位, 是科学界研究的前沿和热点问题<sup>[48]</sup>。在过去 10 多年里, 对地球上早期生命的演化的研究取得了一些重要的进展, 随着一些新的化石记录的发现, 人们认识到一些重要生物在地球上出现的时间要早于原来化石记录所表明的时间, 这无疑为分子生物钟的假说提供了地质上的证据。

### 2.1 后生动物的化石证据

后生动物的起源问题一直困扰着人们。以前, 一般将澳大利亚震旦纪的伊迪卡拉动物群作为后生动物出现的标志。贵州瓮安陀山沱组磷块岩中化石动物群动物胚胎的发现为后生动物起源的研究提供了新的证据(尽管对这种胚胎还存在争议)。1998 年, 李家维<sup>[49]</sup>描述了磷块岩中具鞋状外形且周边有浓密的鞭毛的海绵幼虫, 以及保存下来的表层细胞、孔细胞、变形细胞、骨针细胞、海绵腔等软体组织, 认为是海绵大囊胚胚胎(表层细胞可见细胞核和胞质), 还发现与海绵一起的细胞结构保存完好的海藻, 因而得出后生动物的出现早于“寒武纪大爆发” 40~50 Ma。张昀<sup>[50]</sup>等则认为微化石形态(规则排列的直角细胞、细胞壁和浓缩的胞质)与海藻 *W. globosa* 扁平体类似, 因此所谓的海绵大囊胚胚胎实际上是海藻扁平体, 同时也承认其中保存有一些后生动物组织的形态, 而且其中的生物化学标记物及组成特征指示了有机物的来源主要是真核的多细胞藻类、细菌和古细菌<sup>[51]</sup>。此外, 薛耀松曾报道在陡山沱组磷块岩中发现有球形微化石<sup>[52]</sup>, 后经肖书海等人<sup>[53]</sup>鉴定为动物胚胎化石, 其特征与后生动物的早期卵裂阶段相似。然而, 扫描电子显微镜及能谱分析表明海绵可能是毒砂假化石<sup>[54]</sup>。这使得瓮安化石群是否包含早期后生动物受到挑战。不过最近

尹崇玉等宣称证实在贵州发现了 6.5 亿年前的多细胞动物胚胎化石<sup>[55]</sup>。

另外, Seilacher 等<sup>[56]</sup>根据对印度中部的中元古代 Chorhat 砂岩中的蠕虫遗迹化石的研究, 认为三胚层的后生动物起源应该早于 10 亿年左右。这一时间与分子生物钟理论所推测的后生动物起源的时间是十分接近的。

### 2.2 寒武纪生命大爆发的证据

传统的观点认为寒武纪是三叶虫的时代, 仅出现节肢动物、笔石、双壳、腕足等少量生物门类。自 20 世纪 80 年代以来, 随着对寒武纪生物群深入的研究, 尤其是中外学者对于我国云南澄江动物群<sup>[57~77]</sup>、贵州凯里动物群<sup>[78~80]</sup>的研究, 发现至寒武纪时许多门类后生动物突然同时大量出现, 包含有绝大多数现生动物所具有的门, 因此寒武纪被称为创造门的时代, 该现象被称为“寒武纪生命大爆发”(Cambrian explosion)。寒武纪生命大爆发为早期后生生物的研究提供了很好的素材, 同时也为分子生物钟的假说提供了化石记录方面的支持。例如: 过去一般认为到中奥陶世才出现鱼类为主的脊椎动物, 但是舒德干等先后从澄江动物群中发现华夏鳗、昆明鱼、海口鱼等原始鱼类<sup>[59~64]</sup>, 从而将脊椎动物的起源向前推进了 5 000 万年, 是对脊椎动物起源研究的重大突破。

### 2.3 被子植物的证据

被子植物的起源是科学界关注的热点问题。Crane 等<sup>[81]</sup>的研究表明被子植物从中白垩世开始就在地球的植物界占据了统治地位。孙革等<sup>[82,83]</sup>发现并研究了产于我国黑龙江鸡西早白垩世城子河组的花序化石, 认为这是迄今已知世界最早被子植物花序化石——*Archeafructus liaoningensis* Sun, Dilcher, Zheng et Zhou。花序由数十枚小花组成, 其花粉具典型的被子植物特征, 无明确的萌发口器。根据其所在层位下伏海相层化石佐证, 以及与以色列等地早期被子植物花粉化石的对比等, 该花序的地质时代可能为早白垩世 Hauterivian 晚期, 或 Hauterivian 晚期至 Barremian 早期。任东<sup>[84,85]</sup>等利用喜花昆虫与显花植物的协同进化关系, 以中国辽西的侏罗纪虻类化石为材料, 通过功能形态分析和与现代类群作对比, 证实虻类是显花植物最原始的传粉类群之一, 从虻类化石较高的演化水平和多样性可知被子植物群的分化还略早于晚侏罗世。利用喜花虻类化石的古地理分布资料推测出东亚, 特

别是中国东北是被子植物的起源中心之一。

生物的进化总是伴随着生物的大绝灭、复苏及随后的适应辐射向前发展, 由于化石记录的不完备性, 再加上化石形态较难辨别, 使得仅靠化石记录推测各生物类别的起源时间特别困难。从逻辑上讲, 随着越来越多的化石证据的发现, 各生物起源的时间只会整体向前推移(比预期的还要早), 但仅依靠化石证据只能通过新的化石记录的发现一步一步地向前推移。如何有效而准确地推测一些生物类别的起源时间, 最佳的办法是将化石记录与分子进化的方法相结合。但是从目前的现状来看, 分子生物钟所推测的时间总是早于化石记录, 如何判别分子钟所推导的时间的可靠性, 一方面要靠化石记录来证实, 另外古 DNA 的资料也为验证分子生物钟的方法提供了一条新的途径。

### 3 古 DNA 证据的意义

通过现代分子生物学技术对古代生物遗迹生物大分子的分析, 为人们了解古代生物演化开辟了新的途径<sup>[86, 87]</sup>, 尤其是通过对古代生物遗迹中 DNA 的分析, 直接揭示了古代生物极其重要的遗传信息, 并且能够提供有关现代生物和过去生物之间谱系关系的独特的、定量的信息, 使人们可直接发现漫长年代中生物种群的系统发生和演变规律<sup>[3, 88]</sup>。

古 DNA (ancient DNA, 简称 aDNA) 是指从博物馆、考古材料和古生物化石标本中获取的古代生物分子<sup>[89]</sup>。随着现代分子生物学、有机地球化学的理论和实验技术的不断发展, 尤其是在 1984 年人们从博物馆中的标本中提取出古代生物的 DNA 后<sup>[90]</sup>, 继后又分别从埃及木乃伊中提取古 DNA<sup>[91]</sup>以及从 1 700 多万年前 的木兰化石中提取出首例化石 DNA<sup>[92]</sup>以来, 在全球范围内掀起了研究古 DNA 的热潮, 取得了许多重要的研究成果<sup>[93~99]</sup>。同时, 古 DNA 也越来越广泛应用于绝灭物种和居群的系统发育关系和遗传性研究。迄今为止, 系统学家只能根据现生物种的基因数据来建立分子系统树, 现在有了不同时代生物的基因数据, 分子系统树就增加了时间因素。同时, 古 DNA 序列能提供现代 DNA 序列所不能提供的信息, 并可作为合适的外类群(outgroup)用以鉴别和确定祖征(ancestral characters), 因此而增加谱系的精度<sup>[88, 97]</sup>。

目前许多有关古代 DNA 的研究成果都涉及了

生物谱系关系这一主题。1997 年, 德国科学家 Pääbo 的实验室<sup>[3]</sup>及 Ovchinnikov 等<sup>[98]</sup>(2000)分别报道的尼安德特人线粒体 DNA, 进一步证明了尼安德特人的线粒体 DNA 与现代人线粒体基因库无关, 仍支持现代人起源的单一地区起源学说。

象亚科 的分类也是一个长期以来没有很好解决的问题。Yang 等<sup>[88]</sup>从已绝灭的美国乳齿象(*Mammuth americanum*)及猛犸象(*Mammuthus primigenius*)化石中获取线粒体细胞色素 *b* 基因序列作为外类群分析象亚科内现代亚洲象和非洲象的系统发育关系, 证实现生亚洲象与已绝灭的猛犸象之间的亲缘关系密切。

平胸类鸟类分歧时间的确定对于现代鸟类演化有着很重要的关系。Cooper<sup>[99]</sup>(2001)首次测定了已经绝灭了的两个新西兰恐鸟和来自于马达加斯加象鸟 1 000 个碱基对序列的完整线粒体基因组。通过这些大量的数据统计来估计其分子水平分歧的时限, 得出平胸类鸟的分歧时间是始于晚白垩世, 同时也意味着, 其它现代鸟类也是如此, 这和古生物数据是一致的。

由于不同生物门类存在不同的分子钟, 利用分子数据推测不同门类各类群间的分化时间应有所区别, 即需要对相应的分子钟进行校正。另外, 现代基因库中绝大部分是现生生物的分子数据, 只能代表现在这个时间点上的生物基因特征。而古 DNA 序列数据不仅丰富了分子数据库, 而且如果我们能够获得某一类生物在地质历史时期不同时间点上的 DNA 序列, 那样就可以结合古 DNA 序列数据在时间序列上来校正相应的分子钟, 检验分子进化速率, 寻找进化速率恒定的谱系, 进而推测各类群间的分化时间。

### 4 结 语

化石记录是客观存在的, 但因为它本身的局限性, 它所代表的生物起源时间又不是绝对的。分子钟假说为我们推导生物起源时间提供了一条新的思路 and 途径。但是, 目前通过分子钟理论推导的一些生物类别的起源总是早于化石记录的时间, 而这种理论上的起源时间如果没有化石记录佐证, 就难以被人接受, 当前学术界对此的争议是很激烈的。当随着新的化石记录的不断发现, 两者在时间上的差距会越来越小。直接从古代生物样品中得到的古

DNA 序列证据, 丰富了生物分子数据, 对于修正分子钟和早期生命演化均具有十分重要的意义。

## References[参考文献]:

- [1] ZHANG Y. *Biology Evolution* [M]. Beijing: Peking University Publisher, 1998 (in Chinese). [张昉. 生物进化[M]. 北京: 北京大学出版社, 1998.]
- [2] YAN X H, LI Y Q. Try to discuss the indistinction about the fossils to prove evolution[J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Yan'an*, 1998, 17(3): 73-76 (in Chinese). [阎锡海, 李延清. 试论化石证明生物进化的模糊性[J]. 延安大学学报(自然科学版), 1998, 17(3): 73-76.]
- [3] KRINGS M, STONE A, SCHMITZ R W, et al. Neandertal DNA sequences and the origin of modern human[J]. *Cell*, 1997, 90(1): 19-30.
- [4] ZUCKERKANDL E, PAULING L. Evolutionary divergence and convergence in proteins[A]. BRYSON V, VOGEL H J. *Evolving Genes and Proteins* [M]. New York: Academic Press, 1965. 97-166.
- [5] LI W H. *Molecular Evolution* [M]. Sunderland: Sinauer Associates, USA, 1997.
- [6] MARK P. Inferring the historical patterns of biological evolution[J]. *Nature*, 1999, 401: 877-884.
- [7] SARICH V M, WILSON A C. Rates of albumin evolution in primates[J]. *Anthropology*, 1967, 58: 142-148.
- [8] SARICH V M, WILSON A C. Generation time and genomic evolution in primates[J]. *Science*, 1973, 179: 1144-1147.
- [9] WU C I, LI W H. Evidence for higher rates of nucleotide substitution in rodents than in man[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1985, 82: 1741-1745.
- [10] LI P, BOUSQUET J. Relative-rate test for nucleotide substitution between two lineages[J]. *Mol Biol Evol*, 1992, 9: 1185-1187.
- [11] TAJIMA F. Simple methods for testing the molecular evolutionary clock hypothesis[J]. *Genetics*, 1993, 135: 599-607.
- [12] TANG X H, HUANG D SH, ZHANG X Y, et al. An introduction to the method and program for relative-rate test[J]. *Journal of Wuhan Botanical Research*, 1999, 17(4): 353-356 (in Chinese). [唐先华, 黄德世, 张晓艳, 等. 相对速率检验方法与实用程序[J]. 武汉植物学研究, 1999, 17(4): 353-356.]
- [13] KIMURA M. *The Neutral Theory of Molecular Evolution* [M]. Cambridge: Cambridge University Press, 1983.
- [14] WANG D Y-C, KUMAR S, BLAIR H S. Divergence time estimates for the early history of animal phyla and the origin of plants, animals and fungi[J]. *Proc R Soc Lond B*, 1999, 266: 163-171.
- [15] BROWN R H, RICHARDSON M, BOULTER D, et al. The amino acid sequence of cytochrome c from *Helix aspersa* Mfeller (garden snail)[J]. *Biochem J*, 1972, 128: 971-974.
- [16] RUNNEGAR B. A molecular-clock date for the origin of the animal phyla[J]. *Lethaia* 1982, 15: 199-205.
- [17] RUNNEGAR B. Molecular palaeontology[J]. *Palaeontology* 1986, 29: 1-24.
- [18] WRAY G, LEVINTON J S, SHAPIRO L H. Molecular evidence for deep Precambrian divergences among the metazoan phyla[J]. *Science*, 1996, 274: 568-573.
- [19] AYALA F J, RZHETSKY A. Origin of the metazoan phyla: molecular clocks confirm paleontological estimates[J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1998, 95: 606-611.
- [20] FENG D F, CHO G, DOOLITTLE R F. Determining divergence times with a protein clock: update and reevaluation[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1997, 94: 13028-13033.
- [21] GU X. Early metazoan divergence was about 830 million years ago[J]. *J Molec Evol*, 1998, 47: 369-371.
- [22] BROMHAM L, RAMBAUT A, FORTEY R, et al. Testing the Cambrian explosion hypothesis by using a molecular dating technique[J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1998, 95: 12386-12389.
- [23] LYNCH M. The age and relationships of the major animal phyla[J]. *Evolution*, 1999, 53: 319-325.
- [24] THOMAS M G, HAGELBERG E, JONES H B, et al. Molecular and morphological evidence on the phylogeny of the Elephantidae[J]. *Proceedings: Biological Sciences*, 2000, 267: 2493-2500.
- [25] XIANG Q Y, SOLTIS D E, SOLTIS P S, et al. Timing the Eastern Asian-Eastern North American Floristic Disjunction: molecular clock corroborates paleontological estimates[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2000, 15(3): 462-472.
- [26] JARMAN S N, ELLIOTT N G. DNA evidence for morphological and cryptic Cenozoic speciations in the Anaspididae, "living fossils" from the Triassic[J]. *Journal of Evolutionary Biology*, 2000, 13(4): 624-633.
- [27] FERNANDO P, PFRENDER M E, ENCALADA S E, et al. Mitochondrial DNA variation, phylogeography and population structure of the Asian elephant[J]. *Heredity*, 2000, 84(3): 362-372.
- [28] ALROY J. The fossil record of North American mammals: evidence for a Paleocene evolutionary radiation[J]. *Systematic Biology*, 1999, 48(1): 107-118.
- [29] BROMHAM L, PHILLIPS M J, PENNY D. Growing up with dinosaurs: molecular dates and the mammalian radiation[J]. *Trends in Ecology and Evolution*, 1999, 14(3): 113-118.
- [30] SU B, WANG Y X, LAN H, et al. Phylogenetic study of complete cytochrome b genes in Musk Deer (Genus *Moschus*) using museum samples[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 1999, 12(3): 241-249.
- [31] BAUM D A, SMALL R L, WENDEL J F. Biogeography and

- floral evolution of Baobabs *Adansonia*, Bombacaceae as inferred from multiple data sets [J]. *Systematic Biology*, 1998, 47(2): 181-207.
- [32] JAEGER J J, CHAIMANEE Y, DUCROCQ S. Origin and evolution of Asian hominoid primates, paleontological data versus molecular data[J]. *Comptes Rendus del Academie des Sciences Series III Sciences de la Vie J*, 1998, 321(1): 73-78.
- [33] COOPER A, FORTEY R. Evolutionary explosions and the phylogenetic fuse[J]. *Trends in Ecology and Evolution*, 1998, 13(4): 151-156.
- [34] BROMHAM L D, HENDY M D. Can fast early rates reconcile molecular dates with the Cambrian explosion[J]? *Proceedings: Biological Sciences*, 2000, 267: 1041-1047.
- [35] MATHEWS S, DONOGHUE M J. The root of Angiosperm phylogeny inferred from duplicate phytochrome genes[J]. *Science*, 1999, 286: 947-953.
- [36] BARKMAN T J, CHENERY G, MCNEAL J R, et al. Independent and combined analyses of sequences from all three genomic compartments converge on the root of flowering plant phylogeny[J]. *Proc Natl Acad Sci*, 2000, 97: 13166-13171.
- [37] ZHONG Y, SHI S H, TANG X H, et al. Testing relative evolutionary rates and estimating divergence times among six genera of Rhizophoraceae using cpDNA and nrDNA sequences [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2000, 45 (1): 40-44 (in Chinese). [钟扬, 施苏华, 唐先华, 等. 红树科 6 属 cpDNA 和 nrDNA 序列相对速率检验及分歧时间估计[J]. 科学通报, 2000, 45(1): 40-44.]
- [38] CANN R L, STONEKING M, WILSON A C. Mitochondrial DNA and human evolution[J]. *Nature*, 1987, 325: 31-36.
- [39] INGMAN M, KAESMANN H, PääBO S, et al. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans[J]. *Nature*, 2000, 408: 708-712.
- [40] QIU Y L, LEE J, BERNASCONI-QUADRONI F, et al. The earliest angiosperms: evidence from mitochondrial, plastid and nuclear genomes[J]. *Nature*, 1999, 402: 404-407.
- [41] WANG K F, ZHANG Y L, WANG Y Y. Pollen morphology of Rhizophoraceae in China and its implication for ocean geological exploration [J]. *Chinese Science Bulletin*, 1975, 20 (11): 518-524 (in Chinese). [王开发, 张玉兰, 王永元. 我国红树植物花粉形态研究及其在海洋地质勘探中的意义[J]. 科学通报, 1975, 20(11): 518-524.]
- [42] MULLER J, CARATINI C. Pollen of *Rhizophora* (Rhizophoraceae) as a guide fossil[J]. *Pollen et Spores*, 1977, 19: 361-389.
- [43] OLIVIO P D, WALLE V de M J, LAIPIS P J, et al. Nucleotide sequence evidence for rapid genotypic shifts in the bovine mitochondrial DNA D-loop[J]. *Nature*, 1983, 306: 400-402.
- [44] BROWN W M, GEORGE M Jr, WILSON A C. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA[J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1979, 76: 1967-1971.
- [45] GILES R E, BLANC H, CANN H M, et al. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA[J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1980, 77: 6715-6719.
- [46] WAINSCOT J S, HILL A V S, BOYCE A L, et al. Evolutionary relationships of human populations from an analysis of nuclear DNA polymorphisms[J]. *Nature*, 1986, 319: 491-493.
- [47] RIGHTMIRE G P, BRÄUER G. A world survey of the fossil evidence[A]. SMITH F H, SPENCER F. *Origins of Modern Humans*[M]. 1984, 295-410.
- [48] SHU D G, CHEN L, HAN J, et al. An Early Cambrian tunicate from China[J]. *Nature*, 2001, 411: 472-473.
- [49] LI C W, CHEN J Y, HUA T E. Precambrian sponges with cellular structures[J]. *Science*, 1998, 279: 879.
- [50] ZHANG Y, YUAN X L, YIN L M. Interpreting Late Precambrian microfossils[J]. *Science*, 1998, 282: 1783.
- [51] YIN CH X, ZHANG Y, JIANG N H. Organic matters from the fossil-bearing phosphorites of the Neoproterozoic Doushantuo Formation in Guizhou, South China[J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Pekinensis*, 1999, 35(4): 509-517 (in Chinese). [殷纯嘏, 张昀, 姜乃煌. 贵州新元古代陀山沱组磷块岩中的有机化合物[J]. 北京大学学报(自然科学版), 1999, 35(4): 509-517.]
- [52] XUE Y S, ZHOU CH M, TANG T F. "Animal embryos", a misinterpretation of neoproterozoic microfossils[J]. *Acta Micropalaeontologica Sinica*, 1999, 16 (1): 1-4 (in Chinese). [薛耀松, 周传明, 唐天福. "动物胚胎"——对瓮安地区陀山沱组微体化石的错误解释[J]. 微体古生物学报, 1999, 16(1): 1-4.]
- [53] XIAO S H, ZHANG Y, KNOLL A H. Three-dimensional preservation of algae and animal embryos in a Neoproterozoic phosphorite[J]. *Nature*, 1998, 391: 553-558.
- [54] ZHOU CH M, YUAN X L. Sponge spicule-like pseudofossils from the Neoproterozoic Toudoushan Formation in Weng'an, Guizhou, China[J]. *Acta Micropalaeontologica Sinica*, 1998, 15(4): 380-384 (in Chinese). [周传明, 袁训来. 贵州瓮安上震旦统陀山沱组骨针状假化石[J]. 微体古生物学报, 1998, 15(4): 380-384.]
- [55] YING CH Y, YUE ZH, GAO L ZH. Discovery of phosphated gastraea embryo fossils in phosphate of Doushantuo Fm. from Wengan [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2001, 46 (12): 1036-1039 (in Chinese). [尹崇玉, 岳昭, 高林志. 磷酸盐原肠胚化石在瓮安陡山沱组磷块岩中的发现[J]. 科学通报, 2001, 46(12): 1036-1039.]
- [56] SEILACHER A, BOSE P K, PFLÜGER F. Animals more than 1 billion years ago: trace fossil evidence from India[J]. *Science*, 1998, 282: 80-83.
- [57] CHEN J Y, DZIK J, EDGEcombe G D, et al. A possible early Cambrian chordate[J]. *Nature*, 1995, 377: 720-722.
- [58] SHU D G, GEYER G, CHEN L, et al. Redlichiacean trilobites with preserved soft-parts from the Lower Cambrian

- Chengjiang fauna[J]. *Beringaria Spec Iss*, 1995, 2: 203-241.
- [59] SHU D G, ZHANG X, GEYER G. Anatomy and systematic affinities of Lower Cambrian bivalved arthropod *Isoxys auritus*[J]. *Alcheringa*, 1995, 19: 333-342.
- [60] SHU D G, ZHANG X, CHEN L. Reinterpretation of *Yunnanozoon* as the earliest known hemichordate[J]. *Nature*, 1996, 380: 428-430.
- [61] SHU D G, MORRIS S C, ZHANG X L. A *Pikaia*-like chordate from the lower Cambrian of China[J]. *Nature*, 1996, 384: 157-158.
- [62] SHU D G, MORRIS S C, ZHANG X L, et al. A pipiscid-like fossil from the Lower Cambrian of South China[J]. *Nature*, 1999, 400: 746-749.
- [63] SHU D G, LUO H L, MORRIS S C, et al. Lower Cambrian vertebrates from South China[J]. *Nature*, 1999, 402: 42-46.
- [64] ZHANG X L, SHU D G, LI Y, et al. New sites of Chengjiang fossils: crucial windows on the Cambrian explosion[J]. *J Geol Soc Lond*, 2001, 158: 211-218.
- [65] ZHANG W T, HOU X G. Preliminary notes on the occurrence of the unusual trilobite *Naraoia* in Asia[J]. *Acta Palaeontologica Sinica*, 1985, 24(6): 591-595 (in Chinese). [张文堂, 侯先光. *Naraoia* 在亚洲大陆的发现[J]. 古生物学报, 1985, 24(6): 591-595.]
- [66] HOU X G. Three new large arthropods from Lower Cambrian Chengjiang, eastern Yunnan [J]. *Acta Palaeontologica Sinica*, 1987, 26(3): 272-279 (in Chinese). [侯先光. 云南澄江早寒武世三个新的大型节肢动物[J]. 古生物学报, 1987, 26(3): 272-279.]
- [67] HOU X G. Early Cambrian large bivalved arthropods from Chengjiang, Eastern Yunnan[J]. *Acta Palaeontologica Sinica*, 1987, 26(3): 286-292 (in Chinese). [侯先光. 云南澄江早寒武世大型双瓣壳节肢动物[J]. 古生物学报, 1987, 26(3): 286-292.]
- [68] SUN W G, HOU X G. Early Cambrian worms from Chengjiang, Yunnan, China: *Mao-lianohania* GEV. NOV. [J]. *Acta Palaeontologica Sinica*, 1987, 26(3): 299-303 (in Chinese). [孙卫国, 侯先光. 云南澄江早寒武世蠕虫化石[J]. 古生物学报, 1987, 26(3): 299-303.]
- [69] CHEN J Y, HOU X G. Lower Cambrian leptomitids (demospongia), Chengjiang, Yunnan [J]. *Acta Palaeontologica Sinica*, 1989, 28(1): 17-31 (in Chinese). [陈均远, 侯先光. 云南澄江下寒武统细丝海绵化石[J]. 古生物学报, 1989, 28(1): 17-31.]
- [70] CHEN J Y, ZHU M Y, ZHOU G Q. The Early Cambrian Medusiform metazoan *Eldonia* from the Chengjiang Lagerstatte [J]. *Acta palaeontologica Polonica*, 1995, 40: 213-244.
- [71] HOU X G. New rare bivalve arthropods from the Lower Cambrian Chengjiang fauna [J]. *Journal of Paleontology*, 1999, 73(1): 102-116.
- [72] HOU X G, BERSTROM J. Arthropods from the Lower Cambrian Chengjiang fauna, Southwest China [J]. *Fossils and Strata*, 1997, 45: 1-16.
- [73] HOU X G, SIVETER D J, WILLIAMS M, et al. An early Cambrian bradoriid arthropod from China with preserved appendages: its bearing on the origin of the Ostracoda [J]. *Philosophical Transaction of the Royal Society of London*, 1996, B351: 1131-1145.
- [74] HOU X G, BERGSTROM J. Arthropods of the Lower Cambrian Chengjiang fauna, Southwest China [J]. *Fossils Strata*, 1997, 45: 1-115.
- [75] LUO H L, ZHANG SH SH. Early Cambrian vermes and trace fossils from Jinning-Anning region, Yunnan [J]. *Acta Palaeontologica Sinica*, 1986, 25(3): 307-312 (in Chinese). [罗惠麟, 张世山. 云南晋宁、安宁地区早寒武世蠕形动物及遗迹化石[J]. 古生物学报, 1986, 25(3): 307-312.]
- [76] LUO H L. Geography distributing of the Cambrian biology from Eastern Yunnan [J]. *Yunnan Geology*, 1994, 13(3): 233-239 (in Chinese). [罗惠麟. 云南东部寒武纪生物地理分区[J]. 云南地质, 1994, 13(3): 233-239.]
- [77] LUO H L, HU SH X. New occurrence of the early Cambrian Chengjiang fauna from Haikou, Kunming, Yunnan Province and study on trilobiroidea [J]. *Acta Geologica Sinica*, 1997, 71(2): 97-104 (in Chinese). [罗惠麟, 胡世学. 昆明海口早寒武世澄江动物群的新发现及三叶虫研究[J]. 地质学报, 1997, 71(2): 97-104.]
- [78] ZHAO Y L, YUAN J L, HUANG Y ZH. Middle Cambrian Kaili fauna in Taijiang, Guizhou [J]. *Acta Palaeontologica Sinica*, 1994, 33(3): 263-271 (in Chinese). [赵元龙, 袁金良, 黄友庄, 等. 贵州台江中寒武世凯里动物群[J]. 古生物学报, 1994, 33(3): 263-271.]
- [79] ZHAO Y L, HUANG Y ZH, MAO J R, et al. Composition and significance of the Middle Cambrian Kaili Lagerstatte in Taijiang, Guizhou, China: a New Burgess Type Lagerstatte [J]. *Guizhou Geology*, 1996, 13(2): 105-114 (in Chinese). [赵元龙, 黄友庄, 毛家仁, 等. 凯里化石库[J]. 贵州地质, 1996, 13(2): 105-114.]
- [80] ZHAO Y L, YUAN J L, ZHU M Y, et al. Cambrian faunal sequences in Guizhou and its significance [J]. *Modern Geology*, 1999, 13(2): 245-246 (in Chinese). [赵元龙, 袁金良, 朱茂炎, 等. 贵州寒武纪系列生物群及其研究意义[J]. 现代地质, 1999, 13(2): 245-246.]
- [81] CRANE P R, FRIIS E M, PEDERSEN K R. The origin and early diversification of angiosperms [J]. *Nature*, 1995, 374: 27-33.
- [82] SUN G, DILCHER D L. Discovery of the oldest known angiosperm inflorescences in the world from Lower Cretaceous of Jixi, China [J]. *Acta Palaeontologica Sinica*, 1997, 36(2): 135-142 (in Chinese). [孙革, DILCHER D L. 迄今世界最早被子植物花序化石的首次发现[J]. 古生物学报, 1997, 36(2): 135-142.]
- [83] SUN G, DILCHER D L, ZHENG S, et al. In search of the first flower: a Jurassic angiosperm, *Archeafructus*, from



- Northeast China[J]. *Science*, 1998, 282: 1692-1695.
- [84] REN D, HONG Y CH. Origin of angiosperms based on the flower-loving brachycera fossils[J]. *Acta Zoo Taxonomica Sinica*, 1998, 23(2): 212-221 (in Chinese). [任东, 洪友崇. 被子植物的起源——以喜花虻类化石为据[J]. *动物分类学报*, 1998, 23(2): 212-221.]
- [85] REN D. Flower-associated Brachycera flies as fossil evidence for Jurassic angiosperm origins[J]. *Science*, 1998, 280: 85-88.
- [86] WANG J K. *The Chemistry of Aminophenol Biology Earth* [M]. Beijing: Science Press, 1991. 54-65 (in Chinese). [王将克. 氨基酸生物地球化学[M]. 北京: 科学出版社, 1991. 54-65.]
- [87] LAI X L. Ancient biomolecules and molecular archaeology [J]. *Advance in Earth Sciences*, 2001, 16(2): 163-171 (in Chinese). [赖旭龙. 古代生物分子与分子考古学[J]. *地球科学进展*, 2001, 16(2): 163-171.]
- [88] YANG H, GOLENBERG E M, SHOSHANI J. Phylogenetic resolution within the Elephantidae using fossil DNA sequence from the American mastodon (*Mammot americanum*) as an outgroup[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1996, 93: 1190-1194.
- [89] HERRANN B, HUMMEL S. *Ancient DNA* [M]. New York: Springer-Verlag, 1994.
- [90] HIGUCHI R, BOWMAN B, FREIBERGER M, et al. DNA sequence from the quagga, an extinct member of the horse family[J]. *Nature*, 1984, 312: 282-284.
- [91] PääBO S. Molecular cloning of ancient Egyptian mummy DNA[J]. *Nature*, 1985, 314: 644-645.
- [92] GOLENBERG E M, GIANNI D E, CLEGG M T, et al. Chloroplast DNA sequence from a Miocene *Magnolia* species [J]. *Nature*, 1990, 334: 656-658.
- [93] DESALLE R, GATESY J, WHEELER W, et al. DNA sequences from a fossil termite in Oligo—Miocene amber and their phylogenetic implications[J]. *Science*, 1992, 257: 1933-1936.
- [94] CANO R J, PONIAR H N, PIENINAZEK N J, et al. Amplification and sequencing of DNA from 120~135 million year old weevil[J]. *Nature*, 1993, 363: 536-538.
- [95] CANO R J, BORUCKI M K, SCHWEITZER M H, et al. *Bacillus* DNA in fossil bees: an ancient symbiosis[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1994, 60(6): 2164-2167.
- [96] HÖSS M, DILLING A, CURRANT A, et al. Molecular phylogeny of the extinct ground sloth *Myiodon darwini*[J]. *Evolution*, 1996, 93: 181-185.
- [97] BERAUD C E, ROUBIN R, MARTIN J, et al. Human  $\beta$ -globin gene polymorphisms characterized in DNA ancient bones 12 000 years old[J]. *American Journal of Human Genetics*, 1995, 57: 1267-1274.
- [98] OVCHINNIKOV I V, GOTHERSTROM A, ROMANOVA G P, et al. Molecular analysis of Neanderthal DNA from the northern Caucasus[J]. *Nature*, 2000, 404: 490-493.
- [99] COOPER A, LALUEZA F C, ANDERSON S, et al. Complete mitochondrial genome sequences of two extinct moas clarify ratite evolution[J]. *Nature*, 2001, 409: 704-707.

## HYPOTHESIS OF MOLECULAR CLOCK AND FOSSIL RECORD—A REVIEW

TANG Xian-hua<sup>1</sup>, LAI Xu-long<sup>1</sup>, ZHONG Yang<sup>2</sup>, LI Tao<sup>1</sup>, YANG Shu-juan<sup>1</sup>

(1. Faculty of Earth Sciences, China University of Geosciences, Wuhan 430074, China;

2. Institute of Biodiversity, Fudan University, Shanghai 200433, China)

**Abstract:** Evolution is the core of the life science. The evolution of early life plays an important role during the organism evolution, and it becomes the frontier and hot topic of the scientific research. Based on genetic distances, molecular evolution rates established by the hypothesis of molecular clock can be used to deduce the origin or divergence time of different organism taxa. This indirect data can be compared with the direct data obtained from fossil records. Molecular clock provides new approach for studying of the evolution of early life in view of molecular evolution. It not only can be used to test the conclusions inferred from fossil records, but also can be used to deduce the evolutionary history of the taxa without completed fossil record. However, the origin time inferred by molecular clock is always earlier than that by the fossil record. This approach is still controversial. This paper reviews the progresses of the study of early life evolution including the origin of Metazoan, Cambrian explosion and origin of Angiosperm

based on new finds of fossil record, introduces the molecular clock hypothesis and its application to the research on the origin time of early life, and indicates the conflicts between molecular clock and fossil record as well. Authors also consider that ancient DNA data can be used to modify the molecular clock hypothesis.

**Key words:** evolution of early life; fossil record; molecular clock; ancient DNA

---

## 《地学前缘》排名位居中国科技期刊前列

据中国科学技术信息研究所 2001 年 11 月统计资料,《地学前缘》影响因子为 1.071,居地球科学类期刊第 1 位,居全国高校科技期刊第 1 位(已连续 4 年居全国高校科技期刊第 1 位),居中国 1 400 多种统计源科技期刊第 15 位。

据 2002 年 1 月 22 日《科学时报》刊载,《地学前缘》被列入 100 名显示度(据 13 项指标统计)高的中国自然科学学术期刊排行榜,成为其中 10 份地学类期刊之一。

## *Earth Science Frontiers* front-ranked among Chinese journals of sciences and technologies

According to the statistical data published by the Institute of Scientific and Technical Information of China (ISTIC) in November, 2001, the impact factor of the *Earth Science Frontiers* (ESF) reached 1.071, the ESF is ranked the first among Chinese journals of earth sciences and the top among all Chinese university journals of sciences and technologies (in the top position for four consecutive years) and the 15th among China's 1 400 journals of sciences and technologies that were cited as the source journals for statistics by ISTIC.

As reported by *Science Times* on January 22, 2002, the *Earth Science Frontiers* has been included in the list of one hundred Chinese academic journals of natural sciences that have highest visibility (based on thirteen-terms statistics), there are totally ten journals of earth sciences on the list.