



科学家开发出一种推断人类谱系史的非参数统计方法

日期: 2022年04月27日 15:52 来源: 科技部生物中心 【字号: 大 中 小】

现代及古代人类基因组序列表征可揭示人类进化历程中未知的特征。基因组数据库的不断扩大有助于实现对进化更深入的理解。但是, 样本采集、分析手段的差异导致基因组数据库中既包含真正的基因变异, 又包含复杂的缺失与错误。因此, 基因组数据库具有高度异质性。如何从该高度异质的基因组数据中更全面了解人类进化过程成为当前重要挑战之一。

近日, 英国牛津大学研究团队在《Science》杂志上发表题为“A unified genealogy of modern and ancient genomes”的文章, 建成目前最详细的人类遗传谱系之一, 揭示世界各地个体如何相互关联。

研究团队采用树序列 (tree sequences) 描述人类祖先基因关系, 通过对树结构的估计整合不同基因数据集并深入了解人类遗传多样性。研究团队利用非参数统计方法推断现代及古代人类基因样本的统一谱系, 通过计算机仿真和经验数据分析共同验证非参数统计方法有效性, 并应用非参数统计方法揭示人类遗传多样性和进化特征。该研究通过整合不同数据库的现代和古代人类基因组数据, 建成了目前最详细的人类遗传图谱。在样本基因组信息基础上添加位置数据信息后, 该研究团队使用非参数估计器预测共同祖先居住地, 成功重现了人类进化史上的关键事件, 如走出非洲。

该研究表明全基因组谱系为研究人类历史和进化提供了一个强大平台。

论文链接:

<https://www.science.org/doi/10.1126/science.abi8264>

注: 此研究成果摘自《Science》杂志, 文章内容不代表本网站观点和立场, 仅供参考。

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口



版权所有: 中华人民共和国科学技术部

办公地址: 北京市西城区文兴东街1号国宾馆(过渡期办公) | 联系我们

邮政地址: 北京市海淀区复兴路乙15号 | 邮政编码: 100862

ICP备案序号: 京ICP备05022684 | 网站标识码: bm06000001 | 建议使用IE9.0以上浏览器或兼容浏览器