

收藏本站 设为首页

English 联系我们 网站地图 邮箱 旧版回顾



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展,  
率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



官方微博



官方微信

首页 组织机构 科学研究 人才教育 学部与院士 资源条件 科学普及 党建与创新文化 信息公开 专题

搜索

首页 &gt; 科研进展

## 古脊椎所发表人类史前史研究综述文章

文章来源: 古脊椎动物与古人类研究所 发布时间: 2018-01-30 【字号: 小 中 大】

我要分享

过去十年里, 古DNA研究领域日益兴盛, 并在古人类样本的全基因组数据测序方面取得前所未有的成功。大多数研究将目光聚焦于古代人类, 包括与现今某个或多个人群有密切联系的现代人, 亦有如尼安德特人等已灭绝古人类。

来自不同时间和地点的古代人类的基因组数据不断涌现, 随之带来的是从时间和空间上大规模研究人类史前史的更多可能性与发展趋势。中国科学院古脊椎动物与古人类研究所分子生物学实验室研究员付巧妹和博士Melinda Yang的综述文章, 以《古基因组洞察现代人的史前史》为题, 1月26日发表在*Trends in Genetics*上。论文在大量已有研究的框架下, 全面阐述了史前时期现代人群遗传演化的主要特征。

该研究阐述了过去几年来发现的史前人类的演化谱图, 重点展开对农耕文化出现之前距今7,500年至15,000年间现代人的遗传演化研究。

通过对3.5-4.5万年前现代人的古DNA分析, 显示出欧亚古代人群的多样性。这些迄今为止所获取的最古老的现代人的基因组数据表明: 当时存在多种不同人群; 其中有一部分对现今人群有遗传贡献, 如俄罗斯和比利时的个体与当代欧洲人关系最密切, 中国北部的个体与当代东亚人最亲近; 而其他个体则把焦点指向一些已消失的人群, 如该时段的至少两个个体(西伯利亚西部和罗马尼亚)显示其代表人群对现今欧亚人没有遗传贡献。

末次盛冰期的人群分化、迁移、部分或全部更替通常是区域性人类史前史的普遍主题。文章用该时期约1.5-3.5万年前的人类样本直观体现出欧亚西部人群的情况。一距今3.5万年的比利时个体不同于其他欧洲早期现代人分支, 所代表的人群之后并没有消失, 相关遗传信息在1.9-1.4万年前再次扩散。这可能代表着在冰期后期从欧洲西南部来的难民进一步在大陆上寻找栖息地, 进行人类群体的扩张。在欧亚东部, 贝加尔湖区域发现的距今1.7-2.4万年的个体有着与欧洲早期现代人群相似的遗传成分, 该人群分布在欧亚北部地区, 如今已消失; 同时, 这些“North Eurasians”(欧亚北部人)与美洲土著人群有很大程度上的遗传联系。

随着末次盛冰期后气候变暖, 大约1.4万年前, 欧亚之间出现更多交流。西欧古人群与当代东亚人群和近东人群显示有少量联系, 一些东欧古人类个体也显示含有“欧亚北部人”的遗传成分。高加索地区个体开始发现具有与“Basal Eurasian”(古欧亚人)相关的遗传成分, 该人群没有直接存在的样本, 在欧亚人群分离之前, 没有经历最后一次走出非洲, 在日前欧洲人群和近东人群中都发现有这种“古欧亚人”的遗传成分。

此外, 研究深入分析了欧亚人群的外观与遗传变异之间的联系, 得到一些令人惊奇的结果: 7,500年前的欧洲人是深色皮肤, 蓝眼睛在1.4万年前才开始出现。例如, 发现西班牙距今7,500年的个体, 不仅携带欧洲人深色皮肤基因, 而且拥有蓝眼睛的基因。

日前, 欧亚西部与北部的研究比较全面, 对于东亚、非洲和美洲人类的古基因组研究也在持续增多。所有研究都有一条共同路径, 即可以通过人类古基因组, 来揭示世界各区域人类在史前时代迁移、分化与交流的复杂历史。

文章讨论的另一研究方向, 是通过现代人的基因组分析, 探讨现代人群与已灭绝的古人类之间的关系, 相互之间的影响。一些早期现代人个体, 已证实现代人群与已灭绝的古人类之间确实发生过基因交流; 通过对这些早期现代人所含有的尼安德特人基因序列的比例和长度的大量研究, 明确尼安德特人与非非洲的现代人群之间的基因交流发生在约5-6万年前。

对已灭绝古人类和现代人的基因组研究表明, 人类史前时期发生过多次已灭绝古人类与现代人之间的基因交流事件。罗马尼亚距今3.9万年前个体揭示出古人群之间发生过很近的一次基因交流, 即这个早期现代人个体4-6代前的祖先存在有尼安德特人; 现今大洋洲的部分人群与丹尼索瓦人之间有亲近性。丹尼索瓦人和尼安德特人是两种不同的已灭绝古人类, 在现今人群中单一或混合遗传的比例程度不一, 这也暗示着有这些人群之间有更多基因交流的可能性。

虽然针对少数人类古基因组分析极为有用, 文章也强调研究多个不同时期的人类基因组的重要性。此前所进行的相关研究工作表明, 现代人群中已灭绝古人类遗传成分的比例在早期一段时期内逐渐下降, 其中不适于现代人群生存的部分被自然选择去除。

### 热点新闻

#### 国科大举行2018级新生开学典礼

中科院党组学习贯彻习近平总书记在全国...  
中科院党组学习研讨药物研发和集成电路...  
中国科大举行2018级本科生开学典礼  
中科院“百人计划”“千人计划”青年项...  
中国散裂中子源通过国家验收

### 视频推荐

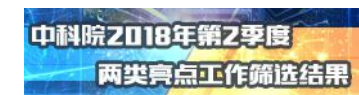


【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



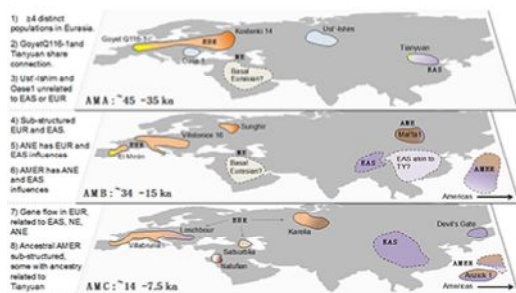
【中国纪录片】筑梦路上: (第三十集)——创新驱动

### 专题推荐



文章在突出研究所发现的早期现代人的演化模式之外，还强调取样地点的重要性，并提出一些关键问题。欧亚西部以外地区更大范围的取样将有助于更好揭示人群遗传演化的动态过程，以及全球范围内史前人群之间基因交流的类型。同一区域和时段内更多样本的发现，则将利于开展对史前人群遗传变异分布的研究，从而帮助我们了解该人群的延续性和环境适应能力。现有人群中所含有的古人群基因的含量，也暗示我们将通过史前人类样本揭示这些古人群来自的地方与年代。文章展示了该领域丰富的研究成果，然而要了解人类史前史的全貌，前方仍是长路漫漫。

研究工作获得了国家重点科研项目、中科院、国家自然科学基金委、美国霍华德·休斯医学研究所的资助。



距今7,500-45,000年间欧亚人群（和美洲人群）的样本分布与演化分析图（引自文章）。该图划分三个时期人群：早期现代人群A、B、C（AMA、AMB、AMC）；不同颜色代表不同遗传成分，EUR意指与现今欧洲人有关遗传成分，NE意指与近东人有关遗传成分，EAS意指与现今东亚人有关遗传成分，AMER意指与现今美洲土著人有关遗传成分；虚线部分为无可利用样本，其他部分为关键样本。

(责任编辑: 侯茜)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们  
 地址：北京市三里河路52号 邮编：100864