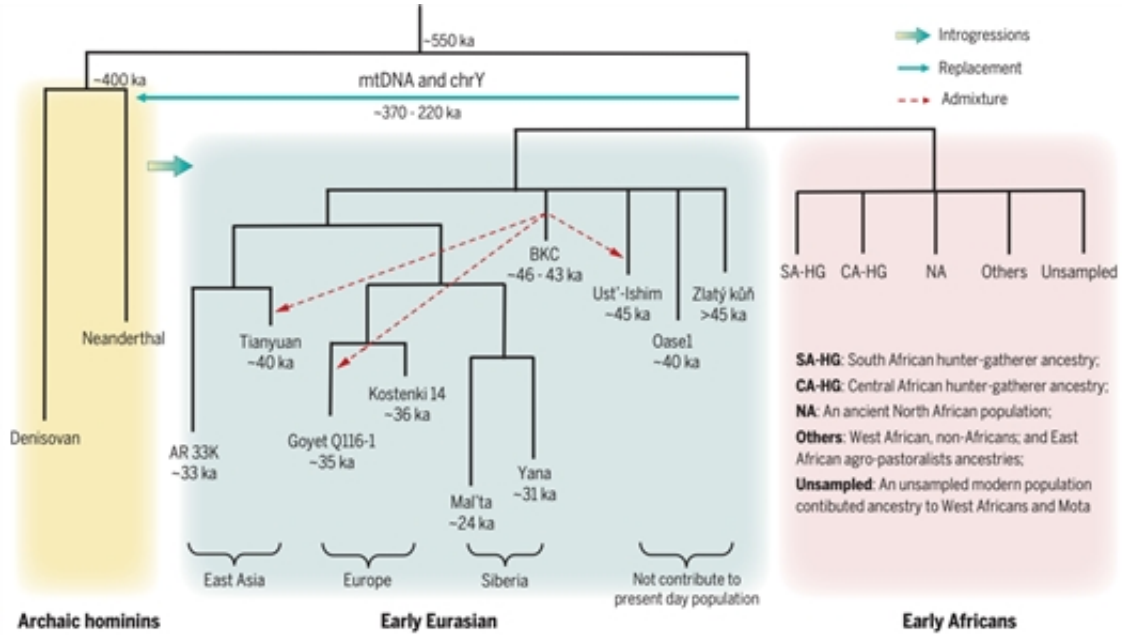
中国科学家系统梳理古DNA中人类演化史

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/15911.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

中国科学家系统梳理古DNA中人类演化史。



古老型人类和早期现代人的遗传历史示意图。（中科院古脊椎动物与古人类研究所供图）

今年是人类全基因组草图发表20周年。1990年，人类基因组计划启动，2001年，长达30亿碱基对的人类基因组草图绘制完成。这不仅是人类历史上的一项壮举，也是分子生物学领域的一个巨大里程碑。

近日，《科学》杂志邀请国际上与其相关领域前沿团队撰写在人类基因组计划出现后的重要进展，其中，中科院古脊椎动物与古人类研究所研究员付巧妹受邀领衔关于古DNA领域的发展以及前沿研究综述。综述系统梳理了过去十余年来古人类基因组学研究的发展，于9月24日在《科学》特刊-人类基因组计划第一份草图发布20周年上发表。

上世纪80年代，通过获取的一些小的古DNA片段，分子古生物学家对古DNA有了一些初步的认识。21世纪初期，受益于人类全基因组的发表和高通量测序技术的发展，古DNA领域开始蓬勃

发展。2010年，以人类全基因组为参考序列，分子古生物学家发表了三个古人类的基因组草图：一个尼安德特人、一个丹尼索瓦人，以及一个古爱斯基摩人。至此，古基因组研究新纪元正式开启。

古老型人类及早期现代人格局

2010年，对尼安德特人和丹尼索瓦人这两种古老型人类的全基因组的成功测序，从分子生物学角度揭示了这两个现代人近亲的遗传信息。

尤其是丹尼索瓦人，由于当时化石形态证据的缺乏，他是第一个，也是目前唯一一个，仅仅由古DNA证据揭示的新古老型人类。他们在约55万年前与现代人分离后，陆续又与除了非洲人群外（近来有研究提出非洲人群可能也存在与古老型人群的混合）的现代人群发生了多次混合。

混合的结果不仅导致多个现代人群基因组中不同程度地残留有古老型人类的DNA片段，还使得尼安德特人的线粒体基因组和Y染色体在约37万-22万年前被现代人取代。

古DNA研究还发现了数个现代人和古老型人类混合后不久产生的后代，以及一个丹尼索瓦人和尼安德特人夫妻的孩子。这些发现让我们明确，至少在人类漫漫五十万年的历史长河中，这些古老型人类和现代人其实比我们预想得更加亲近且交流更加频繁。

尽管遗传学证据支持现代人起源于非洲，但目前还没能构建出统一的模型。在摩洛哥发现的、距今约31.5万年的化石是目前最古老的具有部分现代人形态特征的人类化石。约25万至20万年前，五个非洲人群在短时间内分离，为非洲的狩猎采集者、农业游牧人群以及非洲外人群提供了祖源成分。大约在8万-6万年前，东非、西非和非洲外人群的祖源人群之间发生了一系列的分离事件。

在欧亚地区分布的早期现代人群存在多个支系。有些人群对现代的人群没有可检测到的遗传贡献，还有些人群和现代的人群有关。发现于西伯利亚中部等个体对当今人群没有可检测的遗传贡献；而在中国发现的田园洞人和AR33K个体、在比利时发现的Goyet Q116-1和俄罗斯发现的Kostenki 14个体、在俄罗斯发现的Mal ’ ta和Yana个体则分别代表了古东亚人，古欧洲人和古北西伯利亚人。

随着时间的推移，这些人群发生交流、迁徙，形成更精细的人群结构。

尽管科学家对欧亚早期现代人群的认知还较为有限，但古DNA研究不断充实着这些人群历史的细节。比如2017年一项研究发现来自中国4万年前的田园洞人和远在比利时3.5万年前的GoyetQ116-1个体存在遗传联系。这个发现有些出人意料，因为一般来说，距离相隔较远的人群直接发生基因交流可能性不大，所以可能性更大的情况是，他们之间存在第三个人群，将两者联系了起来。四年之后，一项新发表的研究发现了一个生活在保加利亚的古老现代人群和两个人群都存在遗传联系，验证了之前的猜想。

末次盛冰期及近万年演化史

末次盛冰期是距今最近的极寒冷时期，在这段时期的欧亚大陆发生了一系列的人口变化。在欧洲，以比利时约3.5万年前的Goyet
Q116-1个体为代表的的遗传成分可能在大区域被取代，在末次盛冰期快结束时重新扩张。

在亚洲，田园洞人和AR33K的遗传成分曾广泛存在，然而末次盛冰期之后，早期东亚北方人的遗传成分开始出现（AR19K），这说明东亚北部有些人群可能在此期间发生了更替。

在北亚，也发生了晚期人群遗传成分的变化。除此之外，人类也在逐步适应这段严寒环境。例如，使东亚人产生区别于欧洲人特征的EDAR基因的变异最晚从末次盛冰期末开始出现并且频率升高，支持了该变异可能可以在低紫外线环境中增加母乳中的维生素
D以提高幼儿的存活率的假说。

近万年来，气候变得温暖而稳定。全球出现了更为活跃的人群活动，包括快速的扩散、迁徙、互动和更替等。这些世界范围的人群迁徙与互动，以及后续相关历史事件的影响，逐步形成了全球人群的大致格局。

论文全面梳理了全球各大版块的主要人群遗传历史事件，以下主要介绍东亚和东南亚地区内容。

在万年前，东亚和东南亚已存在多样化的人群，其中至少包括以新石器时代山东人群为代表的古北方成分人群、东南亚的古老现代人群——和平文化人群、以福建奇和洞人和广西隆林人为代表的两种不同的东亚古南方人群、日本的绳纹文化人群。而东亚南北方人群至少在1.9万年前出现遗传差异。

随着时间的推移，古北方人群成分和 古南方人群成分在南北方人群之间发生了流动和变化，说明南北方人群在不断发生交流与融合。现今南方人主要是大量古北方人成分和下降的古南方成分混合。1.4万年前的黑龙江人群可能是与美洲原住民最相关古北亚人群的东亚成分来源。

另外，早在东亚南方及东南亚出现农业之前，东亚南方人群就和东南亚人群存在交流。蒙古地区人群在新石器时期几乎只携带东亚人群的遗传成分，后来大约在5千年前受到草原人群影响，到3千多年前引入了草原人群和欧洲农业人群的遗传成分。

这些古基因组学证据不仅揭示了种种人群历史事件，还为一些考古和文化上的争议提供了新的证据。

目前，古基因组数据已达到6千余个，只能让我们初步了解人类演化史。

不久前发表的超过一百万年的古DNA数据，极大地增加了研究人员用古DNA探索更大时间尺度演化历史的信心。高效的DNA捕获技术甚至能在沉积物中捕获古代人类和动物的基因组片段，而古蛋白质组、古微生物组、古甲基化组技术以及针对古DNA设计优化的生物信息学工具也为我们提供了更为全面详实的古分子信息。

该研究由中国科学院、国家自然科学基金委、腾讯科学探索奖及美国霍华德·休斯医学研究所资助。（来源：中国科学报崔雪芹）

相关论文信息：https://doi.org/10.1126/science.abi8202

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转

载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：付巧妹等 来源：《科学》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发