
科学家建立性别偏向性研究新方法

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/18521.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！

科学家建立性别偏向性研究新方法。5月23日，《生物信息学简报》在线发表复旦大学教授徐书华团队的研究成果。该团队提出一种推断人群性别偏向性混合历史的新方法——MultiWaverX，并应用该方法分析和重构了中亚、中东及美洲大陆17个人群的性别偏向性基因交流历史。

性别偏向性广泛存在于人群基因交流过程中，即特定祖源的男女遗传贡献存在差异。性别偏向性混合研究对了解人群形成和演化历程、理解现代人类遗传差异、以及指导医学研究都有重要的理论意义和应用价值。

受限于分析方法，人群演化历史上错综复杂的基因交流中存在的性别偏向性长期以来未得到充分研究，特别是一些经历过多次而复杂基因交流历史的人群，曾经发生的不同方向的性别偏向混合往往被忽视。徐书华对《中国科学报》说，MultiWaverX的提出，在很大程度上为这些问题的解决提供了新方法和新思路。

MultiWaverX是在该团队前期提出的算法MultiWaver基本模型和方法的基础上发展而来，特别是植入了性别偏向性混合历史推断模块。相比于传统方法，MultiWaverX可准确地估计混合波数以及每波混合事件的混合时间、混合比例和性别偏向性混合参数，为后续性别偏向混合历史的精细化重构打下基础；同时，该方法充分利用常染色体与X染色体共享历史事件的规律，通过数据量相对更丰富的常染色体推断人群混合模式，进而估计性别偏向性参数，可有效克服由于X染色体较短，数据量较小带来的模型推断不稳定的缺陷。

系统的模拟验证数据表明，MultiWaverX在不同混合模式下估计性别偏向性参数均有较高的准确性，在应对各类数据噪声时也表现出一定的稳健性。

研究团队依据混合过程中特定祖先人群男性贡献比例的变化趋势，进一步将性别偏向性混合模型归纳为稳定、增强、减弱、波动、抵消五种模型。在分析实际数据时，研究者发现中国西北少数民族哈萨克族是该混合模型的代表人群。

哈萨克族主要居住于中国西北地区，其主要遗传成分来自东亚和欧洲祖先人群，且混合比例在常染色体和X染色体水平上均为60：40，若使用传统方法进行推断，结果均为无性别偏向混合。而通过MultiWaverX分析，研究团队发现该人群呈现出早期欧洲男性为主（约3000年前），近期东亚男性为主（约750年前）的两波性别偏向性混合历史。

研究人员选取全球典型混合人群分布区域，中亚、中东以及美洲大陆为例，分别解析其性别偏向性混合历史，重构了全球人群性别偏向混合图谱。发现地理大发现、新航路开辟及跨大西洋奴隶

贸易的兴起，大洲之间相对孤立的状态进一步被打破。这些历史事件对现代人类性别偏向性混合产生了深远的影响。

MultiWaverX的提出，也为进一步解析世界人群遗传多样性形成和演化机制提供了新的思路。徐书华说。

中科院上海营养与健康研究所博士研究生张瑞、北京交通大学数学与统计学院副教授倪旭敏、国科大毕业生苑锴博士为该论文共同第一作者。复旦大学生命科学学院、附属中山医院、人类表型组研究院为通讯单位。(来源：中国科学报 张双虎 黄辛)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/bib/bbac179>

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：徐书华等 来源：《生物信息学简报》

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](https://www.iikx.com)转发