

何以为人？付巧妹团队用古基因组解读现代人的演化之路

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/26286.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！

何以为人？付巧妹团队用古基因组解读现代人的演化之路。何以为人——如何定义我们人类自身及理解人之为人的独特性，是一个复杂而艰巨的问题。遗传学的兴起和发展为人类从生物学角度理解现代人的由来和独特性提供了新的视角。

近日，《细胞》在创刊50周年之际发布特刊，从遗传学视角讨论何以为人这一前沿科学问题。由于对人类演化研究领域的众多突破性贡献，中国科学院古脊椎动物与古人类研究所研究员付巧妹受邀发表评论文章，总结了追踪现代人演化之路的两种方法——直接方法和间接方法，并从个体和群体层面讨论了现代人较之灭绝古人类，以及其他物种在演化过程里的相似之处和相对优势，为进一步细化现代人的演化路径和深层次的谱系结构提供了更加清晰的研究思路。

直接视角——揭示现代人基因组背后的遗传变化

通过直接比较现代人和灭绝古人类的基因组序列，科学家可以更密切地追踪现代人的起源及其重要表型的变化，从而区分他们与尼安德特人、丹尼索瓦人等的遗传特征，探讨现代人区别于灭绝古人类得以留存至今的优势和根本原因。付巧妹认为，这一直接方法从理论上说是极其强有力的工具。但她也指出，由于目前所获得的灭绝古人类和早期现代人的基因组数据较少，这些古老群体的基因多样性并未得到全面的了解，这使得该方法的使用受到极大的限制。

尽管如此，现有数据集和研究仍然发现了很重要的线索。付巧妹介绍，现代人基因组的大多数位置都可能携带灭绝古人类基因，被发现属现存现代人所特有，不存在来自灭绝古人类混血或远祖群体不完全谱系分流基因的序列范围仅占7%。在这一序列范围里，与神经功能、RNA剪接相关的遗传变异被发现，而更多其他线索仍有待继续探究。

现代人虽然没有一套明确标识自身、区别于其他群体或物种的特有基因组，但各种各样与身高、疾病免疫、耐寒性、肤色和眼睛颜色、饮食结构等相关的基因变体构成其最重要的遗传特征——基因多样性，尽管这种多样性仅仅是古基因组所透射的史前人类基因多样性的一小部分，却在人类发展史中发挥了举足轻重的作用。

间接视角——重建灭绝古人类与早期现代人的生存历史

通过解码灭绝古人类和早期现代人的古基因组信息，研究人员可以厘清这些人类群体之间的遗传差异，更好地了解他们的行为方式和生存细节，如种群规模、家庭结构、交配方式、迁徙路径，

及对气候变化、病原体传播、生活方式革新等的适应，为从群体层面探知现代人得以持续扩张和发展的优势特征提供新的视角。

基于已有相关研究结果，付巧妹分析指出，早期现代人和灭绝古人类群体之间确实存在一些差异。比如，早期现代人群体的有效种群规模一直要比尼安德特人等灭绝古人类群体大得多，这有助于现代人在较长时间和较大空间范围内维持高水平的遗传多样性，更能灵活应对不断变化的环境条件。

又如，早期现代人和尼安德特人虽然都实行女性外婚制，即在自身所处关系密切的小群体之外寻找女性配偶，但早期现代人群体却保持了更高的遗传多样性，他们的直系祖先之间的亲缘关系相对更远，而尼安德特人和丹尼索瓦人的基因组则表明他们的直系祖先中有近亲繁殖的迹象。

她还提到，现代人的另一突出特征是其群体迁徙扩张的迅速性和广泛性，现代人走出非洲，不仅占据了所有先前存在的灭绝古人类的生存领地，而且扩散至撒哈拉沙漠、美洲、大洋洲等更多地方。

除此之外，古基因组在揭示现代人对不同环境的适应机制方面也发挥了重要作用。付巧妹举例，东亚北部的EDAR基因突变可能在末次盛冰期低紫外线环境的选择下频率上升，来自丹尼索瓦人的EPAS1基因变体可能帮助高原居民在高海拔地区生存，还有许多与当地饮食结构、病原体免疫、生活方式改变等相关的适应性基因都被一一发现。这些研究结果填补了现代人演化历程里的相关空白，更凸显了适应在人类发展史中的关键作用。

然而，随着现代人流动性和适应性的不断增强，也意味着仍有许多古基因组有待进一步发现和研究，从而为解答我们是谁，我们从哪里来带来更多新的证据和思考。（来源：中国科学报 胡珉琦）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.01.047>

作者：付巧妹等 来源：《细胞》

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