
亚洲人进行了人类最长的史前迁徙

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/33500.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！

亚洲人进行了人类最长的史前迁徙。由新加坡南洋理工大学新加坡环境生命科学工程中心（SCE LSE）和亚洲环境学院（ASE）领导的一项国际基因组学研究表明，早期亚洲人完成了最长的一次史前迁徙。

这些史前人类在10多万年前漫游地球，可能步行超过2万公里，从北亚到达南美洲的最南端。

这段旅程将需要几代人，花费数千年的时间。在过去，陆地也与现在不同，冰桥连接了某些区域，使这条路线成为可能。

这项研究得到了GenomeAsia100K联盟的支持，近日发表于《科学》，分析了代表139个不同种族的1537个个体的DNA序列数据。这项研究涉及来自亚洲、欧洲和美洲22个机构的48位作者。

研究人员追踪了一段古老的迁徙之旅，这段旅程始于非洲，途经北亚，终点是现代阿根廷的火地岛，火地岛被认为是地球上人类迁徙的最后边界。

通过比较共同祖先的模式和随时间积累的遗传变异，该团队能够追踪群体如何分裂、移动和适应新环境。这些模式使研究人员能够重建古代迁徙路线，并估计不同种群何时分化。

重建的路线详细描绘了早期人类是如何到达美洲遥远边缘的，研究表明，这一先锋群体克服了极端的环境挑战，完成了数千年的旅程。

一个关键的见解是，这些早期移民大约在1.4万年前抵达南美洲西北端，即现在的巴拿马与哥伦比亚的交界处。

从这个关键的切入点出发，人口分成了4个主要群体：一个留在亚马孙流域，而其他的则向东移动到干旱查科地区、向南移动到巴塔哥尼亚冰原，以及穿行在亚洲以外最高的山脉——安第斯山脉的山谷中。

通过分析欧亚大陆和南美洲土著人口的遗传特征，GenomeAsia100K项目的研究人员首次绘制了亚洲出乎意料的丰富遗传多样性图谱。

这项研究还揭示了如此大规模迁徙的进化后果。

论文通讯作者、南洋理工大学ASE副教授Kim Hie Lim解释说，数千年的艰苦旅程减少了移民人口

的遗传多样性。这些移民在长途跋涉中只携带了祖先种群中基因库的一小部分。因此，遗传多样性的减少也导致了免疫相关基因的多样性减少，这可能会限制人群对抗各种传染病的灵活性。

这可以解释为什么一些土著人更容易受后来移民（如欧洲殖民者）带来的疾病的影响。了解过去的动态如何塑造当今人口的遗传结构，可以更深入地了解人类的遗传弹性。

论文第一作者、SCELSA的高级研究员Elena Gusareva说，这些早期群体适应了新的生态位，经过数百代人的进化，他们的身体和生活方式也在变化，都是为了应对每个地区的独特挑战。我们的研究结果突显了早期多样化的土著群体在截然不同的环境中成功定居的非凡适应性。利用SCELSA的高分辨率全基因组测序技术，我们现在可以揭示人类迁徙的深刻历史和早期定居者留下的遗传足迹。"

论文作者之一、GenomeAsia100K联盟的科学总监Stephan Schuster说：我们的研究表明，更多的人类基因组多样性存在于亚洲人群而非欧洲人群中。

这重塑了我们对历史人口流动的理解，为未来研究人类进化奠定了更坚实的基础。我们的新见解强调了增加亚洲人群在遗传研究中的代表性的重要性。Schuster补充说。

通过追踪迁徙以及隔离对遗传特征的影响，该研究提供了关于不同人群如何应对疾病以及他们的免疫系统如何进化的见解。这些发现还有助于科学家更好地了解美洲土著人口的基因组成，并帮助政策制定者更好地保护和保存土著社区。

研究还展示了先进的基因组工具和全球合作如何加深人类对进化的理解，并为未来的医学和科学突破提供信息。（来源：中国科学报 文乐乐）

相关论文信息：<https://www.science.org/doi/10.1126/science.adk5081>

作者：Kim Hie Lim 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](https://www.iikx.com)转发