研究破译40万年前直立人“分子密码”

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/39735.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！

研究破译40万年前直立人“分子密码”。

作为第一种走出非洲的古人类，直立人与现代人究竟有无关系？这一重大谜题长期困扰着科学家。核心障碍就在于：古老化石太珍贵，传统取样方法具有破坏性，无法开展。

5月13日，中国科学院古脊椎动物与古人类研究所研究员付巧妹团队在《自然》发表研究，用一套近乎无损的评估和取样方案，首次从40万年前直立人牙齿中获得具有谱系特异性的分子信息，发现中国境内以周口店、和县、孙家洞为代表的直立人属于同一演化人群，其基因可能通过已知的丹尼索瓦人间接流入现代人群。

这项研究重塑了中更新世东亚古人类群体互动网络的认知，标志着古蛋白质组学正式迈入可以独立破解人类演化科学问题的新篇章。

付巧妹告诉《中国科学报》，传统取样需要直接消耗大块牙釉质或牙釉质钻粉，甚至可能损坏整个牙釉质。为了减少对化石的破坏，团队创新使用酸蚀刻微损取样技术，仅需消耗小面积的表面牙釉质，突破了珍贵化石不可再生的技术壁垒。

近乎无损的取样

直立人，是人属中第一个走出非洲并广泛扩散至欧亚大陆及东南亚的关键人群，在人类演化进程中具有不可替代的地位。但与尼安德特人、丹尼索瓦人等其他古人类具有相对丰富的分子数据不同，直立人的古遗传学研究几乎为空白。

研究人员解释，东亚地区距今210万年至30万年的化石是重建东亚直立人演化历史的核心材料，

久远的年代和传统破坏性取样方式严重制约了对这些珍贵样本的分子研究，使一系列人类演化的关键科学问题长期悬而未决。

这一问题在化石资源丰富的东亚区域尤为突显，横在科学家面前最大的障碍，不是化石材料的匮乏，而是古老人类化石因其稀缺性，往往不易被批准用于传统上对化石可能造成损伤的分子研究，尤其是需要大量釉质用于实验的牙釉质的蛋白研究。

付巧妹知道，要走进那些过去无法触及的古老化石世界，就必须重新思考如何减少对化石的破坏。

在持续的摸索中，研究团队打造了一套新的评估和取样方案。首先，他们通过基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱，对周口店、和县、孙家洞遗址的动物化石进行检测，预筛选同层位的古人类牙釉质中古蛋白的保存情况，确认从相关地层古人类牙釉质中提取古蛋白具有高度可行性。

在此基础上，研究团队创新使用酸蚀刻法微损取样技术，仅将牙釉质表面接触微量酸液进行短时间酸蚀反应，只消耗小面积的表面牙釉质。这一操作基本不影响化石形态，却足以高效获取内源性蛋白。

但这些近40万年的化石，还是给科学家们获取古蛋白组数据带来了极大的挑战。即便是在相对稳定的牙釉质封闭环境中，蛋白质也经历了深度降解、断裂与化学修饰，内源性信号极其微弱。

为确保数据可靠，研究团队构建了严密的质控体系，最终成功从周口店、和县和孙家洞的6颗牙齿，以及作为对比的哈尔滨个体牙齿中，鉴定出6-11种内源性釉质相关蛋白，包含650-3457个肽段，所构建的一致序列覆盖了6个直立人个体及哈尔滨个体的269-903个氨基酸位点。

这是全球首次从直立人化石中获取具有特征性系统发育信息的内源性牙釉质蛋白数据，也是东亚迄今最古老的古人类蛋白组，将东亚古人类蛋白组的时限从约16万年前推至至少40万年前。

这一系列从取样到数据解析的创新方法体系，也将古蛋白质组学从辅助工具跃升为破解人类演化史的核心手段。《自然》审稿人表示这是一项杰出的工作，其对双质谱测序与多重数据分析方法

的应用及对人类演化相关变异的发现均令人瞩目。

形态不同，遗传相似

东亚中更新世直立人化石在体质形态上表现出的显著区域差异，引发了一系列长期争论：中国境内的直立人究竟属于同一个演化支系，还是代表多个不同来源或相对隔离的群体？和县人究竟是直立人支系内部的地方变体，还是暗示着与丹尼索瓦人存在更近的亲缘关系？

牙釉质蛋白数据给出了明确答案。

研究团队发现了一个具有决定性意义的全新突变——单氨基酸多态性位点成釉蛋白(AMBN)A253G。这个突变在所有6个直立人样本中都被鉴定出来，但在已发表的任何其他古人类、现代人类及其他现生或化石灵长类动物中均未发现。

系统发育分析层面的研究显示，6个东亚直立人明确聚为一支，与丹尼索瓦人、尼安德特人和现代人清晰分离。也就是说，尽管周口店、和县、孙家洞的直立人在形态上差异显著，但他们在遗传上高度相似，同属于一个区别于尼安德特人、已知丹尼索瓦人及现代人的东亚中更新世直立人演化人群。

这一发现首次以直接的分子证据证实了中国境内上述三个遗址的直立人同属一个独立的演化人群，解决了长期以来关于东亚直立人内部分类的相关争议，填补了直立人遗传特征的认知空白。

在所有6个直立人样本中，研究团队还鉴定出另一个共同关键突变——AMBN M273V。这个突变此前已在丹尼索瓦人群体和菲律宾人群等少数受丹尼索瓦人遗传渗透影响较大的现代人群体中被发现，普遍认为这可能是丹尼索瓦人特有的变异位点。

但这次的研究数据显示，AMBN
M273V并不是丹尼索瓦人特有的，DNA证据也显示了该位点所在区域的古老性。

这些研究发现首次揭示丹尼索瓦人基因组渗入到现代人的部分基因，可以被追溯至与周口店、和

县、孙家洞中更新世相关人群。这意味着，在中更新世晚期的东亚，直立人与已知的丹尼索瓦人可能在相同或邻近的区域共存，为两个人群间的基因交流创造了机会，使得源自直立人的古老基因得以流入已知的丹尼索瓦人基因组后，又通过丹尼索瓦人的基因渗入事件，传递到东亚、东南亚和大洋洲等现代人中，最终对现代人群产生了深远的遗传影响。

一幅未知的人类演化图景由此展现：40万年前的以周口店为代表的东亚直立人不仅是一个独特的演化群体，更是现代人类基因库中古老基因的源头之一。

《自然》同期这样评价：来自约40万年前生活在中国境内的6颗直立人牙齿的牙釉质蛋白，为古老遗传物质如何最终进入现代人群提供了新的见解。（来源：中国科学报 田瑞颖）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41586-026-10478-8

作者：付巧妹等 来源：《自然》

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