



我国学者通过创建全基因组分析新方法发现93万年前人类经历的严重群体瓶颈

日期 2023-09-21 来源: 生命科学部 作者: 张洪亮 【大中小】 【打印】 【关闭】



政务微信

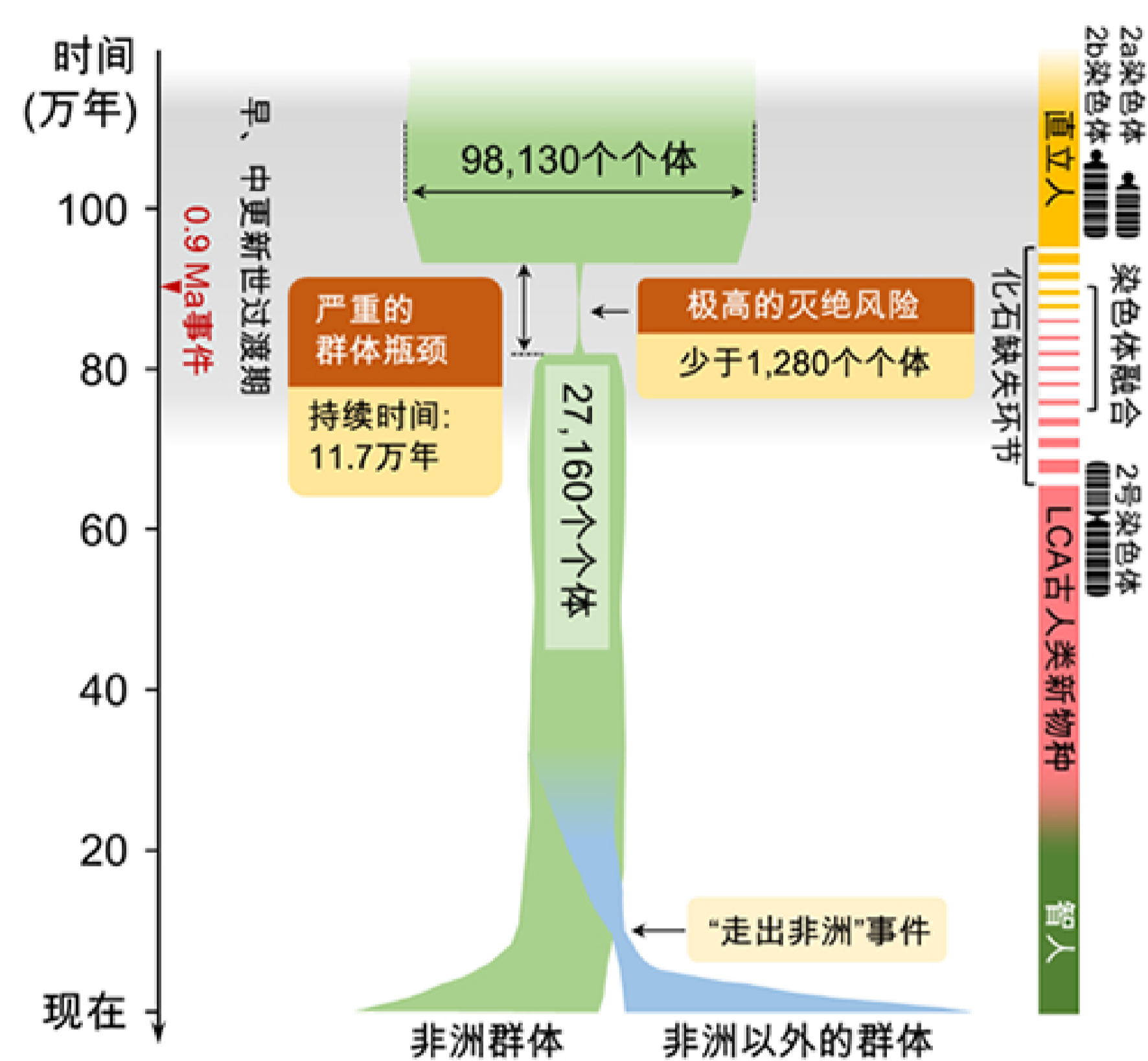


图 现代人走出非洲以及远古时期经历的严重群体瓶颈

在国家自然科学基金项目(批准号: 32270674、91131010)等资助下,中国科学院上海营养与健康研究所李海鹏研究与华东师范大学潘逸萱研究组合作创建计算生物学新理论方法并在人类进化领域取得研究进展。研究成果以“新的全基因组分析方法发现人类在早、中更新世过渡期经历严重的群体瓶颈(Genomic inference of a severe human bottleneck during the Early to Middle Pleistocene transition)”为题,于2023年9月1日发表在《科学》(Science)上,论文链接为<https://www.science.org/doi/10.1126/science.abq7487>。

研究史前人口数量变化可以深入了解人类的形成。研究团队首先创建群体遗传学和计算生物学新理论,即快速极小时间溯祖(FitCoal),然后通过数学推导获得不同群体历史条件下似然值的计算公式,进而通过计算机编程实现快速、精确的计算。采用这一新的理论方法,研究人员无需群体历史的先验知识,即可快速、准确地估算群体历史。与目前学术界常用的三个分析方法相比(PSMC, SMC++, Stairway plot),FitCoal估计的群体历史精确度是最高的。

通过FitCoal分析52个现代人群公共基因组数据,研究团队得以精准估计百万年内的人类群体历史,并首次发现在距今93.0万年前,人类祖先由于气候剧烈变化,丧失了约98.7%的个体,几乎绝灭,在11.7万年内平均成年个体数仅为1,280。这也意味着所有的现代人,均是这一小群体的后代。这一远古时期长时间的人口衰减,不但解释了非洲人类祖先化石的缺失环节,并且对应着非洲直立人化石的消失、新古人类物种的形成,以及两条古人类2号染色体融合的关键进化事件。因此远古时期人类祖先经历的严重群体瓶颈,决定了现代人类许多关键表型的形成,对人类生命和健康产生了深远的影响(图)。

综上所述,李海鹏和潘逸萱研究团队创建了计算生物学新理论方法,通过数学、生物信息学、群体遗传学、古气候学和古生物学等多学科交叉,分析公共的群体基因组数据,在人类进化领域取得了突破性的新发现,揭示了早、中更新世交替时期人类进化历史上的一个关键事件。意大利罗马大学的Giorgio Manzi、佛罗伦萨大学的Fabio Di Vincenzo和美国德克萨斯大学的Yun-Xin Fu参与了本研究的实施。

机构概况: 概况 职能 领导介绍 机构设置 规章制度 专家咨询 评审程序 资助格局 监督工作

政策法规: 国家科学技术相关法律 国家自然科学基金条例 国家自然科学基金规章制度 国家自然科学基金发展规划

项目指南: 项目指南

申请资助: 申请受理 项目检索与查询 下载中心 代码查询 常见问题解答 科学基金资助体系

共享传播: 年度报告 中国科学基金 大数据知识管理服务 优秀成果选编

国际合作: 通知公告 管理办法 协议介绍 进程简表

信息公开: 信息公开制度 信息公开管理办法 信息公开指南 信息公开工作年度报告 信息公开目录 依申请公开

相关链接 政府 新闻 科普

