

古DNA揭示美洲人的“根”

万余年遗传史浮出水面

■本报记者 唐风

大约1.3万年前,古人类在美洲迅速扩张。而且,这个故事延续了数千年,人类在北美和南美之间进行了数次大规模迁徙。然而,并没有文献记录下这些历史。

几十年来,科学家只能笼统地描述美洲人的历史演变情况,但这些古老人类何时以及如何分布在这片大陆上一直成谜。

近日,发表在《细胞》和《科学》的两项独立研究称,研究人员利用最先进的古代DNA研究方法,分析了来自美洲各地的大量新样本,万余年的美洲历史画卷徐徐展开。

实际上,“人类在美洲的定居过程是非常复杂的”,《科学》论文第一作者、丹麦哥本哈根大学地质遗传学研究中心的José Víctor Moreno Mayar告诉《中国科学报》记者。

该研究描摹出美洲祖先变迁的大致轮廓。美洲原住民分裂为古代的贝林加人和其他美洲原住民,后者又分裂为南北美洲原住民分支。后来,南印第安人向南扩张,北印第安人向北迁移。“但这只是粗略轮廓,美国原住民的人口历史要复杂得多。”Moreno Mayar说。

此外,“新研究在为从北美洲到中南美洲的人口流动提供新见解的同时,还确定了中南美洲两个先前未知的基因流事件。”《细胞》论文通讯作者、德国马普学会人类历史学研究所考古遗传学部研究员Cosimo Posth在接受《中国科学报》记者采访时表示。

样本更丰富

新研究涉及的数据包括64个新测序的古代DNA样本,它们跨越了从美国阿拉斯加州到巴塔哥尼亚的广阔区域,记录了1万多年的遗传历史。阿拉斯加大学考古学家Ben Potter说:“这些样本的数量非常惊人。”

在此之前,只有6个来自美洲的超过6000年的基因组被测序。堪萨斯大学人类遗传学家Jennifer Raff直指,研究者用来解释美洲人演化的遗传模型被过度简化了。

为填补美洲人演化的空白,《科学》杂志论文通讯作者、哥本哈根大学进化遗传学家Eske Willerslev领导团队与美国内华达州法伦·帕尤特一休休尼部落开展了合作。

该部落一直在努力保护在内华达州Spirit洞穴中发现的具有10700年历史的遗骨,并抵制破坏性的基因测试。

“我们与土著社区和地方政府协商,对骨骼材料进行DNA提取和遗传分析。重点是试图减少抽样过程的破坏性,同时获得宝贵的遗传信息。我们采用了最新的技术,以便从如此古老的标本中提取出真正的古代DNA。”Posth说。

Willerslev将Spirit洞穴的数据加入到另外14个新的完整基因组中,这些基因组样本来自从阿拉斯加到智利的10700年前到500年前的时空范围内。

来自巴西亚马孙河流域的苏纳人携带着澳大拉西亚血统的痕迹,现在证实其祖先是在10400年前到达南美洲的。

图片来源:CRAIG STENNETT



另一方面,Posth及哈佛医学院人口遗传学家David Reich团队同期在《细胞》发表了更大数据集。

“我们的工作使这些地区可获得的古代基因组数量涨了大约20倍,让我们对美洲土著历史有了更全面了解。”Reich说,“这个更广泛的数据集揭示了北美、中美和南美的共同起源,以及北美和南美之间两种此前未知的基因交换。”

“印第安人确实起源于美洲,作为一个具有遗传和文化独特性的群体,他们绝对是这个大陆的原住民。”Raff说。从某种意义上说,那些在冰原南部旅行的人分成了两组——“南部美洲原住民”和“北部美洲原住民”。

复杂的迁移

这些基因证据揭示了人类在美洲的复杂定居过程,南北美洲首批定居者的人群动态无法用简单的人口模型或播散模式进行解释。

之前的基因组研究提出,首批美洲人是在近2.5万年前与其西伯利亚及东亚祖先分道扬镳的,并在大约1万年后分成不同的北美和南美人群。然而,首批美洲人的扩展仍是一个有争议的话题,仅通过分析当今人口难以理解。

Moreno-Mayar提到,尽管遗传学上已经证明美洲人祖先在更新世末期通过白令陆桥来到这里,但关于美洲最初是否还有其他族群仍有争议。“这个论点是建立在对早期人类遗骸(古美洲人)形态学分析的基础上,我们对这些遗骸基因组进行了测序,并发现它们

与现代本土美洲人的关系最为密切。”他说。

对此,Moreno-Mayar和同事对跨越南北美洲的15个远古美洲人(他们中的6个距今超过1万年)的基因组进行了测序。这些结果揭示了美洲人口扩张和多元化的复杂画面。

“美洲人迁移的经典模式是南北运动,在这种运动中,一些人定居在一个地区后就会留下来,而其余的人则会继续迁移。”Moreno-Mayar说,“我们的新研究显示,从北到南的第一次迁移是非常快的,它不像树枝分叉,更像一种辐射,其中种群迅速分化。”

此外,研究显示,这些早期居民经多样化后成为不同的人群,其中有些人群是先前未知的,仅见于遗传记录。“在北美北部的冰川向南移动之前,这里生活着许多美洲土著族群,但我们以前没有从基因上记录下来。”Willerslev说。

而且,不同人群似乎有进一步的接触,这些接触既在局部范围内发生,也在长距离范围内发生。研究人员表示,有趣的是,在晚更新世(距今约11700年)存在一个只在南美洲显现的具有澳大拉西亚人血统的人群。

而这些遥远样本之间的基因相似,也描绘了令人惊讶的历史画面。一名来自蒙大拿州的12700年前的安吉克儿童,与狩猎猛犸象的克洛维斯文化有关。而这一联系可能与两个先前未知的基因流事件有关。

未知流动成纽带

Posth等人分析了49个古老样本的DNA,这些个体的时间跨度约为1万年,生活

范围在伯利兹、巴西、中央安第斯山脉和南美洲南部,结果显示中南美洲人的祖先大多数来自至少三种不同的人流,但都起源于一个祖先血统——他们在1.5万年前越过白令海峡来到这里。

Posth告诉《中国科学报》记者,研究结果显示,几乎所有中南美洲人的祖先都来自同一个族群,尽管这个族群在传入南美洲之前就已经多样化了。“由于之前研究使用的DNA证据主要基于现代人,这些多基因流动事件无法被察觉,我们的研究突显了古代DNA数据的力量。”他说。

第一个基因流事件将智利、巴西和伯利兹11000年前到9000年前的最古老人群,与美国最古老个体联系在一起。这表明,克洛维斯人的遗传祖先进一步向南扩展。但他们至少在9000年前被另一种世系所取代,这使南美洲多个地区的人口保持了长久的连续性。

第二次不为人知的人口迁徙,让秘鲁南部和智利北部居民的遗传祖先与来自加利福尼亚河间岛的远古个体有了关联。“这可能与考古记录中该地区当时的人口膨胀有关。”Posth说。

另一方面,Moreno Mayar提到,该团队研究受到了基因序列的限制。人类至少在14600年前就存在于美洲,但研究中测序的最古老基因组只有10700年历史。“因此,只有获得更古老基因组,我们才能得到更多的直接证据。”他说。此外,研究人员表示,在北美中部和东部的抽样记录中发现了一个巨大的缺口。“这些论文不是最后的结论。”Posth说。

相关论文信息:DOI:10.1126/science.aav2621(2018);10.1016/j.cell.2018.10.027

十亿欧元“豪赌”量子项目

欧洲旨在变理论为产品



10月29日,欧盟量子旗舰项目的第一批入选者在奥地利维也纳揭晓。图片来源:Christopher Dunker

理学家Immanuel Bloch是一个量子模拟研究联盟的成员,该联盟包括3个独立项目,分别在巴黎、斯图加特和慕尼黑推进量子模拟研究,每个项目都在不同类型的系统上进行。这些机器使用一个量子系统再现另一个量子系统的行为。

它们类似于量子计算机,但要求较低——特别是它们对计算错误不那么敏感,因此可以在较短的时间内得到实际应用。这涉及“量子优势”——做传统计算机无法做的计算。“我们希望利用这些先进平台,展示量子论在模拟材料和量子化学方面的优势。”Bloch说。

此外,其他获批项目都不可避免地在其名称中包含“Q”,从PhoQuS到UNIQUORN。而且,一些拟议中的技术更接近市场应用,包括超精密、便携式原子钟和能产生随机数用于安全网络的芯片大小的设备。

没法“登月”

实际上,虽然看似规模宏大,但对于大多

培养所需要的人才。”

奔向量子未来

量子技术在未来有巨大潜力,就量子计算而言,传统计算机需要算100年才能破解的问题,量子计算机真正问世后可能只需要1秒钟,这将给保密、金融、材料研发等方面带来深远影响。

从加拿大到日本,世界各地的公共基金和大公司都在投注量子技术,甚至其中一些尚未被证明有用。无论如何,这将发展成数十亿美元的市场。

《量子宣言》的作者之一、德国亥姆霍兹中心理论物理学家Tommaso Calarco表示,欧洲也希望自己能从未来利润中分一杯羹。欧盟委员会选择量子物理作为第三个旗舰项目的“决定性刺激”,也使美国科技巨头(如谷歌和IBM)在该领域的投资大幅增加。

目前,谷歌、IBM、英特尔、微软等多家行业巨头在量子计算领域互相竞争。基中IBM在去年11月推出了全球首款50个量子比特的量子计算机原型机。

英国在2014年就启动了2.7亿英镑的国家量子技术规划,成为这一领域的先行者之一。美国政府今年9月也发布了《量子信息科学国家战略概述》,力图确保美国在“下一场技术革命”中的全球领导地位。与此同时,美国能源部宣布投资2.18亿美元,用于奖励在量子信息科学这一重要新兴领域的研究。

中国许多机构也在量子计算领域大力投入,并已取得一些成果。比如中国科学技术大学潘建伟团队在去年实现了多光子可编程量子计算原型机,演示了超越早期传统计算机的量子计算能力。

此外,欧洲以前的旗舰项目——石墨烯和大脑模拟——受到了批评,部分原因是它们将资金分配给了不具竞争力的研究。Calarco说,量子旗舰项目的组织者一直在关注这些争议。“拨款是通过公开呼吁决定的,并由外部合作者进行评估。”他说。(鲁亦)

科学线人

全球科技政策新闻与解析

澳科学家呼吁捕杀野马



野马正在破坏澳大利亚国家公园的生态系统。图片来源:NGC/Alamy

近日,90名研究人员签署了一份名为《科修斯科科学协议》的声明,要求澳大利亚新南威尔士州政府承认,从技术上讲,野马对该州东南部科修斯科国家公园造成了“无法弥补的损失”。科学家还呼吁该州政府废除保护野马的法规。

科学家在澳大利亚科学院的一次会议上签署了这份声明,该会议由澳大利亚国立大学和迪肯大学共同主办。声明还要求新南威尔士州、维多利亚州和澳大利亚首都领地(管辖范围包括澳大利亚阿尔卑斯山脉)合作,通过空中扑杀或其他有效手段清除马匹。

会议听取了科学家关于野马是如何破坏植物和弱化生态系统,并影响濒危物种的。科学家估计,在澳大利亚的阿尔卑斯山有7000到8000匹野马。科学家表示,尽管这些动物造成了严重的环境问题,但新南威尔士州今年6月通过的一项法律阻碍了减少其数量的努力。这项法律的出台是为了承认这些动物的文化和遗产意义,并禁止在科修斯科国家公园捕杀它们。

澳大利亚国立大学环境科学家Jamie Pittock在声明中表示,这项法律是“一个令人震惊的决定,忽视了一些科学家在阿尔卑斯山进行的70年的科学研究”,“澳大利亚阿尔卑斯山的野马数量正在急剧增加,造成了巨大的破坏”。

与此同时,新南威尔士州副州长John Baryllo的发言人向议会介绍了这项法律。他说,一项新的野马管理计划将在未来几个月实施。该计划的目标是人道地控制这种动物的数量和保护环境敏感区域之间找到平衡。“没有人愿意看到马被射杀。”他说。(唐一尘)

欧盟开放获取计划遭抗议



开放获取期刊的文章处理费用通常由研究机构的图书馆支付。图片来源:PIDJOE/ISTOCK

两个月前,欧洲11个国家的科研资助者发起了一项“S计划”,旨在打击学术期刊的收费墙。在近日发表的一封公开信中,大约800名签名者表示他们支持开放获取——让所有在线阅读者免费阅读论文,但谴责S计划“对科学来说太冒险”。

这封信猛烈抨击了该计划的决定,即禁止获其资助的研究人员在科学协会的所谓“混合”期刊上发表论文。混合期刊的收入既来自读者订阅费用,也来自作者支付的文章处理费用。信中说:“S计划将完全阻断研究者使用有价值、严格的高质量同行评议期刊的文章。”

欧盟委员会S计划设计者之一Robert-Jan Smits表示,他对学术界的工作“极为尊重”,但对一些期刊“有时离谱”的订阅费用绝不容忍。他说,混合期刊本应是帮助订阅期向全面开放获取迈进的一步,但它们苟延残喘,看不到明显的“退出”迹象。

此前,由于科学出版向开放获取的转变过于缓慢,欧洲11个国家的科研资助机构决定施加压力,计划到2020年,其资助的每篇论文一经发表就免费开放。此举意味着从这11个资助机构获得经费的科研人员必须放弃在《自然》《科学》《细胞》和《柳叶刀》等杂志上发表论文,除非这些期刊改变自己的商业模式。

在发布后的两个月里,S计划引发了激烈争论,部分原因是它的10条原则都是非常简短的陈述,有解释的余地。Smits表示,将于本月底公布的计划将细化实施细节,并公开征求公众意见。“我们不会远离目标,全面、即时的开放获取。”他说,“但我们可以讨论如何达成目标。”

撰写该公开信的瑞典乌普萨拉大学结构生物学家Lynn Kamerlin说,此举将激励期刊发表大量论文,而不是更少、更高质量的文章。而且,这个计划对开放获取的定义太窄了。她希望,资助机构能“提出强有力的模型,尊重作者的选择和开放获取的充分多样性”,而不是加入“S计划”。(鲁亦)