

亚洲先民跨越白令陆桥重绘人类迁徙史

2025年5月15日,一项发表于《Science》的国际基因组学研究指出,早期亚洲人群在10多万年前开启了人类历史上最长的史前迁徙——从亚洲北部跨越白令陆桥,最终抵达南美洲最南端的火地岛,全程超过2万km。这项由新加坡南洋理工大学领衔、全球22个机构48位科学家参与的研究,通过分析139个族群1537名个体的DNA数据,首次完整重构了人类从非洲起源、经东北亚向美洲迁徙的完整路径,改写了人类迁徙史的认知版图。

该研究提出的迁徙时间线与传统认知不同。研究显示,这批先驱人群约在1.4万年前抵达南美洲西北端(今巴拿马与哥伦比亚交界处),这一时间点比传统“克洛维斯第一”假说提出的1.3万年前早了近千年。进入美洲后,一支人群翻越海拔超6000m的安第斯山脉。这一发现彻底推翻了“安第斯山脉是迁徙屏障”的旧论点,证明冰期结束前人类已

具备征服极端地形的能力。

然而,这场艰苦的旅程减少了移民人口的遗传多样性。论文通信作者、南洋理工大学副教授Kim Hie Lim接受《中国科学报》采访时表示:“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”。

该研究突显了亚洲先民在不同极端环境下惊人的适应能力,填补了人类迁徙史上的空白。首次绘制的亚洲人群遗传多样性图谱,揭示了亚洲人基因组的丰富多样性,打破了长期以来人们认为欧洲人群更具遗传多样性的误解,为疾病基因学和精准医疗提供了全新视角。

(综合《Science》《科技日报》、科学网)

罕见病婴儿接受全球首例定制CRISPR基因治疗

美国费城儿童医院与宾夕法尼亚大学医学团队利用定制化

CRISPR基因编辑疗法,成功治愈了一名患有罕见遗传病的儿童。2025年5月15日,这项研究成果发表在《The New England Journal of Medicine》上,为其他罕见病基因治疗带来新希

望。患儿KJ出生不久即确诊患有氨甲酰磷酸合成酶I型缺乏症(CPS1缺乏症)。CPS1编码一种肝脏酶;该酶缺乏会使蛋白质分解时血氨含量升高至正常值的数十倍,进而损伤大脑,超过1/2的患者因此早逝。

研究团队采用新一代碱基编辑技术,为KJ基因中的单一碱基突变量身定制治疗方案。这种名为“k-abe”的疗法通过脂质纳米颗粒(LNP)将基因编辑工具精准递送至肝脏细胞,无需切断DNA双链即可完成碱基替换,修复了导致CPS1酶缺陷的遗传错误。从基因测序到药物生产仅耗时6个月,创下全球个体化基因疗法开发速度的新纪录。在为期2个月的k-abe静脉输注后,KJ的血氨浓度迅速恢复至安全范围,蛋白质耐受性显著提高,生长发育已达到同龄儿童水平。

诺贝尔奖得主Jennifer Doudna评价此为“医学史重要里程碑”,标志着基因治疗正从通用方案迈向按需定制,为无数罕见病患者带来了希望的曙光。

(综合《The New England Journal of Medicine》《中国科学报》《科技日报》、新华社)

全球变暖背景下南亚季风的演变规律被揭示

作为全球最显著的季风系统,南亚夏季风(SASM)将大量水汽从海洋输送至陆地,为该地区带来约80%的年降水量。2025年5月14日,中国科学院大气物理研究所周天军在《Nature》发文,揭示



研究发现许多拉丁美洲人拥有亚洲基因
(图片来源:《联合早报》)

了不同气候增暖背景下SASM变化机制的一致性,强调了古气候数据在提升未来气候预估准确性方面的重要潜力。

科研人员整合了上新世中期、末次间冰期等地质时期的气候数据,以及联合国政府间气候变化专门委员会(IPCC)最新气候预测模型数据。对比发现,无论是远古时期由植被覆盖和地球轨道变化等引发的暖期,还是当前人类活动导致的温室效应,南亚夏季风均呈现“降水总量增加,空间分布‘南干北湿’”的共性特征——印度半岛南部降水减少,喜马拉雅南麓降水显著增加。

南亚季风降水增加主要受2大因素影响:首先是全球变暖使大气中水汽增多,导致湿区降雨更猛、干区更干;其次是欧亚大陆及北非地区异常升温,改变了季风流动模式,致使南亚地区出现“南干北湿”的格局。

这项研究标志着气候科学正

迈向“古今互证”的新阶段。正如周天军在《Nature》评论中强调的:“古气候记录不仅是理解过去的钥匙,更是预测未来的校准器。”

(综合《Nature》、中国科学院
大气物理研究所官网、
《科技日报》、中国环境网)

人类DNA使鼠脑变大

人类大脑如何变得如此庞大和复杂一直是一个谜团。美国加州大学旧金山分校的Katherine Pollard团队发现,将一段仅存在于人类基因组中的遗传片段插入小鼠体内后,它们的大脑会长得比通常情况更大。2025年5月14日,相关研究成果发表于《Nature》。

先前的研究表明,“人类加速演化区”(HARs),即哺乳动物中普遍保守、但在人类从黑猩猩进化出来后迅速发生改变的短段基因组区域,可能是大脑发育和体积增大的关键因素之一,但这些HARs在大脑构建过程中的具体机制尚不清楚。

为此,Pollard团队聚焦于他们在10年前发现的HARs——HARE5。在小鼠中,这段DNA已知可以增强Fzd8基因的表达,而Fzd8是神经细胞发育和生长的关键基因之一。研究人员比较了HARE5在小鼠、黑猩猩和人类中的作用效果。

当研究人员用人



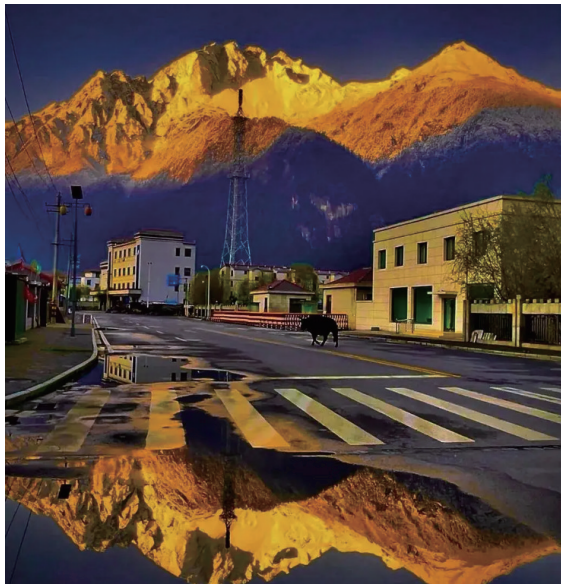
电影《精灵鼠小弟2》剧照
(图片来源:《精灵鼠小弟2》)

类版本的HARE5替代活体小鼠自身版本的HARE5后,这些小鼠成年后的脑容量比未经过基因改造的小鼠平均大了6.5%。这种增强大脑的“助推器”在一种名为放射状胶质细胞的神经干细胞中最活跃,这些细胞最终会分化为神经元和其他脑细胞。人类版本的HARE5促进了这些胶质细胞的分裂和增殖,从而产生了比使用小鼠版本HARE5更多的神经元。

研究人员还发现,含有黑猩猩版本HARE5的类器官所产生的放射状胶质细胞少于含有人类版本HARE5的类器官,而且这些胶质细胞的发育程度也较低。此外,HARE5增强了驱动神经干细胞生长的一个关键信号通路,进一步证实了这一遗传“助推器”在提高人类大脑体积和复杂性方面的作用。

研究人员提醒,脑容量增大未必等同于认知提升;后续需通过行为学测试和多HARs组合编辑,评估功能、阈值与潜在副作用。不过,这项工作已为破解人脑演化之谜和精准治疗神经发育疾病奠定了可操作的试验模板。

(综合《Nature》《中国科学报》、
光明网)



喜马拉雅山南麓隶属中国的边境小城吉隆刚下完雨的街道
(图片来源:搜狐网)