

## 新模型终结单一起源论 人类可能有多个非洲祖先

**本报讯** 人们普遍认为,现代人类起源于非洲的一个地区,但这一观点正面临挑战。使用大量基因组数据的模型表明,人类起源于非洲大陆的多个祖先人群。这些生活在 100 多万年前远古人类都是同一个人类物种,只是在基因上略有不同。

支持这一理论的模型依赖于新的软件,以及当前非洲人、欧亚人和尼安德特人遗骸的基因组测序数据。近日,这项研究结果发表于《自然》。

德国马克斯·普朗克地球人类学研究所进化考古学家 Eleanor Scerri 说,这项研究为“非洲没有单一的诞生地,人类进化是一个有着深厚非洲根源的过程”的观点提供了更多证据。

单一起源理论已经流行了几十年,部分是基于化石记录。但 Scerri 说,这个理论与数据并不吻合。所有被认为属于智人的工具和身体特征,都是 30 万年至 10 万年前在整个非洲出现的。

如果人类起源是从某个单一地点向外辐射的,考古学家就会在远离中心点的地方看到更多近代化石、在靠近中心点的地方看到更古老的化石。

古人类有一些局部种群,他们被认为在几千年的时间里彼此杂交,共享进化出的任何遗传差异。随着时间的推移,他们也在非洲各地迁移。“我们的‘根’是由分散的局部人口组成非常多样化的总体人口。”Scerri 说。

这些“枝干”交织在一起,仅因基因差异产生微弱的分离,由此形成了一种人类进化的概念,研究人员将其描述为“结构薄弱的枝干”。事实上,它更像是一根缠绕的藤蔓,而不是“生命之树”。

团队使用了论文合著者、加拿大蒙特利尔麦吉尔大学 Simon Gravel 开发的软件,该软件可以协调扩展建模所需的大量计算能力。

之前的工作缺乏基因数据,因为它

一项新研究发现,现代人在非洲各地进化,而不是从一个地方进化来的。

图片来源:Andy Selinger/Alamy



主要集中在西非,这意味着并不是所有非洲大陆的基因多样性都被纳入其中。这形成了一幅关于现代人类祖先如何在这片土地上混合和迁移的不完整图景,需要科学家填补知识的空白。

这项研究结合了现有东非人、西非人以及南部非洲纳马人的基因组测序数据。基因组数据帮助研究人员了解和追踪了基因在几代人之间的历史流动。

“我们真的很想以一种更有创意的方式,非常系统地评估这些模型。”论文合著者、美国加州大学戴维斯分校人类遗传学家 Brenna Henn 说,“这是一种具体的人类进化新模式。”

这些模型使用迁移和种群合并等变量预测人类数千年来的基因流动。研究人员将预测结果与今天看到的基因变异进行比较,以确定哪些模型与数据最匹配。

当前,关于人类起源的问题仍然很多。Henn 希望在模型中加入更多来自非洲其他地区的 DNA,看看是否会改变他们的研究结果。她还希望利用这些数据对化石记录作出预测,比如在某个特定地区的人类化石中会发现什么特征。

(李木子)

相关论文信息:<https://doi.org/10.1038/d41586-023-01664-z>

## 短期记忆可能几秒钟就出错

**本报讯** 长期记忆是容易出错的,但《公共科学图书馆-综合》近日发布的一项研究显示,如果你试图回忆一件与预期不符的事件,短期记忆也同样不靠谱。

你可能会在事情发生几秒钟后就记错,然后在脑海中重新构建该事件,以更好地符合自己的成见。大脑这样做可能是为了按照自己的预期了解世界。

荷兰阿姆斯特丹大学的 Marte Otten 和同事想要梳理出先前的预期和短期记忆之间的关系。该团队对 400 多人进行了几项实验,所有实验都向参与者展示了电脑屏幕上排成圆圈的随机字母。

在屏幕变成空白之前,会有 1/4 秒的字母展示。间隔 3 秒后,一个持续半秒的方框会出现在其中一个字母停留的地方,紧接着又出现了另一个不同的字母圈,

也持续半秒。

参与者被要求回忆原始圆圈中的哪个字母处在方框的位置。重要的是,其中的一些字母是翻转的, Otten 称之为“假字母”。参与者被明确告知要注意这些翻转的字母,并被告知不要把它们误认为是真实的字母。

参与者被要求对每个答案的正确性进行信心评级。为了排除随机猜测,研究小组将分析重点放在最自信的参与者身上。

研究人员发现,当被要求回忆一个“假字母”的位置时,参与者会在短时间内错误地给出“真字母”的答案,并且他们对答案很有信心。

实验的变化表明,这种错位信心可能与短期记忆如何工作,以及如何依赖我们先入为主的观念有关。

“人们似乎对这种记忆错觉

很敏感,因为他们已经对世界应该是什么样子产生了预设的概念。”Otten 说,这种影响似乎是由于我们神经网络的一个特征产生的,而这种特征被用于预测世界。

此前有几项研究表明,长期记忆是不可靠的,它会受到预见和偏见的影响。美国新泽西州罗格斯大学的 Tracey Shors 表示,很难研究短期记忆是否也是如此。她说:“通过这组巧妙的实验证明,先前的知识可以重塑视觉感知的短期记忆。”

“人们很容易将这些记忆称为‘幻觉’甚至‘虚假记忆’。”Shors 说,“但在我们的日常生活中,它们可能会帮助我们更好地预测未来,而且预测速度比我们想象的要快。”

(李木子)

相关论文信息:<http://doi.org/10.1371/journal.pone.0283257>

**本报讯** 美国哥伦比亚大学 Hashim M. Al-Hashimi 等研究人员发现, RNA 构象倾向性决定了细胞的活性。相关论文近日在线发表于《自然》。

研究人员改变并确定了 HIV-1 TAR RNA 形成与蛋白质结合的构象倾向性。这些倾向性定量预测了 TAR 与 Tat 蛋白的 RNA 结合区的结合亲和力和力,以及 HIV-1 Tat 在细胞中依赖的转导程度。

据悉,细胞过程是生物大分子之间相互作用的产物,它们联合起来形成具有生物活性的复合体。这些相互作用是由分子间的接触介导的,如果这些接触被破坏,就会导致细胞生理学的改变。因此,结合亲和力和细胞活性主要取决于接触强度和形成具有结合能力构象状态的固有倾向。人们必须知道构象不利在生物学中无处不在,以便对蛋白质和核酸相互作用的结合能量进行定量建模。然而,概念与技术上的限制阻碍了人们剖析和定量测量构象倾向性如何影响细胞活性的能力。

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-023-06080-x>

RNA 构象倾向性决定细胞活性