

演讲人信息表

中文姓名：毛亚飞	英文姓名：Yafei Mao
所在单位：上海交通大学 Bio-X 研究院	
<p>个人简介与照片：毛亚飞本科 2014 年毕业于南京大学生命科学学院。后于日本冲绳科学技术大学院大学攻读博士学位，师从 Noriyuki Satoh 教授（日本紫绶褒章获得者）和 Evan Economo 教授（现任哈佛研究员）学习基因重复和基因树不一致性在演化中的机制。毕业后于 2019 年加入华盛顿大学 Evan Eichler 教授（美国科学院和医学院院士）实验室进行博士后研究，主攻结构变异在适应性演化和人类疾病中的生物学机制。主要研究成果包括以第一作者或通讯作者发表在 <i>Nature</i>、<i>Nature Methods</i>、<i>Current Biology</i>、<i>iScience</i>、<i>Molecular Ecology Resources</i> 等杂志上，受到同行的广泛关注和引用。目前担任 eLife 青年审稿库成员，即将担任 BMC Biology 编委。</p>	
	
演讲题目：结构变异和基因树不一致性在灵长类演化和疾病中的机制	
关键词：structural variation, gene tree discordance, primates, disease	

<p>演讲摘要 (建议中文, 尽量浅显易懂, 字数不限)</p>	<p>结构变异与不完全谱系分选在灵长类演化过程中扮演着重要的作用, 通常和疾病息息相关。然而, 对于结构变异同不完全谱系分选在灵长类的研究却仍然不足。因此, 本研究通过比较不同灵长类基因组发现了百万个未发现的结构变异。部分结构变异会导致基因丢失, 基因结构改变或者基因重复。这些结构变解释了灵长类演化过程中的适应性演化和人类疾病的产生。除此之外, 本研究还通过构建完整的不完全谱系分选图谱发现人类 5.1%的基因组和黑猩猩或倭黑猩猩有着更近的遗传关系, 其中 21%的位点具有聚集现象并受到自然选择的压力。进一步对猿类进化的研究发现人类近 50%的基因组受到不完全谱系分选的作用。该研究充分的展示了结构变异同不完全谱系分选在灵长类进化过程中扮演的重要作用, 为了解答人类为什么是人类这一问题提供了遗传演化的视角。</p>
<p>参考文献</p>	<p>Mao, Yafei, et al. "A high-quality bonobo genome refines the analysis of hominid evolution." <i>Nature</i> 594.7861 (2021): 77-81.</p> <p>Mao, Yafei, Evan P. Economo, and Noriyuki Satoh. "The roles of introgression and climate change in the rise to dominance of <i>Acropora</i> corals." <i>Current Biology</i> 28.21 (2018): 3373-3382.</p> <p>Logsdon, Glennis A., et al. "The structure, function and evolution of a complete human chromosome 8." <i>Nature</i> 593.7857 (2021): 101-107.</p>