
营养与健康所等通过分析海南黎族基因数据溯源上古百越人群

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20323.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

营养与健康所等通过分析海南黎族基因数据溯源上古百越人群

。9月30日，中国科学院上海营养与健康研究所、海南医学院与复旦大学合作，在Molecular Biology and Evolution上，在线发表了题为Tracing Bai-Yue ancestry in aboriginal Li people on Hainan Island

的学术论文。该研究基于全基因组测序数据分析探究了海南黎族（HNL）的遗传起源、群体历史和适应性进化；结合我国和越南的侗傣语系族群，重构了“百越”族群的遗传演化模型；为探索我国上古人群与当今中华民族的历史渊源提供了基因证据和遗传学视角。

位于我国海南岛的黎族以悠久的民族文化和独特的民族风情而闻名遐迩，但关于黎族的遗传起源与历史仍然众说纷纭。《史记》记载了海南黎族与岭南地区的一众百越氏族同根同源，亦有既往研究印证了海南黎族与我国南方少数民族的紧密联系。然而，如今的黎族是何时抵达海南岛，且其源与流尚未能得到系统解析。此外，海南作为位于热带的岛屿省份，其独特的气候和岛屿环境如何造就了千百年来生存在岛上的黎族先民，也仍是未经探索的谜题。

科研团队结合我国南方和东南亚陆地的诸族群，证实了海南黎族与历史上使用侗傣语系为主的百越族群有紧密的遗传联系，同时，鉴定出一个富集在百越族群中的百越祖源，并发现该祖源在海南黎族中有最高的祖源比例。研究人员结合古DNA样本分析发现，与其他百越族群相比，海南黎族与来自中国南方的古代祖源有更近的遗传关系。研究进一步基于遗传混合的分析观察到，黎族与其他百越族群相比，存在更少的混合信号，表现出隔离人群的特征。这说明海南黎族由于居住在相对隔离的岛屿环境，充分保留了古代百越族群的祖源特征，成为当今人群中能够代表百越祖先的模式人群。

该研究进一步对海南黎族的遗传历史进行重构。研究基于Y染色体数据的分析结果认为，百越一脉起源于约11000年前。研究基于常染色体数据的分析发现，在7400年左右，百越族群均经历了有效群体大小的降低；从4000年开始，位于陆地的百越族群恢复了有效群体大小的增加，而海南黎族仍持续经历着有效群体大小的降低。研究推测，海南黎族先民在约4000年前开始移居海南岛，但岛屿的隔离环境缺乏与周边群体的基因交流，导致奠基者效应的持续；而位于陆地的百越族群由于和周边的群体（如汉族）进行遗传混合，恢复了有效群体大小的增加。

此外，科研人员还对海南黎族的适应性进化开展研究。研究在海南黎族中鉴定出和多不饱和脂肪酸代谢相关的FADS1和FADS2中存在选择信号，并发现该信号在东亚南北方地区存在差异，且在

黎族中衍生等位基因的频率最高（图3）。研究还发现，海南黎族存在多个与疟疾相关的基因（如CR1）以及与B细胞淋巴瘤等血液疾病相关的基因（如CD3G）上发生的适应性选择信号，且海南黎族的适应性选择信号显著富集到与造血功能相关的通路中。这或是由于过去处于热带地区的海南岛的疟疾发病率较高，故岛上的黎族先民在疟疾的选择压力下而产生了一些列与血液疾病相关的权衡。研究团队还结合百越族群的群体历史和适应性进化特征，构建了百越族群的遗传演化模型。

总体而言，该研究首次从全基因组测序数据层面对海南黎族开展了系统性的群体遗传学研究，揭示了海南黎族的遗传源流和适应性进化特点，同时结合中国历史上的百越诸族构建了百越族群的遗传和演化模型。这为进一步探讨我国南方地区少数民族的遗传历史和遗传多样性提供了理论依据，并为构建陆地和岛屿人群的遗传演化模型提供了参考示例。

研究工作得到国家自然科学基金重点项目、海南医学院、中科院战略性先导科技专项、上海市国际人类表型组计划市级科技重大专项等的支持。

[论文链接](#)

研究团队单位：上海营养与健康研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](#)转发