
东南亚人群基因组计划首期成果发表

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/33242.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！

东南亚人群基因组计划首期成果发表

。东南亚是全球最重要的人类演化区域之一。该地区人群拥有极高的遗传多样性，但基因组学研究长期缺失，制约了人类环境适应性进化与疾病遗传机制的深度解析，因而被称为全球人类基因组研究“最后一块拼图”。

中国科学院昆明动物研究所联合东南亚多国科研机构，组织发起了中国西南与东南亚人类学联合研究联盟（CASEAC），建立跨学科协同攻关团队。研究团队深入东南亚大陆雨林腹地，历经10余年，采集了涵盖5大语系、6个国家、30多个族群的东南亚人群样本，并完成了3023例全基因组深度测序，包含40例高精度长读长测序数据，构建了目前最完整的东南亚人群基因组变异数据集——SEA3K。

该团队通过开展系统的基因组学、群体遗传学和分子进化研究，首次全面描绘了东南亚人群的遗传变异图谱和基因组结构，揭示了该区域基因组格局如何受到古代族群分化、混合、适应、人口规模变迁及古人类（如丹尼索瓦人）基因渗入的综合影响。同时，团队发现了众多与热带环境适应相关的关键基因，揭示了深肤色、矮身高和疟疾抗性等热带雨林适应关联表型特征形成的遗传机制，为理解自然选择如何塑造现代人类表型多样性提供了重要证据。值得注意的是，团队首次在东南亚土著人群中发现了丹尼索瓦人多次基因渗入的遗迹，提示这一古人类可能曾广泛分布于从西伯利亚至东南亚的辽阔地区，重新定义了人类史前演化的地理边界。

这一成果标志着全球人类基因组多样性研究的重要突破，填补了全球基因组“南方盲区”，重新定义了人类多样性研究的全球图景，为解析人类表型与环境互作机制、热带疾病遗传基础提供了关键支撑，对推动区域精准医学、跨境民族健康治理具有重要科学意义与社会意义。5月14日，相关研究成果在线发表在《自然》（*Nature*）上。

在首期聚焦东南亚大陆取得成果的基础上，目前昆明动物所已联合国际合作伙伴正式启动“东南亚基因组计划”二期工程，致力于构建覆盖东南亚全域的万人级高分辨率基因组图谱，解析东南亚大陆人群与东南亚岛屿人群的遗传多样性关联，为在东盟地区推进疾病联防联控、加强科技交流合作提供数据基石，并推动“一带一路”健康科学合作迈向新高度。

[论文链接](#)

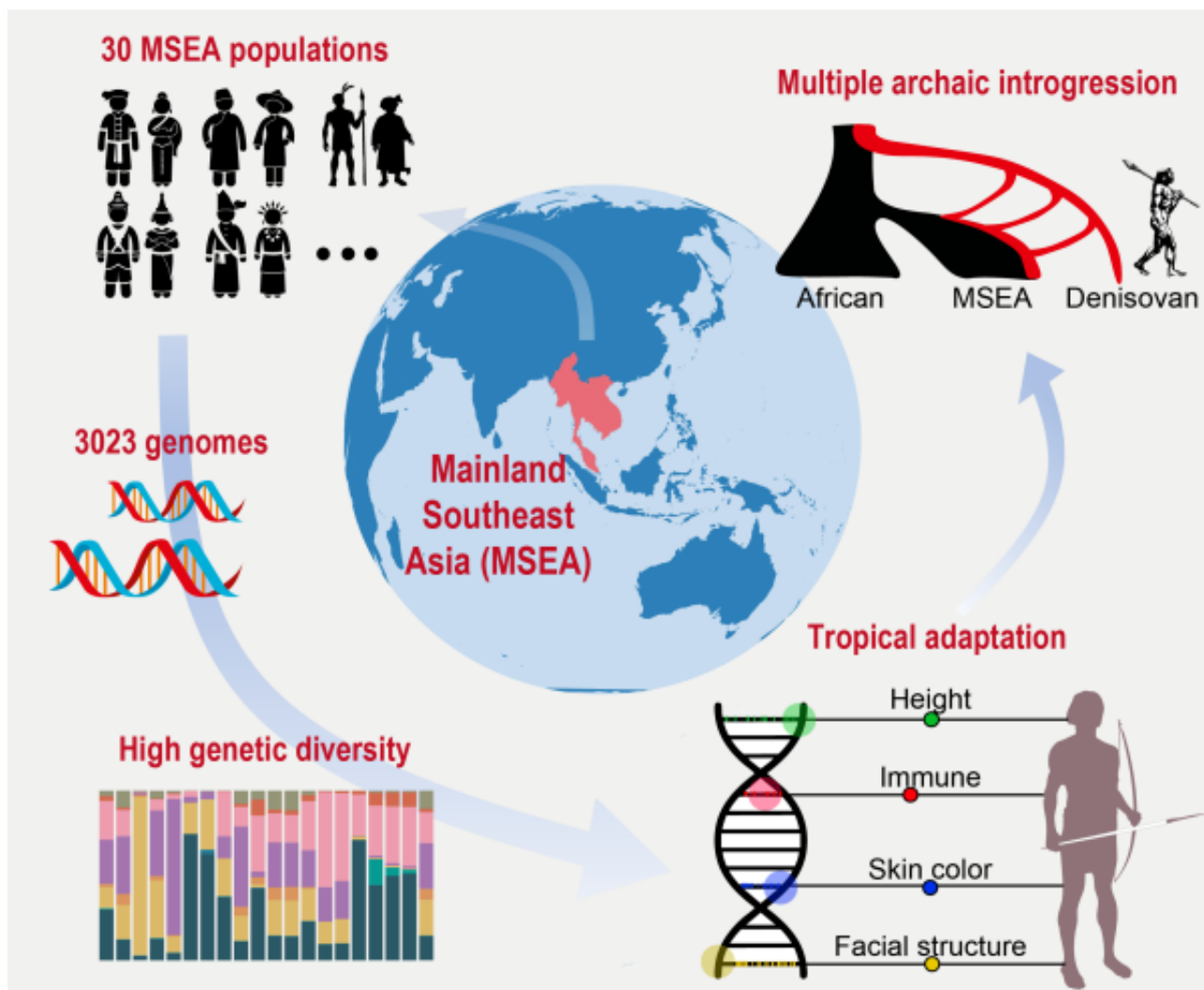
东南亚人群基因组计划

Genomes of Southeast Asian



SEA3K





东南亚人群基因组计划一期SEA3K的主要发现

研究团队单位：昆明动物研究所

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](https://www.iikx.com)转发