

gustav / December 16, 2009 07:43PM

[\[生醫科技\] 73個亞洲族群基因體變異鑑定出爐 呈現亞洲族群遷徙地圖](#)

[生醫科技] 73個亞洲族群基因體變異鑑定出爐 呈現亞洲族群遷徙地圖 ([英文版](#))

《中研院新聞稿》(2009/12/14) 一項由90位亞洲科學家 (包含四位來自中研院的研究員) 針對73個東南亞及東亞族群, 所聯合完成的研究, 用基因鑑定的方法證實, 亞洲族群不論在傳統認定的族群分類或語言分群, 皆和遺傳特徵高度相關。研究同時發現, 亞洲陸塊的南方族群人類亦較北方族群人類, 基因呈現多樣性。此數據似乎說明, 當初人類是從東南亞出發, 由南向北往亞洲各地遷徙。特別是現今居住於東亞和北亞的族群, 明顯地是由東南亞遷徙到達當地。此結論與稍早時學界普遍主張, 人類族群係由北方和南方多重路線進入亞洲之看法不同。國際頂尖專業期刊《科學 (Science) 》於2009年12月10日刊登出此篇論文。

這項由「人類基因體協會」(Human Genome Organization, HUGO) 轄下「泛亞洲SNP (單核苷酸多型性) 合作組織」(Pan-Asian SNP Consortium) 所完成的跨國研究, 其結論亦指出在亞洲進行遺傳學和基因藥理學研究時, 族群遺傳之變化 (亦即基因分層) , 係重大的考量因素。所謂的SNP (single nucleotide polymorphism) 是指基因體DNA序列單核苷酸 (A、T、C或G) 發生變異 (例如: ACGGCTAA變為ATGGCTAA) , 而使得基因體DNA序列隨之改變的多樣性。人類基因體的30億個鹼基中, 大約每隔100個到300個鹼基就可能出現一處SNP。SNP微小的差異, 可能導致人類個體的顯著差異, 包括: 身高、膚色、體型、是否容易罹患特定疾病、以及對藥物的反應等。

這項研究不僅是科學研究里程碑, 同時也促使發展跨國合作型態。來自十國的亞洲科學家, 首次克服文化敏感、經費短缺、以及執行條件種種限制, 共同展現決心, 團結一致, 完成這項艱鉅的任務, 形成真正屬於亞洲的研究社群。創造這項令人振奮的研究成果後, 該組織進一步目標是要擴展這個合作到全亞洲包括中亞和波利尼西亞各島嶼, 並且要進行更深入的全基因體研究。包括, 擴大此次的五萬點SNP基因體結構性變異之研究範圍, 使超過百萬點以上的SNP皆納入研究。

行政院國家科學委員會「基因體醫學家型科技計劃」近年來大力支持「泛亞洲SNP合作組織」, 並由中研院生物醫學科學研究所特聘研究員兼所長陳垣崇院士所領導之研究團隊代表台灣參加。陳院士同時是此合作組織的發起人之一。本研究計畫由行政院國家科學委員會基因體醫學國家型科技計畫核心設施「國家基因型鑑定中心」、「國家基因醫藥臨床中心」, 以及中研院「多中心合作型基因醫藥研究計畫」支持。

參考網站:

<http://www.sciencemag.org/cgi/content/short/326/5959/1470>

新聞聯繫人:

陳建勳博士, 中央研究院生物醫學科學研究所 chchen@ibms.sinica.edu.tw

(Tel)886-2-2789-9079

葉方珣, 中央研究院總辦事處公關室 hongsum@gate.sinica.edu.tw

(Tel)886-2-2789-8824 (Fax)886-2-2782-1551 (M)0922-036-691

林美惠, 中央研究院總辦事處公關室 mhlin313@gate.sinica.edu.tw

(Tel)886-2-2789-8821 (Fax)886-2-2782-1551 (M)0921-845-234

深入資訊:

[中研院新聞稿 2009/12/14](#)
