

中美科学家绘制完成世界首部青海蒙古族人全基因组序列图谱

文章来源：新华社 王大千

发布时间：2013-07-19

【字号：小 中 大】

由青海大学医学院和美国犹他州大学的学者组成的科研团队经过4年科研探索，成功绘制出了世界首部青海蒙古族人的全基因组序列图谱，并研究发现青海蒙古族人具有高原适应的特殊遗传基因。7月18日，这一成果由国际权威科学杂志《公共科学图书馆遗传学》正式发布，专家认为，它对防治高原病具有重要意义。

蒙古人是一个中亚族群，全世界约有2000多万，主要分布于蒙古国、中国的内蒙古、青海等八省市区和俄罗斯的布里亚特。在公元1636—1639年，蒙古人的一支迁移到青藏高原并逐渐适应了这里高海拔低氧的环境。对蒙古人的基因组进行完整的测序和分析不仅有助于了解其进化、与其他民族融合的过程，也可为人类遗传性疾病研究奠定基因组学基础。

“更重要的是，作为除藏族之外在青藏高原适应生存的民族，检测青海蒙古族人群的遗传基因，并和长期生活在这里的藏族人进行比较，对于了解人体对低氧的反应机制、防治高原病以及其他与低氧有关的疾病具有重要意义。”这项研究中方负责人、青海省高原医学研究中心主任格日力说。

这项研究在绘制青海蒙古族人的全基因组序列图谱的基础上，对42名长期生活在海拔3000米的青海蒙古族人进行了高通量全基因组多态性检测，并把结果和超过300名其他9个来自亚洲以及欧洲的人群进行了比较。在对比分析中，研究小组发现大约2%的基因组变化，即超过300个基因的变化是从未在其他人群中发现过的。

“这一结果对进一步了解亚洲人群的多样性以及研究和低氧环境适应性有关的遗传因素提供了重要的指导。”格日力说，相关研究还发现，青海蒙古族人和藏族人群共享几种异于低海拔人群的基因，说明历史上跨民族交流帮助了蒙古族人适应高海拔地区的生活环境，这也对研究人类在特殊环境条件下的适应性有重要意义。

[打印本页](#)[关闭本页](#)