

南大领导国际研究：早期人类迁徙史造就拉美人有亚洲基因



研究团队由南大生物科学学院的基因组学教授、新加坡环境生命科学与工程中心副主任舒斯特教授（右二）带领，成员包括（左到右）高级研究员古萨日娃博士、研究员阿密特博士和金慧琳副教授。（南洋理工大学提供）

最早一批亚洲人在1万4000年前大迁徙，从西伯利亚地区横跨2万公里到达南美洲，并在那里繁衍生息。研究员指出，“亚洲人”群体其实非常多样化，目前已记录的种族就超过460个，生理构造和医疗需求也都不尽相同。这项发现有助于推进新加坡的精准医学领域，使之具备成为亚洲甚至全球医疗中心的潜能。

这项国际研究由南洋理工大学新加坡环境生命科学与工程中心和亚洲环境学院的团队领导，汇集了亚、欧、美三大洲22个科研机构的48名研究员展开。研究通过先进的基因组测序（genome sequencing）科技，共分析了1537人的基因。研究成果星期五（5月16日）发表在学术期刊权威《科学》上。

主要研究员之一、南大亚洲环境学院副教授金慧琳说，早期人类源于非洲，后来在欧亚大陆演化出亚洲人。其中一些人在2万至4万年前从西伯利亚地区向北迁徙，并在1万4000年前抵达南美洲多地定居、繁衍。这意味着，许多现代拉丁美洲人拥有亚洲血统。



研究团队发现，许多拉丁美洲人拥有亚洲基因。（南大提供）

南大生物科学学院的基因组学教授、新加坡环境生命科学工程中心副主任舒斯特教授说，亚洲基因非常多样化，但在以欧美为主导的国际科研项目中，往往严重缺少亚洲案例的分析，导致研究成果可能并不完全适用于亚洲人群。

为此，舒斯特教授和金慧琳副教授等科研人员在2016年启动GenomeAsia100K项目，收集不同地区的人类基因样本。通过血滴或唾液，团队能分析样本的基因组，如今已记录到460多个拥有亚洲基因的不同种族，以此勾勒出人类发展史的变迁。

舒斯特教授说，这个宝贵的基因数据库能为不同群体提供科学的“身份认证”，并支持精准医学（precision medicine）的发展。精准医学能根据个人遗传基因、免疫系统等方面的变异或缺陷，制定个人化的医疗和用药方案，提供最具有针对性和最有效的治疗。

舒斯特：若精准医学只基于欧美数据 就不是真正精准

新加坡政府在2022年也推出名为SG100K的研究，在接下来的几十年追踪10万名新加坡人的健康情况，包括他们的基因排序。

舒斯特教授强调：“如果精准医学只基于欧美群体的数据，就不是真正的精准了。”

GenomeAsia100K团队说，基因数据有巨大的潜能，但收集和运用的过程必须遵守道德标准，包括把数据匿名化。

目前市面上有多种颇受欢迎的脱氧核糖核酸（DNA）或血统测试，人们可把唾液交由私人业者分析，获得个人化的血统信息和医疗护理建议。舒斯特教授说，这类盈利企业的检测机制和运作模式并不完全可靠，他呼吁人们应谨慎考虑使用，避免私人资料外泄或获取不准确的医疗信息等问题。