

【中国科学报】欧亚人群进化历史差异或影响复杂疾病遗传

文章来源: 中国科学报 张雯雯

发布时间: 2013-05-02

【字号: 小 中 大】

近日, 中科院昆明动物研究所研究员宿兵团队通过与国际科研单位合作, 鉴定了一个欧洲人群中新的双向情感障碍易感基因。相关研究在《分子精神病学》上发表。

目前, 复杂疾病, 如双向情感障碍、抑郁症等的遗传学分析已在世界范围广泛开展。然而, 人群生活的环境因素, 如气候、饮食和生活方式等可能是造成不同种族人群在复杂疾病遗传方面存在差异的原因。

研究人员鉴定了一个欧洲人群中新的双向情感障碍易感基因CREB1, 同时发现该基因区域包含了大量高度连锁、与双向情感障碍显著相关的单核苷酸多态位点(SNP), 这可能影响海马功能并导致疾病发生。从而推论, 在欧洲人群中特有的CREB1的双向情感障碍易感SNP位点可能是由于“邻居”基因CCNYL1受到选择而发生的遗传搭车效应。

该研究进一步支持了由自然选择造成的群体历史差异可能会影响某些复杂疾病易感性的遗传异质性, 而这或是目前在不同种族的人群中相关性分析重复结果很差的重要原因之一。

(原载于《中国科学报》 2013-05-02 第1版 要闻)