

作者: 张梦然 来源: 科技日报 发布时间: 2024/2/20 10:09:49

选择字号: 小 中 大

一生中患病的几率或可预测

十种慢性病遗传风险估算更接近临床

科技日报北京2月19日电 (记者张梦然)通过分析基因组中数百万个微小的遗传差异,就可预测一个人一生中患某种疾病的几率。在过去的10年中,研究人员为数十种疾病制定了风险评分,希望有一天患者能利用这些信息来降低患病风险。在《自然·医学》杂志最新发表的一项研究中,美国麻省理工学院和哈佛大学布罗德研究所团队概述了他们如何选择、优化和验证10种常见疾病的检测方法。

当前大多数多基因风险评分是根据欧洲血统人群的遗传数据制定的,这引发了关于这些评分是否适用于其他血统人群的问题。

此次研究人员与美国国家电子病历和基因组学网络开展了合作。该网络研究如何将广大患者的遗传数据与其电子病历整合,以改善临床护理和健康结果。

为了优化评分系统,布罗德临床实验室首席科学官尼尔·列依团队首先梳理了文献,寻找已在至少两种不同遗传血统的人群中进行过测试的多基因风险评分。他们同时搜索了患者可通过医疗、筛查和生活方式改变来降低疾病风险的分数。

团队选择了10种多基因风险评分重点关注的疾病:心房颤动、乳腺癌、慢性肾病、冠心病、高胆固醇血症、前列腺癌、哮喘、I型糖尿病、II型糖尿病和肥胖。

对于每种情况,研究人员都确定了基因组中的确切位点,并对其进行分析以计算风险评分。再通过将测试结果与每位患者血液样本的全基因组序列进行比较,他们验证了所有这些位点都可准确地进行基因分型。

研究人员分析了2500名祖先多样化群体的疾病风险。大约五分之一的参与者被发现至少患有10种疾病中的一种。最重要的是,这些参与者的祖先背景差异很大,这表明重新校准的多基因风险评分并不偏向于欧洲血统的人,而是对所有人群都有效。

研究人员表示,虽无法修复风险评分中的所有偏差,但可确保:如果一个人属于某种疾病的高风险人群,那么无论其遗传血统是什么,他都会被识别出来。

特别声明:本文转载仅仅是出于传播信息的需要,并不意味着代表本网站观点或证实其内容的真实性;如其他媒体、网站或个人从本网站转载使用,须保留本网站注明的“来源”,并自负版权等法律责任;作者如果不希望被转载或者联系转载稿费事宜,请与我们联系。

打印 发E-mail给:

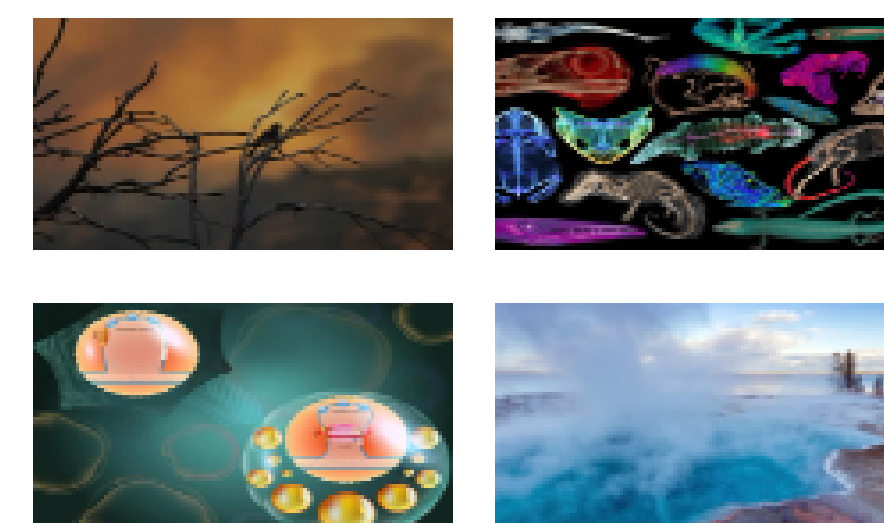
GO

相关新闻

相关论文

- 1 科学家描绘首个灵长类代谢疾病下丘脑细胞图谱
- 2 研究揭示疾病基因在物种之间的差异性表达和功能
- 3 为何自身免疫性疾病在女性中更常见?
- 4 助力研究脑疾病 科研人员建立海马“数据库”
- 5 “唐尧”基因组取得历史性突破 意味着什么?
- 6 这群获奖的年轻人,他们为治疗人类常见疾病工作
- 7 自身免疫性疾病可治愈吗?科学家发布成果
- 8 视网膜扫描或可揭示患心脏病风险

图片新闻



>>更多

一周新闻排行

- 1 通用人工智能时代,中国如何迎接新挑战
- 2 我国城市人群幽门螺杆菌最新感染率为27%
- 3 超过200万篇研究论文从互联网上消失了
- 4 这位全球高被引科学家离世后,仍发表了49篇论文
- 5 通用人工智能时代,中国如何迎接新挑战
- 6 唐本忠:“聚集”科学之光
- 7 科教界发“帽子”之风能否刹车
- 8 张文明委员:“以才育才”,引进留学归国人才
- 9 黄波团队在记忆性T细胞形成机制研究方面获新进展
- 10 英国拒绝加入ITER计划

编辑部推荐博文

- 科学网2024年2月十佳博文榜单公布!
- 遇上刺头学生、工作忙不过来……她们这样解决
- SSCI好刊带来科学减肥经验和更多公共卫生研究
- 用于先进氢/锂储存和离子传导应用的金属氢化物
- 人工智能设计的蛋白质能否被用作生物武器?
- 应力诱导表面界面双极化构建高密度活性位点

>>更多