复杂疾病关联研究中的若干问题

严卫丽, 顾东风

中国医学科学院 阜外心血管病医院 群体遗传及防治研究室:北京 100037

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 关联研究广泛应用于阐述心血管疾病、2型糖尿病、原发性高血压、普通性肥胖等人类复杂疾病的遗传学基础。本文就关联研究中混杂的识别与控制、候选基因的选择、中间表型的应用、单体型分析方法的应用,以及结果的判定等问题进行了讨论。人群分层是关联研究混杂的主要来源之一。选择患者亲属做对照、基因组对照和选择遗传背景较为一致的隔离人群都可以减少混杂。候选基因的选择可以基于与疾病间的生物学联系或是该基因与疾病某已知相关基因的同源性。适当的应用中间表型和单体型分析方法可以增加关联研究有意义发现的机会。本文认为,优化研究设计、足够的样本含量、正确选择对照,结合先进的数据分析方法,关联研究必将为困扰人类的常见疾病的易感性研究发挥更大的作用。

关键词 复杂疾病 关联研究 混杂 候选基因 中间表型

分类号

Development of a New Recombineering System by Gap Repair

LI Shan-Hu1, HONG Xin1, YU Mei1, CHEN Wei2, HUANG Cui-Fen1, ZHOU Jian-Guang1, ①

1.Institute of Biotechnology ; Academy of Military Medical Sciences ; Beijing ; 100850; China 2. School of Life Sciences; Xiamen Univ ;Xiamen ;361005; China

Abstract

Using lambda phage Red recombinase mediated in vivo homologous recombination system, a 6.7 kb lambda PL operon sequence including the Red encoding genes was subcloned into pBR322 by gap repair technique, and generated a pBR322-Red recombinant plasmid that can provide the Red recombination function and can be transfer into many kinds of bacteria. To confirm the recombination functions of pBR322-Red, a single-stranded of 70-bases oligo was introduced into W3110 by electroporation to create a single base $T \rightarrow G$ mutation in galK gene on the bacterial chromosome. The result demonstrated that a new λ Red-mediated recombineering system based on pBR322-Red was successfully established.

Key words <u>complex disease</u> <u>association study</u> <u>confounding</u> <u>candidate gene</u>

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ Supporting info
- ▶ **PDF**(179KB)
- ▶[HTML全文](0KB)
- **▶参考文献**

服务与反馈

- ▶把本文推荐给朋友
- ▶加入我的书架
- ▶加入引用管理器
- ▶复制索引
- ► Email Alert
- ▶文章反馈
- ▶ 浏览反馈信息

相关信息

- ▶ <u>本刊中 包含"复杂疾病"的</u> 相关文章
- ▶本文作者相关文章
- 严卫丽
- 顾东风