

中安在线：《自然遗传》第六次发表安医大全基因组研究成果

字体大小：[大] [中] [小] 浏览次数：187 次 发布时间：2011-06-17

6月12日，国际著名学术期刊《自然遗传》(Nature Genetics)再次在线发表了安徽医科大学最新研究成果——特应性皮炎(atopic dermatitis, AD)全基因组关联研究(Genome-wide association study, GWAS)，发现AD易感基因。该研究由张学军教授领衔的安徽医科大学第一附属医院皮肤病遗传学研究团队牵头，联合上海交通大学附属新华医院姚志荣教授研究团队、德国基尔大学Andre Franke教授研究团队等国内外30多家单位共同完成。

这是目前亚洲地区首个、全世界样本量最大的AD易感基因GWAS研究，也是该团队2009年以来继银屑病、系统性红斑狼疮、麻风、白癜风GWAS研究发现疾病易感基因后又一项复杂疾病GWAS研究的重大科研成果。该研究为深入揭示AD发病机制丰富了理论依据，标志着我国AD易感基因研究跻身世界先进行列。

特应性皮炎(AD)，又称“异位性皮炎”，是湿疹的一种特殊类型，好发于儿童，具有慢性复发，病程迁延，瘙痒剧烈，难以根治等特点，常伴发哮喘和过敏性鼻炎等过敏性疾病且多数患者终身患病，对患儿的生长发育和成人的生活质量造成了严重影响。AD病因不明，与遗传和环境因素密切相关。我国AD的发病率为3%，近年来由于生活环境的变化，发病率呈逐年上升趋势，病程的长期性和慢性复发倾向，给患者、家庭和社会带来沉重的负担，AD已经成为一个严重的社会问题。

该项研究得益于国家“863”计划、“973”前期研究专项、国家自然科学基金重点及面上项目、安徽省财政厅和科技厅专项基金等资助，历时3年，通过对近2万例AD患者和健康对照进行AD易感基因GWAS研究，在人类基因组2个区域内发现了与AD发病密切相关的易感基因，即5号染色体区域的TMEM232和SLC25A46；20号染色体区域的TNFRSF6B和ZGPAT；证实了既往在欧洲和亚洲人群报道的AD易感基因FLG。这些基因异常表现将导致AD的发生。该研究实现了亚洲人群、欧美人群的国际性合作，突破了研究人群单一的局限，研究结果具代表性和科学性。

GWAS是近几年兴起的搜寻复杂疾病易感基因的最为有效的方法之一，2011年，《自然》(Nature)在评论重大科学热点时，将GWAS发现疾病易感基因排位第二，并指出利用GWAS发现了一大批有价值的疾病易感基因/位点，后续易感基因功能研究将对阐明人类重大疾病的发病机制具有重要意义。

据悉，5月19-21日《自然遗传》联合安徽医科大学，邀请了来自美国国立卫生研究院、deCODE遗传研究所、美国国家癌症研究所、美国哈佛-麻省理工Broad研究所、清华大学、北京大学等国内外多家知名研究团队，在安徽医科大学举办了《自然遗传》2011年全基因组关联研究《机遇与挑战》的国际高峰论坛，为进一步推动完善GWAS的全面深入发展，发现更多复杂疾病易感基因提供了契机。论坛一致认为GWAS发现复杂疾病易感基因卓有成效，近5年来利用GWAS发现了近200多种复杂疾病近4000多个疾病易感基因/位点，后续对疾病易感基因功能研究将为加速推动复杂疾病发病机制研究进程，全面揭示人类复杂疾病病因，推进基础研究转化临床应用奠定了坚实的基础。在全基因组测序价格降低到廉价高效之前，GWAS方法由于其自身的优势和效力无疑将是寻找复杂疾病易感基因的最为有效的方法，在不久的将来人类将会迎来利用GWAS研究复杂疾病新的高潮，将会发现越来越多的疾病易感基因。

此次GWAS研究发现AD易感基因将为人类揭示AD的发病机制提供了新的契机，对疾病预警、遗传咨询、临床诊断及新药研发具有重大意义；同时该研究构建了第一个亚洲人群AD病例-对照的全基因组关联研究数据库，为今后AD易感基因的深入研究并最终全面揭示AD的发病机制奠定了坚实的基础。(尹先勇、惠继荣)

Copyrights 2008-2010 版权所有:安徽医科大学 地址:安徽省合肥市梅山路 邮编:230032

未经书面允许不得转载信息内容、建立镜像 建议IE5.5, 1024*768 以上分辨率浏览网站