# “同志”还是“直男”基因说了不算

作者：程唯珈 来源：中国科学报

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/6753.html

*本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！*

“同志”还是“直男”基因说了不算。迄今为止规模最大的一项关于性取向遗传基础的研究显示，人类基因组中有5个与同性性取向有关的位点，但其中没有一个能够可靠地预测个体的性取向。

研究人员分析了接近50万个个体的基因组，所得结果与之前小规模的研究类似，也证实了很多科学家的猜测：虽然性取向中存在遗传因素，但没有任何一个单一基因能够对性取向产生足够大的影响。相关成果8月29日发表于《科学》。

谁说了算

并没有所谓的‘同性恋基因’。美国麻省理工学院博德研究所遗传学家Andrea Ganna表示。

根据估算结果，Ganna和同事发现，遗传因素在性取向中至多起到25%的作用，其余的75%则受环境和文化因素的影响——这一数字与之前的小规模研究结果非常相近。

这是一项可靠的研究。英国牛津大学社会学家Melinda
Mills说。她主要研究生殖行为的遗传基础。

但是Mills提醒，这项研究的结果可能无法代表所有人类群体。研究的大部分基因组来源于英国生化银行研究项目和美国商业基因检测公司23andMe。为这些数据库提供基因和健康信息的人群绝大部分拥有欧洲血统且年龄偏大。英国生化银行研究参与者在数据采集时年龄大都在40到70岁之间，23andMe数据库用户的平均年龄是51岁。

研究者还指出，为了能够使用传统的遗传分析方法，研究中他们排除了生理性别和心理认同性别不匹配的个体。因此，研究对象中不包括跨性别者和双性人。

仍需更多数据

长期以来，科学家一直认为个体的性取向受遗传基因影响。自20世纪90年代开始的一系列研究表明，相比异卵双胞胎或收养的兄弟姐妹，同卵双胞胎的性取向往往更加一致。其中，部分研究暗示X染色体长臂28区域与生物学男性的性取向有关。然而，后续研究对这一结论提出了质疑。

这些研究的样本规模都很小，而且大部分集中在男性人群。Mills表示这在很大程度上限制了科学家寻找更多与性取向相关的基因。

在最新研究中，Ganna及同事使用了全基因组关联研究(GWAS)方法对数十万人的基因组进行分析，以找到其中的单碱基差异(SNPs)。如果许多具有共同特征的人都拥有某些SNP，那么这些SNP很可能在某种程度上与该特征有关。

研究人员根据是否与同性发生过性关系将受试者分为两组，并进行了独立分析。在第一项分析中，研究人员评估了超过100万个SNP，以探究拥有更多相似SNP的受试者是否拥有一致的性取向。他们发现遗传背景可以解释8%~25%的性取向差异。

在第二项分析中，Ganna及同事侧重于寻找那些可能与同性性取向相关的SNP，并且找到了5个在同性恋群体中更为常见的SNP。然而，这5个SNP综合起来也只能解释不到1%的性取向差异。

这暗示着性取向可能受到更多基因的影响，然而很多还未被研究者发现。Ganna表示，扩大样本量或有助于发现那些缺失的变体。

但Ganna反复警告，这些SNP无法可靠地预测任何个体的性取向，因为没有任何一个单一基因能够对性取向产生足够大的影响。

复杂的性取向

虽然研究人员已经确定了部分与同性性取向有关的SNP，但他们并不清楚这些基因变异的具体作用。其中一个SNP与嗅觉有关，Ganna认为该基因在性吸引中发挥了一定作用。另一个SNP与男性脱发有关，而此特征受性激素水平影响，这也暗示了性激素或与同性性取向相关。

Ganna介绍，研究结果表明，人类性行为是非常复杂的，受到诸多因素影响。此外，由于涉及同性恋这一敏感话题，如何向公众解释如此专业的科学结论，也是科研人员需要面对的一大挑战。

为了确保这些成果不被歪曲解释，研究人员联合性少数群体(LGBTQ)倡导组织和科学传播专家，共同探讨向大众介绍此项研究发现的最佳方式。为此，他们专门设计了一个网站，用谨慎通俗的语言向公众解释研究结果及其局限性。

欧洲生物信息研究所所长、遗传学家Ewan
Birney对此做法表示赞同。该领域属于科学传播的一个雷区。他说。

尽管部分研究人员和LGBTQ支持者可能会质疑进行此类研究的意义，但Birney充分肯定了该研究的重要性。目前已有许多关于同性性取向的社会学研究，但是此类话题尚有许多未知待解。Birney表示，是时候给此类讨论提供一个可靠的基于生物学背景的观点了。

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/d41586-019-02585-6

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发