

---

# 研究揭示东亚人 2 型糖尿病遗传标记

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/9539.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！*

**研究揭示东亚人 2 型糖尿病遗传标记。** 近日，一组国际研究人员在非欧洲人群中183个基因位点发现了301个不同的基因信号，这些信号与东亚人的 2 型糖尿病有关。其中61个是最新发现的与易患 2 型糖尿病有关联的位点。之前在欧洲人后裔中进行的全基因组关联研究并没有涉及到这些基因。北京时间2020年5月6日晚23时，相关论文刊登于《自然》。

中国疾控中心、新加坡国立大学、日本东京大学等30多个机构的100多名研究人员，进行的这项全基因组荟萃分析包括了433540名东亚人（包括77418名 2 型糖尿病患者）。这些研究的最终目标是确定潜在的基因靶点，以治疗甚至治愈这种影响全球4亿多成年人的慢性代谢紊乱。

研究人员表示，不同人群的人都具有患上 2 型糖尿病的大部分遗传易感性，但他们确实也存在一些不同的遗传变异，这些变异或多或少会影响他们的易感性。

参与了该研究的美国北卡罗来纳大学教堂山分校的Karen Mohlke说：如果没有世界各地，尤其是亚洲众多科学家的合作和奉献，就不可能有如此大规模的研究。数十个团队收集和数据分析的数据为研究界提供了急需的关于糖尿病生物学基础的新信息。

在该研究中，研究人员使用了来自中国、韩国、日本、新加坡、菲律宾等多个国家和地区的23个队列研究的全基因组关联数据，以便检查 2 型糖尿病的风险。例如，他们在基因GDAP1、PTF1A、SIX3、ALDH2，以及影响肌肉和脂肪分化的基因附近发现了新的糖尿病风险关联。在另一个位点，研究人员发现了两个重叠的 2 型糖尿病基因信号，它们似乎通过NKX6-3和ANK1基因在不同的组织中起作用。

新加坡国立大学的Xueling Sim说：我们知道糖尿病是由一系列复杂的风险因素引起的，如身体质量指数，这些因素对不同血统人群的糖尿病发生都有不同的影响。这些发现扩大了与糖尿病相关的遗传变异的数量，并强调了研究不同血统的重要性。

研究人员表示，了解额外的基因变异可以帮助识别影响人们患 2 型糖尿病的风险，这些基因让人们人们对糖尿病的病理生理学有了更多的了解。这项研究可能有助于解释为何东亚人群中 2 型糖尿病的患病率要高于欧洲人群中相似体重指数的人群。

下一步，研究人员计划结合跨人群地发现，并通过实验确定哪些基因被遗传改变，以及这些改变如何导致疾病发生。（来源：中国科学报 唐凤）

相关论文信息：<http://dx.doi.org/10.1038/s41586-020-2263-3>

---

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：Xueling Sim 来源：《自然》

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](http://www.iikx.com)转发