



## 多组学研究揭示家犬和人强迫症之间显著的遗传趋同

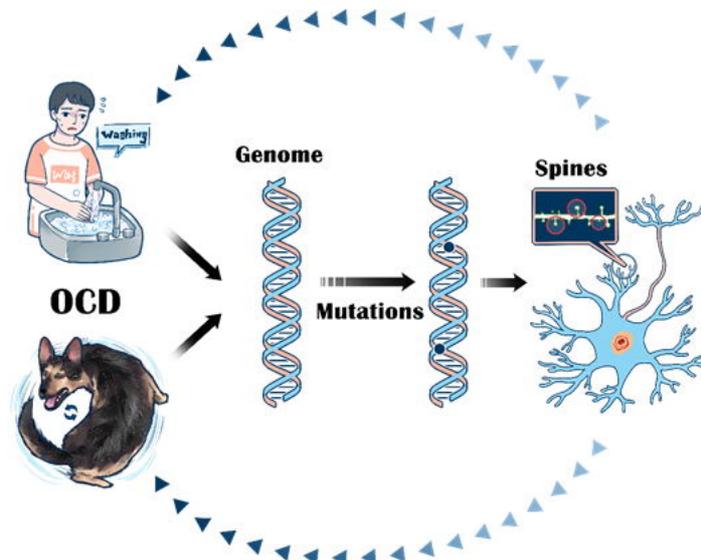
2020-09-21 来源：行为遗传和进化学科组

0

强迫症是一种异质性极高的精神疾病，其表型、遗传和病因均具有明显的多样性，使得在人类群体中探索强迫症的潜在遗传和生物学机制异常困难。家犬作为最早驯化的一种家养动物，在自然条件下亦受到强迫症的折磨，且与人类强迫症具有多种相似表型。因此，开展家犬强迫症的遗传和细胞学研究将有助于阐明两者强迫症共享的生物学机制。

本研究针对转圈行为这一家犬强迫症的代表性表型，在两个独立犬种中（比利时马里努阿犬和昆明犬）开展了表型鉴定和全基因组测序工作。通过群体分化和全基因组关联分析筛选到11个候选强迫症风险基因，且这些基因与人类全基因组关联研究揭示的强迫症关联基因有显著重叠（ $P < 0.0001$ ），证实了人类和家犬强迫症的显著遗传趋同性。进一步的基因表达分析和功能验证表明两个强迫症候选风险基因PPP2R2B和ADAMTSL3可显著影响树突棘的发育、密度和形态，提示树突棘发育与功能改变可能参与了人和家犬共享的强迫症发病机制。我们的研究揭示了人和家犬强迫症在遗传和细胞生物学方面的趋同性，提示家犬或可作为包括强迫症在内许多人类疾病研究的模型物种。

该研究以“Whole genome analyses reveal significant convergence in obsessive-compulsive disorder between humans and dogs”为题，在《*Science Bulletin*》上在线发表（文章链接：<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2095927320306174>）。昆明医科大学曹雪副教授、中科院昆明动物研究所刘伟鹏博士为论文共同第一作者，中科院昆明动物所张亚平研究员，王国栋研究员和李明研究员为论文共同通讯作者。该工作得到了科技部国家重点研发计划，中国科学院基础前沿科学研究计划从0到1原始创新项目，中国科学院昆明动物研究所人类疾病的家犬模型省创新团队，国家自然科学基金委和云南省运用基础昆医联合专项等项目的资助。





Copyright © 2018-2021 中国科学院昆明动物研究所 .All Rights Reserved

地址：云南省昆明市五华区教场东路32号 邮编：650223

电子邮件：zhanggq@mail.kiz.ac.cn

滇ICP备05000723号  滇公网安备 53010202000920号

