

收藏本站 设为首页

English 联系我们 网站地图 邮箱 旧版回顾



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展,  
率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



官方微博



官方微信

[首页](#) [组织机构](#) [科学研究](#) [人才教育](#) [学部与院士](#) [资源条件](#) [科学普及](#) [党建与创新文化](#) [信息公开](#) [专题](#)

搜索

首页 &gt; 科技动态

揭开“主要抗原”神秘面纱

## 中国汉族人群MHC遗传变异图谱完成

文章来源: 中国科学报 杨保国 冯立中 发布时间: 2016-05-24 【字号: 小 中 大】

我要分享

由安徽医科大学、复旦大学与华人基因研究院共同开展的人类MHC（主要组织相容性复合体）区域全覆盖深度测序近日完成。该研究构建出迄今为止最完整的中国汉族人群MHC遗传变异数据库（Han-MHC），并阐述了其在复杂疾病研究中的重要价值。相关成果5月23日在线发表于《自然-遗传学》。

MHC又被称作HLA（人类白细胞表面抗原），位于6号染色体上，包括一系列紧密连锁的基因座，与人类免疫系统功能密切相关，涉及几乎所有复杂疾病的发生、发展，有人称之为人类的“主要抗原”，阐明该区与疾病的关系一直是生命医学研究领域的热点和难点。

近年来，欧洲人群利用已建立的5225例来自I型糖尿病联盟的MIC区域遗传变异参考图谱，开展了众多欧洲人群复杂疾病的MHC关联性研究。由于缺乏大样本量的中国人群MHC遗传变异参考图谱，目前国内鲜有利用精细定位策略寻找MHC区域与中国人群复杂疾病相关致病性的变异研究。因此，亟待针对中国人群MHC区域展开大规模、系统性遗传学研究，建立起中国人群特异性MIC区域遗传多态性图谱。

由安徽医科大学张学军教授负责的此项研究，首次对中国人群的MHC区域进行了大规模样本深度测序。他们通过自主研发的MIC目标区域捕获芯片，对20635例中国人群样本的MIC目标区域进行测序分析，建立了世界上最大样本量的中国人群MHC全区域完整遗传变异数据库，完整展示出中国人群MHC区域突变位点和HLA基因的多态性图谱，该数据库的构建为开展中国人群复杂疾病与MHC区域的相关性研究奠定了坚实的基础。

研究以银屑病（俗称牛皮癣）作为案例，首次采用测序方法对MIC区域遗传变异在中国汉族银屑病人人群发病中的相关性进行了全面、系统的大样本研究，发现了MHC区域多个新银屑病易感基因和位点，同时揭示了中国人人群特异的银屑病易感位点，进一步证明了基于完整测序构建的Han-MHC数据库在中国人群相关复杂疾病研究中的应用价值。

张学军表示，该成果在中国人群MHC区域遗传学研究中具有里程碑意义，将为深入研究MHC区域遗传多态性在中国人群复杂疾病发生、发展中的相关机制提供新的契机，特别是对我国正在进行的各种复杂疾病的精准医学研究起到重要作用。

(责任编辑: 侯雷)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们  
地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864

### 热点新闻

#### “一带一路”国际科学组织联盟...

联合国全球卫星导航系统国际委员会第十...  
中科院A类先导专项“地球大数据科学工程...  
中科院与巴基斯坦高等教育委员会和气象...  
白春礼: 以创新驱动提升山水林田湖草系...  
中科院第34期所局级领导人员上班开班

### 视频推荐



【新闻联播】“率先行动”  
计划 领跑科技体制改革



【新闻联播】习近平向“一  
带一路”国际科学组织联盟  
成立大会暨第二届“一带  
一路”科技创新国际研讨会致  
贺信

### 专题推荐

