

25例男性暴力行为精神分裂症患者的染色体分析

洪美玲 谭莹 韩燕萍 赵先碧 王宏岩

(沈阳军区军医学校, 大连)

徐延江

(大连市公安局精神病管制院)

迟志忠

(大连市西山医院)

本文对 25 例男性暴力行为精神分裂症病人的外周血淋巴细胞做染色体常规、G 带和 C 带分析。着重测量 Y、E 组和 F 组染色体的长度, 发现其 Y/F 平均指数大于 1.0 (1.04), Y/E 平均指数 (0.84) 也明显高于正常范围 (0.75), 而且大 Y (Y/E 指数 ≥ 1.0) 者占 18 例 (72%), 其中 15 例出现四倍体细胞。这些结果与对照组 1 (无暴力行为精神分裂症病人 24 例) 和对照组 2 (正常男性 48 例) 比较, 均有显著差异 ($P < 0.001$)。据此认为暴力行为精分病人有大 Y 倾向。但大 Y 作为暴力行为表达的遗传学基础尚难定论。此外两组 49 例精分病人中有 10 例出现 9 号染色体臂间倒位改变, 其频率 (20.4%) 与 1986 年洪氏等报道的 20.8% 频率相仿, 再次表明 9 号臂间倒位很可能作为一种遗传因素参与此病的致病过程。

关键词: 大 Y 染色体, 精神分裂症, 暴力行为, 9 号染色体

精神分裂症(简称精分), 有一定的遗传倾向, 但其遗传本质国内外学者都从不同侧面作了研究探讨。临床资料表明, 有暴力行为的精分病人男性多于女性, 而且多数初次发病即有暴力行为。就此, 本文对此类男性病人进行染色体分析, 探讨 Y 染色体与本病的关系。

材料与 方法

实验组为 25 例男性暴力行为精分患者; 以 24 例无暴力行为精分患者和 48 例健康男性分别作为对照组 1 和 2。两组病人系按全国 1984 年 10 月修订的精分临床工作诊断标准诊断, 实验组病例并经辽宁省精神病防治院司法医学鉴定, 其中偏执型 16 例、青春型 7 例、未定型 2 例, 年龄 25—71 岁, 平均 38.2 岁。对照组 1 年龄 19—56, 平均 31.6 岁; 对照组 2 20—53 岁, 平均 27.1 岁。实验组病人身高 160—182 厘米, 平均 172 厘米, 发育、生殖器和男性第二性征无异常所见。25 例病人均有杀人行为, 共致死 29

人, 严重伤残 7 人。

三组受检者均做外周血淋巴细胞染色体检查, 包括常规、G 带和 C 带。取肘静脉血 2.5 ml, 无菌接种于 RPMI 1640 和小牛血清培养液中, 37°C 72 小时, 于培养终止前 2 小时加秋水仙素液阻断分裂。常规收集细胞和制作涂片标本。镜检每例计数 50 个细胞的染色体, 观察形态并做核型分析。G 带和 C 带分别采用胰酶消化法和 BSG 法。测量 Y 染色体、E 组 3 对和 F 组 2 对染色体的长度。在油镜下选平直的染色体, 用测微器在视轴与染色体长轴成垂直角度下测得染色体的全长。每例共测 15 个细胞(常规、G 和 C 带各 5 个)的上述 11 条染色体。分别计算 Y、E 和 F 组染色体长度的均值以及 Y/E 和 Y/F 的比值。统计学处理每例 Y/E 和 Y/F 比值的标准差, 三组之间 Y/E、Y/F

Hong Meiling et al.: Chromosome Analysis on 25 Cases of Male Schizophrenia with Violence
本文于 1988 年 10 月 12 日收到。

比值的 t 值和 P 值。此外观察 9 号染色体臂间倒位的异常情况。

结 果

(一) 染色体数目

三组二倍体细胞数占 90.9—95.4%，差异无统计学意义。实验组 25 例中有四倍体细胞者占 15 例(60%)，对照组只有一例(1.3%)，二者有显著差异 ($P < 0.01$)。关于染色体断裂和裂隙情况，三组对比无统计学意义。

(二) 染色体 Y/F 指数

染色体 Y/F 指数的统计结果见表 1—3。

表 1 三组 Y/F 平均指数及例数

分 组	Y/F 平均指数(范围)		平均指数>1 的例数(%)
	常 规	C 带	
实验组	1.031 (0.91—1.14)	1.04 (0.99—1.24)	18(72%)
对照组 1	0.916 (0.8—1.0)	0.9 (0.79—1.06)	1(4.1%)
对照组 2	0.917 (0.72—1.02)	0.905 (0.75—1.03)	4(8.3%)

表 2 三组 Y/F 平均指数的 t 值检验

比 较	t 值		P 值
	常 规	C 带	
实验组与对照组 1	7.435	8.442	<0.001
实验组与对照组 2	7.660	8.038	<0.001
对照组 1 与对照组 2	0.070	0.293	>0.05

注：G 带值与 C 带值相似，略。

表 3 三组 Y/F 平均指数正态分布分析

分组	$\bar{x} \pm 1S$		$\bar{x} \pm 2S$	$\bar{x} \pm 3S$
	值	例数(%)	例数%	例数%
实验组	常规 1.031 \pm 0.054	76	92	100
	C 带 1.04 \pm 0.06	92	96	96
对照组 1	常规 0.916 \pm 0.055	75	95.8	100
	C 带 0.9 \pm 0.063	75	95.8	100
对照组 2	常规 0.917 \pm 0.063	79.1	93.8	97.9
	C 带 0.905 \pm 0.07	72.9	95.8	100

(三) 染色体 Y/E 指数及 9 号染色体臂间倒位

染色体 Y/E 指数(常规制片)的统计结果见表 4—6。三组 9 号染色体臂间倒位统计结果见表 7。

表 4 三组 Y/E 平均指数

分 组	Y/E 平均指数	范 围
实验组	0.84	0.73—1.0
对照组 1	0.74	0.65—0.85
对照组 2	0.75	0.58—0.93

表 5 Y/E 平均指数 t 值检验

比 较	t 值	P 值
实验组与对照组 1	5.839	<0.001
实验组与对照组 2	6.705	<0.001
对照组 1 与对照组 2	0.232	>0.05

表 6 三组 Y/E 平均指数的正态分布分析

分 组	$\bar{x} \pm 1S$		$\bar{x} \pm 2S$	$\bar{x} \pm 3S$
	值	例数(%)	例数(%)	例数(%)
实验组	0.84 \pm 0.062	72	96	100
对照组 1	0.74 \pm 0.052	66.7	100	100
对照组 2	0.75 \pm 0.062	81.3	91.7	100

表 7 三组 9 号染色体臂间倒位统计

分 组	总例数	倒位例数	%	P 值
实验组	25	6	} 20.4	<0.05
对照组 1	24	4		
对照组 2	48	1		

大 Y 与 F 组染色体的比较及 9 号染色体臂间倒位情形分别见图 1、2。

讨 论

(一) 大 Y 与某些暴力行为精分的关系

E 组和 F 组染色体长度较为稳定，且易辨认，所以 Y 的长度可与此两组染色体的平均长度比较而得知。按 Brown (1967) 的定义，Y 长度等于或大于 F 组的平均长度，则称为大 Y 染色体^[3]。有人已测得 Y/F 指数的正常值为 0.7—0.98，平均 0.84。本文 48 例健康男性为 0.75—1.03，平均 0.905；对照组 1 为 0.79—1.06，平均 0.9，两组均符合正常范围。然而实验组为 0.99—1.24，平均 1.04，属于大 Y 范围。

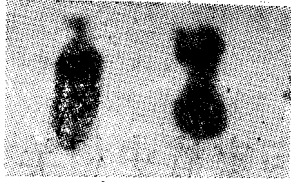


图1 左为大Y染色体,右为F组染色体



图2 右为正常9号染色体,左为同源9号染色体臂间倒位(C带)

Y长度有种族差异性^[4],本文受检者均为汉族,可排除种族因素的影响。从各组大Y染色体例数分析:实验组18例占72%,对照组1为1例占4.1%。正常男性人群也有大Y,据报道为1.4%—18.6%^[3]。本文正常男性组为8.3%,与前人报道相似。由此可见只有实验组大Y例数明显高于正常。再从Y/E指数分析:Unnerus对30例正常男性测得Y/E指数为0.55—0.88,平均0.73^[5]。本文48例正常男性为0.58—0.93,平均0.75,对照组1为0.74,两组均与前者一致。但实验组却高于正常而为0.84(0.73—1.0),与前两组对比有显著差异。根据上述分析我们初步认为暴力行为男性精神分裂患者有大Y倾向。就此提示临床对大Y男性病人多采取预防性措施,防止暴力行为发生可能具有实际意义。至于暴力行为与大Y的关系,有的学者提示暴力行为与大Y有关,但有的学者持否定态度,因此二者关系尚难定论。

(二) 暴力行为精神分裂患者四倍体频率高

实验组四倍体例数明显高于对照组(15/25

对1/72),而且15例均为大Y。Amice曾发现携带异染色质变异体的个体表现出有丝分裂不分离的频率增高^[2]。我们推测本文四倍体现象是否由于大Y的异染色质区变异所产生的影响。

(三) 精神分裂病人9号臂间倒位频率高

两组精神分裂病人中10例有9号臂间倒位,其频率(20.4%)与洪氏等报道的20.8%频率相仿^[1],这进一步说明此种改变对本病发病很可能作为一种遗传因素而起作用。

参 考 文 献

- [1] 洪美玲等:1986. 中华神经和精神病杂志,19(3):188—191.
- [2] Amice, V. et al.: 1983. *La. Presse Med.*, 12:889.
- [3] Soudek, D. et al.: 1973. *Humangenetic*, 18: 285—290.
- [4] Grouchy, J. D. et al.: 1977. *Clinical Atlas of Human chromosomes*, John Wiley, New York, pp. 224.
- [5] Unnerus, V. et al.: 1967. *Cytogenetics*, 6: 213—227.

(上接第48页)

条染色体的全部核苷酸顺序。这无疑是一项非常艰巨而又浩大的工程。我们知道,人类基因组约为33—35 M,这也就是说整个人体基因组大约有33—35亿碱基对。过去人们一直认为,要完成这样巨大的工程完全是不可能的。最近,一些美国科学家提出,在适当长的时间内是可以完成这项工作的。他们设计了一个研究方案,进行这项研究不需要特定的克隆或限制性图谱分析,而是从随机DNA开始进行排序工作。采用这种方法不能区分重复顺序,但是所有的单一顺序都会被组合起来。

为了表明这项工程的可能性,科学家们还提出了一个具体设想:在全美国建立工作站来完成这一工

程,每一个工作站有两个技术人员和4台自动排序机,4台机器有40个通道,而每个通道可以记录750 bp,工作站按每天工作5天,每天两班,每班8小时计算,750 bp×40个通道×4台机器×2个工作班×5=120万 bp/每周。这样每年可测定约6000万 bp。为了确保整个基因组都不遗漏地测到,需要将人体基因组的总碱基数乘以10。运用这一设想,580个工作站在一年内就可完成该项工作。如果这一设想能付诸实现,人类就可以彻底弄清自身基因组结构的全部顺序。这将是人类认识自身的一个重大突破,同时也为揭开生命之谜,为诊断、预防和治疗遗传性疾病与肿瘤辅平了道路。