

科普 | 同性恋基因不存在.....吗?

原创 桃子咯 WHU性别性向平等研究会 2019-09-04

• 同性恋基因 不存在.....吗?

/// 导语

前几天, 一篇名为《Large-scale GWAS reveals insights into the genetic architecture of same-sex sexual behavior》的论文在SCIENCE发表, 文章结论在简化后的流传里, 出现了各种各样的误解: 同性恋不是天生的, 进而出现同性恋不能宣扬、同性恋是不自然的等等声音。因此, 今天的推送我们就论文本身做一个解读, 以期消除快速信息带来的理解误差。

/// 部分原文翻译

“ 摘要

在人类社会和男女两性中, 约有2%至10%的人报告与同性伴侣发生过性关系, 这其中包括仅和同性发生性关系也包括与异性和同性伴侣都发生性行为。双胞胎和家庭的研究表明, 同性性行为在一定程度上受遗传基因影响, 但先前研究中由于样本数量等问题, 无法确定特定基因对复杂性状的实际效应大小。

插一句需要的知识: 性状与基因的关系并不是一对一的, 即一个性状可能由单个基因决定, 也可能同时由多个基因决定。类似的, 单个基因可能决定一个性状, 也可能对多个性状都有影响。

“ 原理

全基因组关联GWAS: 通过将样本的基因组进行对比分析, 例如本文现在有两组人群, A组表现出来某种行为/特质, 而B组并没有这种行为/特质, 通过对比两组人群的基因组, 如果在某一个基因位点T上面, 多数(非常多)的A组人都和B组呈现出类似的差异(SNP), 那么这个基因在某种程度上可能与这种行为/特征有关。为此, 本文对来自英国和美国的477,522个个体进行了全基因组关联发现分析, 对来自美国和瑞典的15,142个个体进行了复制分析, 并根据性偏好的不同方面进行了后续分析。

“ 结果

在UK Biobank和23andMe提供的样本中, 我们发现五个常染色体位点与同性性行为显著相关。而在一个较小量和独立的复制样本Meta分析中, 有3个位点是显著的。我们的分析表明所检测的所有基因位点能够解释8~25%的男女同性性行为差异, 并且遗传影响在两性之间呈正相关但不完全相关(遗传相关系数(r_g) = 0.63; 95%置信区间, 0.48至0.78]。这些合计的基因影响有部分与来自其他特质带来的影响发生重叠, 包括例如吸烟、食用大麻、冒险(risk-taking)等外化行为, 以及在经验上更为开放的个人特质(相关系数 $r_g > 0.83$)。然而, 区别异性性行为和同性性行为的基因影响, 与区别同性性伴侣中的非同性恋比例高低的基因影响并不一致, 这表明对异性性行为和同性性行为的偏好之间并不是连续的。

理解结论需要一点统计学知识:

1. 显著相关, 就是非常非常相关;

2. 相关系数越大, 表明正相关性越强 (0~1之间) ;

3. 置信区间, 可以理解为考虑误差后的上下值 (比如我们测出18cm, 由于各种因素带来的误差, 我们给出[16-20]的范围);

4. 解释差异的意义可以参考以下网址:

<http://blog.sciencenet.cn/blog-1148346-852482.html>

“ 结论

1. 同性性行为并不受单个或者少数基因影响, 而是受到很多基因影响。 (重点在后半句)

2. 然而, 仍有许多不确定因素需要探讨, 包括社会文化对性欲偏好的影响如何与遗传带来的影响相互作用。

/// 分析

那么, “同性恋基因不存在”这句话对不对呢 ?

我们拿比较常见的小鼠毛色基因举例。小鼠的毛色是由单个基因决定的, 我们称这个基因为“毛色基因”。相对应的, “同性恋基因”是指能够单独决定是否是否是同性恋的单个基因, 我们通常理解为有这个基因就是同性恋, 没有就是异性恋。所以这句话更确切地表达是: 不存在决定同性恋性状的单个基因。

那基因对同性恋性取向有无影响呢 ?

正如结果中所说的一样, 有5个基因位点是显著相关的, 这是否能推断出这5个基因就是决定同性恋的基因呢? 答案是不能。文章也指出, 在英国生物库中, rs34730029基因位点上, 基因型为GT的男性, 发生同性性行为的比例仅比基因型为TT的男性高出0.4% (4.0%对3.6%) 。仅仅这5个基因位点能解释的性行为差异是非常低的。

原文:

The SNPs that reached genome-wide significance had very small effects (odds ratios ~1.1). For example, in the UK Biobank, males with a GT genotype at the rs34730029 locus had 0.4% higher prevalence of same-sex sexual behavior than those with a TT genotype (4.0 versus 3.6%).

但是, 我们回到结果部分的一句话:

“我们的分析表明检测的所有基因位点能够解释8~25%的男女同性性行为差异”

当研究人员将测量的所有基因位点 (上百万个) 累加起来时, 这个总数达到了8~25%。这些基因一个个单独看时, 所能产生的影响是微乎其微的, 同时, 有的差异在现有的样本容量下是无法被检测到的。这也是为何在结论1中, 研究者得出了 **同性恋是由相当多的基因共同决定的, 而不是同性恋与基因无关**, 这5个显著相关的基因位点不过是其中突出那么一点点的部分罢了。

原文:

The discrepancy between the variance captured by the significant SNPs and all common SNPs suggests that same-sex sexual behavior, like most complex human traits, is influenced by the small, additive effects of very many genetic variants, most of which cannot be detected at the current sample size.

在结论2中, 论文作者也再度表明, 仍有许多不确定因素需要进一步探讨, 其中一个需要考虑其中的便是“社会文化”带来的影响。这个结论也容易被解读为“社会文化是同性恋的形成原因”。对于社会文化的影响, 以及是否应该在公共文化中“宣扬”同性恋, 本文不再赘述, 累了。

/// 总结

我们再来梳理一下文章的研究方法，除去专业性的GWAS外，其所涉及到的方法是统计学相关。样本的数量和质量对研究结果的影响是非常大的，我们先从样本方面来看论文所选取的样本特征：

1. 并没有考虑BTQ+等群体；
2. 受试者的年龄分布并未涵盖大部分阶层（40~70）；
3. 受试者只来自部分几个国家（英美等）

尽管样本量已经非常大了，但其所涵盖的范围其实并不完美，这也是本文的缺陷之一。其次，文中提到23andMe提供的样本数据中，报告有过同性性行为的比例达到了18.9%，高于摘要中所提到的2~10%。文章给出的解释是：那些有过同性性行为的人更愿意参与到涉及到性取向的研究中。

原文：

The 23andMe sample comprised 23andMe customers who consented to participate in research and chose to complete a survey about sexual orientation (from many possible survey topics). Individuals who engage in same-sex sexual behavior may be more likely to self-select the sexual orientation survey, which would explain the unusually high proportion of individuals who had had same sex sexual partners in this sample (18.9%)

同时，我们应注意到，文中用来解释同性恋基因的变量是“same-sex sexual behavior”，也就是同性性行为，对对比组的区分也是“发生过同性性行为”和“未发生过同性性行为”这样的二分法。这意味着“发生过同性性行为的异性恋”也会被纳入其中，可能会导致样本组的数据并不能真实的反应现实，我们也应清楚的是，同性性行为 and 同性恋性取向之间并不能直接划上等号。

尽管如此，本文的研究成果依然具有相当高的参考性。世界上不存在完美的研究，我们在看到优秀的研究成果的同时，也不能忽视了研究中存在的不足可能带来的影响，更不能直接将结论粗暴理解而忽视其限制条件。

THE

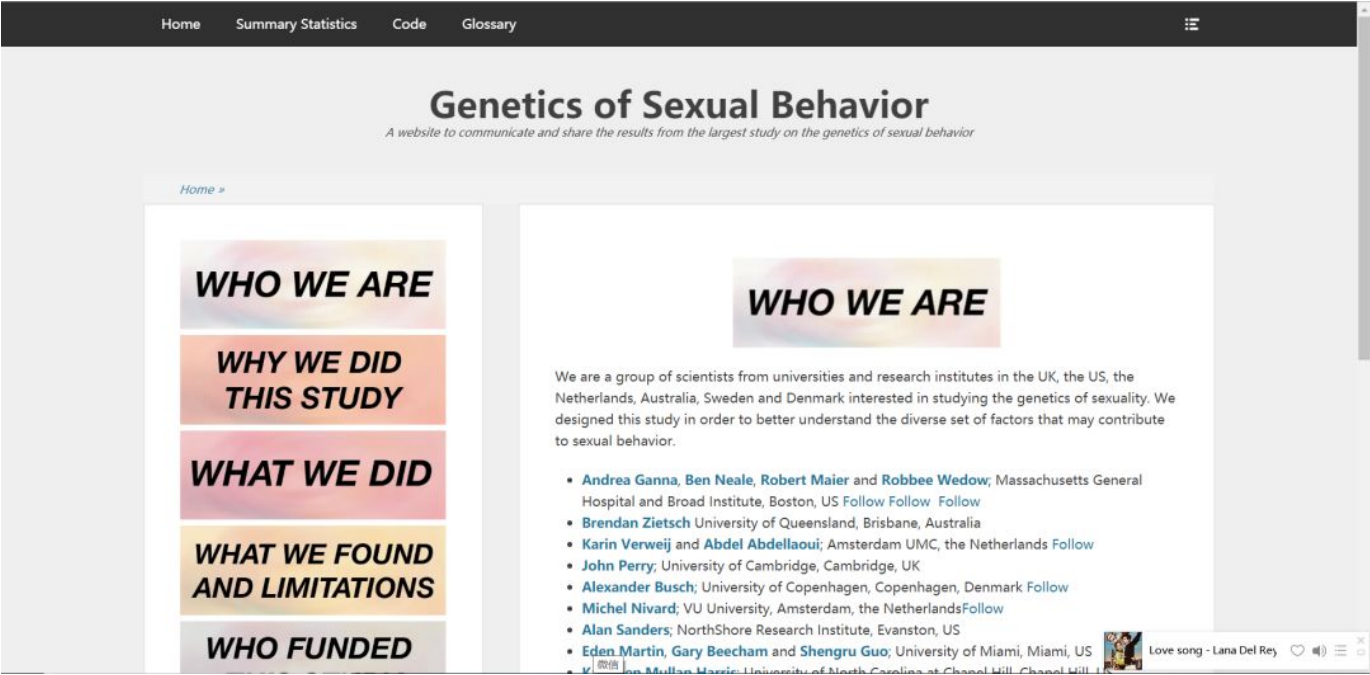
END

“与基因相关也不意味着就能够治疗”，“政治正确”也不是限制了学术的观点表达，而是让研究者更为谨慎的排除掉主观因素，使研究结果更为客观，这一点是所有需要客观表达的论文，不管是否涉及少数群体，都需要做到的。”

正如作者在文中一再提及的一样，研究并不是指向对性别身份的歧视，也不是对先天或者后天影响下的性偏好下任何定论，而是希望能够让人类在性别上更加丰富和多元化。

原文：

We wish to make it clear that our results overwhelmingly point toward the richness and diversity of human sexuality. Our results do not point toward a role for discrimination on the basis of sexual identity or attraction, nor do our results make any conclusive statements about the degree to which “nature” and “nurture” influence sexual preference.



注:

为了公众能够更好的理解，本文建立了一个专门的网站，希望以通俗易懂的语言解释他们的研究结果，当然，是英文的，<https://geneticsexbehavior.info/>，另外，Buy NFR on iTunes!!

作者 | 泡馍

排版 | 筱吾





SAME

we are different
and we are
the same





[阅读原文](#)