天呐！竟然真的有单身基因！

什么因素决定一个人是否会坠入爱河？是性格还是才华？有没有想过可能是基因在暗中操控着我们。今天给大家分享三个有趣的基因：单身基因、风流基因以及孤独基因。

什么因素决定一个人是否会坠入爱河？是性格还是才华？有没有想过可能是基因在暗中操控着我们。今天给大家分享三个有趣的基因：单身基因、风流基因以及孤独基因。

图片作者Youtube博主Asap

单身基因：5-HT1A (HTR1A)

北京大学心理学系的科研人员发现，5-HT1A基因（C-1019G, rs6295)位点的多态性与单身几率显著相关，该项研究发表在国际学术期刊Science reports上[1]。

SCIENTIFIC REPORTS

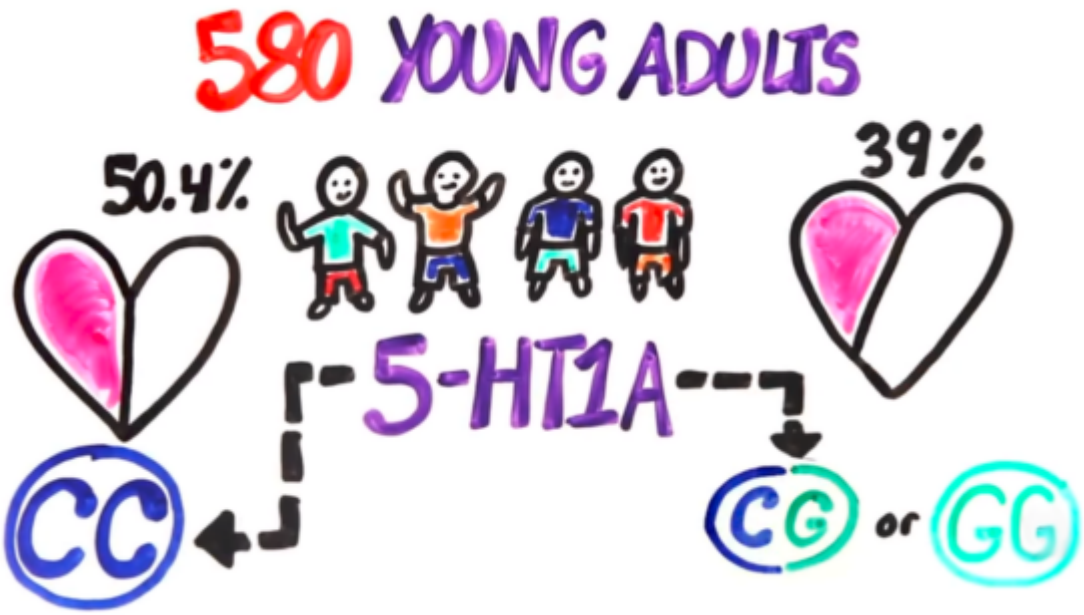
OPEN

SUBJECT AREAS:
HUMAN BEHAVIOUR
BEHAVIOURAL GENETICS

The association between romantic relationship status and 5-HT1A gene in young adults

Jinting Liu[1]*, Pingyuan Gong[1,2]* & Xiaolin Zhou[1,3,4]

与爱情相关的行为，如伴侣结合和情感联系，已经被证明与大脑中的血清素水平有关。在非人类动物中（狨猴，大鼠），通过5-HT1A受体激动剂降低血清素水平会降低雌性的性接受能力，并诱发对雄性伴侣的攻击[2,3]。5-HT1A多态性（C-1019G，rs6295）多态性与亲密关系的舒适度降低有关，携带CG/GG基因型的个体似乎比携带CC基因型的个体更不愿意与他人有亲密关系[4]。因此，这种5-HT1A基因多态性可能与一个年轻人处于恋爱关系中的可能性有关。



图片作者Youtube博主Asap

北京大学心理学系的科研人员在579名中国汉族本科生身上对这种可能性进行的测试，该研究通过对近600

名高校学生进行了问卷调查，并提取头发毛囊细胞进行DNA检测后发现，发现**50.4%的CC基因型个体和39.0%的CG/GG基因型个体处于恋爱关系中。**Logistic回归分析表明，C-1019G多态性与单身几率显著相关，这些发现首次为基因影响恋爱关系的形成提供了直接证据[1]。

Table 1 | The effect of C-1019G (rs6295) polymorphism on the distribution of romantic relationship status

	Genotype frequency			
	CC	CG	GG	Total
In a relationship	182 (50.4%)	72 (38.9%)	13 (39.4%)	267 (46.1%)
Single	179 (49.6%)	113 (61.1%)	20 (60.6%)	312 (53.9%)

Note. N = number of individuals being in a relationship (single). The percentages were computed by dividing the number of individuals in a relationship (single) with the number of individuals having a particular genotype.

风流基因：AVPR1A

配偶间长期稳定的亲密关系被认为是人类社会关系的重要组成部分。单基因与人类的配对行为之间存在关联，一篇发表在PNAS上的研究报告了人类AVPR1A重复多态性RS3与反映男性中配偶关系行为之间的关联，表明男性的RS3基因型也影响配偶感知的婚姻质量[5]。

PNAS

Genetic variation in the vasopressin receptor 1a gene (*AVPR1A*) associates with pair-bonding behavior in humans

Hasse Walum*[†‡], Lars Westberg[†§], Susanne Henningsson[§], Jenae M. Neiderhiser[¶], David Reiss[‖], Wilmar Igl*, Jody M. Ganiban**, Erica L. Spotts[††], Nancy L. Pedersen*, Elias Eriksson[§], and Paul Lichtenstein*

*Department of Medical Epidemiology and Biostatistics, Karolinska Institutet, Box 281, S-171 77 Stockholm, Sweden; [§]Department of Pharmacology, Institute of Neuroscience and Physiology, University of Gothenburg, Box 431, S 405 30 Gothenburg, Sweden; [¶]Department of Psychology, Pennsylvania State University, University Park, PA 16802; [‖]Yale Child Study Center, Yale University, New Haven, CT 06520; **Department of Psychology, The George Washington University, Building GG 2125 G St NW, Washington, DC 20052; and [††]Behavioral and Social Research Program, National Institute on Aging, Bethesda, MD 20892-9205

大草原的田鼠从一而终，遵守终生的一夫一妻制，而它们的近亲山地和草甸的田鼠则追求没完没了一夜情。原来，脑神经肽精氨酸加压素（AVP）对田鼠的配偶关系行为有重要影响，有研究证实在编码AVP受体亚型（V1aR）之一的基因（Avpr1a）的5'端侧翼区域中的多态性重复序列与该物种的雄性一夫一妻制行为的倾向之间存在密切的关联。但是此时还不清楚类似的机制是否对人类的配偶关系也很重要。

尽管人类AVPR1A 5'侧翼区域中没有与草原田鼠中发现的序列同源的序列，但人类在该区域中确实具有三个重复序列，这些序列具有多态性，分别为GT25、RS1、RS3[6]。为了研究AVPR1A的5'侧翼区域的多态性是否会影响人类的配偶关系，该研究将AVPR1A的三种重复多态性在瑞典双胞胎和后代研究(TOSS)的成年男性和女性中进行了基因分型。该研究由552对同性双胞胎及其配偶/伴侣组成，所有的研究对象都被评估了婚姻/亲密关系质量的各种指标，包括Partner Bonding Scale（PBS）。

经过多项测试与校正后，RS3重复多态性与男性的PBS结果之间有一个显著的P值，但女性没有。而不同的RS3等位基因与男性伴侣关系PBS结果表示，携带334等位基因的男性的这一数值明显低于不携带该等位基因的男性。没有334等位基因的男性中有15%报告婚姻危机，而携带两拷贝的男性中有34%报告婚姻危机，这表明与没有334等位基因的男性相比，**携带334等位基因纯合的男性患婚姻危机的风险增加了一倍，334纯合的未婚男性比例(32%)高于没有334的男性比例(17%)**(Table2)。

Table 2. Effect of 0, 1 or 2 334 alleles on male reports on the Partner Bonding Scale, marital crisis, and marital status

Measure	Number of 334 alleles 0	1	2	*df*	*F*	*P*
Mean score for the Partner Bonding Scale in the three groups						
Partner Bonding Scale	48.0 (6.50)	46.3 (6.16)	45.5 (6.71)	2, 143	8.40	0.0004
Frequency and column-wise percentage of subjects reporting marital crisis/threat of divorce in the three groups						
Have you experienced marital crisis or threat of divorce during the last year?						
No	469 (85%)	277 (84%)	27 (66%)	2, 143	5.00	0.008
Yes	81 (15%)	51 (16%)	14 (34%)			
Frequency and column-wise percentage of subjects being married or cohabiting in the three groups						
Marital status						
Married	457 (83%)	275 (84%)	28 (68%)	2, 143	4.36	0.01
Cohabiting	96 (17%)	52 (16%)	13 (32%)			

Values for the Partner Bonding Scale are means with standard deviation in brackets.

男性的334基因型是否会影响其配偶对婚姻质量的感知？通过Dyadic Adjustment Scale (DAS) 评分显示（衡量婚姻关系质量的常用方法），**与有一个或两个334等位基因的男人结婚的女性的得分显着低于与没有334等位基因的男人结婚的女性**（Table3）。

Table 3. Association between 334 alleles in men and their wives' reports of marital qualities

Quality		No 334 (mean)	One or two 334 (mean)	β	df	F	P
Affectional expression	Unadjusted	18.0 (2.99)	17.4 (2.92)	−0.64	1, 113	10.08	0.002
	Adjusted	—	—	−0.39	1, 111	4.30	0.04
Dyadic consensus	Unadjusted	65.4 (8.11)	63.9 (8.57)	−1.46	1, 117	6.92	0.01
	Adjusted	—	—	−0.82	1, 115	2.46	0.12
Dyadic cohesion	Unadjusted	19.5 (4.34)	18.9 (4.10)	−0.60	1, 116	4.27	0.04
	Adjusted	—	—	−0.20	1, 114	0.53	0.47
Dyadic satisfaction	Unadjusted	43.3 (3.14)	43.2 (2.92)	−0.12	1, 111	0.49	0.49

Mean, Mean value on the outcome for the different DAS Scales for wives with standard deviation within brackets. Adjusted, Analysis with the Partner Bonding Scale included as a covariate. The category of subjects not carrying any 334 allele was used as reference group when constructing the regression estimates (β). Analyses of adjusted values were only performed for the scales that were significantly associated with the 334 allele in the unadjusted analysis.

这些结果表明，单基因与人类的配对行为之间存在关联。

孤独基因：SH3RF2

人类的孤独感有35%是由基因遗传引起的[7]，中科院遗传发育所研究员许执恒在Cell Reports发表的文章中就介绍了由基因引起的“酷到没朋友”的----Sh3rf2$^{+/-}$小鼠[8]。

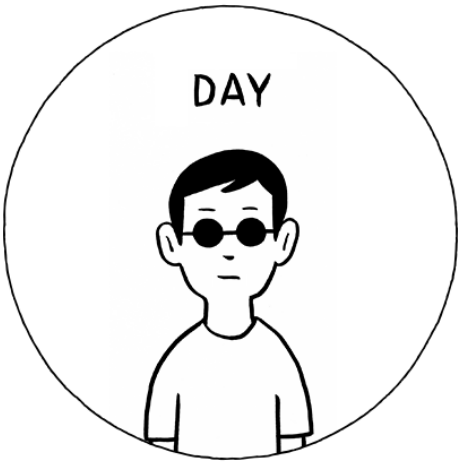
Cell Reports
Report

OPEN ACCESS
CellPress

Sh3rf2 Haploinsufficiency Leads to Unilateral Neuronal Development Deficits and Autistic-Like Behaviors in Mice

Shuo Wang,[1,3,6] Ningdong Tan,[2,6] Xingliang Zhu,[1,3] Minghui Yao,[1] Yaqing Wang,[1] Xiaohui Zhang,[2,*] and Zhiheng Xu[1,4,5,*]
[1]State Key Laboratory of Molecular Developmental Biology, CAS Center for Excellence in Brain Science and Intelligence Technology, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China
[2]State Key Laboratory of Cognitive Neuroscience and Learning, IDG/McGovern Institute for Brain Research, Beijing Normal University, Beijing 100875, China
[3]University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China
[4]Parkinson's Disease Center, Beijing Institute for Brain Disorders, Beijing 100101, China
[5]Lead Contact
[6]These authors contributed equally
*Correspondence: xhzhang@bnu.edu.cn (X.Z.), zhxu@genetics.ac.cn (Z.X.)
https://doi.org/10.1016/j.celrep.2018.11.044

疾病预防控制中心（CDC）在2020年的报告里称，根据2016年的数据，美国每54名儿童当中就有一名被诊断出患有自闭症谱系障碍（ASD），ASD是由脑发育异常导致的常见精神疾病，其临床表现为重复刻板行为、社交障碍及语言发育异常。有研究报道过在一个自闭症患者5q32位点有1.8Mb的染色体微缺失是遗传自父亲[9]，这段缺失含有包括SH3RF2在内的7个基因，目前除Sh3rf2外的6个基因都已进行过研究，尚未发现与自闭症有关联。然而在另一个研究发现Sh3rf2在12个ASD患者中都检测到了突变，但SH3RF2的体内功能以及其突变是否能导致ASD尚未有报道[10]。为了在动物体内研究SH3RF2对神经发育和行为的影响，许执恒研究组构建了SH3RF2的基因敲除小鼠模型，令人惊喜的是，**该基因缺失（Sh3rf2$^{+/-}$）的小鼠亲情、爱情、友情都没有通过“考验”。**



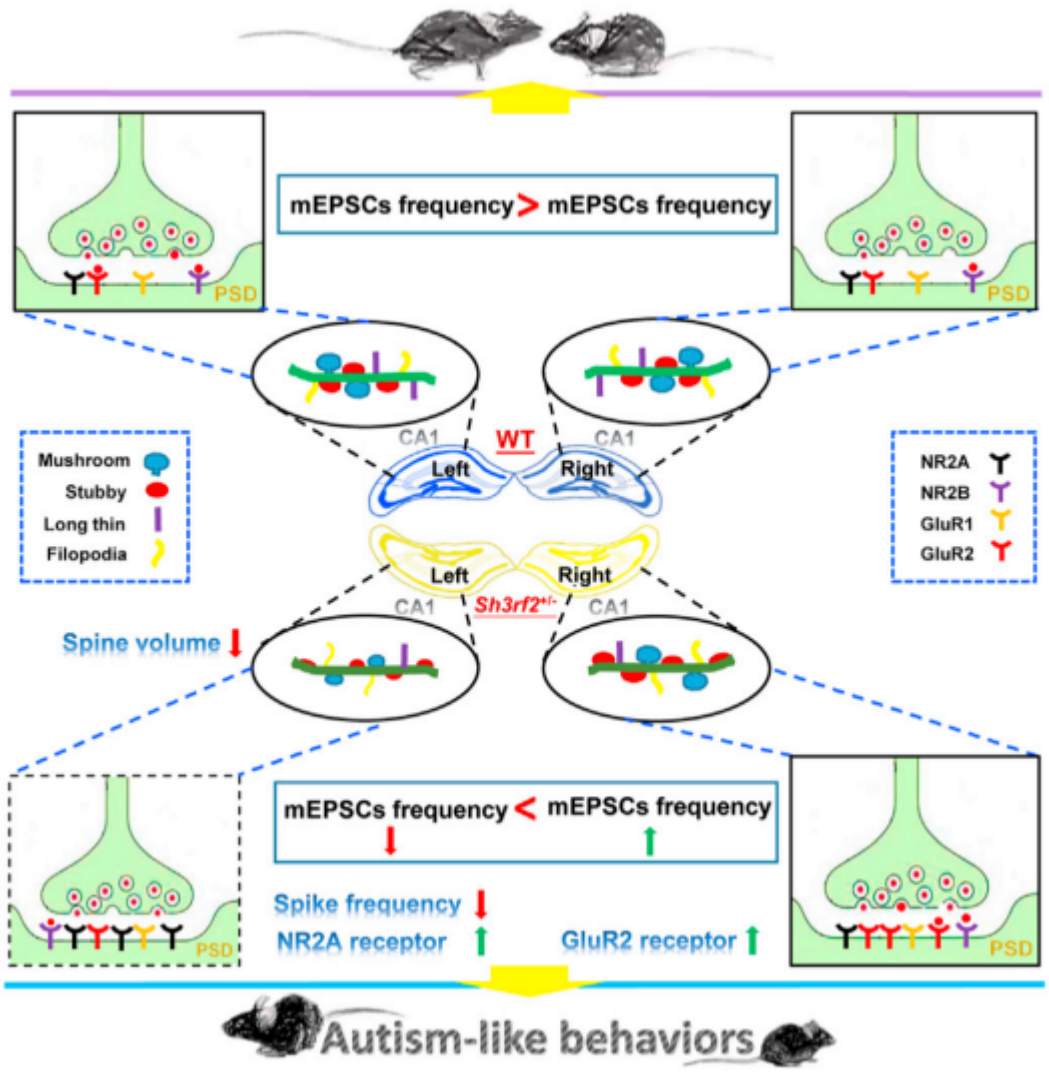
Sh3rf2$^{+/-}$小鼠相比野生型小鼠，表现出明显的自闭行为。

1）把没断奶的SH3RF2$^{+/-}$小鼠宝宝从父母身边拿走，它们呼唤妈妈的叫声，明显少于普通的小鼠幼崽。

2）把陌生的雌性小鼠引见给成年雄性SH3RF2+/-小鼠，这些雄鼠在叫声的频率和持续时间上，也明显少于正常同类。

3）看来亲情和爱情都出了点问题。研究人员进一步观察了它们的“纯友谊”。在经典的“三箱实验”里，SH3RF2$^{+/-}$小鼠不管对老伙计，还是新朋友，都提不起兴趣，真正“酷到没朋友”。

通过观察SH3RF2$^{+/-}$小鼠的神经系统结构，并检测它们神经活动的电生理信号，研究人员发现这些基因敲除小鼠存在大脑海马树突棘发育缺陷、谷氨酸能受体亚基组成异常和兴奋性突触传递异常等问题。值得注意的是，这些缺陷选择性地发生在单侧大脑，与临床患儿功能磁共振结果相吻合，即ASD患儿存在左半球脑功能障碍。该研究首次证实Sh3rf2单拷贝缺失是ASD的一种高风险因子，甚至是致病基因，其突变导致疾病的发病机制很可能是由于左脑半球突触功能缺陷引起的。



针对以上三个基因，南模生物均有全身性/条件性敲除小鼠模型，可用于相关研究。

基因	目录号	状态
Htr1a-CKO	NM-CKO-2112729	在研
Htr1a-KO	NM-KO-190594	胚胎冻存
Avpr1a-CKO	NM-CKO-2119048	在研
Avpr1a-KO	NM-KO-200043	胚胎冻存
Sh3rf2-CKO	NM-CKO-190057	活体
Sh3rf2-KO	NM-KO-190449	活体

南模生物紧跟国际先进基因编辑技术，从2000成立至今，利用ES细胞打靶技术、CRISPR基因编辑技术和转基因技术，已累计建立了逾10000种基因修饰小鼠模型。南模生物基因修饰大小鼠模型研发技术平台可提供全身性基因敲除模型、条件性基因敲除模型、KO First小鼠模型、定点过表达模型、点突变模型、条件性点

突变模型、人源化模型、转基因模型等技术服务，为基因功能研究、人类疾病研究、基因示踪与细胞命运研究、药物研发与筛选提供有力有效的实验动物模型。

单身现象可能受天生基因影响，不过社会、生活、家庭等经历也会很大程度上左右一个人的选择。小编认为无论单身与否，都要好好生活，最后祝大家520愉快。

Reference:

[1] Liu J , Gong P , Zhou X . The association between romantic relationship status and 5-HT1A gene in young adults[J]. Scientific Reports, 2014, 4(4):7049.

[2] Aubert, Y. et al. Flibanserin and 8-OH-DPAT implicate serotonin in association between female marmoset monkey sexual behavior and changes in pair-bond quality. J. Sex. Med. 9, 694–707 (2012)

[3] Uphouse, L., Montanez, S., Richards-Hill, R., Caldarola-Pastuszka, M. & Droge,M. Effects of the 5-HT1A agonist, 8-OH-DPAT, on sexual behaviors of the proestrous rat. Pharmacol. Biochem. Behav. 39, 635–640 (1991).

[4] Gong, P., Liu, J., Li, S. & Zhou, X. Serotonin receptor gene (5-HT1A) modulates alexithymic characteristics and attachment orientation. Psychoneuroendocrinology 50, 274–279 (2014).

[5] Walum H , Westberg L , Henningsson S , et al. Genetic Variation in the Vasopressin Receptor 1a Gene (AVPR1A) Associates with Pair-Bonding Behavior in Humans[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2008, 105(37):14153-14156.

[6] Thibonnier M , Graves M K , Wagner M S , et al. Study of V1-vascular Vasopressin Receptor Gene Microsatellite Polymorphisms in Human Essential Hypertension[J]. Journal of Molecular & Cellular Cardiology, 2000, 32(4):557-564.

[7] Schermer J.A., Martin N.G. A behavior genetic analysis of personality and loneliness. J. Res. Personal. 2019;78:133–137.

[8] Wang S , Tan N , Zhu X , et al. Sh3rf2 Haploinsufficiency Leads to Unilateral Neuronal Development Deficits and Autistic-Like Behaviors in Mice[J]. Cell Reports, 2018, 25(11):2963-2971.e6.

[9] Gau S F , Liao H M , Hong C C , et al. Identification of two inherited copy number variants in a male with autism supports two-hit and compound heterozygosity models of Autism[J]. American Journal of Medical Genetics Part B Neuropsychiatric Genetics, 2012, 159B(6):710-717.

[10] Whole genome sequencing resource identifies 18 new candidate genes for autism spectrum

disorder[J]. Nature Neuroscience, 2017, 20(4):602.