

• 主编特邀(Editor-In-Chief Invited) •

发展行为遗传学简介*

张文新 王美萍 曹 丛

(山东师范大学心理学院, 济南 250014)

摘 要 发展行为遗传学是发展心理学与行为遗传学的交叉学科,旨在探明遗传与环境对人类心理与行为发展是否存在影响,如何产生影响,以及该影响及其作用机制是否随年龄增长而发展变化的问题。该学科与行为遗传学在研究对象、设计和内容等方面存在不同;开展发展行为遗传学研究需要综合运用心理测量法和行为遗传学研究方法;未来研究应拓宽和深化候选基因与行为关联性的考察,并着力探析基因与环境的相互作用机制。

关键词 发展行为遗传学; 定量遗传学; 分子遗传学

分类号 B845; B844

发展行为遗传学(developmental behavioral genetics)是发展心理学与行为遗传学交叉而产生的一门新兴学科,其目的是综合运用心理学与行为遗传学的研究方法与技术,深入考察遗传与环境对人类心理与行为发展是否存在影响,如何产生影响,以及该影响及其作用机制是否随年龄增长而发展变化的问题。研究历史可追溯到20世纪50、60年代Jones和Scarr等人所开展的几项关于父母教养的双生子研究(Jones, 1955; Scarr, 1968)。20世纪80年代以来,以Row和Plomin为代表的学者针对父母教养的遗传与环境基础开展了系统研究(Plomin & Bergeman, 1991; Plomin, Reiss, Hetherington & Howe, 1994; Row, 1981; Row, 1983),这些工作为发展行为遗传学的形成奠定了重要基础。1983年,Robert Plomin在其为《Child Development》撰写的“发展行为遗传学”的专题序言中首次明确提出了“发展行为遗传学”的概念,并就该学科出现的背景、原因以及该学

科兴起对儿童发展研究与行为遗传学研究所产生的积极影响进行了详细的阐述,标志着发展行为遗传学作为一门新兴学科诞生。

1 发展行为遗传学与行为遗传学的区别

行为遗传学研究对象既包括动物也包括人,其中动物模型(例如小白鼠、大鼠和猴子等)是其重要的研究方法。研究人群主要为病理人群,例如精神分裂症、抑郁症、多动症等患者。发展行为遗传学主要研究普通人群,目的在于揭示普通人群,特别是儿童青少年心理与行为的遗传和环境基础。发展行为遗传学研究的问题多为发展心理学领域的研究内容,如羞怯、攻击行为、亲社会行为、父母教养、亲子依恋等。正如Plomin等所说的那样:“我们关注的是分子遗传学在正常心理发展变异,而不是诸如精神分裂症和自闭症等严重精神问题中的潜在价值”(Plomin & Rutter, 1998)。

发展行为遗传学与行为遗传学的另一主要区别是研究设计与研究内容不同。行为遗传学研究通常关注动物或人类个体的某种心理与行为特质是否具有遗传基础,或者某一或某些遗传基因是否与动物或人类个体的某种心理与行为特质相关联。发展行为遗传学研究,则通常采用遗传-环境设计,不仅考察遗传的效应,还进一步揭示了环

收稿日期: 2012-01-18

* 国家自然科学基金项目(30970905)、山东省自然科学基金项目(ZR2010CM006)、山东师范大学心理学院青年教师研究创新计划项目、“十二五”强化建设重点学科(发展与教育心理学)建设经费资助项目。

通讯作者: 张文新, E-mail: zhangwenxin@sdnu.edu.cn

境因素的影响及其对遗传效应的调节作用;其特色研究内容是遗传效应的稳定性,以及遗传与环境交互作用机制的动态性问题,即遗传与环境的影响及其作用机制是否随个体年龄的增长而变化,以及如何随年龄的增长而变化的问题。简言之,行为遗传学研究是专注于遗传效应的、静态的研究,发展行为遗传学研究则是旨在揭示遗传与环境的影响及其作用机制的系统的、动态的研究。

2 发展行为遗传学研究的必要性

遗传与环境作用问题一直是发展心理学研究的核心理论主题。绝大多数发展心理学教科书都会谈及遗传与环境在个体发展中的重要作用,大多数心理学家也都认同个体的发展是遗传与环境共同作用(而且是相互作用)的结果的观点。尽管如此,由于研究技术的限制,发展心理学的研究实际上主要囿于环境因素的测量和考察,对于具体的心理与行为现象,究竟是哪些遗传因素起作用,它们又是如何与环境因素相互作用的问题研究差不多一直处于曲高和寡的状态,难以深入揭示个体心理与行为差异产生的原因及其作用机制。

众所周知,父母教养(parenting)是发展心理学的一个经典研究领域,也是影响个体发展的一个重要环境变量。以 Baumrind 和 Maccoby (Baumrind, 1966; 1967; Maccoby & Martin, 1983) 等为代表的发展心理学家所开展的传统研究极大地丰富和深化了有关父母教养及其对个体发展影响的认识和理解。然而,必须承认发展心理学对这一重要问题的研究存在方法上的不足,即研究者通常将父母教养视为儿童发展的纯净家庭环境变量,而后通过相关研究设计或者追踪研究设计考察父母教养方式或行为与儿童发展的具体测量指标(例如自尊、攻击行为、抑郁等)的关联,进而推论出父母教养是儿童发展的重要影响因素的结论。这样的方法存在逻辑推理上的风险,它往往夸大了父母教养对儿童发展的影响,而忽略了儿童自身潜在遗传因素的可能效应。与之相对,行为遗传学领域的研究虽然揭示了个体行为的遗传基础,但很少考虑环境因素的效应,也很少将社交退缩、亲社会行为、父母教养等发展心理学的经典研究内容作为表型(与基因型相对,指可以直接观察到的个体行为特征)进行研究,因而也无法深入探索个体心理和行为发展的遗传与环境作用

机制。

发展行为遗传学研究则融合两个学科的优势,系统考察了遗传与环境在个体心理与行为发展中的作用,深入剖析个体心理与行为差异的产生机制。20 世纪 50 年代以来,发展行为遗传学领域的研究表明,不仅父母教养等家庭环境变量的发展具有遗传和环境基础,个体的成长环境和经历也与其自身遗传特征密切相关(Plomin et al., 1991; Plomin et al., 1994; Row, 1981; Row, 1983)。该领域的研究还进一步澄清了父母的基因对不良教养行为的影响是否混淆了不良教养行为与儿童攻击之间的因果关系、儿童的遗传基因是否唤起了父母的不良教养行为并进而混淆了父母不良教养行为与儿童攻击之间的因果关系、在儿童与父母的遗传效应得到控制以后,父母的不良教养行为对儿童的攻击是否还具有因果效应等问题(Plomin & Davis, 2009)。新近利用分子遗传学技术开展的研究则进一步揭示出个体基因多态性与环境因素对父母教养的发展具有交互作用(Bakermans-Kranenburg & van IJzendoorn, 2008)。

综上所述,发展行为遗传学领域的研究有助于弥补发展心理学和行为遗传学领域研究的不足,深化现有关于个体心理与行为发展的认识和理解,有助于构建更为科学、更具解释力的关于个体发展的理论模型。国外在该领域已经有了一定的研究积累,而我国的相关研究极为匮乏,因此在我国启动和开展发展行为遗传学的研究工作十分必要。

3 研究方法

发展行为遗传学的研究需要综合运用心理测量法与行为遗传学的研究方法。鉴于发展心理学研究者对心理测量法一般比较熟悉,以及篇幅的限制,本文重点对行为遗传学的研究方法进行述评。概而言之,行为遗传学研究方法包括定量遗传学(quantitative genetics)和分子遗传学(molecular genetics)两种研究方法。

3.1 定量遗传学研究

定量遗传学是行为遗传学早期和传统的研究模式,主要是通过双生子和收养研究来寻找遗传和环境影响人类心理与行为的证据。遗传力是表示遗传因素“是否”和“多大程度”影响心理与行为的经典指标,其含义是在某一群体中,个体的表

型差异可以归因于遗传差异的比率。最初, 定量遗传学将个体表型的差异分解为遗传影响和环境影响两部分, 随着研究的深入, 研究者逐渐发现过去对环境认识过于笼统, 同一个家庭并不等于相同的家庭环境, 环境不是在“一个家庭”的基础上, 而是在“一个个个体”的基础上起作用的。以此为依据, Plomin 提出了两个新的概念: 共享环境和非共享环境。受其影响, 20 世纪 90 年代以来的研究一般将个体心理与行为的差异源分解为三个部分: 遗传(gene)、共享环境(shared environment)和非共享环境(non-shared environment)。遗传指个体的心理与行为源于基因控制的部分; 共享环境指生活在同一家庭中的兄弟姐妹所分享的使他们在心理与行为上具有相似性的环境, 如家庭的社会经济地位、父母职业、受教育水平、邻里等; 非共享环境是指使同一家庭环境中长大的兄弟姐妹在心理与行为上产生差异的环境, 如不同的出生顺序、父母的不同教养态度、所处的同伴团体等。

双生子研究在估计遗传、共享环境与非共享环境的效应时, 主要是将同卵双生子(monozygotic twin, 简称 MZT, 基因完全相同)与异卵双生子(dizygotic twin, 简称 DZT, 与普通兄弟姐妹一样, 享有 50% 的相同基因)在某种或某些心理与行为特性上的相似性进行比较。其假设和逻辑基础是, 如果 MZT 的相似性高于 DZT, 则说明遗传因素起作用; 如果 MZT 的相似性不高于 DZT, 则说明共享环境的效应更大; 如果 MZT 的相似性较低, 则说明存在非共享环境的效应。收养研究的主要分析方法是计算并比较收养儿童与其亲生父母和养父母在某种心理与行为特性上的相关性, 如果收养儿童与亲生父母的相关性较高, 则说明遗传效应较大, 如果收养儿童与养父母的相关性较高, 则说明共享环境的效应较大。

迄今, 定量行为遗传学的研究获得了不少有意义的发现(Plomin et al., 1991; Plomin et al., 1994; Row, 1981; Row, 1983), 极大地更新和深化了既有关于儿童青少年心理与行为发展的认识。尽管如此, 以 Plomin 为代表的定量行为遗传学的研究范式还是受到了一些学者的强烈抨击(Lerner, 2002; 2011)。这些批评主要围绕“遗传力”的概念而展开: (1)遗传力的概念存在误用, 因为它反映的是行为变异中有多少变异与基因变异有关, 而不是有多少可以归因于基因变异, 它混淆了描述

与解释的关系; (2)遗传力的估计存在统计学问题, 因为遗传与环境存在交互作用或者相关。对此我们认为: 首先, 定量行为遗传学研究采用的双生子研究和收养研究是一种天然的实验研究范式, 相当于对遗传与环境变量进行了一定的控制, 因而可以做出因果关系的推论。另外, 从统计学角度而言, 两个变量之间的相关关系有可能是由以下三种原因导致的: ①变量 X 引起了 Y 的变化; ②变量 Y 引起了 X 的变化; ③变量 X 与 Y 的相关是由第三个变量 Z 引起的, 即变量 Z 同时引起了变量 X 与 Y 的变化。假定变量 X 是遗传因素, 变量 Y 是行为特征, 显然针对特定时空的个体来说, 只有第一种情况是可能的, 所以遗传力的概念没有混淆描述与解释的关系。其次, 随着统计分析技术的发展, 目前定量行为遗传学研究不仅能分离出不同的变异源, 而且能够较深入地分析遗传与环境的交互作用(侯金芹, 李新影, 杨小冬, 陈祉妍, 2010), 所以遗传力的估计在一定程度上已克服了潜藏环境影响的问题。所以, 尽管定量遗传学研究尚有待完善, 但上述抨击是过于极端、有失公正的。

3.2 分子遗传学研究

分子遗传学是行为遗传学研究的新兴途径, 它是分子生物学技术与行为遗传学的结合, 其主要目的是从分子水平上测定与心理和行为特征相联系的基因, 进而揭示基因作用于心理和行为特征的机制。识别与特定心理和行为相关联的易感基因的研究策略包括连锁研究(linkage study)、候选基因关联研究(candidate gene association study)和全基因组关联研究(genome-wide association study, GWAS)。连锁研究主要用于早期的遗传流行病学研究, 目前在发展行为遗传学研究中已较少使用, 故本文主要介绍后两种研究策略。此外, 随着分子遗传学研究的进展, 遗传学标记与 DNA 采集方法也不断更新, 本文亦将对这两个问题作简要介绍。

3.2.1 研究的基本策略

候选基因关联研究是根据既有遗传相关信息(基因位置)、生物相关信息(SNP 功能类和通路信息)或者实证研究结果来直接选定可能与个体心理或行为表型变异有关的基因, 并通过病例对照设计(case-control study)或基于随机人群的关联分析(population-based association analysis)来

确定候选基因与该表型是否存在关联的一种研究策略,也是目前发展行为遗传学研究中最常用的研究策略。

GWAS是近几年新兴的一种研究策略。简言之,这种范式就是从人类全基因组范围内的序列变异(单核苷酸多态性, single nucleotide polymorphism, SNP)中,筛选出那些与个体心理或行为表型相关联的SNPs。目前GWAS通常采用两个阶段的设计:(1)采用覆盖整个基因组的高通量SNPs分型芯片(通常能同时对每一个体的数十万到一百万个SNP进行检测)对较少样本进行扫描,并筛选出最显著的SNPs,(2)扩大样本对筛选出的SNPs进行验证(韩建文,张学军,2011)。

上述两种策略的根本目的是一致的,都是寻找出与个体心理或行为表型相关联的基因,但二者选择的途径不同。GWAS类似于歌手大奖赛中的“海选”,从成千上万人中筛选出选手参赛,候选基因关联研究则类似于由各机关、企事业单位直接“推荐”选手参赛。GWAS的优点是搜索范围广,有可能发现更多相关基因,然而代价是耗资巨大。与之相比,候选基因研究策略更为经济和快捷。而且,GWAS自身也存在一些问题,譬如由于多重比较而带来的I类错误扩大和假阳性关联等(严卫丽,2008)。所以,目前对绝大多数研究者而言,候选基因关联研究仍然是更佳的选择,其前提保障是候选基因筛选的原则是科学的。

3.2.2 遗传学标记

遗传学标记是作为遗传状况识别的DNA序列。自David等在1980年首次提出利用RFLP这种经典的遗传标记绘制遗传图开始,遗传学标记的发展已经历了三代演变。

第一代是限制性片段长度多态性(restriction fragment length polymorphism, RFLP):RFLP是由于DNA位点多态性影响限制酶的切割位点造成的。当DNA多态性位点由于碱基组成的变化使限制酶识别位点消失、移位或者产生新的位点时,就会得到不同的限制性片段类型。由于RFLP分型是基于一个或少数几个核苷酸的点突变,一般只能形成限制性酶切点“切开”与“切不开”两种状况,能提供的多态信息有限。而且RFLP分型耗用的DNA样本量大,所以这一方法逐渐被淘汰(李文君,2008)。

第二代是可变或短串联重复序列:在具体的

遗传位点上,数量可变的串联重复(variable number of tandem repeat, VNTR)可提供不同长度的DNA片段,其重复单位的长度一般为6~12个核苷酸。还有一类重复序列,微卫星(Microsatellite)/小卫星(Minisatellite)或短串联重复(short tandem repeat, STR或short sequence length polymorphism, SLP),重复的长度一般为2~6个核苷酸。它们的多态性主要是基于重复序列拷贝数的变异。微卫星的位点在基因组中分布广、数目多、具有高度多态性,能够提供大量的多态信息,而且由于利用PCR扩增手段进行检测,可大大降低检测成本并提高检测过程的自动化程度。故STR是非常理想的遗传标记。STR标记的缺点主要是无法摆脱电泳分型,因此难以实现大规模检测。另外,有些STR基因座难以进行基因型判定(李文君,2008)。

第三代是单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP):简言之,SNP是指基因组DNA序列中由于单个核苷酸的替换而引起的多态性。一个SNP表示在基因组某个位点上有一个核苷酸的变化,主要由单个碱基的转换(以一种嘧啶置换另一种嘧啶C↔T或一种嘌呤置换另一种嘌呤A↔G)以及颠换(嘌呤与嘧啶互换,C↔A,C↔G,A↔T)所引起(邹喻萃,葛颂,2003)。与第一代和第二代遗传标记相比,SNP拥有四大优点:(1)SNP是基因组中分布最广泛的点突变;(2)SNP是一种高度稳定的突变(尤其是处在编码区的SNP)(邹喻萃等,2003);(3)位于基因外显子和调控区的SNP可能影响蛋白质的结构或表达水平,可能代表改变遗传机制的候选基因,它们本身也可能就是疾病遗传机制的候选改变位点;(4)易于进行自动化、规模化分析,缩短了研究时间(李文君,2008)。

3.2.3 DNA样品采集方式

传统的基因研究通常进行血液采样,即通过采集被试的肘静脉血液来提取DNA。虽然研究实践已经证明该方法是可行、可靠的,但这种方法会致使被试产生微痛感,不容易取得被试的合作,并且需要专业人员才能实施。唾液采样是近几年新兴的DNA采集方式,其特点是简便、易行、无痛、非伤害性,不需要医务人员的辅助,研究者就可以独立完成。唾液样品存储要求较低,常温下可以保存3个月。近年来,随着DNA提取与分析技术的发展,在行为遗传学研究领域,唾液采样

正逐渐发展成为可以替代血液采样的第二代 DNA 采集方式。为了考证唾液采样的有效性, 有研究者专门对从唾液中提取的 DNA 浓度与纯度、基因分型结果进行了分析, 结果发现, 唾液采样与血液采样的分析结果非常一致, 而且, 唾液采样的有效性高于口腔粘膜等其他采样方法的有效性 (Rylander-Rudqvist, Hakansson, Tybring, & Wolk, 2006; Rogers, Cole, Lan, Crossa, & Demerath, 2007)。所以, 唾液采样愈来愈受到研究者的青睐。

4 热点研究问题

20 世纪八九十年代, 双生子研究与收养研究是发展行为遗传学的主要研究范式, 与之相应, 遗传与环境的影响及其随年龄增长的发展变化构成了该学科领域的主要研究内容。近 10 年来, 随着分子遗传研究技术的发展, 研究中的遗传因素不再是模糊而笼统的潜变量, 而是具体的、可以观测的遗传指标——基因(刘晓陵, 金瑜, 2005)。目前, 心理学家的主要任务是将有关基因的研究成果运用到个体发展研究中去, 与此相应, 候选基因与行为的关联性, 以及候选基因与环境的相互作用机制日渐成为发展行为遗传学研究的前沿和热点问题。

4.1 候选基因与行为关联研究

这类研究是在正常发展群体, 特别是儿童青少年中验证分子遗传学领域识别出的候选基因与某种心理或行为特征的关联, 从而揭示所考查的心理或行为特征的遗传基础。这部分的工作虽然相对简单, 但却是发展行为遗传学研究的首要 and 基础研究内容。目前该领域的研究已获得了一些有意义的研究发现。例如, 低活性 MAOA 基因与攻击行为的发生相关 (Caspi et al., 2002; Hart & Marmorstein, 2009; McDermotta, Tingley, Cowdenc, Frazzetto, & Johnson, 2009); CHRM2 基因多态性与重性抑郁有关 (Wang, et al., 2004); COMT 基因多态性与儿童依恋的发展密切相关 (Luijk et al., 2011) 等等。需要指出的是, 为了获得可靠的研究结论, 这类研究通常需要大样本和不同研究的重复验证。

既有研究显示, 基因多态性存在种族差异。譬如, 尽管白种和非裔美国人在 COMT 基因 rs6267 位点全部为丝氨酸等位基因, 但在韩国和

日本人口中, 存在第二个功能丙氨酸(低活性)—丝氨酸(高活性)多态性(rs6267), 中国人口中, rs6267 多态性表现为 G 和 T 两种等位基因, 以及 1/1(野生纯合型)、1/2(杂合型)与 2/2(突变纯合型)三种基因型(王美萍, 张文新, 2010b)。因而在未来的研究中, 除继续检验不断被检测出的候选基因与正常个体心理与行为的发展是否存在关联外, 进一步考察这种关联是否存在文化、种族等群体差异也是发展行为遗传学的重要研究内容。

4.2 遗传与环境相互作用机制研究

遗传与环境的相互作用有两种表现形式: 基因-环境交互作用(简称 GE 交互作用)和基因-环境相关(简称 GE 相关)。GE 交互作用指基因型不同的个体对同一环境的敏感性(sensitivity to the environment)不同, 或者不同的环境对携带相同基因型个体的作用不同, 它所说明的是基因对环境效应或者环境对基因效应的调节作用。GE 相关是指某种基因型的个体是否更可能处于某种环境中(exposure to the environment)。例如, 在 COMT 基因 rs6267 位点携带 G 等位基因的儿童在给定的学校环境中表现更好说明了基因与环境的交互作用, 而携带该等位基因的儿童往往会引起同伴的拒绝则表明了基因与环境的相关。

4.2.1 基因-环境交互作用研究

传统的基因-环境交互作用研究主要的理论基础是“素质-压力模型”(diathesis-stress model), 即当个体处于应激或高压状态时, 具有某种不良遗传素质的个体更容易发生心理与行为问题。然而愈来愈多的研究表明, 基因-环境交互作用的表现形式更为复杂。例如, Bakermans-Kranenburg 和 Van IJzendoorn 发现(2007), 与未携带 DRD4-7R 基因型的儿童相比, 那些携带该基因型且母亲反应性低的儿童表现出更多的外化问题行为, 然而, 那些携带 DRD4-7R 基因型但母亲反应性高的儿童则表现出最低水平的外化问题行为。此外, 为了考察积极与消极抚养环境与儿童发展之间的关系, 以及多巴胺相关基因多态性在其中的调节作用, Bakermans-Kranenburg 和 Van IJzendoorn (2011)还对以 10 岁以下儿童为被试, 以多巴胺相关基因作为候选基因(D2、DRD4 和多巴胺转运体)的 12 项研究进行了元分析, 结果表明, 具有低效多巴胺相关基因的儿童在消极环境中的发展比其他儿童更糟糕, 然而他们在积极环境中的发展却

比其他儿童更好。显然, 这些研究所揭示的基因-环境交互作用不是“素质-压力模型”的观点所能涵盖的, 它是另外一种更具包容性的且近年来愈来愈多的 GE 交互作用研究者所推崇的新兴理论模型, 即“不同易感性模型”(differential susceptibility model, Belsky, Bakermans-Kranenburg & Van IJzendoorn, 2007; Belsky & Pluess, 2009; Ellis, Boyce, Belsky, Bakermans-Kranenburg & Van IJzendoorn, 2011)。该模型认为 GE 交互作用可能表现为某些基因型的个体比其他个体更容易受到消极成长环境的影响而出现问题或障碍, 也可能表现为某些基因型的个体比其他个体更容易受到积极成长环境的影响而表现良好或优秀, 即某种基因型拥有令个体变得“更好或更坏”的效应(for better or for worse effects)。以该模型为基点审视既有的研究可以发现, 已有研究通常采用消极环境指标, 例如母亲的抑郁、婚姻的不和谐、日常争吵、失业或创伤性经历等来考察 GE 交互作用, 揭示的是携带某种“风险”基因型的个体是否更容易受到这些消极环境的影响的问题。这种研究设计符合“素质-压力模型”的观点, 但不能充分揭示 GE 交互作用的形式, 未来研究应增加积极成长环境指标, 更为深入地剖析基因与环境在个体发展中的交互作用。

4.2.2 基因-环境相关研究

这一领域的研究表明, 个体所经历的环境并不是随意的, 而可能是由其基因引起或与其基因相关的(Kendler, 1996; Plomin et al., 1994; Reiss, Neiderhiser, Hetherington, & Plomin, 2000)。GE 相关有 3 种表现形式: 被动型(passive)、唤起型(evocative)和主动型(active)。被动型相关指儿童被动地接受父母、兄弟姐妹等外在环境的影响, 但由于父母与兄弟姐妹和儿童享有部分相同的基因, 所以, 在这种情形下儿童所受到的遗传与环境的影响是很难区分开来的。进一步而言, 不同父母教养方式下成长起来的儿童的心理与行为差异源既包括了父母的遗传基因的影响, 也包括了父母所提供的教养环境的影响。例如, 具有反社会倾向的父母可能会为其子女的反社会行为起示范和强化的作用。唤起型相关指具有不同遗传特征的个体会引起来自环境中的他人的不同反应。例如, 生性比较活泼和合作的儿童更易得到父母的关注, 更易形成与外界环境因素的积极互动。主动型相

关指个体在遗传特征的影响下, 能够主动选择、改变和创造自身所处的环境。例如, 某个体外向、活泼, 他会选择同样外向、活泼开朗的同伴群体。迄今有关基因-环境相关的研究主要来源于定量行为遗传学领域, 即以双生子为研究对象, 通过变异源分解的方式发现, 父母教养等家庭环境具有重要的遗传基础。然而, 凭借 DNA 分型技术揭示基因-环境相关的研究尚不多见, 因而儿童特定成长环境究竟是如何与其自身遗传特征联系在一起, 并进一步作用于儿童特定心理与行为的发展的, 其具体路径是什么, 这些问题仍不清楚。

5 我们近期的一些初步研究

2006 年以来, 我们综合运用心理测量法与分子遗传学研究技术, 系统考察了遗传与环境对儿童青少年内外化问题行为的影响及其作用机制, 并初步获得了一些有意义的研究发现: (1)在一项以 153 名高和低攻击组初中生为被试的研究中(王美萍, 张文新, 2010b), 我们考察了 COMT 基因 rs6267 多态性与攻击行为的关系, 并重点探讨了性别与负性生活事件的调节作用。结果表明, rs6267 多态性与男青少年攻击行为的发生显著关联, T 等位基因显著降低了男青少年攻击行为发生的概率, 但该位点与女青少年的攻击行为无关; rs6267 多态性与负性生活事件存在交互作用的趋势, 在那些经历高水平负性生活事件的青少年中, GG 型基因携带者发生攻击行为的概率高于 T 等位基因携带者。(2)另一项以 127 名高和低抑郁组初中生为被试的研究则考察了 CHRM2 基因 rs1824024 多态性与青少年早期抑郁的关系(王美萍, 张文新, 2010a), 结果发现, CHRM2 基因 rs1824024 多态性与女青少年的抑郁边缘显著关联, T 等位基因携带者患高抑郁的风险较低, 但该位点与男青少年的抑郁无关; 在那些经历低水平负性生活事件的青少年中, T 等位基因携带者患高抑郁的可能性边缘显著低于 GG 型基因携带者; rs1824024 多态性与年级对青少年早期抑郁无显著交互作用。

上述研究结果证实了遗传基因在青少年内外化问题行为发展中的作用, 发现了不同的遗传-环境交互作用模式, 较深入地揭示了青少年内外化问题行为个体差异产生的机制。诚然, 作为一种探索性研究工作, 我们的这些研究不可避免地会

存在一些不足,譬如:样本容量有限,所获得的研究发现有待今后使用更大样本进行进一步的验证;没有考察其他基因的调节作用等。后续的研究中我们将着力弥补这些不足。

6 小结

作为一门新兴的交叉学科,发展行为遗传学力图综合运用心理测量法与行为遗传学研究方法,特别是分子遗传学研究技术,系统而深入地考察遗传与环境对个体发展的影响及其作用机制。虽然迄今其取得的相关成果并不丰富,但近几年其发展的势头非常强劲,成为个体发展研究的重要前沿领域。本文重点介绍了发展行为遗传学研究的必要性、方法和主题,以期能有更多相关学科的学者和学生加入到这门学科的研究中来,推动发展行为遗传学在中国的研究进程。

参考文献

- 韩建文, 张学军. (2011). 全基因组关联研究现状. *遗传*, 33(1), 25–35.
- 侯金芹, 李新影, 杨小冬, 陈祉妍. (2010). 父母教养与外化行为关系的行为遗传学研究. *中国临床心理学杂志*, 18(6), 742–744.
- 李文君. (2008). *精神分裂症候选基因的筛查*. 博士学位论文, 吉林大学.
- 刘晓陵, 金瑜. (2005). 行为遗传学研究之新进展. *心理学探新*, 25(2), 17–21.
- 王美萍, 张文新. (2010a). CHRM2 基因 rs1824024 多态性与青少年早期抑郁的关系. *心理学报*, 42(8), 1–9.
- 王美萍, 张文新. (2010b). COMT 基因 rs6267 多态性与青少年攻击行为的关系: 性别与负性生活事件的调节作用. *心理学报*, 42(11), 1073–1081.
- 严卫丽. (2008). 复杂疾病全基因组关联研究进展——遗传统计分析. *遗传*, 30(5), 543–549.
- 邹喻苹, 葛颂. (2003). 新一代分子标记—SNP 及其应用. *生物多样性*, 11, 370–382.
- Bakermans-Kranenburg, M. J., & van IJzendoorn, M. H. (2007). Genetic vulnerability or differential susceptibility in child development: The case of attachment. *Journal of Child Psychology and Psychiatry*, 48(12), 1160–1173.
- Bakermans-Kranenburg, M. J., & van IJzendoorn, M. H. (2008). Dopamine system genes associated with parenting in the context of daily hassles. *Gene, Brain and Behavior*, 7(4), 403–410.
- Bakermans-Kranenburg, M. J., & van IJzendoorn, M. H. (2011). Differential susceptibility to rearing environment depending on dopamine-related genes: New evidence and a meta-analysis. *Development and Psychopathology*, 23(1), 39–52.
- Baumrind, D. (1966). Effects of authoritative parental control on child behavior. *Child Development*, 37(4), 887–907.
- Baumrind, D. (1967). Child care practices anteceding three patterns of preschool behavior. *Genetic Psychology Monographs*, 75(1), 43–88.
- Belsky, J., Bakermans-Kranenburg, M. J., & van IJzendoorn, M. H. (2007). For better and for worse: Differential susceptibility to environmental influences. *Current Directions in Psychological Science*, 16(6), 300–304.
- Belsky, J., & Pluess, M. (2009). Beyond diathesis-stress: Differential susceptibility to environmental influences. *Psychological Bulletin*, 135(6), 885–908.
- Caspi, A., McClay, J., Moffitt, T. E., Mill, J., Martin, J., Craig, I. W., et al. (2002). Role of genotype in the cycle of violence in maltreated children. *Science*, 297, 851–854.
- Ellis, B. J., Boyce, W. T., Belsky, J., Bakermans-Kranenburg, M. J., & van IJzendoorn, M. H. (2011). Differential susceptibility to the environment: An evolutionary-neurodevelopmental theory. *Development and Psychopathology*, 23(1), 7–28.
- Hart, D., & Marmorstein, N. R. (2009). Neighborhoods and genes and everything in between: Understanding adolescent aggression in social and biological contexts. *Development and Psychopathology*, 21, 961–973.
- Jones, H. E. (1955). Perceived differences among twins. *Eugenics Quarterly*, 5, 98–102.
- Kendler, K. S. (1996). Parenting: A genetic-epidemiologic perspective. *American Journal of Psychiatry*, 153, 11–20.
- Lerner, R. M. (2011). *Concepts and theories of human development* (W. X. Zhang et al., Trans.). New Jersey: Lawrence Erlbaum Associates, Inc. (Original work published 2002)
- [勒纳, R. M. (2011). *人类发展的概念与理论* (张文新主译). 北京: 北京大学出版社.]
- Luijk, M. P., Roisman, G. I., Haltigan, J. D., Tiemeier, H., Booth-LaForce, C., van IJzendoorn, M. H., et al. (2011). Dopaminergic, serotonergic, and oxytonergic candidate genes associated with infant attachment security and disorganization? In search of main and interaction effects. *The Journal of Child Psychology and Psychiatry*, 52(12), 1295–1307.
- Maccoby, E. E., & Martin, J. A. (1983). Socialization in the context of the family: Parent-child interaction. In P. H. Mussen & E. M. Hetherington (eds.), *Handbook of child psychology: Socialization, personality, and social development* (Vol. 4., 4th ed.). New York: Wiley.
- McDermott, R., Tingley, D., Cowden, J., Frazzetto, G. & Johnson, D. (2009). Monoamine oxidase A gene (MAOA) predicts behavioral aggression following provocation.

- Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(7), 2118–2123.
- Plomin, R. (1983). Developmental behavioral genetics. *Child Development*, 54, 253–259.
- Plomin, R., & Bergeman, C. S. (1991). The nature of nurture: Genetic influence on 'environmental' measures. *Behavioral and Brain Sciences*, 14(3), 373–427.
- Plomin, R., & Davis, O. S. P. (2009). The future of genetics in psychology and psychiatry: Microarrays, genome-wide association, and non-coding RNA. *Journal of Child Psychology and Psychiatry*, 50(1-2), 63–71.
- Plomin, R., Reiss, D., Hetherington, E., & Howe, G. W. (1994). Nature and nurture: Genetic contributions to measures of family environment. *Developmental Psychology*, 30(1), 32–43.
- Plomin, R., & Rutter, M. (1998). Child development, molecular genetics, and what to do with genes once they are found. *Child Development*, 69(4), 1223–1242.
- Reiss, D., Neiderhiser, J. M., Hetherington, E. M., & Plomin, R. (2000). *The relationship code: Deciphering genetic and social influences on adolescent development*. Cambridge, MA: Harvard University Press.
- Rogers, N. L., Cole, S. A., Lan, H. C., Crossa, A., & Demerath, E. W. (2007). New saliva DNA collection method compared to buccal cell collection techniques for epidemiological studies. *American Journal of Human Biology*, 19, 319–326.
- Rowe, D. C. (1981). Environmental and genetic influences on dimensions of perceived parenting: A Twin study. *Developmental Psychology*, 17, 203–208.
- Rowe, D. C. (1983). A biometrical analysis of perceptions of family environment: A study of twin and singleton sibling kinships. *Child Development*, 54, 416–423.
- Rylander-Rudqvist, T., Hakansson, N., Tybring, G., & Wolk, A. (2006). Quality and quantity of saliva DNA obtained from the self-administrated oragene method: A pilot study on the cohort of Swedish men. *Cancer Epidemiology, Biomarkers & Prevention*, 15, 1742–1745.
- Scarr, S. (1968). Environmental bias in twin studies. *Eugenics Quarterly*, 15(1), 34–40.
- Wang, J. C., Hinrichs, A. L., Stock, H., Budde, J., Allen, R., Bertelse, S., et al. (2004). Evidence of common and specific genetic effects: Association of the muscarinic acetylcholine receptor M2 (CHRM2) gene with alcohol dependence and major depressive syndrome. *Human Molecular Genetics*, 13(17), 1903–1911.

A Brief Introduction to Developmental Behavioral Genetics

ZHANG Wen-Xin; WANG Mei-Ping; CAO Cong

(School of Psychology, Shandong Normal University, Jinan, 250014, China)

Abstract: Developmental behavioural genetics is an interdisciplinary field emerging in 1980s that attempts to explore genetic and environmental influences on individual differences in behavioral development. There are some distinctions in the object, design and content of research between developmental behavioral genetics and behavioral genetics. The research of developmental behavioral genetics should use a combination of psychological measurement and behavioral genetics approaches, which are consisted of quantitative genetics methods and molecular genetics methods. The future research should broaden and deepen the investigation of associations among candidate genes and behavior, and focus on examining the mechanism of gene-environment interaction and gene-environment correlation.

Key words: developmental behavioural genetics; quantitative genetics; molecular genetics