

分子遗传学的发展对社会学的影响

胡 雯 张 浩 李 毅 刘世定 国 光

提要:近年来分子遗传学的发展硕果累累并且影响广泛。很多大型社会调查项目已经开始收集有关分子遗传的信息,同时一些社会学家对基因和环境之间相互作用的研究也已经取得了突破性的成果。社会学引入遗传信息后,一方面能够更有效地解释人类行为的特征和结果,另一方面能够有效地抵御“遗传决定论”的不利影响,明晰社会环境对遗传表达的影响。最后,本文也注意到引入遗传信息后社会学研究将面临的伦理问题。

关键词:分子遗传学 社会学 遗传信息社会学 基因—环境的相互作用

一、引 言

我们每个人在出生的时候都是一样的吗?行为主义心理学家华生形象地回答了这个问题“如果我能够在专业环境里抚育 12 个健康的婴儿,尽管他们在才能、爱好、意向、职业倾向和种族等方面存在着差异,但是我能够把他们随机地培养成任何类型的专家——医生、律师、商人、甚至乞丐和小偷”(Watson, 1930)。

社会学家通常假设个体在出生时是没有差异或完全相同的。社会和文化环境的差异造成了那些在个体身上表现出来并且能够被观测到的差异。一直以来,社会学家在研究认知发展、教育成就、职业成就、心理健康、酗酒、吸烟和非法使用毒品等个体特征和行为时,通常假设每个人在出生时是完全相同的,或者将每个人在出生时就具有的各种差异作为“黑箱”。这种情况直到现在仍然如此。当研究者把这种差异作为黑箱处理时,就相当于把每个人内在的由基因遗传带来的固有差异归为不可观察的异质性。虽然研究者可以通过统计方法(例如固定效应模型)来控制其对模型估计造成的误差,但是不可观测的异质性仍然被认为是通过统计模型无法根本解决的问题,以及通过社会调查变量无法深入理解的领域。

社会学家之所以没有对基因和其他生物因素的影响进行较深入的

探讨,至少基于以下两个原因:首先,社会学传统的主流理论强调社会群体在社会结构中的位置以及社会结构对个人的作用。经典的社会学思想是在资本主义社会的大工业时代发展起来的。在那个历史时期中,社会等级森严,个性被群体结构所抹杀。与当代民主的工业社会相比,个体的社会地位获得更多地被其社会等级中的位置所决定。因此社会学研究可以采取忽略每个人内在的个体特征差异的研究方法。其次,社会学一直没有获得对个体内部的遗传差异进行有效探测的技术。以社会学对越轨行为的研究为例。戈特弗雷德森等(Gottfredson et al., 1990)认为,低自我控制是越轨行为发生的原动力,他们注意到个体对于越轨行为的倾向性存在差异;具有越轨倾向的个体往往缺乏自我控制能力,并且容易冲动、喜欢冒险。但是,“倾向性”是很难被测量的,戈特弗雷德森等提出了一些测量越轨倾向的指标:即刻满足欲望的冲动,行动缺乏勤奋和持久性,对工作、婚姻和子女缺乏责任感,行为缺乏技巧和规划,酗酒,使用非法毒品,赌博。然而,即使以上这些指标测量出的个体特征确实与越轨行为有关,那也仅仅是倾向性的表现而无法解释造成这种倾向性的差异的根源。直到20世纪80年代,在分子遗传学水平上对越轨行为倾向的测量仍被认为是不可想象的。

基于以上两个原因,尽管社会学在经验研究中一直没有考察个体内部的差异对社会行为的影响,但是,从传统社会到现代社会的转型却使社会环境发生了很大变化,个体差异的表现和作用也越来越不能被忽略。伦斯基(Lenski, 2005)的研究展示了基因在人类社会的不同发展阶段里所发挥的不同作用。他将人类社会历史分为四个阶段:捕猎社会、低级农业社会、高级农业社会和工业社会。基因对社会行为的影响有赖于基因的表达。在某些社会环境中,基因的表达可能被抑制;在另外一些社会环境中,基因的影响能够更好的表达,甚至被放大。以获得社会地位为例,基因对社会行为(例如地位获得)的影响在四个社会阶段中呈U型分布。在捕猎社会中,技术水平很低,社会结构简单,社会地位的高低很大程度上取决于个人的能力,而个人能力的差异很大程度上是由基因决定的;到高级农业社会,这一作用降至最低;而在当代高度工业化的民主社会,基因对社会行为的影响越来越凸显。在捕猎社会,以印度的种姓制度为例,一个人的职业和婚姻在他/她出生的时候就已经被决定了,社会地位的高低取决于阶层出身而非个人能力,因而基因在个体发展中的作用也被抑制。在当今的发达社会,遗传基

因的重要性再一次得到凸显。在涉及到个体属性、特征和社会行为的领域里——例如越轨和犯罪行为、教育成就、社会分层和社会流动等——个体差异的重要性是不能被忽略的。当然,这并不意味着在当今社会中,社会因素的作用正在减弱,相反,教育、职业、收入、生活环境等社会因素对社会行为的影响日益增大,只是人们被赋予越来越平等的机会以发挥个体的兴趣、能力和才智,因而由基因带来的个体差异也能在相对自由平等的社会环境中得以充分的彰显。这也使得当代分子遗传学的发展为我们探索遗传信息对社会行为的影响并准确理解社会环境的作用提供了可能性。

二、分子遗传学的突破

20世纪80年代前,研究者只能通过生化缺陷或改变基因蛋白来进行人类基因的探索。但近20年来,分子遗传学的研究有了飞速的发展。有关遗传密码(脱氧核糖核酸,DNA)片段的复制、分离、处理和分析的新技术的发展,已经改变了医学和生物学的研究面貌。高级遗传标记的发现能够有助于绘制各条染色体的特定部位,以及染色体上疾病基因的相对位置的染色体图。这一进步可以使人们识别出与某些疾病相关的基因。

在过去的30年里,大量的分子遗传学研究工作已经发现了上千个遵循孟德尔遗传规律^①的疾病。这些遗传疾病包括了亨廷顿舞蹈症(亨廷顿症)、囊性纤维化(粘稠物阻塞症,CF)、遗传性非息肉性结肠癌和遗传性乳腺癌等疾病。分子遗传学在非孟德尔现象或者复杂遗传结果上取得的研究成果比在孟德尔遗传上少一些。然而不遵循孟德尔遗传规律的现象恰恰包括了很多社会学家关心的领域。例如,心脏病、高血压、糖尿病、癌症、肥胖等人类疾病,以及阅读困难、酗酒和吸毒等人类特征和行为。这些复杂的遗传结果与多个基因、复杂的环境因素以及基因与环境的相互作用有关。因此,有些人即使携带了某种基因也不一定表现出相应的性状,而另一些携带者则能将这种基因的性状

^① 孟德尔根据豌豆杂交实验的结果提出了解释遗传现象的三项基本定律和原则:分离定律,自由组合规律,显性原则。符合孟德尔遗传规律的疾病基本上是由基因决定的。

表达出来。但麻烦远不止如此,同一个基因还能够以不同的路径发挥作用。比如同一个基因既有助于产生抑郁倾向,还会对贪食和冲动行为有影响,这就使得发现其中的作用机制变得非常困难。

尽管早期的研究同样关注遗传变异和人类特征之间的联系,但是这些研究经常被样本规模过小、人口分层、多重检验和不可复制性等问题所困扰。当前科学家们最主要的努力就是识别出这些复杂特征背后的基因组差异。2007年春季和夏季,科学家们在复杂疾病的基因组学上取得了一系列令人振奋的重大发现。这些研究识别了与白血病、肥胖症、2型糖尿病、前列腺癌、乳腺癌、冠心病有关的遗传差异。这些研究成果的发现得益于两个基本的突破:第一个是人类基因组计划的完成,为研究者对单核苷酸多态性进行基因分型的工作提供依据;第二个是高通量基因分型技术的进步。这些最新的研究往往需要至少数千人的样本才能做一个点的基础分析,运用最先进的技术来控制潜在的群体分层。^① 这些对人类复杂特征的遗传研究所取得的成果让科学界获得了新的信心。因此,美国科学发展协会认为2007年科学界在遗传科学上取得的成功是科学的突破(Pennisi, 2007)。

三、遗传信息社会学

如果在认知发展、教育成就、职业成就、心理健康、酗酒、吸烟和使用非法毒品等特征和行为中,个体确实存在潜在的基因倾向的差异,那么社会学家不得不重新审视与这些领域有关的长期存在的研究假设和研究策略。然而,识别单基因病的因果链还是相对简单的,要找出到底是哪些基因决定了人类的行为特征就没那么容易了——是不是可以用抗利尿激素受体基因(vasopressin receptor gene)的变异来解释不忠贞的行为?是不是因为存在一个多巴胺受体基因,海明威才如此忧郁?对于主要强调整理解社会环境对个体行为影响的社会学而言,分子遗传学的发展带来的不仅仅是挑战。其实,不论是对遗传学家还是对社会科学家而言,分子遗传学和社会学的结合带给研究者的既是机遇又是

① 群体分层系不同种群混合所形成,且各种群疾病发病率各不相同,这就使得关联研究中无法检测到疾病相关位点,是造成关联研究假阳性的原因之一。

挑战:考虑了基因与社会环境之间的相互作用之后,一方面有利于遗传学家理解社会环境因素如何调节遗传物质对人类行为的作用;另一方面,社会科学的研究人员可以根据分子遗传学的研究成果来改进社会科学的研究模型。

遗传学家和医学研究者已经开始认识到社会科学家关于社会环境的研究能够被用于理解许多复杂的人类疾病。如人类基因组计划(Collins et al. 2003)和人类基因组单倍型计划(The International HapMap Project, 2003),因此改进了对人类复杂表征进行遗传分析的研究设计,从而提高了研究的有效性。然而,这些进步并没有减少对于理解社会环境因素的需求。目前学术界对社会环境不够充分的理解已经成为阻碍分子遗传学快速发展的瓶颈。人类基因组单倍型计划研究组(The International HapMap Consortium, 2005)、美国国家人类基因组研究所(the National Human Genome Research Institute)(Collins et al., 2003)和美国国家科学院医学研究所基因—环境相互作用委员会(Hernandez et al., 2006)呼吁重视对社会和文化信息的研究。他们正在支持那些能够提供这些信息的大样本纵贯研究。

与此同时,一些社会学家也正在致力于通过将遗传学引入到社会学中来促进本学科的发展。我们把这样的思考方法叫做遗传信息社会学。个人定制化的医疗方法启发了遗传信息社会学。这种医疗方法根据基因测试把个体分为几个子类型。在每个子类型里,个体的基因构成很相似。与基因构成的相似性相对应的是,在每个子类型里,每个人在对特定疾病的易感性、药物剂量的不良反应和治疗的有效性上也是相似的。这些基因测试的信息被用来发展疾病预防的个人化策略,进而被用于研发能够减少药物副作用和提高药效的新药。个人定制化的医疗方法是一种新的健康医疗方法。这种医疗方法已经在市场中得到了实际应用,很可能在未来的几十年里成为一种主要的健康医疗手段。迄今为止,癌症研究提供了个人定制化医疗能够提高药物有效性的例子。

遗传信息社会学充分利用遗传倾向性的信息促进对社会环境影响效应的理解。这种方法认为,具有不同遗传倾向性的个体面对同样的社会环境可以有不同的反应。如果这个观点成立,那么那种假定某一社会环境因素能够影响到所有个体的理论就是与经验资料不相符的。遗传信息社会学并不是要预测某一种社会因素的具体影响方向,它实

实际上是将社会环境产生的影响效益更加具体化和精细化。社会因素产生的具体影响方向取决于特定基因的类型和这种社会因素本身的特性。

遗传信息社会学将会以两种特殊的方法促进社会学的发展: 第一种是剔除基因对人类行为的影响, 研究纯粹的社会环境对个体行为的影响。不将遗传因素分离出来就可能造成许多研究社会环境影响的传统模型的效果被高估。例如, 因为父亲和孩子共享 50% 的遗传物质, 所以父亲教育水平对孩子教育获得的影响可能不是纯粹的环境影响。实际上, 只有测量到与父亲教育程度有关的基因后, 研究者才可以准确地估计出父亲教育水平对子女教育获得的影响。对于那些关注社会环境对社会行为影响的社会科学家而言, 基因和环境之间的相互作用研究将在很长的时间里成为一个富有成效的关注点, 因为它能够消除遗传因素的混杂影响, 进而获得社会环境对社会行为的净影响。第二种是通过对基因和环境的相互作用进行分析来理解社会环境怎样以遗传倾向性为条件发挥影响作用。基因和环境之间的相互作用研究是根据某种环境使人们对某种基因的影响敏感还是不敏感的原则进行分析的 (Hunter, 2005; Kendler, 2001), 生物学上有很多这样的研究。例如, 一类个体的 CC 型趋化因子受体 5 (CCR5) 上缺失了 $\Delta - 32$, 另一类个体没有缺失 $\Delta - 32$ 。当他们在同样的环境条件下, 缺失了 $\Delta - 32$ 的个体比没有缺失的个体感染人类免疫缺陷病毒 (HIV) 的可能性更小, 并且感染后疾病发展得更加缓慢 (Smith et al., 1997)。卡斯比 (Caspi et al., 2002) 给我们提供了一个社会科学的例子。他研究了被虐待儿童的基因类型对暴力行为的影响。那些有过被虐待经历的儿童很有可能成为暴力罪犯。但是, 并不是所有人都以相同的方式回应童年被虐待的经历。研究发现, 编码神经递质代谢酶单胺氧化酶 A 的遗传多态性改变了被虐待经历的影响。那些携带低水平单胺氧化酶表达基因的儿童会更具有发展暴力行为的倾向, 那些携带高水平单胺氧化酶表达基因的儿童则不太容易受到被虐待经历的影响。

表观遗传学的研究成果更加直接的揭示出基因与社会环境之间密不可分的相互依赖关系。表观遗传学是指在不改变遗传密码 (DNA) 序列的情况下, 生化修饰可以调控基因活性 (Tsankova et al., 2007)。社会学家尤其对表观遗传学感兴趣, 因为通过它能够理解基因在环境作用下表达机制的规律。甲基化是表观遗传学的主要组成部分, 它是

指 DNA 序列上的胞嘧啶通过化学修饰获取一个甲基的过程。甲基化是基因—环境交互作用的主要机制, DNA 甲基化在基因表达规律中显示出重要作用。大量证据表明通过 DNA 甲基化使抑癌基因沉默是癌症发展的典型过程。米尼等研究者(Meaney et al. 2007) 向我们展示了一个表观遗传学的经典案例, 他们研究了母鼠的关爱行为和糖皮质激素受体基因对子鼠压力反应的影响。在这一研究中, 母鼠被分为低抚爱水平和高抚爱水平两类, 抚爱行为包括亲密地舔舐幼鼠、给幼鼠梳理毛发、并拱起背给幼鼠喂食。实验发现, 在面对压力和突然的刺激时, 低抚爱水平母鼠的子代比高抚爱水平母鼠的子代更易表现出恐惧和异常敏感的特征。

撒拉汉等(Shanahan et al. ,2008) 讨论了基因研究对生命历程社会学理论的促进作用。第一, 许多生命历程理论关注的研究主题和人的生理过程紧密联系在一起。这些主题包括精神健康的轨迹、性行为的历史、生育和抚育、老龄和死亡、教育获得和职业、同居和婚姻等。因此研究者应该通过考察研究对象的遗传构成来进一步关注生命过程。第二, 如果不考虑研究对象的过去生活经历, 研究者不能完全理解遗传和人类行为之间的关系。人类的行为是在遗传构成的基础上反映了个体的社会生活经验的积累的。第三, 基因和环境的相互作用反映了社会背景的动态特征。这些社会背景中的关键变量通过生命历程中的途径、轨迹、转变、拐点、持续时间和队列而表现出来。因此, 研究基因和环境的相互作用能够更深入地认识生命历程。

四、遗传信息社会学的研究成果

(一) 遗传信息的收集

当今, 越来越多的社会科学家开始研究与社会行为和过程有关的生物因素的潜在作用(Hernandez & Blazer ,2006) 。很多社会调查项目已经收集了大量用于遗传研究的 DNA 数据, 这些研究包括“美国青少年健康纵贯研究”(the National Longitudinal Study of Adolescent Health , 简称 Add Health) 、“丹麦 1905 年队列研究”(the Danish 1905 - Cohort Study) 、“健康与退休研究”(the Health and Retirement Study) 、“威斯康星纵贯研究”(the Wisconsin Longitudinal Study) 、“不稳定家庭研究”

(the Fragile Families Study) 等。如 2002 年,美国青少年健康纵贯研究(Add Health)在第三轮调查中开创性地收集了部分参与者(大约 2600 名)的 DNA 信息(Harris et al., 2003)。这项研究的调查者设计了 DNA 的收集方案,并由专业组织负责收集 DNA 信息。该调查数据已成为社会科学研究中最主要的分子遗传信息资源。最近,威斯康星纵贯研究也开始了一项大规模的 DNA 数据收集工作。他们要求超过 8000 名研究生以唾液收集器和邮寄回收的方式捐献唾液 DNA 样本。

随着 DNA 收集、基因分型以及相关分析手段在可靠性上的提高和成本上的降低,包括了大量的生命科学和社会科学专家的研究组织呼吁进一步整合社会学、行为学和遗传学的研究工作。2004 年,美国国家卫生研究院(National Institutes of Health,简称 NIH)的行为和社会科学研究办公室(Office of Behavioral and Social Science Research,简称 OBSSR)要求美国国家科学研究院(National Academies of Sciences)中的医学研究院(the Institute of Medicine,简称 IOM)承担一项著名的研究。这项研究负责对基因和环境相互作用领域的科学工作进行评估。赫尔南德斯研究小组(Hernandez et al., 2006)在该项研究报告中提出了一些特殊的研究方法。他们建议社会科学、行为科学和遗传学这三个学科的研究者参考对方的研究成果,发展出更加严格的基因—环境相互作用模型,并收集有利于追求这些目标的新数据。

目前,研究者可以通过两种方法收集分子遗传信息:血液收集方法和唾液收集方法。传统的遗传研究都是收集外围人体的血液样本,但是新技术已经发展到可以从人类唾液或者口腔细胞中提取 DNA。尽管很多研究者(Hansen et al., 2007; Philibert et al., 2008)认为,因为使用唾液 DNA 进行基因分型会对 DNA 样本的质量和浓度非常敏感,因此血液 DNA 相对于唾液 DNA 或者口腔细胞 DNA 能够提供更高的基因分型成功率,但是汉森等人发现参与者提供血液 DNA 的可能性远远小于提供唾液 DNA 或者口腔细胞 DNA。巴蒂的研究小组(Bhatti et al., 2005)详细比较了这两种方法的实际效果。通过对 554 个血液样本和 209 个口腔样本进行同样的基因分型,他们发现用这两种收集策略得到的 DNA 在质量上没有差异。这个结论被最近一系列的全基因组关联分析研究所证实。亨特及一些研究者(Hunt et al., 2008)通过进一步运用血液 DNA 和唾液 DNA 对 1025 个单核苷酸多态性进行基因分型,发现在唾液 DNA 里的基因型和血液 DNA 里的基因型间有 99.85%

的一致性。非血液 DNA 的收集方法最大的优势是可以让研究者不必依靠专业的医疗机构来收集和处理样本。另外,相对于血液 DNA 的收集,非血液收集 DNA 的方法能够有非常高的回答率,并且能够减少研究经费的支出。显然,非血液 DNA 收集方法特别适合大规模的社会科学研究。

(二) 遗传信息和社会环境之间的相互作用

传统的社会科学通过双胞胎研究的方法分析遗传和环境之间的相互作用。双胞胎研究曾是研究遗传效应和环境效应对人类特征和行为影响的惟一途径。它的实质是进行同卵双胞胎和异卵双胞胎的对比研究。同卵双胞胎是一个受精卵分裂而成的,而异卵双胞胎则是不同的卵子被不同的精子授精形成不同的受精卵发育而成。同卵双胞胎具有完全相同的基因,而异卵双胞胎只有一半相同的基因。研究者通过将同卵双胞胎与异卵双胞胎进行比较,就可以不用在分子水平上测量基因而直接把基因的作用从环境的作用中分离出来。与异卵双胞胎相比,如果同卵双胞胎的生理和行为更加相似——比如头发颜色或者数学成绩——那么就可以认为基因对这些特征的形成有影响。双胞胎研究及其他相关研究已经证实,基因能够决定人类特征和行为,比如家族性的精神分裂症。此外,已有研究证实基因对身高、体重、躁狂抑郁性精神病、酗酒、认知发展、阅读技能、作为父母的教养方式、童年时发生意外事件的可能性、看电视的习惯、同伴选择、初次性行为发生时间、婚姻破裂的可能性、教育成就和经济成就等都有影响。但是传统双胞胎研究仍然存在着一些问题,其研究的两个前提假设都遭到了不同程度的质疑。

第一个前提假设——“相同的环境效应”。此假设意味着同卵双胞胎的环境相似性与异卵双胞胎是一样的。但如果同卵双胞胎的环境相似性大于异卵双胞胎,那么基因的贡献将被高估。批评者认为,与异卵双胞胎相比,同卵双胞胎很可能受到更为相同的“待遇”。例如,同卵双胞胎更可能穿相同的衣服,于此,研究者有可能将“待遇”差异的效应归于基因了。因此,批评者推测更强的环境相似性也许解释了同卵双胞胎更强的特征相似性。尽管同卵双胞胎在生活中的方方面面确实经常有完全一样的“待遇”,但是问题的关键在于同卵双胞胎的特殊“待遇”会不会影响到研究的结果。例如,相同的衣着与精神分裂症的

患病率没有关系,因此,“相同的环境效应”假设就与“基因与精神分裂症”的研究结果无关。

第二个前提假设——“忽略选择性婚配”。人们在择偶时倾向于找与自己的智商、个性、外貌等特征相似的人。这一倾向在双胞胎研究中被忽略了。“选择性婚配”使得家庭研究中的基因影响效应变得不准确。当父母有上述倾向时,他们的孩子在某一特征上获得相同基因的可能性更大。因此,“选择性婚配”会增加异卵双胞胎的基因相似性。然而由于同卵双胞胎的基因是相同的,所以父母的这种倾向不会影响他们的基因相似性。因此在双胞胎研究中,“选择性婚配”会使基因的效应被低估,因为它考查的是两类双胞胎在某一特征上各自相似性的差异。由以上论述可以看出,两个假设的作用方向是相反的,因此在某种程度上他们可以相互抵消。

尽管目前分子遗传学占据了研究遗传和环境之间相互作用的舞台中心,但是研究者仍然可以把双胞胎研究作为一种有效的研究策略,用于探索和理解环境对基因表达的影响。双胞胎研究在理解环境和基因对人类特征和行为的影响作用的舞台上仍然起着不可忽视的作用。

社会科学家运用双胞胎研究的方法在基因和环境相互作用领域也取得了一系列的研究成果。国光和斯特恩斯(Guo & Stearns, 2002)关注那些能够影响儿童智力方面遗传潜能的各种机会。这项研究使用了来自美国青少年健康纵贯研究的同胞样本。研究者运用皮博迪图片词汇测验方法(the Peabody Picture Vocabulary Test, PPVT)来测量儿童的智力发展情况。当同时考虑社会环境的各个方面影响的时候,父亲是否失业和种族这两个变量对儿童在智力上发挥遗传潜能的程度有着显著的影响。当父母至少有一方失业的时候,遗传因素对儿童智力发展的贡献是54%,而对双职家庭的儿童来说,其贡献为67%。共享环境对父母至少有一方失业的儿童智力发展的贡献比双职家庭儿童的贡献要大很多。在种族方面,遗传因素能够解释黑人儿童在智力发展上58%的变化,能够解释白人儿童在智力发展上68%的变化。共享环境对白人儿童智力发展的贡献非常小,但是对黑人儿童智力发展的贡献非常大。特克海默研究小组(Turkheimer et al., 2003)根据美国国家联合围产期项目(The National Collaborative Perinatal Project)中的7岁双胞胎样本,分析了双胞胎在韦氏儿童智力量表上的得分。这些双胞胎很多是在贫困线以下或者接近贫困线的家庭中长大。他们的研究证

明:基因和环境对智商的影响比例和社会经济地位有着非线性的关系。在贫困家庭里,共享环境可以解释60%的智商变化,同时基因对于解释智商变化的贡献接近为零。但是,在富裕家庭里,情况正相反,基因能够解释儿童60%的智商变化,而共享环境对于解释智商变化的贡献接近为零。

与双胞胎研究相比,目前社会科学更多的是直接利用分子遗传学的方法进行研究。通过将遗传测量整合到研究设计里,这些研究获得了一种可以将影响人类行为的生物和社会因素相分离的效果。特别是整合了分子遗传信息的研究可以让研究者考察基因和环境之间的相互作用——社会环境因素的影响如何依靠遗传因素发挥作用;或者,遗传因素如何通过个人所处的社会环境对人类特征和行为产生影响。一些利用分子遗传学测量信息的优秀研究论文开始发表在社会学的一流刊物上。2008年底,美国社会学杂志(*American Journal of Sociology*)的增刊(AJS Vol. 114, No. S1)全部用来登载了社会环境与遗传基因的研究论文。最近几年里,社会学学者将遗传信息,特别是分子遗传变量成功地整合到传统社会学研究的模型中。在青少年的体重、女性的数学和科学能力、青少年的越轨行为和不安全的性行为等方面取得了显著的研究成果(Martin, 2008; Guo et al., 2008; Michael et al., 2008; Settle et al., 2010)。

国光教授的研究小组(Guo et al., 2008)根据美国青少年健康纵贯研究中的1100名男性样本,通过运用混合回归模型分析,证明了遗传因素和遗传—环境交互作用这两者对理解青少年越轨和暴力犯罪行为有着重要的意义。他们根据行为遗传学对越轨行为和暴力犯罪的研究成果,用多巴胺转运蛋白基因1(DAT1)、多巴胺受体基因D2(DRD2)和单胺氧化酶A(MAOA)基因上的遗传多态性去测量越轨和犯罪的遗传倾向。在MAOA基因的启动子区域长30-bp的可变数目串联重复序列、在DAT1基因上长40-bp的可变数目串联重复序列和DRD2基因上的Taq1多态性都能显著地预测越轨和暴力行为。这项研究成功地将个体在分子水平上的遗传变量整合进了越轨行为的社会控制理论。同时这项研究也证实了基因和社会环境之间的相互作用。DRD2基因和MAOA基因的遗传影响是有条件的,它们与家庭过程、学校过程和友谊网络之间存在着相互作用。在每一项相互作用中,如果家庭、学校和社会网络能够发挥强有力的社会控制效应,那么遗传变量对青

少年越轨行为的影响就会大大减弱。相反,如果家庭、学校和社会网络所提供的社会控制较弱,那么遗传变量对越轨行为的影响就会大大增加。

在对青少年不安全性行为的研究中,国光等也获得了有趣的发现(Jonathan & Guo, In publish)。研究中提到 DAT1 可以帮助调节大脑中的神经递质多巴胺水平,而在包括人类在内的一些物种中,较高的多巴胺水平与冒险性性行为有关。国光和其他研究者对 Add 健康研究中的 680 名提供了 DNA 样本的白人男性进行了分析,研究同时还考虑到了以下因素:去教堂的频率、是否曾与异性同居、智商、生理成熟度。研究的结论有一些是社会学家们很熟悉的,例如,每周去教堂的青少年发生不安全性行为的可能性比其他调查对象低 60%。此外,最引人关注的是多巴胺转运蛋白 1 基因 9R/9R 基因型(DAT1* 9R/9R)的效应,有 6% 的调查对象携带此基因型。在 18-23 岁的研究对象中,携带此基因型的人平均有 2.2 个性伴侣,这个数字不到其他研究对象的一半,而且在 DAT1* 9R/9R 携带者中有很多没有过性行为,而且这一群体发生吸烟或酗酒的可能性很小,并且在驾驶中系安全带的可能性更大。然而携带 DAT1* 9R/9R 的男性其行为特征也会因社会环境的不同而发生变化;如果其所在的学校有一半的学生在 16 岁时已经发生过性行为,那么这些青少年的基因效应就会消失。

马汀等人同样认为遗传信息使人们更明显的看到环境的影响比原本以为的还要强大。他们在 AJS 发表了一篇有关青少年肥胖的文章(Martin et al., 2008)。尽管根据遗传行为学的观点,共享的遗传特征是决定肥胖代际关系的惟一因素,但是这种遗传决定论和现代科学的共识相矛盾。现代科学的共识是社会环境和行为特征的改变导致了现代社会肥胖的流行。马汀将遗传信息整合进结构方程模型中,探索了家庭的社会特征对青少年体重的影响,证明了如果父母控制孩子的饮食,那么基因上的肥胖倾向就不会表现出来;此外,居住在有公园和娱乐健身设施的富裕社区也可以抑制肥胖基因的表达。这项研究证实了父亲肥胖和青少年肥胖之间的关系既是遗传性的也是社会性的。马汀在被采访时说“怀疑论者总是担心遗传革命会抢夺社会学的阵地”,“其实忽视基因的同时也轻视了社会因素的重要性”(Shea 2009)。

2008 年,撒内汉等人(Shanahan et al., 2008)研究了社会资本、DRD2 基因和教育获得之间的关系。这项研究使用了全国青少年健康

调查的数据和定性比较的分析方法。不论对于白人男孩还是黑人男孩,DRD2 基因的风险都能降低他们升学的可能性。社会资本通过和 DRD2 基因之间的相互作用影响了青少年升学的机会。特别是,对于白人男孩和黑人男孩,如果其父母的社会经济地位较高,并且父母经常参与他的学习活动,同时学校教学质量较好,那么,DRD2 基因对升学的负面影响将会被抑制。另外,这项研究还注意到了在研究基因和社会行为之间关系的时候需要考虑性别的因素。

2010 年,赛特等人(Settle et al. 2010) 检验了处于同一社会网络中的人们是否会有相似的遗传类型。这项研究运用了全国青少年健康跟踪调查数据来考察 6 个基因组类型,进而检验朋友之间的遗传相似性。这项研究先证实了在友谊的社会网络中人们之间确实存在着基因类型的聚集作用。然后,在控制了人口分层(年龄、性别和种族)后,研究者发现在朋友网络中,人们在一种基因类型上是相互吸引的(正相关),在另外一种基因类型上是相互排斥的(负相关)。这一结论在弗雷明汉心脏研究(Framingham Heart) 的独立样本中同样得到了证实,即在朋友网络中,DRD2 显著地表现了相似性,细胞色素 P450 酶 2A6 基因(CYP2A6) 显著地表现了异质性。也就是说,具有相同 DRD2 基因类型的人更容易发展朋友关系;相反的,具有相同 CYP2A6 基因类型的人发展朋友关系的可能性更小。这些发现表明,剔除了人口分层的影响以后,处于同一朋友关系网络中的人们,在具体基因类型上存在着某种程度的相关关系。这一发现意味着,如果研究者忽视了朋友关系网络中基因类型的分布,就会对基因和社会行为的关系做出过高或者过低的估计。

五、遗传信息社会学可能面临的伦理问题

首先,以往大型社会调查更多地是涉及到个人隐私的问题,而引入分子遗传信息测量的社会学研究项目需要严肃地考虑如何安全地保管 DNA 样本,保证这些项目收集到的 DNA 信息仅仅用于科学研究。此外,引入分子遗传信息测量的社会调查涉及到医药研究等商业利益问题。生物制药产业的发展不仅仅需要技术,更依赖于丰富的基因资源。商业化的医药研究特别需要特殊地域里的特殊群体的基因,而这些群

体也常常是社会学的关注对象。某些特殊地域的群体因为具有较低的迁徙率、显著的城乡隔离及较多的家族隔离群,因此基因很有可能保存得十分完好;有些地区或群体的人口素质非常好,例如寿命普遍较长,研究者可以从他们的遗传物质里中找出与长寿有关的基因,从而进行商业性的保健品研究;还有某些偏远地区,由于人们近距离婚配及特殊的自然环境,使某些疾病的发病率较高,通过对这些特定人群的基因分析可以筛选出与这个疾病有关的基因,从而进行商业性的药物研发。由此可以看出,社会调查所收集到的大量被调查者的DNA信息对生物制药有着非常大的价值。因此,社会科学研究者需要保证这些DNA信息仅仅被用来进行社会科学研究而不被商业利益所左右。

其次,引入了分子遗传学测量的社会调查有可能使被调查者反思自身的族群或者种族特征。尽管主流社会一直反对各种形式的种族主义,但是在日常生活中,人们的意识总是会受到这种思想的影响。当被访者参与社会调查并且提供DNA的时候,他们会很自然地将自己的遗传特征和种族特征联系起来,并且将社会生活某些特征中不同种族的差异归咎为遗传物质所决定。例如,如果研究者在中国某一特定民族地区分别调查800名A民族儿童和800名B民族儿童的越轨行为,那么这两个族群的被访者就有可能认为他们不仅在宗教文化上彼此不同,而且在生理方面也有很大的差异。这些儿童可能会因此将他们在越轨行为特征上的差异简单地归咎于种族的遗传特征,而不去考虑社会环境和社会分层等因素。因此,引入了分子遗传测量的大型社会调查可能会引起族群歧视和隔阂。

再次,公众对相关研究成果不合适的理解和运用可能会产生社会歧视或者加剧社会的不平等。如商业保险公司会据此考察投保人的遗传特征。他们根据有关健康和犯罪的研究成果精确计算投保人的风险,相对地提高那些携带增加患病和犯罪风险基因的投保人的投保条件,甚至拒绝他们的保险申请。同样,类似的歧视也可能发生在劳动力就业市场中,也会出现在婚姻市场中,如人们在择偶的时候都会努力选择那些能够给下一代提供优良遗传物质的配偶。进化心理学家根据这一点描述了人们的择偶标准和策略,即人们这样做的目的是保证下一代能在复杂的生存竞争中具有先天优势。在遗传学没有发展到分子水平的时候,人们只能根据遗传的表面特征和家族病史来判断配偶遗传物质的优劣,这种根据经验的判断不免造成很多失误。然而现在遗传

学的研究成果可以在分子水平上作出准确的判断。因此,在婚姻市场中较高社会阶层的人们可以根据 DNA 检测报告更加准确地找到能给下一代遗传优良基因的配偶;反之,较低社会阶层的人们则失去了与那些遗传物质优良的配偶结合的机会。这样,不同社会阶层的后代在出生的时候就具有了遗传上的不平等;底层阶级的儿童在出生的时候就会处于劣势地位。这将强化已经存在的社会分层结构,减少阶层之间的流动,加剧社会结构凝固,使社会失去弹性和活力。

六、讨 论

一个又一个研究发现人格特征是可遗传的,人类行为又与这些人格特征有着密不可分的关系。虽然社会学家相信遗传学家和媒体夸大了遗传因素的作用,但是社会学需要用令人信服的经验研究来支持自己的观点。基因是如何与环境共同作用的?或者是如何被环境改变的?基因和环境在影响人们的行为特征和结果中扮演着怎样的角色?这是社会学不能忽视而终究要面临的问题。社会学需要关注分子遗传学的研究成果,承认遗传因素和人类行为特征之间的关系,通过引入遗传学的知识和技术来辨析个体内在的固有差异,以便社会学能够更好地解释人类行为特征和结果。如果社会学不积极地参与到这场讨论之中,那么在这一探索人类行为特征的知识突破的过程中,社会学很有可能失去主动权,进而存在着被其他学科忽略和边缘化的危险。

另一方面,在借鉴分子遗传学研究成果的同时,社会学将为修正“遗传决定论”的不利影响做出重要贡献。分子遗传学的研究工作发现越来越多的人类行为特征和结果与遗传因素有关,因此越来越多的人把遗传因素作为理解人类行为的主要原因,并且将这个因果推论的过程简单化,即“遗传决定论”。媒体的报道也经常以“‘离婚基因’带来婚姻危机”这样的题目吸引人们的眼球。甚至有商业机构提供这样的服务——只要花 99 美元,你就可以知道自己和伴侣的精氨酸加压素受体 1A (AVPR1a) 基因,以此来预测婚姻的成败。媒体和商业机构的推波助澜使得人们误以为人类特征和基因之间存在着一对一的关联。虽然科学界认可了遗传因素对人类特征和行为的重要影响,并且也发现了很多遵循孟德尔遗传规律的等位基因,但是科学家们一致认为将

基因作为人类行为特征的惟一决定因素是存在问题的。环境在基因的作用机制中扮演了绝对重要的角色,它能激活、消减甚至改变基因的作用,正是这一点使得科学家发现其中的作用机制变得非常困难。

“遗传决定论”的危害还在于严重地消解人们对社会环境和社会结构的关注程度,使公众忽视社会干预对维护社会公正的积极意义,而这恰恰是社会学的责任所在。因此社会学有必要也有能力将遗传信息引入到传统的研究模型之中,并且关注遗传和环境之间的相互作用,向公众展示社会环境影响遗传因素表达的过程和机制,以此来使公众认识到社会分层、教育制度和文化等社会环境本身的重要意义,进而认识到应该通过积极的社会干预来达到社会公正,促进社会稳定健康的发展。

参考文献:

- Bhatti P. A. J. Sigurdson S. S. Wang J. B. Chen N. Rothman, P. Hartge, A. W. Bergen & M. T. Landi 2005, "Genetic Variation and Willingness to Participate in Epidemiologic Research: Data from Three Studies." *Cancer, Epidemiology, Biomarkers and Prevention* 14.
- Caspi A., J. McClay, T. E. Moffitt, J. Mill, J. Martin, I. W. Craig, A. Taylor & R. Poulton 2002, "Role of Genotype in the Cycle of Violence in Maltreated Children." *Science* 297.
- Collins, F. S., E. D. Green, A. E. Guttmacher & M. S. Guyer 2003, "A Vision for the Future of Genomics Research." *Nature* 422.
- Collins, F. S., M. Morgan, A. Patrinos 2003, "The Human Genome Project: Lessons from Large-scale Biology." *Science* 300.
- Eric Turkheimer Andrena Haley, Mary Waldron, Brian D'Onofrio, Irving I Gottesman 2003, "Socioeconomic Status Modifies Heritability of IQ in Young Children." *Psychol Science* 14.
- Freese J. & S. Shostak 2009, "Genetics and Social Inquiry." *The Annual Review of Sociology* 35.
- Gottfredson, Michael R. & Travis Hirschi 1990 *A General Theory of Crime*. Palo Alto, CA: Stanford University Press.
- Guo, G. & E. Stearns 2002, "The Social Influences on the Realization of Genetic Potential for Intellectual Development." *Social Forces* 80.
- Guo, Guang, E. Michael Roettger & Tianji Cai 2008, "The Integration of Genetic Propensities into Social Control Models of Delinquency and Violence among Male Youths." *American Sociological Review* 73.
- Harris, K. M., F. Florey, J. Tabor, P. S. Bearman, J. Jones & J. R. Udry 2003, "The National Longitudinal Study of Adolescent Health: Research design." (<http://www.cpc.unc.edu/projects/addhealth/design>)
- Hansen, T. V. O., M. K. Simonsen, F. C. Nielsen & Y. A. Hundrup 2007, "Collection of Blood, Saliva, and Buccal Cell Samples in a Pilot Study on the Danish Nurse Cohort: Compari-

- son of the Response Rate and Quality of Genomic DNA. " *Cancer Epidemiology Biomarkers and Prevention* 16.
- Hernandez, Lyla M. & Dan G. Blazer(eds.) 2006 *Genes, Behavior, and the Social Environment: Moving Beyond the Nature/Nurture Debate*. Washington, DC: National Academies Press.
- Hunt K. A. , A. Zernakova, G. Turner, G. A. Heap, L. Franke, M. Bruinenberg, J. Romanos, L. C. Dinesen, A. W. Ryan, D. Panesar, R. Gwilliam, F. Takeuchi, W. M. McLaren, G. K. Holmes, P. D. Howdle, J. R. Walters, D. S. Sanders, R. J. Playford, G. Trynka, C. J. Mulder, M. L. Mearin, W. H. Verbeek, V. Trimble, F. M. Stevens, C. O'Morain, N. P. Kennedy, D. Kelleher, D. J. Pennington, D. P. Strachan, W. L. McArdle, C. A. Mein, M. C. Wapenaar, P. Deloukas, R. McGinnis, R. McManus, C. Wijmenga & D. A. van Heel 2008, "Newly Identified Genetic Risk Variants for Celiac Disease Related to the Immune Response. " *Nature Genetics* 40.
- Hunter, D. J. 2005, "Gene-environment Interactions in Human Diseases. " *Nature Reviews Genetics* 6.
- Jonathan, Daw & Guang Guo 2000, "The Association of Contraceptive Use with Three Genes in Youth. " *Population Studies*. In publish.
- Kendler, K. S. 2001, "Twin Studies of Psychiatric Illness – An Update. " *Archives of General Psychiatry* 58.
- Lenski 2005 *Ecological-Evolutionary Theory: Principles and Applications*. Paradigm Publishers.
- Martin, Molly A. 2008, "The Intergenerational Correlation in Weight: How Genetic Resemblance Reveals the Social Role of Families. " *American Journal of Sociology* 114.
- Martin, N. G. , L. J. Eaves & H. J. Eysenck 1977, "Genetical, Environmental, and Personality Factors Influencing the Age of First Sexual Intercourse in Twins. " *Journal of Biosocial Science* 9.
- Meaney, M. J. , M. Szyf & J. R. Seckl 2007, "Epigenetic Mechanisms of Perinatal Programming of Hypothalamic-Pituitary-Adrenal Function and Health. " *Trends in Molecular Medicine* 13.
- Nelson HD, Huffman LH, Fu R, Harris EL 2005, "Genetic Risk Assessment and BRCA Mutation Testing for Breast and Ovarian Cancer Susceptibility: Systematic Evidence Review for the U. S. Preventive Services Task Force. " *Ann Intern Med* 143.
- Pennisi, E. 2007, "Breakthrough of the Year – Human Genetic Variation. " *Science* 318.
- Philibert, R. A. , O. Zadorozhnyaya, S. R. H. Beach & G. H. Brody 2008, "Comparison of the Genotyping Results Using DNA Obtained from Blood and Saliva. " *Psychiatric Genetics* 18.
- Settle, J. E. , C. T. Dawes, N. A. Christakis & J. H. Fowler 2010, "Friendships Moderate an Association between a Dopamine Gene Variant and Political Ideology. " *The Journal of Politics* 72.
- Shanahan, Michael J. , Stephen Vaisey, Lance D. Erickson & Andrew Smolen 2008, "Environmental Contingencies and Genetic Predispositions: Social Capital, Educational Continuation, and a Dopamine Receptor Polymorphism. " *American Journal of Sociology* 114(S1) .
- Shea, Christopher 2009, "The Nature-Nurture Debate, Redux. " *The Chronicle Review* 54.
- Sladek, R. , G. Rocheleau, J. Rung, C. Dina, L. Shen, D. Serre, P. Boutin, D. Vincent, A.

- Belisle , S. Hadjadj , B. Balkau , B. Heude , G. Charpentier , T. J. Hudson , A. Montpetit , A. V. Pshezhetsky , M. Prentki , B. I. Posner , D. J. Balding , D. Meyre , C. Polychronakos & P. Froguel 2007, "A Genome-wide Association Study Identifies Novel Risk Loci for Type 2 Diabetes." *Nature* 445.
- Smith , M. W. , M. Dean , M. Carrington , C. Winkler , G. A. Huttley , D. A. Lomb , J. J. Goedert , T. R. O'Brien , L. P. Jacobson , R. Kaslow , S. Buchbinder , E. Vittinghoff , D. Vlahov , K. Hoots , M. W. Hilgartner & S. J. O'Brien 1997 , "Contrasting Genetic Influence of CCR2 and CCR5 Variants on HIV-1 Infection and Disease Progression." *Science* 277.
- The International HapMap Consortium 2005, "A Haplotype Map of the Human Genome." *Nature* 437.
- The International HapMap Project 2003 "The International HapMap Project." *Nature* 426.
- Tsankova N , Renthal W , Kumar A , Nestler EJ , 2007, "Epigenetic Regulation in Psychiatric Disorders." *Nature Reviews Neuroscience* 8.
- Zeggini , E. , M. N. Weedon , C. M. Lindgren , T. M. Frayling , K. S. Elliott , H. Lango , N. J. Timpson , J. R. B. Perry , N. W. Rayner , R. M. Freathy , J. C. Barrett , B. Shields , A. P. Morris , S. Ellard , C. J. Groves , L. W. Harries , J. L. Marchini , K. R. Owen , B. Knight , L. R. Cardon , M. Walker , G. A. Hitman , A. D. Morris , A. S. F. Doney , M. I. McCarthy & A. T. Hattersley 2007, "Replication of Genome-wide Association Signals in UK Samples Reveals Risk Loci for Type 2 Diabetes." *Science* 316.

作者单位: 北京大学社会学系(胡雯)

华盛顿州立大学社会学系(张浩)

北卡罗莱那大学教堂山分校社会学系(李毅)

北京大学社会学系(刘世定)

北卡罗莱那大学教堂山分校社会学系(国光)

责任编辑: 张宛丽

standing the “substantial whole” due to the existence of heterogeneity , so we should take “relational whole” as the aim of case study. The theoretical orientation of case study should be diversified: to generalize the characteristics of native society , to provide some new conceptual insights ,to reconstruct the existing theory ,to construct situational theory , and so on. For knowledge growth ,going beyond case study may be revolutionary or accumulative ,but all the progress need the confirmation of the academic community.

REVIEW

The Possibility and Prospect of Regional Sociology: Centered on the study of “overcrowding-undercrowding” issue of urban and rural areas of postwar Japan *Tian Yipeng* 184

Abstract: Since the 1960s , under the background of Japan’s overcrowding issue of urban district and undercrowding issue of rural district , the study of regional sociology focusing on regional social structure , group composition and human action has been prosperous in Japan’s academic field. Regional sociology tries to cross the boundaries between rural sociology and urban sociology , uses life socialization theory as its basic theoretical premise in urbanization study , focuses on the study of undercrowding issue of rural district , and it studies issues concerning regional life , regional organization and group , regional differences , regional policy and new publicity construction , and establishes the analytical model of “structural analysis”. Through studying overcrowding of urban district and undercrowding of rural district , and viewing urban and rural relationship as the primary issue of the space transition study , regional sociology shows its special concern on the transition from traditional society to modern society. The paper concludes that regional sociology not only expanded the disciplinary boundary of sociology , but also played an important role in its policy application.

The Invention of System in Commons *Zhang Peiguo* 204

Abstract: The meaning of commons is multiple; property rights , common pool resources and customs are not only three different theoretical paths , but also three different levels in defining the commons. The interpretation of commons isn’t the simple sum of the three theoretical approaches , and should be explained thoroughly towards a holistic theory. The invention of system in commons is revealed as a dynamic practice mechanism.

The Influence of Molecular Genetics on Sociology
... *Hu Wen , Zhang Hao , Li Yi , Liu Shiding & Guo Guang* 224

Abstract: Over the past three decades intense efforts in molecular genetics have gained great achievements with extensive influences. Several social surveys have begun to collect genetic information. Meantime ,amounts of sociological research incorporating gene-environment interactions are exceptionally productive. On the one hand ,taking genetic heritage into account promises a fuller understanding of social outcomes ,and effectively disapproves “hereditary determinism” on the other hand. Therefore ,we can enhance our understandings of social environment effects on genetic expression. What is more ,we also discuss the ethical issues which genetics-informed sociology would have to face.