

青少年压力大成年后易患高血压和肥胖

本报讯 近年来,包括心血管疾病和2型糖尿病在内的心脏代谢病成为最常见的慢性疾病,其发病越来越年轻化。虽然压力与心脏代谢病风险因素的相关性研究偶有报道,但大多数研究主要关注成人,且把肥胖或血压等作为单一研究结果。相比成人,儿童的中枢神经系统正在发育,对压力的反应更为敏感。然而儿童的压力水平变化对心脏健康的长期影响鲜有报道。

为了填补这个空白,美国南加州大学的科研人员使用纵向队列数据,探究了压力与心脏代谢病风险之间的关系。

近日,《美国心脏协会杂志》发表了该团队的一项研究成果,这项前瞻性研究评估了青少年受到长期压力对成年后心血管健康的影响。研究表明,青少年时期压力较大的人,在成年后更容易产生高血压、肥胖和其他心脏代谢病风

险因素。

研究人员分析了来自“南加州儿童健康研究”的数据信息。276名参与者在童年时与父母一起参与了这项研究,然后在青少年时期(平均年龄13岁)和成年早期(平均年龄24岁)参与了后续评估。

“我们纵向评估了研究对象在青少年及成年早期的感知压力水平。根据压力水平变化,把研究对象分成4个压力组别:持续高压力、随时间递减、随时间递增和持续低压力。”论文第一作者、南加州大学人群和公共卫生系博士后郭方琪在接受记者采访时表示。

研究人员通过多个客观检测指标,如颈动脉内膜中层厚度、收缩和舒张血压、BMI、体脂百分比、腹部/髋部比率和HbA1c,全面评估了成年期心脏代谢病风险。

图片来源:
Pixabay



分析发现,从青少年时期到成年早期感知压力水平与成年期患心脏代谢病的风险呈正相关。例如,如果一个人从十几岁到成年经历了持续性高感知压力,成年后患血管类疾病、肥胖、向心性肥胖和高血压的风险会更高。

“我们发现青少年持续的高压力可能是影响心脏健康的重要因素。研究

结果强调了青少年早期压力检测和有效压力管理的重要性。家庭、学校、医院,还有政府都需要重视青少年心理健康,及时检测和干预那些压力较高的个体,从而减少其今后患心脏病、代谢病的风险。”郭方琪说。

(张晴丹)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1161/JAHA.123.030741>

2000年前人类骸骨中发现梅毒 DNA

本报讯 研究人员在巴西南部2000年前的史前人类遗骸中,发现了与梅毒螺旋体密切相关的DNA。该遗骸成为已知最古老的梅毒感染样本。近日,相关论文发表于《自然》。

梅毒是由梅毒螺旋体的一个亚种引起的。其他亚种可引起雅司病和贝杰尔病感染,后者与梅毒相似,但通常不通过性传播。

人们对这些所谓梅毒螺旋体感染的起源知之甚少。在15世纪的欧洲,梅毒暴发使许多人相信哥伦布在探险后从美洲带回了梅毒。但来自欧洲人类遗骸的最新证据表明,它在哥伦布时代之前就已存在于欧洲大陆。

现在,瑞士苏黎世大学的Verena Schünemann和同事调查了巴西南部拉古纳市附近的一个史前墓葬遗址,发现了最古老的梅毒螺旋体感染证据。

有37具遗骸,主要是不完整的骨骼,显示出梅毒螺旋体感染的证据,如骨炎和颅骨病变。Schünemann说,研究人员尚不清楚为什么在温暖潮湿的条件下,这些遗骸仍保存得如此完好。

研究小组设法从4个人的遗骸中提取了足够的DNA,以重建感染他们的病原体基因组。对基因组的分析表明,这些史前人类感染

了梅毒螺旋体的一个亚种,该亚种可能是导致贝杰尔病感染的螺旋体亚种的祖先。

贝杰尔病一般通过皮肤接触或共用器具传播,其特征是病变始于口腔并蔓延至皮肤和骨骼。研究小组没有发现导致梅毒的螺旋体的证据,这使得该特定亚种的起源仍然不明。

“关于源头疾病一直是一个很大的谜团。虽然还不能揭示梅毒的真正起源,但我们可以说,螺旋体疾病至少2000年前就存在于美洲了。”Schünemann说。

她补充说,在到达美洲之前,这种感染可能已经在世界其他地方出现,但尚需数据证明这一点。

美国亚利桑那州立大学的Brenda Baker说:“这项研究很令人兴奋,因为它从上千年前的考古遗骸中发现了第一个真正古老的梅毒螺旋体DNA。”

“鉴于贝杰尔病目前与干旱气候,而不是巴西沿海的潮湿气候有关,基因组数据有助于深入了解病原体随时间推移可能发生的进化和适应性。”Baker说。

(王方)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-023-06965-x>

本报讯 科学家通过研究11275名非洲人后裔的基因,揭示了导致原发性开角型青光眼(POAG)的遗传基因变异机制。相关研究近日发表于《细胞》。

当正常的眼液排泄被阻塞,导致眼内压力积聚时,POAG就会发生。这种疾病没有早期症状,患者在视力丧失时通常已经受到了永久性损害。

研究人员在黑人社区的教堂和老年中心组织青光眼免费筛查,最终收集了11275人(6003名青光眼患者和5272名对照组)的数据和基因样本。利用全基因组关联研究等遗传分析,研究小组确定了两种与青光眼形成有关的新基因变异,分别是rs1666698和rs34957764,前者与基因DBF4P2有关,后者与基因ROCK1P1有关。与ARHGEF12相关的第三个变异rs11824032也被确定,该变异先前与杯盘比(衡量青光眼严重程度的一种指标)有关。

研究人员验证了这一结果,并专注于开发早期诊断青光眼的更好方法。利用已识别的变异,他们开发了一个多基因风险评估系统,可以帮助医生在青光眼导致视力丧失前对患者进行筛查和治疗。

(冯维维)

相关论文信息:

<http://doi.org/10.1016/j.cell.2023.12.006>

研究揭示青光眼相关基因变异