

UFFICIO STAMPA UNIVERSITÀ DI OXFORD

Scoperte varianti genetiche che influenzano il comportamento riproduttivo umano.

Un team di oltre 250 ricercatori guidato dall'Università di Oxford, in collaborazione con le Università di Groningen, Paesi Bassi e Uppsala, Svezia, ha identificato per la prima volta 12 aree del genoma umano associate con l'età al primo figlio e il numero totale di figli ottenuti nell'arco del corso di vita da uomini e donne. Lo studio, pubblicato su *Nature Genetics*, è basato sull'analisi di 62 dataset contenenti informazioni sull'età al primo parto di 238,064 uomini e donne, e sul numero di figli di oltre 330.000 uomini e donne.

Finora, la ricerca socio-demografica si è focalizzata sui fattori sociali che influenzano la fecondità e l'età al primo figlio. Tuttavia, grazie al lavoro di demografi, sociologi, biologi, genetisti e bioinformatici provenienti da università e istituti di ricerca di tutto il mondo, questa nuova ricerca dimostra l'esistenza di una base biologica del comportamento riproduttivo.

Melinda Mills, che ha coordinato lo studio, del Dipartimento di Sociologia e Nuffield College presso l'Università di Oxford, commenta: "Per la prima volta sappiamo quali aree del DNA influenzano la fecondità. Abbiamo scoperto che le donne con un genotipo associato ad un'età avanzata al primo figlio, hanno in media un'età più alta al menarca e, in seguito, un rischio minore di menopausa anticipata". Di conseguenza, potrebbe un giorno essere possibile usare queste informazioni per dare una risposta alla domanda: "Fino a quanto si può attendere per avere un figlio?"

Lo studio inoltre dimostra che le stesse varianti genetiche associate con l'età al primo figlio sono collegate con altre caratteristiche legate all'apparato riproduttivo ed allo sviluppo sessuale, come ad esempio l'età al menarca, il cambio del tono di voce nei maschi, e l'età alla menopausa.

Il primo autore Nicola Barban, del Dipartimento di Sociologia e Nuffield College presso l'Università di Oxford, commenta: 'La genetica non determina il nostro comportamento riproduttivo, ma - per la prima volta - siamo riusciti ad identificare alcune parti del genoma umano che lo influenzano, contribuendo, in tal modo, ad aumentare la nostra conoscenza riguardo sulla biologia della fecondità umana. Ciò nonostante è fondamentale ribadire che scelte individuali e fattori sociali mantengono un ruolo principale nell'influenzare il comportamento riproduttivo.

I ricercatori hanno calcolato che queste varianti genetiche spiegano meno dell'1% dell'età in cui uomini e donne hanno il primo figlio e del numero di figli che hanno nel corso della vita. L'articolo spiega che nonostante questi numeri sembrano 'estremamente limitati', combinando insieme queste varianti genetiche è possibile studiare in modo più accurato la probabilità di rimanere senza figli.

È importante sottolineare che, esaminando in dettaglio la funzione biologica di queste 12 regioni del DNA, i ricercatori hanno identificato 24 geni che sono probabilmente responsabili degli effetti dei 12 varianti genetiche sul comportamento riproduttivo. Alcuni di questi geni erano già noti per influenzare l'infertilità, mentre altri non sono ancora stati studiati. Secondo il professor Harold Snieder presso l'Università di Groningen e Marcel den Hoed dell'Università di Uppsala: 'una migliore comprensione della funzione di questi geni può fornire nuove suggerimenti per la diagnosi e terapia dell'infertilità.'

Per ulteriori informazioni, si prega di contattare Nicola Barban

(nicola.barban@sociology.ox.ac.uk; cell +4407477601409 ufficio: +4401865286176) o l'ufficio stampa dell'Università di Oxford news.office@admin.ox.ac.uk o tel: +44 (0) 1865280534.