

DOI: 10.19361/j.er.2021.02.08

遗传经济学:理论、方法 及其在经济学研究中的应用

朱晨 赵启然 王俊 司伟*

摘要: 个体经济行为的决策机制一直是经济学科的研究重点。遗传经济学是在传统经济学原理基础之上,运用现代遗传学方法分析人类社会经济行为特征的一门新兴交叉学科。通过梳理发现,遗传经济学的学术价值体现在四个主要方面:第一,遗传经济学是对人类行为决策研究由精神层面向物质层面的进一步拓展;第二,遗传经济学能够帮助识别和分离后天社会经济因素与先天禀赋因素对个体的影响;第三,遗传经济学能够帮助进行因果推断;第四,遗传经济学研究结论能够“反哺”自然科学研究。我国当前社会经济的进步与科学技术水平的提升,为遗传经济学研究发展既提出了现实需要,又创造了前提条件。本文为经济学界了解如何从基因角度揭示个体行为决策内在机制提供重要的理论框架和科学工具。

关键词: 基因;决策机制;全基因组关联分析;孟德尔随机化法

一、引言

人类行为究竟受什么影响和支配?其中的决策机制是什么?自古至今,一直是国内外不同领域研究者关注的永恒主题。为了回答这个问题,经济学家们做出了令人瞩目的贡献,也可以说“经济学就是研究人类行为选择和决策的科学”(Robbins, 1932)。

自亚当·斯密创立现代经济学后的一百多年里,古典经济学家们发现,性格、情绪等因素对个体经济行为具有决定性影响。因此这种行为决策机制成为了分析经济问题的基本框架,开启了古典经济学时代。然而20世纪初新古典经济学的兴起,摒弃了古典经济学中性格、情绪等个体因素影响经济行为决策的分析框架,把研究建立在“理性经济人”假设之上,

*朱晨,中国农业大学经济管理学院、中国农业大学全球食物经济与政策研究院、中国社会科学院人口与劳动经济研究所,邮政编码:100083,电子信箱:zhuchen@cau.edu.cn;赵启然,中国农业大学经济管理学院、中国农业大学全球食物经济与政策研究院,邮政编码:100083,电子信箱:zhaoqiran@cau.edu.cn;王俊,中国人民大学公共管理学院,邮政编码:100872,电子信箱:wangjun@ruc.edu.cn;司伟(通讯作者),中国农业大学经济管理学院、中国农业大学全球食物经济与政策研究院,邮政编码:100083,电子信箱:siwei@cau.edu.cn。

本文得到国家自然科学基金面上项目“我国农村学生营养认知、食物多样性及健康研究”(项目编号:71973136)、国家自然科学基金面上项目“能源效率、环境规制与中国制糖业发展研究”(项目编号:71773122)的资助。本文在写作过程中得到南京农业大学贺建波博士、中国人民大学曹琦副教授和孔国书博士、深圳市早知科技有限公司陈钢博士和李鹰翔博士的帮助。感谢匿名评审专家和本刊编辑的宝贵意见,文责自负。

并侧重于运用数理模型来描述和预测人们如何进行选择与行为决策。但是,新古典经济学理论很快引发了大量争议。20世纪50年代以后,经济学家们开始尝试从其他学科中寻求对于经济行为决策的新理解,以期能提高经济学研究的符合性与解释力。他们修正了新古典经济学中的“理性人”假设,并通过一系列实验表明个体的行为决策存在“对理性行为的系统性偏离”,行为经济学和神经经济学也由此产生。尽管这些新兴经济学都在不同程度上弥补了新古典经济学的理论缺陷,但在理论和技术层面上仍存在不足,特别是对于经济学研究对象(即决策人)的定义和测度的精确程度还远远不及物理学、生物学、化学等现代自然科学。因此,它们仍然不能清晰地阐明经济行为决策的根本机制究竟是什么。同时,神经经济学的发展虽然已大大增强了经济学家们对于个体和社会决策的生理学认识,但由于大脑神经元活动仍属于内表型(Endophenotype)层面,因而这种认识还只是停留在个体行为决策因果关系链条中的一个中间环节(如图1所示)——尚未触及大脑活动关联基因(如激素和蛋白质调控基因)的本质作用,对于环境或基因×环境因素的系统性讨论也较为缺乏。^①而这正是遗传经济学将要进一步阐明的方向,即在基因层面寻找人类行为决策的“终极决定因素”。

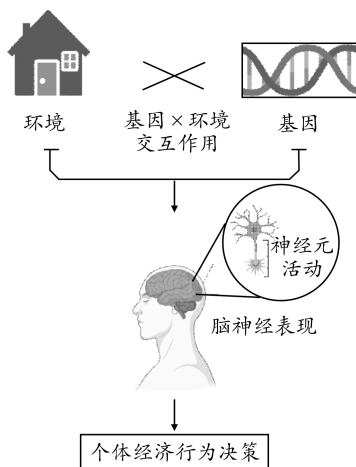


图1 个体经济行为决策因果链条

在此背景下,遗传经济学(Genoconomics)应运而生。遗传经济学是在传统经济学原理的基础之上,结合现代遗传学、行为遗传学等科学理论,运用遗传学方法和研究手段及人类基因数据库,对社会经济现象和人类社会经济行为内在决定机制展开深入研究,以期能够在后天环境因素以外,从基因功能与遗传机制的角度揭示人类社会经济行为发生与差异化发展的又一动因,从而最终形成能够更好解释和预测人类社会经济行为特征的理论和方法的一门交叉学科(Benjamin et al., 2007, 2012; Beauchamp et al., 2011)。遗传经济学科创立十余年以来,相关研究发表在《经济学展望期刊》(*Journal of Economic Perspectives*)、《经济学年评》

^①任何生物体的特征、行为和决策都受到基因、环境、基因×环境的多重影响。环境的改变已被证实能够影响(例如激活或抑制)特定基因的表达和功效,这也是为什么即使基因型完全相同的两个人(例如同卵双胞胎)仍会拥有不同的社会经济特征和行为。

(*Annual Review of Economics*)、《美国经济评论》(*American Economic Review*)、《政治经济学杂志》(*Journal of Political Economics*)等经济学权威期刊,并且还频繁发表于《自然》(*Nature*)、《科学》(*Science*)、《美国国家科学院院刊》(*PNAS*)等顶尖综合类科学期刊上。与此同时,遗传经济学已经呈现出了这个学科所具有的独特性,吸引了越来越多的研究者参与。美国已于2011年成立了社会科学遗传学联合会(Social Science Genome Association Consortium,简称SSGAC),团队包含了来自经济学、社会学、心理学、流行病学、遗传学等多学科的研究人员,其宗旨是提供一个跨学科协作和思想融合的平台以促进对人类社会经济行为的遗传学研究,而遗传经济学是其最重要的研究领域之一;美国南加州大学(University of Southern California)组建了行为与健康基因组学中心(Behavioral and Health Genomics Center);荷兰阿姆斯特丹自由大学(Vrije Universiteit Amsterdam)的复杂性状遗传实验室(Complex Trait Genetics Lab)成立了专门的遗传经济学研究组;2017年夏天,久负盛名的拉塞尔·塞奇基金会(Russell Sage Foundation,简称RSF),在美国加州圣巴巴拉出资举办了为期两周的遗传经济学研讨班,推动了学界对于遗传经济学的认识和理解。总体而言,遗传经济学通过从分子水平上探索经济行为的根本决定机制,推动经济学对人类行为的研究进入了一个崭新时代。

遗传经济学在学术理论上的重要性不言而喻,但当前仍然缺乏关于中国问题的研究或由中国籍学者主导的研究。这与中国作为世界第二大经济体和拥有众多经济领域研究者的现状相悖,也在很大程度上限制了中国社会科学研究的国际影响力,亟需引起中国经济学界的高度重视。这主要有三个原因:第一,遗传经济学作为一门新兴学科,目前在国际上也只有少数发达国家的研究者参与其中,其传播速度与传播路径都十分有限,中国作为发展中国家很难在短期内成为重要的参与者。第二,遗传经济学的跨学科特征较为明显,研究门槛相对较高,经济学家通常需要进行一定的知识积累才能够理解并熟练运用遗传基因数据。第三,开展遗传经济学研究的基本条件之一是拥有一定数量的、基于个体经济行为的基因数据库资源,而中国经济学界目前仍然缺乏这样的环境和条件。

鉴于此,我们将依托在该领域的理论和实践积累,试图从学科演变的角度,说明遗传经济学的理论基础及其核心方法。本文除了在理论上为中国经济学界了解遗传经济学,理解其如何深刻揭示人类经济活动的内在机制提供途径,以提升中国经济学者对国际前沿学科的认识及创新能力之外,还将对中国社会产生积极的现实意义。

本文余下部分是:第二部分说明遗传经济学产生的学科背景和理论基础;第三部分回顾遗传经济学自产生以来的主要研究,说明该学科关注的重点及其学术贡献;第四部分介绍遗传经济学的基本分析方法,包括全基因组关联分析、孟德尔随机化法等;第五部分是结论和展望。

二、遗传经济学的产生:学科演变与理论基础

遗传经济学的产生与两个学科息息相关:新古典经济学和行为遗传学。正是在两个学科的共同作用之下,遗传经济学将经济学家们对个体行为决策机制的研究,推进到了“基因时代”。

(一) 新古典经济学的演变促进了经济学家对于人类经济行为决策机制研究的转向

始于19世纪末的新古典经济学无疑是当代最具广泛影响力的经济理论体系。以马歇尔1890年出版的《经济学原理》为创立标志,新古典经济学继承了古典经济学(Classical Economics)的基本观点,但同时摒弃了古典经济学中性格、情绪等个体因素影响经济行为决策的分析框架。新古典经济学建立在“理性经济人”核心假设和逻辑演绎方法论之上,其基本观点是具有自利性、完全理性和一致性偏好的决策者,可以在特定约束条件下获得效用最大化。20世纪30年代,以萨缪尔森为代表的经济学家们提出了重要的显示性偏好理论(Revealed Preference Theory),以及一整套优美的数学框架,用于描述和预测人们如何进行选择和决策。数学模型的引入,使得经济学家们可以无视个体在做选择时的心理过程,从而抑制了人们对于偏好产生本质的进一步关注。例如芝加哥学派代表人物米尔顿·弗里德曼在其著作中就曾断言,个体偏好不仅是不可观测的,而且与经济理论的有效性无关(Friedman, 1953)。换句话说,这一时期的新古典经济学从逻辑和数学上确立了理性选择模型的核心地位,但忽略和排斥性格、情绪等“非理性”因素对于个体行为决策所产生的影响。

不过,新古典经济学理论很快引发了大量争议,这些争议主要集中在“理性人”以及关于决策人具有自利性和一致性偏好的假定上。如历史上著名的“Allais 悖论”和“Ellsberg 悖论”都表明,基于新古典经济学中基本偏好公理所推导出的预测结果存在系统性偏误,可能并不具备普世应用意义。因此,新古典经济学虽然拥有一套严密而精美的数学体系,但由于其中的决策者偏好被高度抽象和简化,使得这一理论难以直接解释许多现实中的经济问题。同时,因为缺乏对其逻辑体系前提(如“理性人”“自利”“完全信息”等假设)进行的严格可重复性实证检验,这一时期的经济学也很难称得上是一门真正意义上的科学。

20世纪50年代以后,经济学家们开始尝试从包括心理学在内的其他学科中寻求对于经济行为决策的新理解,以期提高经济学研究的符合性与解释力。美国政治经济学家赫伯特·西蒙基于经济学、管理学、认知心理学等学科提出了“有限理性”(Bounded Rationality)理论,认为个体经济行为决策会受到外界环境与自身能力的约束,且具有不确定性。西蒙的先驱性理论不但修正了新古典经济学中的“理性人”假设,而且使得大量经济学家从中获得思想灵感,开始运用心理学实验等手段研究个体行为决策,对此后的经济学发展产生了广泛而深远的影响。

20世纪70年代末,丹尼尔·卡尼曼和阿莫斯·特沃斯基等人通过一系列著名实验表明,个体的行为决策存在“对理性行为的系统性偏离”(Systematic Deviations from Rationality),行为经济学由此逐渐融入主流经济学的研究范畴。行为经济学家们认为,若想要理解行为决策的发生,就必须深入分析决策基础之上的认知过程,了解人们如何通过构建心理模型并经过分析,以做出特定决策。行为经济学所引入的大量心理学实验为新古典范式中高度抽象化的偏好结构赋予了更多自然科学基础,有效提升了经典经济理论对现实问题的解释力与预测力。

如果说新古典经济学忽略了人类心灵(如性格、偏好等)在决策过程中的作用,那么行为

经济学不仅认识到了人类心灵的重要作用,并且尝试系统性地研究个体行为决策背后的心理认知机制。而源自行为经济学与实验经济学的神经经济学,也为打开人类心灵的“黑箱”提供了技术上的实现手段,首次从人类大脑神经元活动的角度研究了行为决策产生的过程机制(叶航等,2007;徐晨,2007)。神经经济学运用神经生物学和认知神经科学的前沿技术手段,实时观测了个体情绪和情感的差异性存在,并对其进行量化,发现行为决策通常是大脑皮层与情绪脑区共同竞争和博弈的结果,为“有限理性”理论提供了强有力的生理学证据。

可以说,以行为经济学和神经经济学为代表的新兴经济学分支对新古典经济学进行了有效修正,但在理论和技术层面仍存在不足。特别是对于经济学研究对象(即决策人)的定义和测度程度还远不及物理学、生物学、化学等现代自然科学那样客观、精确。

(二) 行为遗传学的兴起引导经济学家开始使用“遗传手段”对个体选择行为进行针对性的研究

行为遗传学产生于20世纪60年代,其研究的核心要义是将遗传禀赋作为一个整体,据此解释人类个体层面上行为和特征的差异,属于遗传学、心理学、行为学和医学等一系列学科的交叉学科(Benjamin et al.,2012)。行为遗传学家们用一系列证据证明了父母基因对于子女性格、认知能力、经济行为和偏好的影响,其中最著名的研究方法当属“双胞胎研究”(包含同卵和异卵双胞胎)^①和“收养研究”。

行为遗传学控制先天基因和后天环境因素的研究手段,自20世纪70年代开始逐渐被经济学家们所掌握,并大量应用于经济学研究中。最早引入遗传基因概念的经济学研究可追溯至1976年,宾夕法尼亚大学经济学教授保罗·陶布曼在《美国经济评论》上发表了关于同卵和异卵双胞胎收入的研究(Taubman,1976)。陶布曼将工资差异分解为遗传禀赋、双胞胎共同环境和个人环境三个部分,发现收入的18%~41%由遗传因素决定。此后,Ashenfelter和Krueger(1994)等又陆续利用双胞胎数据测算了教育成就代际遗传性以及教育回报率等问题;Cesarini等(2009a)通过双胞胎研究发现了个体风险承受和对别人给予行为的继承性;我国学者也利用双胞胎数据估算了我国教育、党员身份等因素的回报率,如李宏斌等(Li et al.,2007,2010)、孙志军(2014)等。这些文献均在国内外学术界引发不小反响,但受限于早期行为遗传学研究本身并不直接包含个体遗传基因信息,这些结果对遗传影响的认识仍然有限。

(三) 遗传经济学学科诞生

新古典经济学、行为经济学、神经经济学以及行为遗传学的发展,为遗传经济学的诞生奠定了学科融合的基础。自2001年人类基因组计划完成以来,基因测序成本持续降低,个体基因数据的获得成为可能,并具有越来越强的实际可操作性。同时,互联网、信息化以及区块链技术的协同发展不断降低基因数据获取的技术门槛和成本,这一切都催生着“基因大

^① 双胞胎研究的实质是对同卵双胞胎(Monozygotic, MZ)和异卵双胞胎(Dizygotic, DZ)进行比较研究。其中同卵双胞胎是由一个受精卵发育而成,基因100%相同;而异卵双胞胎是由不同受精卵发育而成,基因差异与亲兄弟姐妹一致。因此与异卵双胞胎相比,如果同卵双胞胎表现出更为相似的学业成就、收入、风险偏好等行为特征,那么研究者就可以依此将环境因素剔除,认定基因能够决定这些行为特征。

数据”时代的到来。^① 研究者们开始考虑从分子遗传层面上研究人类的行为与特征,弄清它们究竟受何种基因控制,而不再只是将遗传因素看成一个整体因素进行考虑。与此同时,越来越多的经济行为和特征被证实具有遗传性。例如 Wallace 等(2007)、Cesarini 等(2009a, 2009b)研究发现,包括风险承受和过度自信在内的经济偏好遗传性可达 20%~30%; Barnea 等(2010)和 Cesarini 等(2010)发现不同金融决策的继承度在 25%~60%的范围内。正是在这一系列潮流的汇聚下,遗传经济学渐渐发展为一个独立的交叉学科。

2007年,康奈尔大学经济学家丹尼尔·本杰明、哈佛大学经济学家爱德华·格莱泽、冰岛大学心血管遗传学家威尔门德·古德纳森、联合学院心理学家克里斯托弗·查布里斯等学者撰文首次提出“遗传经济学”这一概念(Benjamin et al., 2007),标志着遗传经济学的创立。与行为遗传学相比,遗传经济学直接将分子遗传和基因数据纳入研究范式中,更侧重分析个体的经济行为和特征,有效降低了从前遗传因素测量误差所引起的结果偏误(Benjamin et al., 2012)。2011年,哈佛大学经济系乔纳森·比彻姆等在《经济学展望杂志》(*Journal of Economic Perspectives*)上发表了题为《分子遗传学与经济学》的综述性文章,介绍了遗传经济学的最新研究成果和进展(Beauchamp et al., 2011)。2012年《自然》杂志撰文关注了遗传经济学的发展(Callaway, 2012)。2017年《哈佛商业评论》(*Harvard Business Review*)发表了关于遗传经济学的评论性文章(Beard, 2017)。这一新兴领域更多地走入公众视野。2018年,《自然》杂志的最新综述性文章系统讨论了基因数据将如何更好地帮助包括经济学家在内的社会和行为科学工作者们进行因果推断,再次肯定了遗传经济学在未来学科发展和融合过程中的重要作用(Pingault et al., 2018)。

三、遗传经济学研究综述与学术成就

遗传经济学的发展历经十余年已获得了一系列令人鼓舞的成果。当前,遗传经济学研究主要涵盖了三个方面的内容:第一,对与个体经济行为特征相关的基因进行测度和定位,主要采用的方法为全基因组关联分析(Genome-Wide Association Study,简称GWAS);第二,将基因变量直接作为自变量融入实证模型中,或构建交叉项检验基因×环境交互效应等;第三,将基因变量作为工具变量以识别因果效应,主要采用的方法为孟德尔随机化法(Mendelian Randomization,简称MR)。

由此可见,遗传经济学研究的一大目的就是从分子层面上探究人类的经济行为和特征究竟受何种基因控制。那么对于研究者而言,选择何种特定经济行为或特征作为主要研究对象就成了首要问题,因为这几乎直接决定了研究的成功与否。根据基因型(Genotype)与

^①个人全基因组的基因测序成本从2001年的近1亿美元降低到2017年的1120美元,并且耗时大大缩短,推动了基因检测技术和遗传数据在其他领域中的应用。与此同时,美国、英国、冰岛等国家已逐步开始在大社会调查调查中纳入遗传物标记检验,即基因数据的采集。如美国The National Longitudinal Study of Adolescent Health, The Health and Retirement Survey;英国Biobank项目;冰岛The Age, Gene/Environment Susceptibility (AGES Reykjavik) Study等。这些项目不但收集了被访者的社会经济背景信息,还包括了每个个体成百上千的遗传标记(Genetic Marker)信息,为跨学科研究奠定基础。

表现型(Phenotype)在人体中的因果关系链,我们可以将经济行为和特征分为近基因性状(Proximal Traits)和远基因性状(Distal Traits)。简单而言,近基因性状在人体内受基因调控的作用路径更短、更直接,比如个人性格中的好斗性、冲动性、亲社会性等。而远基因性状受基因调控的作用路径更长,且更易受外界环境的影响;大量复杂的经济行为和特征很可能都属于此类性状,如个体的受教育程度、收入水平、消费偏好等。

时至今日,遗传经济学领域的学者们已经明确了与亲社会性(Kogan et al., 2011)、冲动性(Eisenberg et al., 2007)等近基因性状,以及与学业成就(Rietveld et al., 2013; Okbay et al., 2016a; Lee et al., 2018)、收入(Hill et al., 2019)、风险偏好(Linnér et al., 2019)、延迟折扣(Sanchez-Roige et al., 2018)、主观幸福感(Okbay et al., 2016b)、生育意愿(Barban et al., 2016)等远基因性状密切相关的遗传基因。Benjamin等(2012)通过对相关问题的深入研究提出:近基因性状可能同时受少数几个基因调控,每个基因都对表现型有较大影响;远基因性状可能同时受大量基因调控,而每个基因的影响都非常微小。

与传统经济学中通过对某一经济行为或特征的代际研究推断出的“遗传性”或“继承性”不同,遗传经济学研究的重要价值在于它不是在逻辑上而是在经验上提供了分子遗传学证据,这是对经济学研究范式的重大革新。同时,经济学家们也已开始将基因变量作为自变量或工具变量直接融入经典经济学分析框架中,如Barth等(2020)、Papageorge和Thom(2020)、Shin等(2019)、Böckerman等(2017)、Willage(2018)、Zhu等(2020)等。附表1详细列出了2007年至今遗传经济学领域的主要文献以供读者参考。

通过对遗传经济学发展至今的文献回顾,我们发现该交叉学科的学术价值主要体现在如下四个方面:第一,如果说行为经济学是经典经济学由理性领域向非理性领域的延伸,那么遗传经济学则是对人类行为决策研究由精神层面向物质层面的进一步拓展。第二,遗传经济学可以帮助经济学家更好地识别或分离出社会经济环境因素与先天禀赋因素等对个体的影响。长久以来,由遗传基因所带来的个体固有差异在经济学研究中往往被归为不可控因素。而随着个体基因测序数据获得难度的降低,实证经济学家们将能够更好地在模型中将遗传因素作为自变量进行控制,从而减少遗漏偏差造成的负面影响。同时个体的遗传数据将有助于我们理解令人困扰的各种政策的差异性影响,为个体的异质性社会经济行为特征提供新的解释。例如,科学发展过程中对于个体的行为和特征究竟是“先天生成”还是“后天培养”(Nature vs. Nurture)的长期讨论,通过引入分子遗传信息,经济学家们将能够分离并量化基因和社会经济环境对行为决策的各自作用。第三,遗传标记数据可以作为工具变量帮助经济学家进行因果识别。根据孟德尔遗传定律,父母的每一对等位基因在分配给子代时都是随机的,这就保证了个体基因型的形成不受后天环境因素的影响,可被视作天然的候选工具变量(详见本文第四部分)。第四,遗传经济学的研究成果有可能“反哺”遗传学。由于“基因-环境”交互作用(Gene-Environment Interaction)的存在,遗传学领域的研究者们同样面临着“基因-表型^①”影响机制难以识别的问题。而长久以来,经济学家们已经建

^①表型(Phenotype),又称表现型,是指具有特定基因型的个体在一定环境条件下所表现出的可观测性状特征的总和,如身高、血型、智力等。

立了一套识别和评估因果效应的强大方法库。若与遗传数据相结合,将有助于识别经济行为的内在生物学作用机理,对当前遗传学界有关基因-环境交互影响机制的认识做出贡献。例如 Demange 等(2021)发表在《自然》杂志子刊 *Nature Genetics* 上的最新研究就受到计量经济学分析中常用的潜变量模型(Latent Variable Model)的启发,利用结构方程模型成功识别和确定了 157 个与非认知能力密切相关的基因位点,成为经济学研究“跨界”助力自然科学研究的又一有力证据。

四、遗传经济学的基本研究方法

(一) 全基因组关联分析(GWAS)

遗传经济学的一项重要任务是对与个体经济行为特征相关的基因进行测度和定位。这一过程中需要用到的一个重要遗传标记是单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphism, 简称 SNP)分子标记。SNP 是 DNA 序列上发生的单个核苷酸在不同个体之间的变异。据最新估算,人体基因组中大约含有 1 000 万个 SNP 位点,平均每 300 个核苷酸出现一个^①,而一个基因中可以包含数以百计的 SNP 位点。SNP 标记在遗传经济学研究中的重要作用在于,它不但可以作为回归分析中的自变量被用于在人体基因组中定位与经济行为特征相关的基因,还能够定性/定量地预测个体行为特征表现上的差异。而如何利用 SNP 标记测度和定位个体经济行为,则需要使用全基因组关联分析方法。

全基因组关联分析是目前最流行的复杂性状遗传解析方法之一。其原理是在人类全基因组范围内找出存在的序列变异,从而筛选出与表型性状相关的基因位点。GWAS 的一大特点是在研究之前不需要设定任何假设,可以直接研究全基因组水平的遗传变异。自 2005 年首次应用以来,GWAS 已帮助人们发现并鉴定了大量与复杂性状相关联的遗传变异(Hirschhorn and Daly, 2005)。而这也是当前遗传经济学分析中的基本方法。

为了更加深入地理解 GWAS 方法的原理和应用过程,以下我们以学业成就(Educational Attainment)为例,说明遗传经济学研究中利用 SNP 标记和全基因组关联分析识别受教育程度相关基因(“高学历”基因)的一般性研究步骤。

一个人的学业成就被公认为同时受到遗传禀赋和后天环境的影响,其中遗传基因大约可以解释学业成就差异的 20% 以上(Rietveld et al., 2013)。随着遗传标记物在欧美多国社会科学综合调查中的广泛收集,学业成就的遗传经济学研究样本量从几年前的几百、几千(Beauchamp et al., 2011)迅速扩大到了几万、十几万甚至上百万(Rietveld et al., 2013; Okbay et al., 2016a; Lee et al., 2018)。

我们的案例取自 Beauchamp 等(2011)的研究,其中的样本来自美国 Framingham 心脏研究(Framingham Heart Study, 简称 FHS)计划,包含 8 496 个个体的社会经济背景和基因数据。^②

^①这也可以理解为人类个体间基因相似度为 $1 - \frac{1}{300} \approx 99.67\%$ 。

^②Beauchamp 等(2011)中基因样本测序采用 Affymetrix 公司 500K SNP 基因芯片,能够检测 500 568 个 SNP 位点。为了表达简明以下模型有所删减。

对于基因数据中的每一个 SNP 位点 $k, k=1, 2, \dots, K$ ^①, 一般采用以下模型对教育成就进行回归:

$$Edu_i = \beta_{0,k} + \beta_{1,k} SNP_{i,k} + \beta_{2,k} X_i + \varepsilon_i \quad (1)$$

式(1)中: i 是个体编号, $i=1, 2, \dots, 8\,496$; Edu_i 为个体的受教育年限; SNP_k 是个体在第 k 个 SNP 位点拥有的次要等位基因个数(取值为 0、1 或 2)^②; X 是一组个体的社会经济控制变量, 如性别、年龄等。不难看出, 每一个 SNP 位点都能够对应一组包含 8 496 个个体观测值的样本, 回归得到 $\beta_{1,k}$ 后可通过统计检验查看 $\beta_{1,k}$ 是否显著, 由此确定 SNP_k 是否与教育成就相关。而对所有 50 万个 SNP 位点逐一重复上述过程, 就能够找到与 Edu 显著相关的各个 SNP_k 位点, 这也是全基因组关联分析的核心所在。换句话说, 每一次回归的样本量就是参与人数的总和 ($N=8\,496$), 而总的回归次数在这里等于 SNP 的位点个数(即 $K=500\,568$), 因此对于每一个回归而言仍然满足样本量大于待估参数个数的条件。

表 1 截取了 Rietveld 等(2013)中全基因组关联分析的部分结果。其中第 1 列为 SNP 位点名称; 第 2 列是相应 SNP 位点所处的人类染色体编号; 第 3 列是 SNP 的回归系数, 即式(1)中 $\beta_{1,k}$; 第 4 列是回归系数 $\beta_{1,k}$ 对应的 p 值。若以 5×10^{-8} 作为显著性水平, 那么表 1 中与教育成就显著相关的位点是 rs9320913 (p 值为 4.19×10^{-9})。而这样的相关位点可作为控制变量或工具变量直接应用到后续经济学研究中。

表 1 教育成就全基因组关联分析(GWAS)结果

SNP 名称	所在染色体编号	β_1	p -value
rs9320913	6	0.106	4.19×10^{-9}
rs3783006	13	0.096	2.29×10^{-7}
rs8049439	16	0.09	7.12×10^{-7}

注:摘自 Rietveld 等(2013)中 Table 1, 有删减。关联分析中的因变量为个体的受教育年份。

需要注意的是, 由于关联分析可能会存在一定程度的假阳性, 实际研究过程中往往需要在独立样本中进行重复验证, 以提高关联位点的稳健性。例如为避免由 I 类错误 (Type I Error) 引发的假阳性结果, 需要对 SNP 回归系数进行多重假设检验 (Multiple Hypothesis Testing) 与 Bonferroni 校正, 因此 GWAS 分析中通常会将参数的显著性水平定为 p 值 $< 5 \times 10^{-8}$, 远小于一般回归分析中设定的 p 值 < 0.05 。

(二) 孟德尔随机化法 (MR)

如前所述, 个体层面基因数据的一个特别之处就在于, 每个人的基因在形成时都是一个近似随机的过程, 并且在个体出生前就已经决定; 基因本身不会在出生后受到外在环境因素的影响而改变 (Smith and Ebrahim, 2004)。这一重要特性赋予了经济学家进行因果推断的

① K 为样本中每个个体基因测序的 SNP 位点总量, 在本例中 $K=500\,568$ 。

② 每个 SNP 位点通常会有可能出现两种核苷酸, 其中在一般人群中较多见的被称为主要等位基因或高频等位基因 (Major Allele), 而出现次数稀少的被称为次要等位基因或低频等位基因 (Minor Allele)。因此, 对于每一个 SNP 位点来说, 人群中不同个体间通常会有三种可能性: (1) 包含两个次要等位基因; (2) 包含一个次要等位基因; (3) 不包含次要等位基因 (即都是主要等位基因)。个体间这种遗传因子的差异就形成了不同的基因型 (Genotype)。

一个新思路——孟德尔随机化法。根据孟德尔遗传定律,父母的遗传信息(即 DNA)在形成生殖细胞并传给子女时会随机进行分配,因此,假如某一个体特征(如身高、BMI、饮酒行为、吸烟行为、糖尿病、阿尔兹海默症等)由一个或一组特定基因决定,那么子女是否携带这些相关基因就可以被看作是一种天然的随机化过程。如图 2 所示,这一天然随机化过程与随机对照试验(Randomized Controlled Trial, RCT)的精髓十分相似,孟德尔随机化法正是巧妙地运用了遗传基因的这一特质来剔除不可观测混杂因子(Confounding Factors)的影响并进行因果推断,且具有不违反人类医学伦理规范、处理程度或遗传变异程度能够被精确测量等多重优势(Hingorani and Humphries, 2005)。

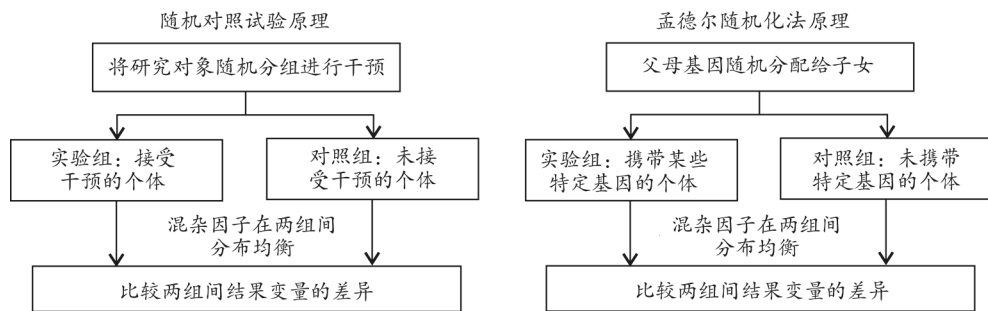


图 2 随机对照试验 (RCT) 与孟德尔随机化法 (MR) 原理比较

在实际应用中,研究人员通常采用工具变量回归法 (Instrumental Variable Regression) 或两阶段最小二乘法 (Two-Stage Least Squares Regression, 简称 2SLS) 来得到孟德尔随机化法的结果。例如 Böckerman 等 (2017) 基于 180 个身高相关 SNP 位点构建出身高多基因评分,并以此为工具变量检验芬兰劳动力市场中身高对于报酬收入的因果效应。Willage (2018) 利用美国青少年健康纵向追踪调查 (National Longitudinal Study of Adolescent to Adult Health, 简称 Add Health) 所公布的 BMI 多基因评分作为工具变量,考察了身材胖瘦对于个体心理健康的因果性影响。Wang 等 (2020) 通过构建身高多基因评分深入分析了中国劳动力市场中存在的“身高溢价”现象的本质,这也是我国第一篇采用孟德尔随机化法的遗传经济学研究文献。值得注意的是,为了保证孟德尔随机化法结果的可靠性与稳健性,实际研究过程中往往需要对基因工具变量的有效性 (Validity) 进行一一检验,例如需排除可能存在的基因多效性 (Pleiotropy)^① 等问题,以确保工具变量相关性、独立性和排他性约束的成立 (Willage, 2018; Zhu et al., 2020)。

(三) 基因变量作为自变量

除了以上介绍的两种研究方法外,基因变量还可以作为自变量直接融入计量经济学分析模型当中。如前所述,由于每个人的基因是在出生之前就已经决定的,不会受到外在或后天社会经济环境因素的影响,这就使得回归模型中的基因自变量本身不会存在令人困扰的内生性问题。一方面,与双胞胎研究或收养研究中将遗传因素视为潜变量有所不同,基因自变量的直接纳入将能够使模型“干净”地分离出先天禀赋因素对于所考察因变量的影响,使

^①基因多效性是指同一个基因影响多个看似不相关表型性状的现象,如若存在会违反工具变量有效性条件中的排他性约束。

得识别和检验遗传因素的单独影响成为可能。另一方面,如果研究问题本身更关注的是后天因素对于因变量的影响,则研究人员可以通过将基因自变量视为与性别、年龄等人口学变量相类似的变量予以控制,从而更好地识别和聚焦成长环境、政策变化等后天因素对于因变量的影响。例如,Barth 等(2020)发表于《政治经济学杂志》(*Journal of Political Economics*)的论文中,作者利用美国健康与养老调查(Health and Retirement Study,简称 HRS)数据库中包含的被访人收入、教育程度、家庭资产、受教育程度多基因评分等变量,采用线性概率模型等方法发现遗传禀赋会在个人层面上对财富积累和代际传递造成影响。随着越来越多的大型社会经济调查数据库开始收集并在保护隐私的基础上向研究人员提供基因变量,这一领域的遗传经济学研究也在不断涌现中。

五、结论与展望

随着人类在后基因组时代探索的深入以及个体基因数据成本的日益降低^①,与人类行为相关的遗传学研究正越来越多地引起各国学者和政府的重视。“利他”基因、“创业”基因、“高学历”基因、“高收入”基因、“金融风险行为”基因的陆续发现都在社会上引起广泛而热烈的讨论,并具备了广阔的应用前景(Benjamin et al., 2012)。

我国学者已利用行为遗传学方法对教育回报率等问题进行了较为详尽的经济学探讨(Li et al., 2007, 2010; 孙志军, 2014)。Zhu 等(2018)以不同人群的基因距离作为个体基因差异的代理变量,检验来自不同省份的夫妻所生育的后代是否会在教育成就或身高方面更具优势。在个人基因数据应用层面,Wang 等(2020)与 Zhu 等(2020)最早开始利用孟德尔随机化“新方法”考察劳动经济学与健康经济学领域的“老问题”。与此同时,我国生命科学与技术产业正蓬勃发展,在塑造未来经济社会发展格局中扮演着日趋重要的角色。我国于2016年9月建成了中国国家基因库(China National GeneBank,简称 CNGB),标志着基因数据和信息已成为国家未来发展的重要战略资源。而相继开放的生物样本数字化资源和基因数据库又为我国遗传经济学的发展提供了前所未有的机遇,亟待感兴趣的经济学研究者们研究与探索。

值得特别指出的是,我们也应当清楚地认识到遗传经济学研究的潜在风险。遗传学家们在多年前就开始担忧“基因歧视”的问题。基因歧视指的是随着科学技术的发展,人们有可能会从遗传学角度出发,对那些携带“不利基因”或“缺陷基因”的个人在升学、就业、婚姻等社会活动中产生“歧视”,损害社会的公平性。这就需要政策制定者们在大量廉价遗传数据井喷式涌现之前,制定出最大化社会福利的新政策,平衡对个人遗传信息隐私保护与政府、研究机构的科研需要之间的矛盾,并从整体上保持社会的公平、公正。

正如2001年人类基因组图谱的绘制完成只是作为人类认识自身生命的起点相类似^②,

^①在2017年10月召开的第十二届国际基因组学大会上,华大基因启动了基因组解码计划(Genome Decode Program),计划在三年时间内为10万、20万、50万华人提供全基因组解码服务,以推动基因组测序由百元美金跨入百元人民币时代(参见 <http://gdp.bgi.com/page/index/>)。

^②20世纪90年代人类基因组项目启动之初,许多观点认为人类基因组图谱绘制完成将使得大部分人类疾病诊断、预防和治疗难题迎刃而解。然而此后近20年间的事实表明,生命系统的复杂性远超想象,图谱的绘就仅仅是人类认识自身生命和维护健康的第一步。

通过遗传经济学确定了某一经济行为或特征的遗传性绝不代表研究的结束;相反,这意味着对于“基因-社会经济表现”更深层次作用机制研究的开始。经济学家们应将自然科学的最新研究成果融入经济学研究中,促进人类对于个体社会经济行为的理解和认识——毕竟在所有学科当中,没有任何一个学科的学者们比经济学家更为了解人类自身的社会经济行为和决策。

中国古代哲学强调“天人合一”,认为自然与社会,无论是在内部构成还是运行规律上都具有相通性、合一性。中国古代思想家提出,学术研究的任务之一,在于“究天人之际”,即探讨自然与社会、天道与人道之间的关系。遗传经济学注重分析人类经济行为的遗传生物学基础与内在动因,既适应了当代世界经济发展、科学进步的理论需求,也与中国古代“天人合一”理论以及“究天人之际”学术任务相契合。因此,遗传经济学的建设,也是丰富和壮大中国特色哲学社会科学体系的重要内容。

附表1 遗传经济学主要文献(2007—2020年)

作者/年份	主要研究内容	样本量
(I) 综述性研究		
Benjamin 等(2007)	综述性文章,首次提出“遗传经济学”这一概念	-
Beauchamp 等(2011)	综述性文章,介绍遗传基因数据在经济学研究中的应用	-
Benjamin 等(2012)	综述性文章,介绍遗传基因数据在经济学研究中的应用	-
Daviet 等(2021)	综述性文章,介绍遗传基因数据在营销学研究中的应用	-
(II) 对与个体经济行为特征相关的基因进行测度和定位		
Eisenberg 等(2007)	冲动性基因	195
Kogan 等(2011)	亲社会性基因	116
Quaye 等(2012)	创业基因	3 933
Rietveld 等(2013)	教育成就基因	126 559
Barban 等(2016)	生育意愿基因	343 072
Okbay 等(2016a)	教育成就基因	293 723
Okbay 等(2016b)	主观幸福感基因	298 420
Lee 等(2018)	教育成就基因	1 100 000
Linnér 等(2019)	风险偏好基因	939 908
Sanchez-Roige 等(2018)	延迟折扣基因	23 217
Hill 等(2019)	收入基因	286 301
(III) 将基因变量直接作为自变量或用于构建交互项		
Ashraf 和 Galor(2013)	将不同人群的基因多样性数据作为自变量考察其对区域经济发展的作用	145
Zhu 等(2018)	将父母亲所属人群的基因距离作为自变量考察其对子女教育成就和身高的影响	85 972
Belsky 等(2018)	将父母和子女的教育成就多基因评分用于估算代际流动程度	20 000
Shin 等(2019)	利用 HRS 数据中的阿尔茨海默症多基因风险评分变量考察阿尔茨海默症患病风险与个人投资理财行为之间的关系	8 787
Barth 等(2020)	利用 HRS 数据中的收入多基因评分变量考察基因是否会在个人层面上对财富的积累和代际传递造成影响	5 701
Papageorge 和 Thom(2020)	利用 HRS 数据中的多基因评分变量检验其是否与幼年期成长环境之间存在基因-环境交互作用并影响个体成年后的社会经济地位	8 537
(IV) 将基因变量作为工具变量		
Norton 和 Han(2008)	将 <i>DRD4</i> 等基因变量作为工具变量考察肥胖对于劳动力市场表现的影响	1 483
Ding 等(2009)	将 <i>DRD2</i> 等基因变量作为工具变量考察较差健康状况对教育成就的影响	893
Scholder 等(2013)	将 <i>HMG2</i> 等与身高相关的基因变量作为工具变量考察身高对于儿童人力资本表现的影响	3 900
Böckerman 等(2017)	将身高多基因评分变量作为工具变量考察身高对于劳动力市场表现的影响	1 982
Willage(2018)	将 BMI 多基因评分变量作为工具变量考察 BMI 对于心理健康状况的影响	5 486
Wang 等(2020)	将身高多基因评分变量作为工具变量考察身高对于中国劳动力市场表现的影响	3 427
Zhu 等(2020)	将 <i>ALDH2</i> 等基因变量作为工具变量考察饮酒行为对于中国农村居民心理健康的影响	476

参考文献:

- 1.孙志军,2014:《基于双胞胎数据的教育收益率估计》,《经济学(季刊)》第13卷第3期。
- 2.徐晨,2007:《神经经济学的兴起及其对经济学发展的贡献》,《经济评论》第2期。
- 3.叶航、汪丁丁、贾拥民,2007:《科学与实证——一个基于“神经元经济学”的综述》,《经济研究》第1期。
- 4.Ashenfelter, O., and A. Krueger. 1994. “Estimates of the Economic Return to Schooling from a New Sample of Twins.” *American Economic Review* 84(5): 1157–1173.
- 5.Ashraf, Q., and O. Galor. 2013. “The ‘Out of Africa’ Hypothesis, Human Genetic Diversity, and Comparative Economic Development.” *American Economic Review* 103(1): 1–46.
- 6.Barban, N., R. Jansen, R. De Vlaming, A. Vaez, J. J. Mandemakers, F. C. Tropf, X. Shen, J. F. Wilson, D. I. Chasman, I. M. Nolte, and V. Tragante. 2016. “Genome-wide Analysis Identifies 12 Loci Influencing Human Reproductive Behavior.” *Nature Genetics* 48(12): 1462.
- 7.Barnea, A., H. Cronqvist, and S. Siegel. 2010. “Nature or Nurture: What Determines Investor Behavior?” *Journal of Financial Economics* 98(3): 583–604.
- 8.Barth, D., N. W. Papageorge, and K. Thom. 2020. “Genetic Endowments and Wealth Inequality.” *Journal of Political Economy* 128(4): 1474–1522.
- 9.Beard, A., 2017. “Your Success Is Shaped by Your Genes.” *Harvard Business Review*, January–February Issue. <https://hbr.org/2017/01/your-success-is-shaped-by-your-genes>.
- 10.Beauchamp, J. P., D. Cesarini, M. Johannesson, M. J. van der Loos, P. D. Koellinger, P. J. Groenen, J. H. Fowler, J. N. Rosenquist, A. R. Thurik, and N. A. Christakis. 2011. “Molecular Genetics and Economics.” *Journal of Economic Perspectives* 25(4): 57–82.
- 11.Belsky, D. W., B. W. Domingue, R. Wedow, L. Arseneault, J. D. Boardman, A. Caspi, and K. M. Harris. 2018. “Genetic Analysis of Social-class Mobility in Five Longitudinal Studies.” *Proceedings of the National Academy of Sciences* 115(31): 7275–7284.
- 12.Benjamin, D. J., C. F. Chabris, E. L. Glaeser, V. Gudnason, T. B. Harris, D. I. Laibson, L. J. Launer, and S. Purcell. 2007. “Genoeconomics.” In *Biosocial Surveys*. Edited by M. Weinstein, J. W. Vaupel, and K. W. Wachter, 192–289. Washington, DC: The National Academies Press.
- 13.Benjamin, D. J., D. Cesarini, C. F. Chabris, E. L. Glaeser, D. I. Laibson, V. Guðnason, T. B. Harris, L. J. Launer, S. Purcell, A. V. Smith, and M. Johannesson. 2012. “The Promises and Pitfalls of Genoeconomics.” *Annual Review of Economics* 4: 627–662.
- 14.Böckerman, P., J. Viinikainen, J. Vainiomäki, M. Hintsanen, N. Pitkänen, T. Lehtimäki, J. Pehkonen, S. Rovio, and O. Raitakari. 2017. “Stature and Long-term Labor Market Outcomes: Evidence Using Mendelian Randomization.” *Economics and Human Biology* 24: 18–29.
- 15.Callaway, E. 2012. “Economics and Genetics Meet in Uneasy Union.” *Nature* 490(7419): 154–155.
- 16.Cesarini, D., C. T. Dawes, M. Johannesson, P. Lichtenstein, and B. Wallace. 2009a. “Genetic Variation in Preferences for Giving and Risk Taking.” *The Quarterly Journal of Economics* 124(2): 809–842.
- 17.Cesarini, P. Lichtenstein, M. Johannesson, and B. Wallace. 2009b. “Heritability of Overconfidence.” *Journal of the European Economic Association* 7(2–3): 617–627.
- 18.Cesarini, D., M. Johannesson, P. Lichtenstein, Ö. Sandewall, and B. Wallace. 2010. “Genetic Variation in Financial Decision-Making.” *The Journal of Finance* 65(5): 1725–1754.
- 19.Daviet, R., G. Nave, and J. Wind. 2021. “Genetic Data: Potential Uses and Misuses in Marketing.” *Journal of Marketing*, February. <https://doi.org/10.1177/0022242920980767>.
- 20.Demange, P. A., M. Malanchini, T. T. Mallard, P. Biroli, S. R. Cox, A. D. Grotzinger, and M. G. Nivard. 2021. “Investigating the Genetic Architecture of Noncognitive Skills Using GWAS-by-subtraction.” *Nature Genetics* 53(1): 35–44.
- 21.Ding, W., S. F. Lehrer, J. N. Rosenquist, and J. Audrain-McGovern. 2009. “The Impact of Poor Health on Academic Performance: New Evidence Using Genetic Markers.” *Journal of Health Economics* 28(3): 578–597.

22. Eisenberg, D. T., J. MacKillop, M. Modi, J. Beauchemin, D. Dang, S. A. Lisman, J. K. Lum, and D. S. Wilson. 2007. "Examining Impulsivity as an Endophenotype Using a Behavioral Approach: A *DRD2 TaqI A* and *DRD4 48-bp VNTR* Association Study." *Behavioral and Brain Functions* 3(1): 1–14.
23. Friedman, M. 1953. *Essays in Positive Economics*. Chicago: University of Chicago Press.
24. Hill, W. D., N. M. Davies, S. J. Ritchie, N. G. Skene, J. Bryois, S. Bell, and I. J. Deary. 2019. "Genome-wide Analysis Identifies Molecular Systems and 149 Genetic Loci Associated with Income." *Nature Communications* 10(1): 1–16.
25. Hingorani, A. and S. Humphries. 2005. "Nature's Randomised Trials." *The Lancet* 366(9501): 1906–1908.
26. Hirschhorn, J. N. and M. J. Daly. 2005. "Genome-wide Association Studies for Common Diseases and Complex Traits." *Nature Reviews Genetics* 6(2): 95–108.
27. Kogan, A., L. R. Saslow, E. A. Impett, C. Oveis, D. Keltner, and S. R. Saturn. 2011. "Thin-Slicing Study of the Oxytocin Receptor (OXTR) Gene and the Evaluation and Expression of the Prosocial Disposition." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 108(48): 19189–19192.
28. Lee, J. J., R. Wedow, A. Okbay, E. Kong, O. Maghzian, M. Zacher, P. M. Visscher, D. J. Benjamin, and D. Cesarin. 2018. "Gene Discovery and Polygenic Prediction from a 1.1-million-person GWAS of Educational Attainment." *Nature Genetics* 50: 1112–1121.
29. Li, H., P. W. Liu, J. Zhang, and N. Ma. 2007. "Economic Returns to Communist Party Membership: Evidence from Urban Chinese Twins." *The Economic Journal* 117(523): 1504–1520.
30. Li, H., M. Rosenzweig, and J. Zhang. 2010. "Altruism, Favoritism, and Guilt in the Allocation of Family Resources: Sophie's Choice in Mao's Mass Send-down Movement." *Journal of Political Economy* 118(1): 1–38.
31. Linnér, R. K., P. Biroli, E. Kong, S. F. W. Meddens, R. Wedow, M. A. Fontana, M. Lebreton, A. Abdellaoui, A. R. Hammerschlag, M. G. Nivard, and A. Okbay. 2019. "Genome-Wide Study Identifies 611 Loci Associated with Risk Tolerance and Risky Behaviors." *Nature Genetics* 51: 245–257.
32. Norton, E. C., and E. Han. 2008. "Genetic Information, Obesity, and Labor Market Outcomes." *Health Economics* 17(9): 1089–1104.
33. Okbay, A. J. P. Beauchamp, M. A. Fontana, J. J. Lee, T. H. Pers, C. A. Rietveld, P. Turley, G. B. Chen, V. Emilsson, S. F. W. Meddens, and S. Oskarsson. 2016a. "Genome-wide Association Study Identifies 74 Loci Associated with Educational Attainment." *Nature* 533(7604): 539–542.
34. Okbay, A., B. M. Baselmans, J. E. De Neve, P. Turley, M. G. Nivard, M. A. Fontana, S. F. W. Meddens, R. K. Linnér, C. A. Rietveld, J. Derringer, and J. Gratten. 2016b. "Genetic Variants Associated with Subjective Well-being, Depressive Symptoms, and Neuroticism Identified through Genome-wide Analyses." *Nature Genetics* 48(6): 624–633.
35. Papageorge, N. W., and K. Thom. 2020. "Genes, Education, and Labor Market Outcomes: Evidence from the Health and Retirement Study." *Journal of the European Economic Association* 18(3): 1351–1399.
36. Pingault, J. B., P. F. O'Reilly, T. Schoeler, G. B. Ploubidis, F. Rijdsdijk, and F. Dudbridge. 2018. "Using Genetic Data to Strengthen Causal Inference in Observational Research." *Nature Reviews Genetics* 19(9): 566–580.
37. Quaye, L., N. Nicolaou, S. Shane, and M. Mangino. 2012. "A Discovery Genome-wide Association Study of Entrepreneurship." *International Journal of Developmental Science* 6(3–4): 127–135.
38. Rietveld, C. A., S. E. Medland, J. Derringer, J. Yang, T. Esko, N. W. Martin, H. J. Westra, K. Shakhbazov, A. Abdellaoui, A. Agrawal, E. Albrecht, and P. D. Koellinger. 2013. "GWAS of 126,559 Individuals Identifies Genetic Variants Associated with Educational Attainment." *Science* 340(6139): 1467–1471.
39. Robbins, L. 1932. *An Essay on the Nature and Significance of Economic Science*. London: Macmillan.
40. Sanchez-Roige, S., P. Fontanillas, S. L. Elson, A. Pandit, E. M. Schmidt, J. R. Foerster, G. R. Abecasis, J. C. Gray, H. de Wit, L. K. Davis, and J. MacKillop. 2018. "Genome-wide Association Study of Delay Discounting in 23,217 Adult Research Participants of European Ancestry." *Nature Neuroscience* 21(1): 16–18.

41. Scholder, S. H. K., G. D. Smith, D. A. Lawlor, C. Propper, and F. Windmeijer. 2013. "Child Height, Health and Human Capital: Evidence Using Genetic Markers." *European Economic Review* 57: 1–22.
42. Shin, S. H., D. R. Lillard, and J. Bhattacharya. 2019. "Understanding the Correlation between Alzheimer's Disease Polygenic Risk, Wealth, and the Composition of Wealth Holdings." NBER Working Paper 25526.
43. Smith, G. D., and S. Ebrahim. 2004. "Mendelian Randomization: Prospects, Potentials, and Limitations." *International Journal of Epidemiology* 33(1): 30–42.
44. Taubman, P. 1976. "The Determinants of Earnings: Genetics, Family, and Other Environments: A Study of White Male Twins." *American Economic Review* 66(5): 858–870.
45. Wallace, B., D. Cesarini, P. Lichtenstein, and M. Johannesson. 2007. "Heritability of Ultimatum Game Responder Behavior." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104(40): 15631–15634.
46. Wang, J., Q. Chen, G. Chen, Y. Li, G. Kong, and C. Zhu. 2020. "What Is Creating the Height Premium? New Evidence from a Mendelian Randomization Analysis in China." *Plos One* 15(4): e0230555.
47. Willage, B. 2018. "The Effect of Weight on Mental Health: New Evidence Using Genetic IVs." *Journal of Health Economics* 57: 113–130.
48. Zhu, C., X. Zhang, Q. Zhao, and Q. Chen. 2018. "Hybrid Marriages and Phenotypic Heterosis in Offspring: Evidence from China." *Economics and Human Biology* 29: 102–114.
49. Zhu, C., Q. Chen, W. Si, Y. Li, G. Chen, and Q. Zhao. 2020. "Alcohol Use and Depression: A Mendelian Randomization Study from China." *Frontiers in Genetics* 11: 1286–1293.

Genoconomics: Theories, Methods and Applications in Economic Research

Zhu Chen^{1,2,3}, Zhao Qiran^{1,2}, Wang Jun⁴ and Si Wei^{1,2}

(1: College of Economics and Management, China Agricultural University;

2: Academy of Global Food Economics and Policy, China Agricultural University;

3: Institute of Population and Labor Economics, The Chinese Academy of Social Sciences;

4: School of Public Administration and Policy, Renmin University of China)

Abstract: The individual decision-making mechanism has always been a research focus of economics. Genoconomics is an emerging interdisciplinary that utilizes modern genetic methods to analyze the characteristics of individual social and economic behavior on the basis of classical economic principles. Through relevant literature, this study concludes that the academic value of genoconomics is mainly in four aspects: Firstly, genoconomics is a further expansion of behavioral decision-making research from spiritual to material level. Secondly, genoconomics can help identify and isolate the impacts of socioeconomic factors and genetic ones on individuals. Thirdly, genoconomics helps identify causal relationship. Lastly, findings from genoeconomic research can conversely do good to natural sciences. China's current social, economic and technological progress provides practical need as well as condition for the development of genoeconomic studies. In sum, this paper offers an framework and scientific tool for economists to understand the decision-making mechanism from the perspective of gene.

Keywords: Gene, Decision-Making Mechanism, Genome-Wide Association Study, Mendelian Randomization

JEL Classification: A12, Z00

(责任编辑:彭爽)