



重大心血管疾病: 遗传和环境的影响及防控策略

顾东风*

中国医学科学院阜外医院, 国家心血管病中心, 北京 100037

* 联系人, E-mail: gudongfeng@vip.sina.com

收稿日期: 2018-05-06; 接受日期: 2018-05-20; 网络版发表日期: 2018-10-09

摘要 心血管疾病在全球死亡病因和疾病负担中位列首位, 冠心病、脑卒中等重大心血管疾病在我国造成巨大疾病负担和社会经济负担。心血管疾病的发生, 受遗传和环境因素共同影响。国内外基因组学研究已经鉴定了心血管疾病及血压和血脂等表型的遗传特征谱, 为多组学大数据整合、精准医疗及个性化防治奠定了基础。通过长期、大规模队列和人群防治研究, 明确了影响心血管疾病发生的主要危险因素, 创建了适于国人的心血管疾病风险评估模型。当今, 国家高度重视并实施健康战略, 我国重大心血管疾病的病因探索和防控迎来前所未有的机遇。政策引领、“互联网+”健康产业的发展、创新性研究与人群防治, 都将助力心血管疾病防控, 促进国人健康水平的提升。

关键词 心血管疾病, 遗传学, 危险因素, 风险评估, 防控策略

心血管疾病是全球死亡和疾病负担的首要病因。全球疾病负担(global burden disease, GBD)最新数据显示, 2016年全球心血管疾病死亡达1764.7万人, 而肿瘤和慢性呼吸系统疾病死亡人数分别为892.7万人和354.2万人^[1]。冠心病和脑卒中位列全球疾病负担病因的前两位, 也是我国居民死亡的重要原因, 并带来巨大社会经济负担。掌握重大心血管疾病的流行变化趋势, 明确影响心血管疾病的遗传和环境病因, 开展心血管疾病发病风险评估和早期预警, 是制定心血管疾病防控策略、开展群体干预的重要依据。本文将重点阐述我国重大心血管疾病的流行现状及其遗传、环境病因, 在实施“健康中国”战略的时代背景下展望我国心血管疾病防控面临的挑战和机遇。

1 冠心病和脑卒中是心血管疾病防控面临的重大挑战

1.1 冠心病和脑卒中引起巨大的全球疾病负担

在全球死因构成中, 心血管疾病是最主要的慢性病死亡原因。在心血管疾病中, 2016年全球死于冠心病(亦称“缺血性心脏病”)人数为948.1万, 比2006年增长19%; 脑卒中死亡552.8万, 比2006年增长5.1%。若以伤残调整生命年(disability-adjusted life years, DALY)表示疾病负担, 冠心病从2006年至2016年始终位列全球疾病负担的首要病因, 在2016年造成1.75亿DALYs; 脑卒中从2006年的第4位上升到2016年的第2位, 造成1.16亿DALYs^[2]。可见, 无论从死亡还是疾病负担角度

引用格式: 顾东风. 重大心血管疾病: 遗传和环境的影响及防控策略. 中国科学: 生命科学, 2018, 48: 1040–1045

Gu D F. Major cardiovascular diseases: impacts of genetic and environmental factors and prospective for prevention and control (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2018, 48: 1040–1045, doi: [10.1360/N052018-00194](https://doi.org/10.1360/N052018-00194)

评价, 冠心病和脑卒中是全球心血管疾病防控所面临的重要挑战。

1.2 重大心血管疾病在我国的流行变化趋势

冠心病和脑卒中是威胁我国居民健康的最主要心血管疾病。我国2013年因心血管疾病死亡372.4万^[3], 2016年我国心血管疾病死亡增加到397.5万, 其中因冠心病死亡172.3万, 因脑卒中死亡179.0万^[4], 心血管疾病负担7800万DALYs。同时, 1980年至2015年我国心血管病患者出院人次和住院费用持续上升, 2015年我国重大心脑血管病患者出院人次高达1887.72万, 心脑血管病出院以冠心病和脑梗死为主, 其次为高血压、颅内出血、风湿性心脏病; 2015年急性心肌梗死直接住院总费用为153.40亿元, 脑梗死的直接住院总费用为524.26亿元^[5]。可见, 冠心病、脑卒中等重大心血管疾病产生严重的直接医疗负担的同时, 也给我国居民带来巨大的社会经济负担, 成为威胁我国居民健康、社会发展的主要疾病之一。

2 影响重大心血管疾病的主要因素

2.1 遗传因素及最新进展

冠心病和脑卒中等重大心血管病及其主要危险因素都受遗传因素和环境因素的共同影响。近年来利用全基因组和外显子组关联研究以及基因组测序策略, 系统解析了基因组中遗传变异对冠心病、脑卒中及血脂异常和高血压等的影响, 构建了相应的基因组特征谱, 为精准医疗和个体化防治奠定基础。

(1) 高血压和血脂异常等表型的遗传特征谱。国际多个高血压遗传学协作组, 包括GlobalBPgen、CHARGE和ICBP等整合20万人基因组数据定位了29个血压相关的易感基因^[6]。我们团队在8万中国人群开展的高血压基因组学研究定位了17个影响国人血压变异的易感基因, 其中3个为国际上首次报道的血压易感区域(*CACNA1D*、*CYP21A2*和*MED13L*), 涉及到钙离子通道和细胞色素P450酶以及鸟苷酸环化酶等重要代谢通路和基因^[7]。近期国际上在大规模跨种族人群中开展的一系列外显子芯片和全基因组测序研究确定了400余个血压遗传变异^[8-11], 近期一项基因组学研究利用近10万人电子化病历中的血压长期变化数据定位了75个血压易感区域^[12]。这些研究进一步揭示了高血

压的遗传特征谱, 为阐明血压的调节机制提供了依据。值得注意的是这些遗传变异绝大多数为常见变异(少见等位基因频率大于1%), 只能解释血压变异的3%左右。一些研究表明, 表观遗传修饰和人肠道微生物在血压调节中发挥一定作用, 有待于深入探索。

对于血脂的遗传因素, 国际血脂遗传学研究协作组(GLGC)早期在18万人中开展血脂基因组学研究定位了157个易感位点^[13], 最近又通过30万的欧美人群外显子组研究发现75个新的血脂遗传变异(包括35个功能变异)^[14]。与此同时, 本团队整合东亚和欧美50万人群开展了大型跨种族血脂异常和冠心病基因组学研究^[15], 鉴定出50个基因区域的264个遗传变异与血脂水平显著相关, 包括国际上首次报道的12个新的血脂易感基因和14个东亚人群种族特异性功能变异, 揭示了基因组低频和罕见变异呈现出普遍的种族特异性, 同时极大提升了致病功能基因的鉴别能力, 为进一步开展遗传机制研究指明了目标基因和功能位点以及降脂药物靶点。最新一项包括近95000人的基因组学研究通过整合电子病历中血脂长期记录信息又发现了121个新的血脂相关遗传位点^[16]。

(2) 冠心病和脑卒中的遗传特征谱。近年来冠心病遗传学研究也取得了重大进展。本团队在近3.3万中国人群中开展病例对照研究, 进行了冠心病基因组学研究, 并在8.7万欧洲人群中交叉验证, 定位了8个影响我国人群冠心病风险的遗传易感区域, 其中*GUCY1A3*、*ATP2B1*、*WDR35*和*BTNL2*基因是国际上首次报道^[17]。国际冠心病协作联盟(CARDIoGRAMplusC4D Consortium)等多项跨种族的基因组研究目前已经报道了160余个冠心病易感位点, 这些位点大多数为常见变异, 整体上可以解释约10%的冠心病风险, 这些基因涉及到脂质紊乱、胰岛素抵抗、血栓、炎症、细胞增殖和一氧化氮信号等通路, 而大部分基因作用通路尚不明确^[18-20]。

相对冠心病, 目前脑卒中定位的易感基因相对较少, 这与其疾病类型和发病机制相对复杂有关。最近在50万跨种族人群的基因组学研究中鉴定出32个脑卒中易感基因, 如*CASZ1*和*EDNR4*等, 涉及到血压调节、心脏代谢和静脉血栓等通路^[21]。

(3) 基因组研究在心血管疾病防控的转化应用。发现的心血管病易感基因为解析疾病新的遗传分子机制和发现药物靶点奠定了理论基础。如我们首次定位的冠心病易感基因*GUCY1A3*, 国际合作者进一步阐明其

致冠心病发生的新的遗传机制^[22]。一些基因已经作为药物靶点开发了相应药物应用于临床治疗, 如*PCSK9*, *ANPTL4*, *ANGPTL3*, *GUCY1A3*和*NPC1L1*等^[23]。

遗传因素作为一种终生的危险因素, 可以应用于早期预测高危个体, 进而指导或采取早期改变生活方式的干预, 对于防治心血管疾病具有重要意义。研究表明与遗传风险较低人群相比, 遗传风险较高的人群采用他汀治疗后冠心病发病和再发风险降低最明显^[24], 而且改善生活方式同样获益最多, 可降低近50%的发病风险^[25], 提示遗传风险评分可用于预防和临床的指导。本课题组在大规模中国队列人群中也评估了高血压和血脂等易感基因对心血管疾病发病的预测价值, 提示遗传易感因素是心血管疾病发病的独立预测因子^[26]。

总之, 心血管疾病遗传特征谱的解析为多组学大数据深入整合和精准医疗的个性化风险评估奠定了基础, 同时也推动了遗传分子机制的解析及新的药物靶点的发现, 促进个体遗传风险检测芯片的研发和应用及高危人群的识别和防治, 具有重要的临床和预防转化应用价值。

2.2 环境因素及最新进展

(1) 主要生活方式危险因素。心血管疾病的发生发展, 除了遗传因素作用外, 生活方式与环境也是重要危险因素, 如: 超重或肥胖、体力活动不足、吸烟、不合理膳食等。据全球非传染性慢性疾病-危险因素协作联盟(NCD-RisC)结果显示, 我国已经超过美国, 成为全球肥胖人口最多的国家, 按体质指数(Body mass index, BMI) $\geq 30 \text{ kg/m}^2$ 计, 我国肥胖人群从1975年的240万上升到2014年的8960万(男4320万, 女4640万), 涨幅超过37倍^[27]; 同时, 受工作压力大、生活节奏加快等影响, 我国20~69岁居民中经常锻炼的比例仅为18.7%, 肥胖增加、体力活动不足的趋势没有得到改善^[28]。

另外, 我国长期队列随访数据表明, 心血管疾病死亡在吸烟相关死亡中位列第二^[29]。根据《2015中国成人烟草调查报告》, 2015年中国15岁及以上烟民3.16亿人, 2.54亿男性烟民, 农民中吸烟率高; 每年导致约100万国人死亡^[30]。

高盐摄入, 通过升高血压而成为影响心血管疾病最主要的膳食因素。2011年我国至少有160万心血管事件归因于高盐摄入^[31]。我国18岁以上居民平均烹调盐摄入量为10.5克, 尽管较2002年的12.0克有所降低,

但仍高于我国食盐推荐摄入量($< 6 \text{ 克/天}$)^[28]。

总之, 肥胖、体力活动不足、吸烟、不合理膳食等生活方式危险因素, 可以通过健康教育、自我监测、早期干预等方式进行调节和改善, 是心血管病人群防控的重要环节。

(2) 主要生理生化危险因素。高血压是增加心血管疾病发病和死亡风险的最主要危险因素。我国在1959年至2017年, 已经组织过五次大规模的全国高血压抽样调查, 高血压患病率从50年代的5.1%上升到23.2%^[5,32,33], 尽管目前的高血压知晓率、治疗率、控制率有所提高, 但预防、控制高血压流行的整体形势不容乐观。胆固醇和血糖升高, 也是心血管疾病的主要危险因素。2012年我国18岁以上居民中血脂异常患病率为40.4%, 其中高胆固醇血症(Total cholesterol $\geq 240 \text{ mg/dl}$)患病率约4.9%^[28]。最新的我国慢性病与危险因素监测数据报告, 18岁以上成人糖尿病患病率为10.9%, 估计我国约有1.1亿糖尿病患者, 糖尿病前期人群3.88亿^[34]。

(3) 多种危险因素对心血管病的共同影响。2010年美国心脏协会提出了7项理想心血管健康指标, 包括4项健康行为指标(合理膳食、适度体重和体力活动、不吸烟)和3项生理生化指标(理想血压、总胆固醇、空腹血糖水平)^[35]。本团队结合中国人群膳食特点, 参考《中国居民膳食指南2016》^[36], 修正了国际上健康膳食模型和计分, 提出了更适用于中国人群的7项心血管健康指标。利用在我国10万城乡居民中开展的长期前瞻性队列研究数据, 明确了这7项心血管健康指标对我国心脑血管病发病的影响。保持7项心血管健康指标可预防我国成年人群中62.1%的心脑血管病发病; 7项指标中, 保持理想血压($< 120/80 \text{ mmHg}$)带来的心血管健康获益最大, 可以预防我国成年人群中44.1%的心脑血管病发病^[37]。该研究突出了心血管疾病防治关口前移的重要意义, 为服务健康中国战略提供了最新的中国人群证据。

2.3 心血管疾病风险评估

在心血管疾病防治工作中, 个体通常同时具有多种心血管危险因素, 因此需要综合评估个体的心血管疾病整体发病风险, 并根据不同风险等级采取针对性的防治措施。我们牵头中国人群动脉粥样硬化性心血管疾病(ASCVD)的10年风险预测研究(China-PAR), 整合

了覆盖我国南北方、城乡地区最新的中国人群前瞻性队列随访数据, 总样本超过12.7万人, 最长随访超过23年, 开发了China-PAR模型, 该模型除了纳入年龄、收缩压、总胆固醇等传统危险因素外, 还首次纳入地域、城乡、腰围等特色预测或修饰变量, 创建了适宜国人的心脑血管病风险预测模型, 提出并验证了不同风险分层的切点^[38,39]. 与美国相关预测模型对比, China-PAR模型对中国人群10年ASCVD发病风险的预测更加准确, 为我国心脑血管疾病的防控提供了实用性评估工具. 在此基础上, 进一步开发心血管疾病终生风险(lifetime)预测模型, 对于年龄在60岁以下或10年风险中低危人群更应重视终生风险的评估. 同时, 根据ASCVD 10年发病风险和终生风险模型, 开发并免费推广具有我国自主知识产权的风险评估软件和科普网站, 为个体化心血管防治提供重要支撑.

综合遗传和环境因素进行心血管疾病风险评估, 被认为是精准医学发展的重要应用方向之一. 本团队创建了新型的遗传计分法对我国高血压和心脑血管病发病风险的预测模型, 已应用于冠心病早期预测, 为基于遗传背景的个体化防治提供了新型的有益工具^[26]; 相关研究成果也还应用于个体遗传检测芯片.

3 我国重大心血管疾病防控的对策和展望

心血管疾病的发生和流行与经济、社会、人口、

行为、环境等因素密切相关. 随着我国城市化和老龄化趋势发展, 如果城乡人群中心血管危险因素的流行趋势得不到有效控制, 到2030年我国的心血管疾病负担将持续增加. “十三五”以来国家启动多项心脑血管疾病基础、临床和防治研究, 既重视原始创新, 也注重转化应用. 心血管疾病影响因素的综合性、复杂性决定了心血管疾病防治任务的长期性和艰巨性. 自十九大以来, “健康中国”已成为国家战略, 国务院办公厅印发的《中国防治慢性病中长期规划(2017–2025年)》^[40], 明确提出了在2020年、2025年不同阶段, 我国心血管疾病死亡率下降、高血压患者管理人数上升等一系列心血管疾病防控目标, 为全方位、全周期保障人民健康, 指明了方向. 近期, 国务院出台了促进“互联网+医疗健康”发展的政策, 大力扶持大数据、可穿戴设备等智慧健康产业的发展, 这将促进心血管疾病社区防治和管理水平的提升. 除了完善并落实政策立法、发展移动医疗技术外, 卫生部门、医疗机构、环保部门、学术团体、媒体等社会各部门, 需要联合行动, 共同建设健康的生产生活环境.

上述这些举措将为冠心病和脑卒中的病因探索和防控带来前所未有的机遇, 制定或完善我国心血管疾病防控政策和指南, 推动基于遗传和环境因素的心血管风险评估模型优化, 将有更多的创新性实用工具应用于心血管疾病防控的实践中, 提升国人心血管健康水平, 促进“健康中国”国家战略的实现.

参考文献

- 1 GBD 2016 Causes of Death Collaborators. Global, regional, and national age-sex specific mortality for 264 causes of death, 1980-2016: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2016. *Lancet*, 2017, 390: 1151–1210
- 2 GBD 2016 DALYs and HALE Collaborators. Global, regional, and national disability-adjusted life-years (DALYs) for 333 diseases and injuries and healthy life expectancy (HALE) for 195 countries and territories, 1990-2016: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2016. *Lancet*, 2017, 390: 1260–1344
- 3 Zhou M, Wang H, Zhu J, et al. Cause-specific mortality for 240 causes in China during 1990-2013: a systematic subnational analysis for the Global Burden of Disease Study 2013. *Lancet*, 2016, 387: 251–272
- 4 Institute for Health Metrics and Evaluation. 2018. GBD Compare. <https://vizhub.healthdata.org/gbd-compare/>, [2018-05-03]
- 5 国家心血管病中心. 中国心血管病报告2017. 北京: 中国大百科全书出版社, 2017. 187–187
- 6 Ehret G B, Munroe P B, Rice K M, et al. Genetic variants in novel pathways influence blood pressure and cardiovascular disease risk. *Nature*, 2011, 478: 103–109
- 7 Lu X, Wang L, Lin X, et al. Genome-wide association study in Chinese identifies novel loci for blood pressure and hypertension. *Human Mol Genets*, 2015, 24: 865–874
- 8 Ehret G B, Ferreira T, Chasman D I, et al. The genetics of blood pressure regulation and its target organs from association studies in 342,415

- individuals. *Nat Genet*, 2016, 48: 1171–1184
- 9 Liu C, Kraja A T, Smith J A, et al. Meta-analysis identifies common and rare variants influencing blood pressure and overlapping with metabolic trait loci. *Nat Genet*, 2016, 48: 1162–1170
- 10 Surendran P, Drenos F, Young R, et al. Trans-ancestry meta-analyses identify rare and common variants associated with blood pressure and hypertension. *Nat Genet*, 2016, 48: 1151–1161
- 11 Warren H R, Evangelou E, Cabrera C P, et al. Genome-wide association analysis identifies novel blood pressure loci and offers biological insights into cardiovascular risk. *Nat Genet*, 2017, 49: 403–415
- 12 Hoffmann T J, Ehret G B, Nandakumar P, et al. Genome-wide association analyses using electronic health records identify new loci influencing blood pressure variation. *Nat Genet*, 2017, 49: 54–64
- 13 Teslovich T M, Musunuru K, Smith A V, et al. Biological, clinical and population relevance of 95 loci for blood lipids. *Nature*, 2010, 466: 707–713
- 14 Liu D J, Peloso G M, Yu H, et al. Exome-wide association study of plasma lipids in >300,000 individuals. *Nat Genet*, 2017, 49: 1758–1766
- 15 Lu X, Peloso G M, Liu D J, et al. Exome chip meta-analysis identifies novel loci and East Asian-specific coding variants that contribute to lipid levels and coronary artery disease. *Nat Genet*, 2017, 49: 1722–1730
- 16 Hoffmann T J, Theusch E, Halder T, et al. A large electronic-health-record-based genome-wide study of serum lipids. *Nat Genet*, 2018, 50: 401–413
- 17 Lu X, Wang L, Chen S, et al. Genome-wide association study in Han Chinese identifies four new susceptibility loci for coronary artery disease. *Nat Genet*, 2012, 44: 890–894
- 18 Nikpay M, Goel A, Won H H, et al. A comprehensive 1000 Genomes-based genome-wide association meta-analysis of coronary artery disease. *Nat Genet*, 2015, 47: 1121–1130
- 19 Deloukas P, Kanoni S, Willenborg C, et al. Large-scale association analysis identifies new risk loci for coronary artery disease. *Nat Genet*, 2013, 45: 25–33
- 20 Nelson C P, Goel A, Butterworth A S, et al. Association analyses based on false discovery rate implicate new loci for coronary artery disease. *Nat Genet*, 2017, 49: 1385–1391
- 21 Malik R, Chauhan G, Traylor M, et al. Multi-ancestry genome-wide association study of 520,000 subjects identifies 32 loci associated with stroke and stroke subtypes. *Nat Genet*, 2018, 50: 524–537
- 22 Erdmann J, Stark K, Esslinger U B, et al. Dysfunctional nitric oxide signalling increases risk of myocardial infarction. *Nature*, 2013, 504: 432–436
- 23 Erdmann J, Kessler T, Munoz Venegas L, et al. A decade of genome-wide association studies for coronary artery disease: The challenges ahead. *Cardiovascular Res*, 2018, 385
- 24 Mega J L, Stitziel N O, Smith J G, et al. Genetic risk, coronary heart disease events, and the clinical benefit of statin therapy: an analysis of primary and secondary prevention trials. *Lancet*, 2015, 385: 2264–2271
- 25 Khera A V, Emdin C A, Drake I, et al. Genetic risk, adherence to a healthy lifestyle, and coronary disease. *N Engl J Med*, 2016, 375: 2349–2358
- 26 Lu X, Huang J, Wang L, et al. Genetic predisposition to higher blood pressure increases risk of incident hypertension and cardiovascular diseases in Chinese. *Hypertension*, 2015, 66: 786–792
- 27 NCD Risk Factor Collaboration (NCD-RisC). Trends in adult body-mass index in 200 countries from 1975 to 2014: a pooled analysis of 1698 population-based measurement studies with 19.2 million participants. *Lancet*, 2016, 387: 1377–1396
- 28 国家卫生计生委疾病预防控制局. 中国居民营养与慢性病状况报告(2015年). 北京: 人民卫生出版社, 2015. 55–61
- 29 Gu D, Kelly T N, Wu X, et al. Mortality attributable to smoking in China. *N Engl J Med*, 2009, 360: 150–159
- 30 中国疾病预防控制中心. 2015. 中国成人烟草调查报告(2015年). www.tcrc.org.cn/UploadFiles/2016-03/318/201603231215175500.pdf, [2018-05-03]
- 31 Li Y, Wang D D, Ley S H, et al. Potential impact of time trend of life-style factors on cardiovascular disease burden in China. *J Am College Cardiology*, 2016, 68: 818–833
- 32 Wang Z, Chen Z, Zhang L, et al. Status of hypertension in China. *Circulation*, 2018, 137: 2344–2356
- 33 Wu X, Duan X, Gu D, et al. Prevalence of hypertension and its trends in Chinese populations. *Int J Cardiology*, 1995, 52: 39–44
- 34 Wang L, Gao P, Zhang M, et al. Prevalence and ethnic pattern of diabetes and prediabetes in China in 2013. *JAMA*, 2017, 317: 2515–2523

- 35 Lloyd-Jones D M, Hong Y, Labarthe D, et al. Defining and setting national goals for cardiovascular health promotion and disease reduction: the American Heart Association's strategic Impact Goal through 2020 and beyond. *Circulation*, 2010, 121: 586–613
- 36 中国营养学会. 中国居民膳食指南2016. 北京: 人民卫生出版社, 2016
- 37 Han C, Liu F, Yang X, et al. Ideal cardiovascular health and incidence of atherosclerotic cardiovascular disease among Chinese adults: the China-PAR project. *Sci China Life Sci*, 2018, 61: 504–514
- 38 Yang X, Li J, Hu D, et al. Predicting the 10-Year Risks of Atherosclerotic Cardiovascular Disease in Chinese Population. *Circulation*, 2016, 134: 1430–1440
- 39 Yang X L, Chen J C, Li J X, et al. Risk stratification of atherosclerotic cardiovascular disease in Chinese adults. *Chronic Dis Translational Med*, 2016, 2: 102–109
- 40 国务院办公厅. 2017. 国务院办公厅关于印发中国防治慢性病中长期规划(2017—2025年)的通知. http://www.gov.cn/zhengce/content/2017-02/14/content_5167886.htm, [2018-05-03]

Major cardiovascular diseases: impacts of genetic and environmental factors and prospective for prevention and control

GU DongFeng

Fuwai Hospital, National Center for Cardiovascular Diseases, Chinese Academy of Medical Science and Peking Union Medical College, Beijing 100037, China

Cardiovascular disease (CVD) has been the leading cause of death and burden of diseases globally. In China, coronary artery disease and stroke have caused tremendous socioeconomic and disease burdens. The cardiovascular disease is influenced by both genetic and environmental factors. The genetic factors influencing cardiovascular disease, blood pressure and lipids have been identified by international and Chinese genomic studies, which provided foundation for the integration of multi-omics data, precision medicine as well as personalized prevention and treatment of CVD. In addition, based on large-scale cohorts and intervention studies, the major cardiovascular risk factors were also identified in China and worldwide. Furthermore, the 10-year and lifetime risk prediction models for atherosclerotic cardiovascular disease have been developed using our cohort data, which was more appropriate to Chinese populations. Following the implementation of the Strategy for Healthy China 2030, we will embrace unprecedented opportunities for CVD prevention and control. The supports from the government, the development of mobile health, and innovations from academic studies will facilitate our work on CVD prevention and treatment, and will be helpful to improve health among Chinese population.

cardiovascular disease, genetics, risk factors, risk prediction, prevention and control strategies

doi: 10.1360/N052018-00194