

全基因组扫描寻找强直性脊柱炎的易感基因位点

顾鸣敏¹, 袁文涛³, 杨珏琴^{2, 4}, 张 静³, 熊晓燕³, 姚芳娟^{2, 4}, 陆振虞¹, 王铸钢¹, 黄 薇³, ①, 范丽安^{2, 4}, ①

1、上海第二军医大学医学遗传学教研室;200025 2、上海第二军医大学免疫学教研室;200025 3、国家人类基因组南方研究中心;上海;201203 4、上海市免疫学研究所;200025

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 为了寻找中国人群强直性脊柱炎 (ankylosing spondylitis, AS) 的易感基因位点, 采用全基因组扫描法对9个强直性脊柱炎家系进行基因分型、参数连锁分析和非参数连锁分析。在参数连锁分析中, D6S276位点的最大LOD值为3.8821($\theta=0.0$), 精细分析显示距D6S276位点附近的D6S1691和D6S1618的LOD值分别为1.5717($\theta=0.1$)及2.0056($\theta=0.1$)。在非参数连锁分析中, 位于D6S276附近的LOD值高达5.0623, 非参数连锁分析的NPL值为3.7561, 最小P值为0.000233。上述结果提示, D6S276与强直性脊柱炎之间存在较强的连锁关系, D6S1691-D6S276-D6S1618区域可能存在强直性脊柱炎的易感基因位点。此外, D3S1292、D4S1535和D18S64的最大LOD值分别为1.2768($\theta=0.2$)、1.1246($\theta=0.2$)和1.1851($\theta=0.1$), 提示这些标记与AS之间存在一定的连锁关系。

关键词 [强直性脊柱炎](#) [全基因组扫描](#) [连锁分析](#) [易感基因位点](#)

分类号

1.Department of Medical Genetics;Shanghai Second Medical University;Shanghai 200025;China;
2.Department of Immunology;Shanghai Second Medical University;Shanghai 200025;China; 3.Chinese National Human Genome Center at Shanghai;Shanghai 201203;China; 4.Shanghai Institute of Immunology;Shanghai 200025;China

Abstract

Key words [ankylosing spondylitis](#) [a genomewide scan](#) [linkage analysis](#) [susceptibility gene locus](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(188KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“强直性脊柱炎” 的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [顾鸣敏](#)
- [袁文涛](#)
- [杨珏琴](#)
-
- [张 静](#)
- [熊晓燕](#)
- [姚芳娟](#)
-
- [陆振虞](#)
- [王铸钢](#)