

我学者解析汉族人群乙肝病毒易感基因

文章来源：科技日报 张晔

发布时间：2013-11-05

【字号：小 中 大】

来自南京医科大学、江苏省疾病预防控制中心、上海交通大学等多家机构的研究人员，通过全基因组关联研究（GWAS）鉴别出了我国汉族人群慢性乙型肝炎病毒（HBV）感染相关的两个全新易感基因。相关论文于近日刊登在国际顶级专业期刊《自然-遗传学》杂志上。

乙型病毒性肝炎是一种由HBV感染机体后所引起的疾病。我国是乙肝大国，HBsAg携带率达8%—15%，并且慢性HBV感染也是引起肝硬化和肝细胞癌的最主要原因。由于宿主的天然免疫在机体抵抗HBV感染的过程中非常关键，因而除病毒和环境因素外，机体遗传因素即宿主对HBV的遗传易感性在乙型肝炎发病和预后等方面起着尤为重要的作用。

在这项最新研究中，为了鉴别汉族人群中与慢性HBV感染相关的遗传位点，研究人员设计了一种三阶段全基因组关联研究。在发现阶段，他们对951名HBV携带者和937名已自然清除HBV感染的对照个体进行了分析。随后，在第二和第三重复阶段对来自一般人群的一组2248名HBV携带者和3051名对照个体，以及另一组1982名HBV携带者和2622名对照者进行了关联验证。

他们鉴别出与慢性HBV感染相关的两个新位点：分别是靠近HLA-C以及在UBE2L3中。这些新研究结果表明HLA-C和UBE2L3也在HBV感染清除中发挥着重要的作用。新研究为乙肝的遗传病因提供了新的见解，对于乙肝的预防和治疗有可能具有重要的意义。

GWAS是一种用来寻找基因变异与表型之间关系的遗传学方法，南京医科大学公共卫生学院的沈洪兵课题组利用GWAS分析方法，近年来开展了大量疾病易感区域和相关基因研究，发现了一些与中国汉族人群肺癌、乳腺癌、先天性心脏畸形等疾病相关的基因突变位点。