

● 电子杂志
● 高影响力论文
● 友情链接
访问总次数

今日访问

当前在线

张平安, 李艳, 向萍霞, 吴健民. TNF- α 基因启动子多态性与HBV感染转归的关系.
世界华人消化杂志 2004年 9月;12(9):2086-2090

TNF- α 基因启动子多态性与HBV感染转归的关系

张平安, 李艳, 向萍霞, 吴健民.

430060, 湖北省武汉市解放路238号, 武汉大学人民医院检验科. zhangpingan@yahoo.com.cn

目的: 探讨中国汉族人肿瘤坏死因子- α (tumor necrosis factor- α , TNF- α) 基因启动子单核苷酸多态性与乙型肝炎病毒 (hepatitis B virus, HBV) 感染结果之间的关系. 方法: 慢性乙型肝炎患者131例, HBV感染自愈者165组. 应用聚合酶链反应-限制性片段长度多态性分析方法, 检测HBV感染自愈者和慢性乙型肝炎患者TNF- α 基因启动子-238G/A, -308G/A, -857C/T和-863C/A单核苷酸多态性位点基因型. 结果: 对慢性乙型肝炎组和HBV感染自愈组人群TNF- α 基因启动子区域的-238G/A, -308G/A, -857C/T和-863C/A 4个SNP位点进行基因型分析, 共发现12种启动子基因型, 以GG·GG·CC·CC, GG·GG·CC·CA, GG·GG·CT·CC和GG·GA·CC·CC基因型多见, 约占85%. 通过对慢性乙型肝炎患者和HBV感染自愈者TNF- α 基因启动子4个位点基因型联合分析发现, GG·GG·CC·CC, GG·GG·CC·CA和GG·GA·CC·CC基因型在慢性乙型肝炎组和HBV感染自愈组分布差异有显著性, 其中携带GG·GG·CC·CC基因型的个体患慢性乙型肝炎的机会比 (odds ratio, OR) 为2.15, 95%可信区间为1.34-3.45; 而携带GG·GG·CC·CA或GG·GA·CC·CC基因型的个体患慢性乙型肝炎的OR分别为0.48 (95%可信区间为0.27-0.86) 和0.35 (95%可信区间为0.14-0.89). HBV感染的清除可能与GG·GG·CC·CA ($x^2 = 6.14$, $P = 0.013 < 0.05$) 和/或GG·GA·CC·CC ($x^2 = 5.18$, $P = 0.023 < 0.05$) 基因型有关. 进一步对各位点单核苷酸多态性分析发现, 慢性乙型肝炎患者和HBV感染自愈者TNF- α 基因启动子-238G/A, -857C/T位点基因型分布频率差异无显著性, 而-308G/A, -863C/A位点基因型分布频率差异有显著性 (-308G/A位点, $x^2 = 6.53$, $P = 0.011 < 0.05$, OR = 3.05; -863C/A位点, $x^2 = 4.33$, $P = 0.037 < 0.05$, OR = 1.69). 结论: TNF- α 基因启动子-308G/A, -863C/A位点多态性与中国汉族人HBV感染后的结果有关, 其中TNF- α -308G/A和/或-863C/A位点A等位基因的存在可能有利于HBV感染的清除.

世界胃肠病学杂志社, 北京百世登生物医学科技有限公司, 100023, 北京市2345信箱, 郎辛庄北路58号院怡寿园1066号

电话: 010-85381892

传真: 010-85381893

E-mail: wjg@wjgnet.com

http: //www.wjgnet.com

2004-2007年版权归世界胃肠病学杂志社和北京百世登生物医学科技有限公司