

论著

HBV基因型与耐药变异的关系

蒋孝华¹, 李小芬¹, 蔡亚平², 李红梅¹

¹ 南华大学附属第一医院, 湖南 衡阳421001; ² 南华大学流行病学教研室, 湖南 衡阳421001

摘要:

目的探讨乙型肝炎病毒(HBV)基因型与核苷(酸)类似物耐药变异的关系。方法湖南省衡阳地区122例慢性乙型肝炎患者接受拉米夫定治疗(100 mg/d) 48~96周, 发生耐药变异者改用阿德福韦酯治疗(10 mg/d) 96周。采用直接测序法进行HBV基因分型, 同时检测拉米夫定、阿德福韦酯和恩替卡韦耐药变异位点。结果122例慢性乙型肝炎患者中, B基因型86例(70.49%), C基因型24例(19.67%), 未分型12例(9.84%)。42例检出拉米夫定变异株, 其中B基因型32例, C基因型10例, B、C基因型拉米夫定耐药变异率分别为37.21%(32/86)和41.67%(10/24), 差异无显著性($\chi^2=0.16, P=0.69$); 42例经阿德福韦酯治疗48周和96周的变异发生率分别为0.00%(0/42)和2.38%(1/42), B、C基因型阿德福韦酯耐药变异率分别为3.13%(1/32)和0.00%(0/10)。拉米夫定耐药变异类型主要为rtM204V+rtL180M(35.71%)和rtM204I(38.10%); B、C基因型比较, 拉米夫定耐药变异类型差异无显著性($\chi^2=17.44, P=0.23$)。结论湖南省衡阳地区HBV基因型以B型为主, C型次之; HBV基因型对拉米夫定耐药变异发生率及变异类型无明显影响。

关键词: 肝炎病毒 乙型 基因型 抗药性 微生物 耐药变异

Relationship between HBV genotypes and drug resistance mutations

JIANG Xiao hua¹, LI Xiao fen¹, CAI Ya ping², LI Hong mei¹

¹ The First Affiliated Hospital of Nanhua University, Hengyang 421001, China; ² Nanhua University, Hengyang 421001, China

Abstract:

Objective To study the relationship between HBV genotypes and nucleotide analogues drug resistance mutations. Methods One hundred and twenty two patients with chronic hepatitis B were treated with lamivudine 100mg/d for 48~96 weeks, patients who developed lamivudine resistance mutations used adefovir dipivoxil 10mg/d for 96 weeks instead of lamivudine. HBV genotypes, lamivudine, adefovir dipivoxil and entecavir resistance mutations were determined by DNA sequencing. Results Among 122 cases, 86 (70.49%) were genotype B, 24 (19.67%) were genotype C, and 12 (9.84%) were not classified. 42 lamivudine resistance mutants (32 mutants of genotype B, and 10 mutants of genotype C) were found in 122 cases. The incidence of mutations was 37.21%(32/86) and 41.67%(10/24) in HBV genotypes B and C, respectively, there was no significant difference between the two ($\chi^2=0.16, P=0.69$). The incidence of mutations was 0.00%(0/42) and 2.38%(1/42) in 42 patients treated with adefovir dipivoxil for 48 and 96 weeks, respectively, the incidence of adefovir dipivoxil mutations was 3.13%(1/32) and 0.00%(0/10) in genotypes B and C, respectively. The main types of lamivudine resistance mutations were rtM204V+rtL180M(35.71%) and rtM204I(38.10%); Lamivudine resistance mutation types showed no significant difference between HBV genotypes B and C ($\chi^2=17.44, P=0.23$). Conclusion HBV genotype B is the most prevalent, and genotype C is the second in Hengyang of Hunan. HBV genotypes have no obvious influence on the incidences and types of mutation during lamivudine therapy.

Keywords: hepatitis B virus genotype drug resistance, microbial drug resistance mutation

收稿日期 2008-09-20 修回日期 2008-11-23 网络版发布日期 2009-05-30

DOI:

基金项目:

湖南省自然科学基金项目(07JJ6165)

通讯作者: 蒋孝华

作者简介: 蒋孝华(1965-), 女(汉族), 湖南省衡阳市人, 副教授, 主要从事病毒性肝炎基础和临床研究。

作者Email: snakewin65@yahoo.com.cn

扩展功能

本文信息

Supporting info

PDF(867KB)

[HTML全文]

参考文献PDF

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

引用本文

Email Alert

文章反馈

浏览反馈信息

本文关键词相关文章

肝炎病毒

乙型

基因型

抗药性

微生物

耐药变异

本文作者相关文章

PubMed

参考文献:

- [1] Lavanchy D. Hepatitis B virus epidemiology, disease burden, treatment, and current and emerging prevention and control measures [J]. *J Viral Hepat*, 2004, 11(2): 97-107.
- [2] Sumi H, Yokosuka O, Seki N, et al. Influence of hepatitis B virus genotypes on the progression of chronic type B liver disease [J]. *Hepatology*, 2003, 37(1): 19-26.
- [3] 中华医学学会传染病与寄生虫病学分会、肝病学会. 病毒性肝炎防治方案 [J]. *中华肝脏病杂志*, 2000, 8(6): 324-329.
- [4] 刘映霞, 胡国龄, 谭德明. 湖南省乙型肝炎病毒基因型分布及临床意义 [J]. *湖南医科大学学报*, 2002, 27(1): 29-31.
- [5] Moskovitz D N, Osiowv C, Giles E, et al. Response to long term lamivudine treatment (up to 5 years) in patients with severe chronic hepatitis B, role of genotype and drug resistance [J]. *J Viral Hepat*, 2005, 12(4): 398-404.
- [6] Li D, Gu H X, Zhang S Y, et al. YMDD mutations and genotypes of hepatitis B virus in Northern China [J]. *Jpn J Infect Dis*, 2006, 59(1): 42-45.
- [7] Kobayashi M, Suzuki F, Akuta N, et al. Response to long term lamivudine treatment in patients infected with hepatitis B virus genotypes A, B, and C [J]. *J Med Virol*, 2006, 78(10): 1276-1283.
- [8] 王义光, 朱武军, 杨兴林. 贵阳地区乙型肝炎病毒YMDD变异与基因分型 [J]. *中华肝脏病杂志*, 2005, 13(3): 193-197.

本刊中的类似文章

1. 郭皓宇, 刘洪波, 张成国. 肺结核合并慢性乙型肝炎患者T淋巴细胞免疫应答研究 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(1): 19-21
2. 毛璞, 单靖岚, 叶丹, 郑蕾, 李莲娜, 黎毅敏. ICU多重耐药鲍曼不动杆菌医院感染的同源性分析 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(1): 6-9
3. 刘晓春, 王国庆, 王蓉, 刘运德. 产ESBLs肺炎克雷伯菌耐药性及基因分型 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(1): 15-18
4. 聂青和, 张亚飞, 程勇前, 罗新栋, 杨洁, 杨艳红. HCV感染实验探讨人胎盘滋养层细胞分子生物性及侵袭力 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(2): 76-80
5. 汪定成, 张惠中, 杨丽华, 戈伟, 邵海连, 韩香妮. 利奈唑胺等抗菌药物对肠球菌属体外抗菌活性评价 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(1): 37-39
6. 周秀珍, 刘建华, 孙继梅, 刘勇. 铜绿假单胞菌对β 内酰胺类抗生素的耐药性变迁 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(1): 43-45
7. 顾乐平, 黄晓平, 蔡瑞云. 产ESBLs大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌的分布及耐药性分析 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(1): 46-48
8. 张进军, 杨怀德, 向雪琼, 李雪梅. 非发酵菌在临床标本中的检出及耐药性分析 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(1): 49-52
9. 黄利芝, 李静. 下呼吸道感染病原菌分布及耐药性分析 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(1): 53-54
10. 王冠¹, 柯雪梅², 陈清². 不动杆菌肺炎的流行病学与防治 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(1): 70-72
11. 宗春辉¹, 孙兰菊², 李东华², 朱广莉², 吴尚为¹. MRSA分子流行病学研究 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(2): 85-88
12. 刘强, 肖鑫, 张蕾蕾, 许培仁. 耐甲氧西林葡萄球菌及异质性万古霉素中介的检测与分析 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(2): 89-92
13. 董晨晓¹, 宋诗铎¹, 王悦¹, 门昆². 43株临床铜绿假单胞菌 *exoS*、*exoU* 基因的携带及其耐药性 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(2): 93-96
14. 孙雪皎, 王豫平. 鲍曼不动杆菌肺部感染的临床特点及耐药性分析 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(2): 114-117
15. 储从家, 孔繁林, 吴惠玲. 990株临床非发酵菌的种群分布及耐药谱分析 FREE [J]. *中国感染控制杂志*, 2010, 9(2): 121-124