

## 内蒙古科右前旗蒙古族人群乙型肝炎病毒基因型分布

席云峰 席鹏飞 卢爱桃 王文瑞 苏军

【关键词】 肝炎病毒, 乙型; 基因型; 蒙古族

Study on the genotype of hepatitis B virus among population of Mongolian in Keyouqian county of Inner Mongolia XI Yun-feng<sup>1</sup>, XI Peng-fei<sup>1</sup>, LU Ai-tao<sup>1</sup>, WANG Wen-ru<sup>1</sup>, SU Jun<sup>1</sup>. 1 Inner Mongolia Provincial Center for Disease Control and Prevention, Huhehaote 010031, China; 2 Inner Mongolia Health Department

Corresponding author: WANG Wen-ru, Email: wr821@163.com

【Key words】 Hepatitis B virus; Genotype; Mongolian

内蒙古科右前旗是蒙古族人口所占比例较高的地区。本研究分析该地区蒙古族乙型肝炎(乙肝)患者的HBV基因型及血清亚型,了解HBV基因型自然史与乙肝的关系。

### 1. 资料与方法:

(1)试剂:病毒基因组DNA/RNA提取试剂盒购自天根生化科技(北京)有限公司,UL-tra-Pfu DNA聚合酶反应体系购自南京博尔迪生物公司,Marker 2000购自大连宝生物公司。

(2)样本:2009年肝炎流行病学调查收集到的110份未经乙肝疫苗免疫的蒙古族(≥3代均为蒙古族)乙肝患者HBsAg阳性血清。所有样本均在-20℃保存,避免反复冻融。

(3)实验方法:HBV基因型的检测采用PCR方法,HBV上游引物:5'-ATG GAG AAC ATC GCA TCA GGA-3',下游引物:5'-AAG AAA ATT GGT AAC AGC GG-3',由上海生工生物工程技术有限公司合成,PCR反应条件:94℃ 5 min; 94℃ 30 s, 49℃ 30 s, 72℃ 1 min, 35个循环; 72℃ 6 min,产物大小为680 bp。将PCR阳性产物送至上海生工生物工程技术有限公司测序,测序结果利用BLAST进行比对。

(4)统计学分析:利用EpiData 3.1软件进行数据录入,SPSS 13.0软件逻辑纠错后进行统计学分析,样本构成比的比较采用 $\chi^2$ 检验。

2. 结果:110例样本中男性64例、女性46例,经PCR检测105例为HBV阳性,5例为阴性;105例PCR阳性血清中95例测序成功(其中91例经比对同源性大于97%,4例比对无结果),10例反复测序失败。

(1)血清分型:对95例测序成功的样本利用BLAST进行比对,显示44例为C型(46.32%),25例为B型(26.32%),21例为D型(22.10%),1例为C/D型(1.05%)、4例无匹配结果(4.21%)。44例C型中23例为C2亚型且血清型为adrq(+);21例未查到基因亚型,其中20例血清亚型为adr,1例为adw2。25例B型中16例为B2亚型且血清亚型均为adw1型,9例未查到基因亚型。21例D型中,4例未查到基因亚型,血

清亚型均为ayw;16例为D1亚型,血清型均为ayw2;1例D7亚型,血清亚型为ayw2。1例为C/D混合型。

(2)不同基因型与性别的关系:不同基因型在不同性别中的分布有差异,经检验差异有统计学意义( $\chi^2=7.67, P=0.022$ )。且男性高于女性。

(3)血清标志物与基因型的关系:血清标志物与不同基因型之间经检验,差异无统计学意义( $\chi^2=2.80, P>0.05$ )(表1)。

### 3. 讨论:蒙古族乙肝患者血清中HBV基因分型的实验

表1 内蒙古科右前旗蒙古族人群HBV血清标志物与基因型之间的关系

血清标志物	基因型			合计
	B	C	D	
HBsAg(+), 抗-HBc(+)	16	25	11	52
HBsAg(+), HBeAg(+), 抗-HBc(+)	6	12	8	26
HBsAg(+), 抗-HBe(+), 抗-HBc(+)	3	7	2	12
合计	25	44	21	90

结果表明,此人群中存在的HBV基因型为C、B、D及C/D 4种,以基因型C为主,其次为基因型B和D型,C/D混合型少见,4例比对没有结果,可能为其他基因型的HBV感染,其原因还需进一步确认,目前并未见HBV基因型A、E、F、G、H的流行。HBV基因易发生遗传变异和进化,内蒙古科右前旗相对较封闭,受地理环境和交通等因素的限制,其乙肝基因型与其他地区相比较多样<sup>[1]</sup>,其原因有待进一步研究。同时,这种基因多样性给HBV感染者的预防及临床工作提出更多挑战。目前,国内对基因亚型报道较少,本研究中的D型大多为D1型,C/D混合型可能由不同基因型的重复感染造成或是HBV在宿主长期免疫力作用下,为逃避宿主抵抗力而变异积累的结果。在对不同基因型与性别的比较中,男性明显高于女性,与现有报道相同,可能是由于男性与女性对HBV基因亚型的易感性不同以及不同性别的机体免疫存在差异。基因型在血清模式组间的差异无统计学意义,可能为不同基因型在不同血清标志物中分布无差异,与报道不一致<sup>[2]</sup>,可能与采样时所选标准不同或地区差异有关。

### 参 考 文 献

[1] Gao JW, Li YJ, Zhuang H, et al. Distribution of hepatitis B virus genotypes in patients with chronic hepatitis B virus infection among 11 cities of China. Chin J Epidemiol, 2007, 28 (4): 315-318. (in Chinese)  
高俊薇,李雅娟,庄辉,等.中国11城市乙型肝炎病毒慢性感染者中乙型肝炎病毒基因型分布.中华流行病学杂志,2007,28(4):315-318.

[2] Zhang Y, Chen ZM, Wang HX, et al. Study on genotype of HBV-DNA in Kunming. Southwest Defense Med, 2009, 19 (4): 410-412. (in Chinese)  
张悦,陈忠明,王惠萱,等.昆明地区HBV-DNA的基因分型研究.西南国防医药,2009,19(4):410-412.

(收稿日期:2010-06-02)

(本文编辑:万玉立)

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2011.03.028

作者单位:010031 呼和浩特市,内蒙古自治区疾病预防控制中心(席云峰、卢爱桃、王文瑞、苏军);内蒙古自治区教育厅(席鹏飞)

通信作者:王文瑞, Email: wr821@163.com