

البحث الثالث

Enas M. Hefzy, Noha A. Hassuna, Olfat G. Shaker, Mohamed Masoud, Tebyan A. Abelhameed, Tarek I. Ahmed, Nada F. Hemeda , Mohammed A. Abdelhakeem, Rania H. Mahmoud (2021). miR-155 T/A (rs767649) and miR-146a A/G (rs57095329) single nucleotide polymorphisms as risk factors for chronic hepatitis B virus infection among Egyptian patients. PLOS ONE, 1-13. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0256724	البحث الثالث
	3
مشترك مع آخرين من خارج التخصص – منشور	

miR-146a A/G (rs57095329) و miR-155 T/A (rs767649) تعدد أشكال النوكليوتيدات المفردة كعوامل خطر للإصابة بفيروس التهاب الكبد B المزمن بين المرضى المصريين. ايناس م. حفزي 1*، نهى حسونة 2، ألفت ج. شاكر 3، محمد مسعود 4، تبيان عبد الحميد 5، طارق أحمد 6، ندى ف. حميدة 7، محمد عبد الحكيم 8، رانيا محمود 9 1 كلية الطب قسم الأحياء الدقيقة الطبية والمناعة، جامعة الفيوم 2 كلية الطب قسم الأحياء الدقيقة الطبية والمناعة، جامعة المنيا 3 كلية الطب قسم الكيمياء الحيوية الطبية والبيولوجيا الجزيئية، جامعة القاهرة 4 كلية الطب قسم الصحة العامة، جامعة الفيوم 5 قسم التكنولوجيا الحيوية، مدينة أفريقيا للتكنولوجيا، الخرطوم، السودان 6 كلية الطب قسم الطب الباطني، جامعة الفيوم 7 كلية الزراعة قسم الوراثة، جامعة الفيوم 8 كلية الطب قسم علم الأمراض الإكلينيكية، جامعة المنيا 9 قسم الكيمياء الحيوية الطبية والبيولوجيا الجزيئية، جامعة الفيوم	عنوان البحث
PLOS ONE, 1-13. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0256724	المجلة

الملخص العربي

يمكن للمتغيرات الجينية في ال (miRNAs) أن تغير تعبير و/أو وظيفة miRNAs ، وبالتالي، مما يؤثر على المسارات البيولوجية ذات الصلة ومخاطر الأمراض. تم وصف خلل تنظيم مستويات التعبير miR-155 و miR-146a جيداً في التهاب الكبد الفيروسي (HBV) B في الدراسة الحالية، كنا نهدف إلى تقييم تعدد الأشكال rs767649 T/A و rs57095329 A/G في جينات miR-146a و miR-155، على التوالي، كعوامل خطر للإصابة بفيروس التهاب الكبد B المزمن (CHBV) في السكان المصريين. أيضاً، كنا نهدف إلى إجراء تحليل سيليكو لفحص الجزيئات التي تستهدف هذه الجزيئات في المقام الأول. تم تشخيص مائة مريض على أنهم فيروس CHBV ومائة عنصر تحكم مطابق للعمر والجنس مع دليل على الإصابة بفيروس التهاب الكبد B في الماضي من أجل miR-155 (rs767649) و miR-146a (rs57095329) باستخدام تفاعل البلمرة المتسلسل في الوقت الحقيقي. تمنح الأنماط الجينية rs767649 AT و AA في مرضى CHBV أربعة أضعاف وعشرة أضعاف خطر على التوالي، بالمقارنة مع الأشخاص الخاضعين للمراقبة (95% CI [AOR = 4.245 (2.009-8.970) ، P < 0.0001] و [AOR = 10.583 (4.012-27.919) ، P < 0.0001] ، على التوالي). ارتبط أليل rs767649 A بزيادة خطر الإصابة بفيروس CHBV (AOR = 2.777 (95% CI 1.847-4.175) ، P < 0.0001). كان هناك اختلاف كبير في تواتر الأنماط الجينية AG rs57095329 و GG في مرضى CHBV مقارنة بالضوابط. أظهرت الأنماط الجينية AG و GG زيادة في خطر الإصابة بفيروس CHBV بنحو ثلاثة وستة أضعاف على التوالي (95% CI [AOR = 2.610 (1.362-5.000) ، P = 0.004] و [AOR = 5.604 (2.157-14.563) ، P = 0.004] ، على التوالي). ، P < 0.0001] ، لقد خلصنا إلى أن rs57095329 و rs767649 SNPs يمكن أن تكون بمثابة عوامل خطر محتملة لتطور فيروس CHBV لدى السكان المصريين.