

บทที่ 4

ผลการวิจัย

ลักษณะกลุ่มตัวอย่างที่ทำการศึกษา

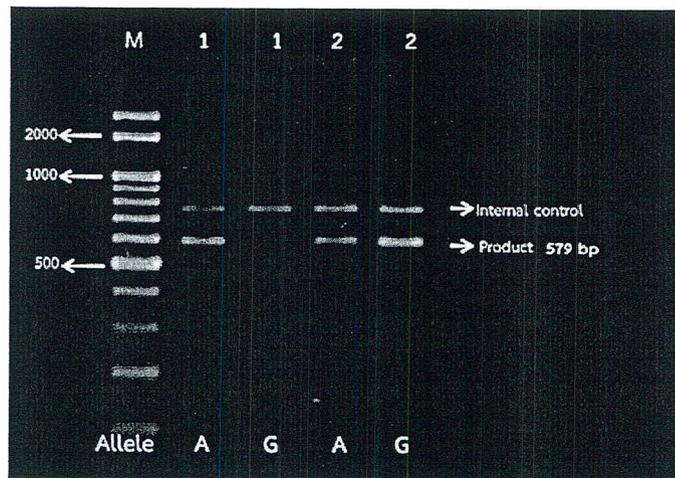
กลุ่มตัวอย่างจำนวนทั้งสิ้น 371 ราย เป็นเพศชาย 185 ราย และเพศหญิง 186 ราย มีช่วงอายุ 19 ถึง 64 ปี อายุเฉลี่ย 37.05 ปี แจกแจงเป็น 3 กลุ่มย่อยแสดงดังตาราง 11 ประกอบด้วยกลุ่ม control จำนวน 127 ราย เป็นเพศชาย 39 ราย และเพศหญิง 88 ราย อายุเฉลี่ย 36.27 ปี กลุ่ม chronic จำนวน 102 ราย เป็นเพศชาย 63 ราย และเพศหญิง 39 ราย อายุเฉลี่ย 34.17 ปี และกลุ่ม recovery จำนวน 142 ราย เป็นเพศชาย 83 ราย และเพศหญิง 59 ราย อายุเฉลี่ย 39.80 ปี พบว่าการกระจายตัวของอายุในกลุ่มตัวอย่างแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($p=0.234$) แต่พบความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญในการกระจายตัวของเพศในกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาโดยพบว่าในกลุ่มตัวอย่างที่ติดเชื้อไวรัสตับอักเสบบีเรื้อรังและกลุ่มตัวอย่างที่ติดเชื้อไวรัสตับอักเสบบีแล้วหาย มีความถี่ของเพศชายสูงกว่ากลุ่มตัวอย่างที่สุขภาพดี ($p<0.001$)

ตาราง 11 การกระจายตัวของอายุและเพศของกลุ่มตัวอย่าง

คุณลักษณะ	กลุ่มตัวอย่าง			รวม	p value	
	Control	Chronic	Recovery			
อายุ	จำนวน	127	102	142	371	0.234
	ช่วงอายุ	19-60	19-58	21-64	19-64	
	ค่าเฉลี่ย	36.27	34.17	39.80	37.05	
	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน	9.37	8.55	10.37	9.81	
	เพศ: ชาย	จำนวน	39	63	83	185
	(ร้อยละ)	(30.7)	(61.8)	(58.5)	(49.9)	
หญิง	จำนวน	88	39	59	186	
	(ร้อยละ)	(69.3)	(38.2)	(41.5)	(50.1)	

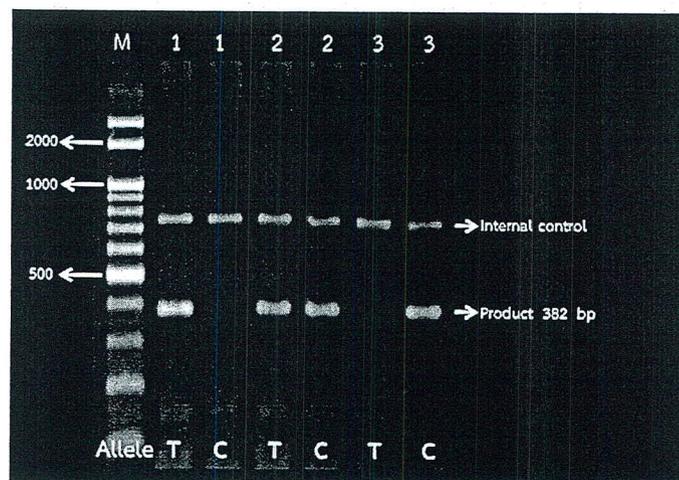
ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยีน *IL-10* (-1082, -819, -592) และความสัมพันธ์กับผลลัพธ์ของการติดเชื้อไวรัสตับอักเสบบี

ผลการศึกษาความหลากหลายของยีน *IL-10* ในส่วนของโปรโมเตอร์ตำแหน่ง -1082, -819 และ -592 จากการสุ่มตรวจสอบลำดับเบสในตัวอย่าง 10 รายด้วยวิธี DNA Sequencing เปรียบเทียบกับผลการตรวจด้วยวิธี PCR-SSP พบว่าผลการตรวจทั้งสองวิธีให้จีโนไทป์ที่ตรงกัน และผลการตรวจโดยวิธี PCR-SSP แสดงตัวอย่างดังภาพ 14, 15 และ 16 ตามลำดับ



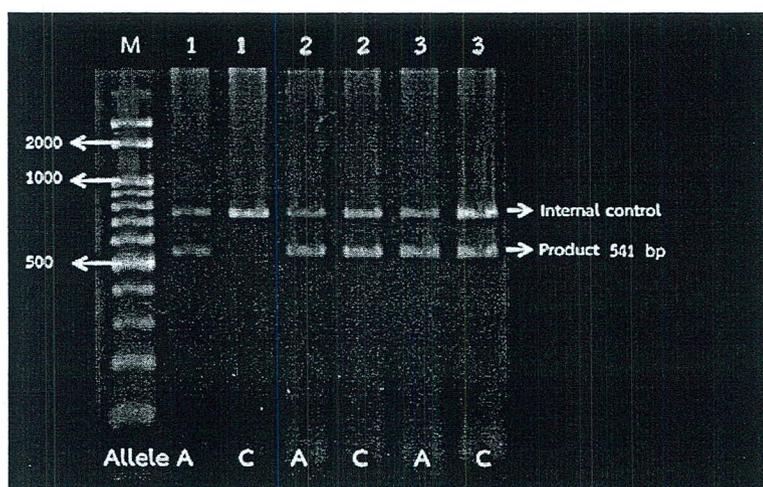
ตัวอย่างที่ 1 จีโนไทป์ AA: ตัวอย่างที่ 2 จีโนไทป์ AG: M = Marker

ภาพ 14 การตรวจหา SNPs ของยีน *IL-10* ตำแหน่ง -1082 (A/G) โดยวิธี PCR-SSP



ตัวอย่างที่ 1 จีโนไทป์ TT: ตัวอย่างที่ 2 จีโนไทป์ TC: ตัวอย่างที่ 3 จีโนไทป์ CC: M = Marker

ภาพ 15 การตรวจหา SNPs ของยีน *IL-10* ตำแหน่ง -819 (T/C) โดยวิธี PCR-SSP



ตัวอย่างที่ 1 จีโนไทป์ AA: ตัวอย่างที่ 2 และ 3 จีโนไทป์เป็น AC: M = Marker

ภาพ 16 การตรวจหา SNPs ของยีน *IL-10* ตำแหน่ง -592 (A/C) โดยวิธี PCR-SSP

การทดสอบ Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) ความถี่ของความหลากหลายทางพันธุกรรมของยีน *IL-10* ตำแหน่ง -819 และ -592 ในกลุ่มตัวอย่างพบว่าการกระจายความถี่ของจีโนไทป์ในค่าที่ได้ (observed frequency) เทียบกับความถี่ของค่าที่คาดหวัง (expected frequency) มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ ยกเว้นในตำแหน่ง -1082 พบว่าความถี่จีโนไทป์ในค่าที่ได้ (observed frequency) ไม่แตกต่างจากความถี่ของค่าที่คาดหวัง (expected frequency) อย่างมีนัยสำคัญ แสดงดังตาราง 11

ตาราง 12 การทดสอบ HWE ของยีน *IL-10* ในกลุ่มตัวอย่าง

Gene/position (wide-type> mutant)	Observed homozygosity (ร้อยละ)		Expected homozygosity (ร้อยละ)		<i>p</i> value
	Wild-type	Mutant	Wild-type	Mutant	
<i>IL-10</i> -1082 (A>G)	89.66	0.28	89.67	0.28	1.000
<i>IL-10</i> -819 (T>C)	40.91	19.03	37.14	15.26	0.004
<i>IL-10</i> -592 (A>C)	49.72	15.64	44.34	10.86	<0.001

การกระจายความถี่จีโนไทป์และอัลลีลของยีน *IL-10* ในตำแหน่ง -1082 พบในตัวอย่าง ทั้ง 3 กลุ่มมีการกระจายความถี่ที่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ ($p=0.026$ และ 0.011 ตามลำดับ) แสดงดังตาราง 13 โดยพบความถี่จีโนไทป์ -1082 AA และอัลลีล -1082 A สูงทั้งสามกลุ่ม และพบว่าจีโนไทป์ AG มีความสัมพันธ์เชิงบวกกับกลุ่มติดเชื้อเรื้อรังเมื่อเทียบกับจีโนไทป์ AA (chronic vs. control; OR=4.61; 95%CI; 1.51-15.03; $p=0.001$) เช่นเดียวกับกลุ่ม recovery (recovery vs. control; OR=3.13; 95%CI; 1.02-10.21; $p=0.025$) แสดงดังตาราง 12 นอกจากนี้ยังพบว่า อัลลีล G มีความสัมพันธ์เชิงบวกกับกลุ่มติดเชื้อเรื้อรังเมื่อเทียบกับอัลลีล A (chronic vs. control; OR= 4.30; 95%CI; 1.44-13.67; $p=0.002$) เช่นเดียวกับกลุ่ม recovery (recovery vs. control; OR= 3.40; 95%CI; 1.16-10.71; $p=0.012$)

การกระจายความถี่จีโนไทป์ในตำแหน่ง -819 ในตัวอย่างทั้ง 3 กลุ่มมีความแตกต่างกัน อย่างมีนัยสำคัญ ($p<0.001$) แสดงดังตาราง 12 โดยพบความถี่จีโนไทป์ CC ในกลุ่ม control ร้อยละ 26.0 กลุ่ม chronic ร้อยละ 25.0 และกลุ่ม recovery ร้อยละ 7.8 แต่พบการกระจาย ความถี่อัลลีลของกลุ่มตัวอย่างทั้ง 3 กลุ่มมีความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญ ($p=0.121$) และพบว่าจีโนไทป์ CC มีความสัมพันธ์กับความเสี่ยงต่อการติดเชื้อเรื้อรังเมื่อเทียบกับจีโนไทป์ TT (chronic vs. recovery; OR=3.04; 95%CI; 1.22-7.68; $p=0.008$) แสดงดังตาราง 13

การกระจายความถี่จีโนไทป์ในตำแหน่ง -592 ในตัวอย่างทั้ง 3 กลุ่มมีความแตกต่างกัน อย่างมีนัยสำคัญ ($p=0.011$) แสดงดังตาราง 12 โดยพบความถี่จีโนไทป์ CC ในกลุ่ม control ร้อยละ 15.7 กลุ่ม chronic ร้อยละ 23.8 และ recovery ร้อยละ 9.2 แต่พบการกระจายความถี่ อัลลีลในกลุ่ม ตัวอย่างทั้ง 3 กลุ่มมีความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญ ($p=0.090$) และพบว่า จีโนไทป์ CC มีความสัมพันธ์กับความเสี่ยงต่อการติดเชื้อเรื้อรังเมื่อเทียบกับจีโนไทป์ AC (chronic vs. recovery; OR=3.61; 95%CI; 1.48-8.93; $p=0.001$) นอกจากนี้ยังพบว่าจีโนไทป์ CC มีความสัมพันธ์กับ ความเสี่ยงต่อการติดเชื้อเรื้อรังเมื่อเทียบกับจีโนไทป์ AA (chronic vs. recovery; OR=2.70; 95%CI; 1.14-6.42; $p=0.012$) แสดงดังตาราง 13

ตาราง 13 ความถี่ของจีโนไทป์และอัลลีลของยีน *IL-10* ตำแหน่ง -1082, -819 และ -592 ในกลุ่มตัวอย่าง

ความถี่ของจีโนไทป์ และอัลลีล	Control (ร้อยละ)	Chronic (ร้อยละ)	Recovery (ร้อยละ)	<i>p</i> value
<i>IL-10</i> -1082	n=126	n=100	n=132	
AA	121 (96.0)	84 (84.0)	116 (87.9)	0.026
AG	5 (4.0)	16 (16.0)	15 (11.4)	
GG	0 (0)	0 (0)	1 (0.8)	
A	247 (98.0)	184 (92.0)	247 (93.6)	0.011
G	5 (2.0)	16 (8.0)	17 (6.4)	
<i>IL-10</i> -819	n=123	n=100	n=129	
TT	51 (41.5)	42 (42.0)	51 (39.5)	<0.001
TC	40 (32.5)	33 (33.0)	68 (52.7)	
CC	32 (26.0)	25 (25.0)	10 (7.8)	
T	142 (57.7)	117 (58.5)	170 (65.9)	0.121
C	104 (42.3)	83 (41.5)	88 (34.1)	
<i>IL-10</i> -592	n=127	n=101	n=130	
AA	70 (55.1)	46 (45.5)	62 (47.7)	0.011
AC	37 (29.1)	31 (30.7)	56 (43.1)	
CC	20 (15.7)	24 (23.8)	12 (9.2)	
A	177 (69.7)	123 (60.9)	180 (69.2)	0.090
C	77 (30.3)	79 (39.1)	80 (30.8)	

ตาราง 14 ความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มตัวอย่างกับความถี่จีโนไทป์และอัลลีลของยีน *IL-10*

จีโนไทป์และอัลลีล			Recovery vs. Control	Chronic vs. Control	Chronic vs. Recovery
<i>IL-10 -1082</i>					
Genotype	AG vs. AA	<i>p-value</i>	0.025	0.001	0.396
		OR	3.13	4.61	1.38
		95%CI	1.02-10.21	1.51-15.03	0.61-3.10
Allele	G vs. A	<i>p-value</i>	0.012	0.002	0.517
		OR	3.40	4.30	1.26
		95%CI	1.16-10.71	1.44-13.67	0.59-2.71
<i>IL-10 -819</i>					
Genotype	CC vs. TT	<i>p-value</i>	0.004	0.876	0.008
		OR	0.31	0.95	3.04
		95%CI	0.13-0.75	0.46-1.94	1.22-7.68
Allele	C vs. T	<i>p-value</i>	0.059	0.868	0.104
		OR	0.71	0.97	1.37
		95%CI	0.48-1.03	0.65-1.44	0.92-2.04
<i>IL-10 -592</i>					
Genotype	CC vs. CA	<i>p-value</i>	0.026	0.354	0.001
		OR	0.40	1.43	3.61
		95%CI	0.16-0.98	0.62-3.30	1.48-8.93
	CC vs. AA	<i>p-value</i>	0.334	0.090	0.012
		OR	0.68	1.83	2.70
		95%CI	0.28-1.60	0.86-3.90	1.14-6.42
Allele	C vs. A	<i>p-value</i>	0.910	0.049	0.061
		OR	1.02	1.48	1.45
		95%CI	0.69-1.51	0.98-2.22	0.96-2.17

การกระจายความถี่ของแฮพลไทป์ในตำแหน่ง *IL-10* (-1082/-819/-592) ในตัวอย่าง ทั้ง 3 กลุ่มมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ ($p=0.003$) แสดงดังตาราง 14 และพบว่าแฮพลไทป์ ACC มีความสัมพันธ์เชิงบวกกับกลุ่ม chronic เมื่อเทียบกับแฮพลไทป์ ATA ในกลุ่มผู้ติดเชื้อ ด้วยกัน (chronic vs. recovery; OR=1.69; 95%CI; 1.05-2.72; $p=0.022$) นอกจากนี้ยังพบว่า แฮพลไทป์ GCC มีความสัมพันธ์เชิงบวกกับ recovery และ chronic เมื่อเทียบกับแฮพลไทป์ ACC และ ATA (recovery vs. control; OR=4.13; 95%CI; 1.30-13.99; $p=0.006$; chronic vs. control; OR=3.19; 95%CI; 1.02-10.61; $p=0.025$) แสดงดังตาราง 15

ตาราง 15 ความถี่ Haplotype ของยีน *IL-10* ในกลุ่มตัวอย่าง

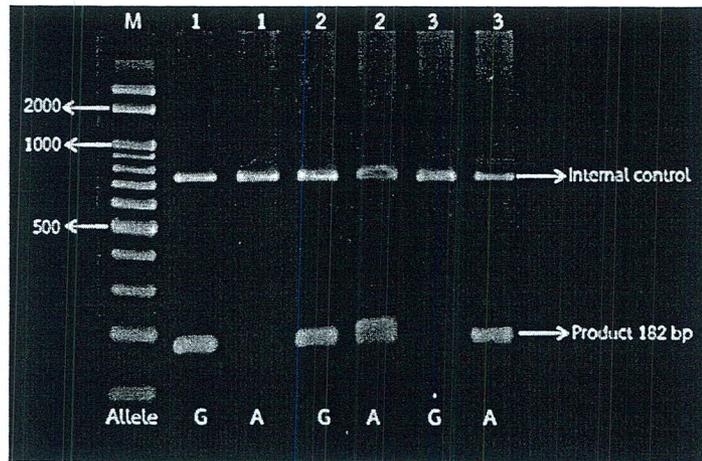
Haplotype	Control (ร้อยละ)	Chronic (ร้อยละ)	Recovery (ร้อยละ)	<i>p</i> value
<i>IL-10</i> (-1082/ - 819/-592)	n=122*2	n=100*2	n=119*2	
ATA	135 (55.3)	110 (55.0)	146 (61.3)	0.003
ACC	62 (25.4)	61 (30.5)	48 (20.2)	
GCC	5 (2.0)	13 (6.5)	16 (6.7)	
ACA	35 (14.3)	8 (4.0)	18 (7.6)	
ATC	7 (2.9)	5 (2.5)	10 (4.2)	
GTA	0 (0.0)	2 (1.0)	0 (0.0)	
GCA	0 (0.0)	1 (0.5)	0 (0.0)	

ตาราง 16 ความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มตัวอย่างกับความถี่ Haplotype ของยีน *IL-10*

Haplotype			Recovery vs. Control	Chronic vs. Control	Chronic vs. Recovery
<i>IL-10</i> (-1082/ - 819/-592)	ACC	<i>p-value</i>	0.139	0.394	0.022
	vs.	OR	0.72	1.21	1.69
	ATA	95%CI	0.45-1.14	0.76-1.91	1.05-2.72
	GCC	<i>p-value</i>	0.006	0.072	0.285
	vs.	OR	4.13	2.64	0.64
	ACC	95%CI	1.30-13.99	0.81-9.11	0.26-1.57
	GCC	<i>p-value</i>	0.031	0.025	0.848
	vs.	OR	2.96	3.19	1.08
	ATA	95%CI	0.98-9.52	1.02-10.61	0.47-2.48

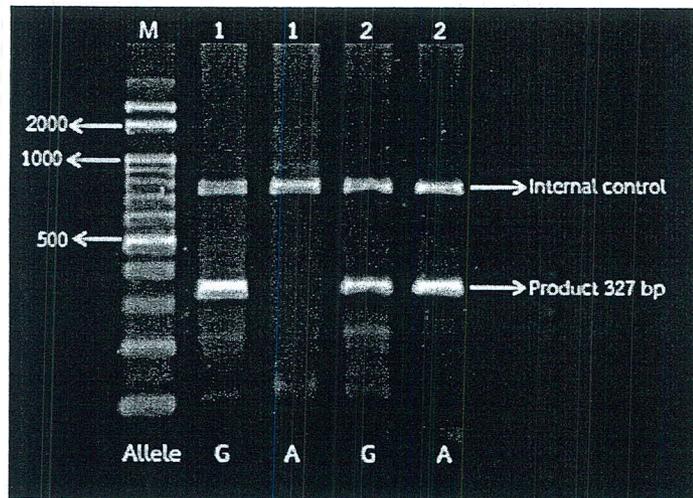
ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยีน *TNF- α* (-308, -238) และความสัมพันธ์กับผลลัพธ์ของการติดเชื้อไวรัสตับอักเสบบี

ผลการศึกษาความหลากหลายของยีน *TNF- α* ในส่วนของโปรโมเตอร์ตำแหน่ง -308 และ -238 จากการสุ่มตรวจสอบลำดับเบสในตัวอย่าง 10 รายด้วยวิธี DNA Sequencing เปรียบเทียบกับผลการตรวจด้วยวิธี PCR-SSP พบว่าผลการตรวจทั้งสองวิธีให้จีโนไทป์ตรงกันและผลการตรวจโดยวิธี PCR-SSP แสดงตัวอย่างดังภาพ 17 และ 18 ตามลำดับ



ตัวอย่างที่ 1 จีโนไทป์ GG; ตัวอย่างที่ 2 จีโนไทป์เป็น AG; ตัวอย่างที่ 3 จีโนไทป์ AA; M = Marker

ภาพ 17 การตรวจหา SNPs ของยีน *TNF-α* ตำแหน่ง -308 (A/G) โดยวิธี PCR-SSP



ตัวอย่างที่ 1 จีโนไทป์เป็น GG; ตัวอย่างที่ 2 จีโนไทป์เป็น AG; M = Marker

ภาพ 18 การตรวจหา SNPs ของยีน *TNF-α* ตำแหน่ง -238 (A/G) โดยวิธี PCR-SSP

การทดสอบ HWE ความถี่ของความหลากหลายทางพันธุกรรมของยีน *TNF-α* ในกลุ่มตัวอย่างพบว่าการกระจายความถี่ของจีโนไทป์ในค่าที่ได้เทียบกับความถี่ของค่าที่คาดหวังไม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ แสดงดังตาราง 17

ตาราง 17 การทดสอบ HWE ของยีน *TNF- α* ในกลุ่มตัวอย่าง

Gene/position (wild type-> mutant)	Observed homozygosity (ร้อยละ)		Expected homozygosity (ร้อยละ)		p value
	Wild-type genotype	Mutant genotype	Wild-type genotype	Mutant genotype	
	<i>TNF-α</i> -308 (G>A)	77.89	0.99	78.23	
<i>TNF-α</i> -238 (G>A)	90.64	0.00	90.86	0.22	0.435

การกระจายความถี่จีโนไทป์ในตำแหน่ง -308 ในตัวอย่างทั้ง 3 กลุ่มมีความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญ ($p=0.158$) แสดงดังตาราง 17 แต่พบว่าจีโนไทป์ GA มีความสัมพันธ์กับกลุ่ม recovery เมื่อเทียบกับจีโนไทป์ GG (recovery vs. control; OR=2.25; 95%CI; 1.02-5.03; $p=0.027$) เมื่อวิเคราะห์การกระจายความถี่ของอัลลีลในตัวอย่างทั้ง 3 กลุ่ม พบว่ามีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ ($p=0.042$) และพบว่าอัลลีล *TNF- α* -308 A มีความสัมพันธ์กับกลุ่ม recovery (recovery vs. control; OR=2.31; 95%CI; 1.11-4.87; $p=0.014$) แสดงดังตาราง 18

การกระจายความถี่จีโนไทป์และอัลลีลในตำแหน่ง -238 ในตัวอย่างทั้ง 3 กลุ่มมีความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญ ($p=0.517$ และ $p=0.534$ ตามลำดับ) และไม่พบว่าจีโนไทป์และอัลลีลตำแหน่ง -238 มีความสัมพันธ์กับกลุ่ม chronic หรือกลุ่ม recovery

ตาราง 18 ความถี่ของจีโนไทป์และอัลลีลของยีน *TNF- α* ตำแหน่ง -308 และ -238 ในกลุ่มตัวอย่าง

ความถี่ของจีโนไทป์ และอัลลีล	Control (ร้อยละ)	Chronic (ร้อยละ)	Recovery (ร้อยละ)	p value
<i>TNF-α</i> -308	n=83	n=102	n=118	
GG	71 (85.5)	81 (79.4)	84 (71.2)	0.158
GA	12 (14.5)	20 (19.6)	32 (27.1)	
AA	0 (0)	1 (1.0)	2 (1.7)	
G	154 (92.8)	182 (89.2)	200 (84.7)	0.042
A	12 (7.2)	22 (10.8)	36 (15.3)	

ตาราง 18 (ต่อ)

ความถี่ของจีโนไทป์ และอัลลีล	Control (ร้อยละ)	Chronic (ร้อยละ)	Recovery (ร้อยละ)	<i>p</i> value
<i>TNF-α</i> -238	n=83	n=102	n=114	
GG	75 (90.4)	95 (93.1)	101 (88.6)	0.517
GA	8 (9.6)	7 (6.9)	13 (11.4)	
AA	0 (0)	0 (0)	0 (0.0)	
G	158 (95.2)	197 (96.6)	215 (94.3)	0.534
A	8 (4.8)	7 (3.4)	13 (5.7)	

ตาราง 19 ความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มตัวอย่างกับความถี่จีโนไทป์และอัลลีลของยีน *TNF- α*

Genotype and allele			Recovery vs. Control	Chronic vs. Control	Chronic vs. Recovery
<i>TNF-α</i> -308					
Genotype	GA vs.	<i>p</i> -value	0.027	0.34	0.18
	GG	OR	2.25	1.46	0.65
		95%CI	1.02-5.03	0.63-3.44	0.33-1.28
Allele	A vs. G	<i>p</i> -value	0.014	0.239	0.166
		OR	2.31	1.55	0.67
		95%CI	1.11-4.87	0.71-3.45	0.37-1.23
<i>TNF-α</i> -238					
Genotype	GA vs.	<i>p</i> -value	0.69	0.49	0.25
	GG	OR	1.21	0.69	0.57
		95%CI	0.44-3.38	0.21-2.22	0.20-1.62
Allele	A vs. G	<i>p</i> -value	0.70	0.50	0.26
		OR	1.19	0.70	0.59
		95%CI	0.45-3.24	0.22-2.18	0.21-1.62

การกระจายความถี่ของแฮพโลไทป์ในตำแหน่ง *TNF- α* (-308/-238) ในตัวอย่างทั้ง 3 กลุ่ม ความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญ ($p=0.148$) แสดงดังตาราง 19 แต่พบว่าแฮพโลไทป์ AA และ AG มีความสัมพันธ์เชิงบวกกับกลุ่ม recovery เมื่อเทียบกับแฮพโลไทป์ GG (recovery vs. control; OR=2.51; 95%CI; 1.17-5.48; $p=0.010$) แสดงดังตาราง 20

ตาราง 20 ความถี่ Haplotype ของยีน *TNF- α* ในกลุ่มตัวอย่าง

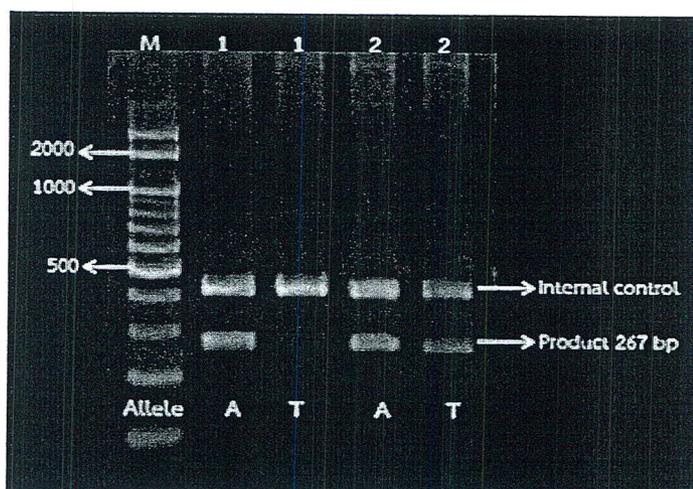
Haplotype	Control (ร้อยละ)	Chronic (ร้อยละ)	Recovery (ร้อยละ)	<i>p</i> value
<i>TNF-α</i> (-308/-238)	n=83*2	n=102*2	n=109*2	
GG	148 (89.2)	177 (86.8)	177 (81.2)	0.148
AG	10 (6.0)	20 (9.8)	29 (13.3)	
GA	7 (4.2)	5 (2.5)	8 (3.7)	
AA	1 (0.6)	2 (1.0)	4 (1.8)	

ตาราง 21 ความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มตัวอย่างกับความถี่ Haplotype ของยีน *TNF- α*

Haplotype		Recovery vs. Control	Chronic vs. Control	Chronic vs. Recovery
<i>TNF-α</i> (-308/ -238)	AG vs. GG	<i>p</i> -value	0.018	0.198
		OR	2.42	1.67
		95%CI	1.09-5.52	0.72-3.97
<i>TNF-α</i> (-308/ -238)	AA,AG vs. GG	<i>p</i> -value	0.010	0.179
		OR	2.51	1.67
		95%CI	1.17-5.48	0.74-3.81

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของยีน *IFN- γ* (+874) และความสัมพันธ์กับผลลัพธ์ของการติดเชื้อไวรัสตับอักเสบบี

ผลการศึกษาความหลากหลายของยีน *IFN- γ* ในตำแหน่ง +874 จากการสุ่มตรวจสอบลำดับเบสในตัวอย่าง 10 รายด้วยวิธี DNA Sequencing เปรียบเทียบกับผลการตรวจด้วยวิธี PCR-SSP พบว่าผลการตรวจทั้งสองวิธีให้จีโนไทป์ตรงกันและผลการตรวจโดยวิธี PCR-SSP แสดงตัวอย่างดังภาพ 19



ตัวอย่างที่ 1 จีโนไทป์ AA; ตัวอย่างที่ 2 จีโนไทป์ AT; M = Marker

ภาพ 19 การตรวจหา SNPs ของยีน *IFN- γ* ตำแหน่ง +874 (A/T) โดยวิธี PCR-SSP

การทดสอบ HWE ความถี่ของความหลากหลายทางพันธุกรรมของ *IFN- γ* +874 ในกลุ่มตัวอย่างพบว่าการกระจายความถี่ของจีโนไทป์ในค่าที่ได้เทียบกับความถี่ของค่าที่คาดหวังไม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ แสดงดังตาราง 22

ตาราง 22 การทดสอบ HWE ของยีน *IFN- γ* ในกลุ่มตัวอย่าง

Gene/position (wide type-> mutant)	Observed homozygosity (ร้อยละ)		Expected homozygosity (ร้อยละ)		<i>p</i> value
	Wild-type	Mutant	Wild-type	Mutant	
	genotype	genotype	genotype	genotype	
<i>IFN-γ</i> +874 (A>T)	57.45	8.39	55.55	6.49	0.068

การกระจายความถี่จีโนไทป์และอัลลีลในตำแหน่ง +874 ในตัวอย่างทั้ง 3 กลุ่มมีความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญ ($p=0.179$ และ $p=0.484$ ตามลำดับ) แสดงดังตาราง 22 และไม่พบความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มตัวอย่างต่างๆ กับจีโนไทป์และอัลลีลของยีน *IFN- γ* แสดงดังตาราง 23

ตาราง 23 ความถี่ของจีโนไทป์และอัลลีลของยีน *IFN- γ* ตำแหน่ง +874 ในกลุ่มตัวอย่าง

Genotype and allele frequencies	Control (ร้อยละ)	Chronic (ร้อยละ)	Recovery (ร้อยละ)	<i>p</i> value
<i>IFN-γ</i> +874	n=83	n=101	n=138	
AA	47 (56.6)	60 (59.4)	78 (56.5)	0.179
AT	24 (28.9)	34 (33.7)	52 (37.7)	
TT	12 (14.5)	7 (6.9)	8 (5.8)	
A	118 (71.1)	154 (76.2)	208 (75.4)	0.484
T	48 (28.9)	48 (23.8)	68 (24.6)	

ตาราง 24 ความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มตัวอย่างกับ Allele และ Genotype ของ *IFN- γ*

Genotype and allele <i>IFN-γ</i> (+874)			Recovery vs. Control	Chronic vs. Control	Chronic vs. Recovery
Genotype	AA, AT	<i>p-value</i>	0.03	0.09	0.72
	Vs. TT	OR	2.75	2.27	0.83
		95%CI	0.99-7.77	0.78-6.77	0.26-2.64
Allele	A vs. T	<i>p-value</i>	0.32	0.26	0.83
		OR	1.24	1.31	1.05
		95%CI	0.79-1.96	0.80-2.14	0.67-1.64