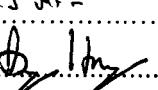


172611

วัตถุวิชา สงวนหมู่ : การศึกษาระดับชีวีที่จีเอฟในเลือดและปัจจัยทางพันธุกรรมในผู้ป่วยเด็กโรคห้อน้ำดีตีบตันในประเทศไทย (SERUM CTGF LEVEL AND POLYMORPHISMS IN THAI CHILDREN WITH BILIARY ATRESIA) อ. ที่ปรึกษา : ศ. นพ. ยง ภู่วรวรรณ, อ. ที่ปรึกษาร่วม : ผศ. นพ. ดร.ไพบูลย์ เวชพิพัฒน์, 82 หน้า. ISBN 974-17-4297-5.

Connective tissue growth factor (CTGF) เป็นโปรตีนที่พบว่ามีบทบาทเกี่ยวข้องกับการเกิดพังผืดโดยพบว่ามีการแสดงออกเพิ่มขึ้นในอวัยวะที่มีการสะสมของพังผืดรวมไปถึงตับด้วย ผู้ป่วยโรคห้อน้ำดีตีบตันภายหลังจากการทำผ่าตัดแบบ Kasai แล้วมีการพัฒนาของพังผืดในตับมีระดับที่ไม่เท่ากัน single-nucleotide polymorphisms (SNPs) ในบริเวณ promoter ของยีน CTGF ตำแหน่งที่มี transcription factor มาจับได้แก่ -447G>C และ -132C>G อาจมีส่วนเกี่ยวข้องกับโรคห้อน้ำดีตีบตันและการพัฒนาของระดับพังผืดในผู้ป่วยที่มีความแตกต่างกัน ดังนั้นจึงทำการศึกษา polymorphism ในตำแหน่งดังกล่าวในกลุ่มผู้ป่วยเด็กโรคห้อน้ำดีตีบตันจำนวน 84 คน และกลุ่มควบคุม 142 คน เพื่อศึกษาความถี่ของ polymorphism และ haplotype ในบริเวณ promoter ของยีน CTGF รวมไปถึงระดับของชีวีที่จีเอฟในเลือดร่วมกับระดับความรุนแรงการทำงานของตับในผู้ป่วยเด็กโรคห้อน้ำดีตีบตันเปรียบเทียบกับกลุ่มควบคุมในประชากรไทย โดยทำการเพิ่มจำนวนชิ้นส่วน promoter ของยีน CTGF แล้วนำไปวิเคราะห์ด้วยวิธี Amplification- refractory mutation systems (ARMS) และ polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (RFLP) ทางสถิติทำการตรวจสอบระดับของ CTGF ในเลือดด้วยวิธี Enzyme link Immunosorbent assay (ELISA) ทำการตรวจสอบ Hardy-Weinberg equilibrium ด้วยโปรแกรม SNPAnalyzer วิเคราะห์สถิติด้วยโปรแกรม SPSS และ Epi Info version 6 ผลการทดลองพบว่า เมื่อทำการตรวจสอบ polymorphisms ในตำแหน่ง -447G>C และ -132C>G พบ polymorphism ในประชากรไทยเพียงตำแหน่งเดียวคือ ตำแหน่ง -447G>C พบความแตกต่างอย่างไม่มีนัยสำคัญระหว่างความถี่ genotype allele และเพศระหว่างกลุ่มผู้ป่วยกับกลุ่มควบคุมหรือในกลุ่มผู้ป่วยโรคห้อน้ำดีตีบตันด้วยกัน สำหรับระดับของ CTGF ในเลือดไม่สามารถตรวจได้เนื่องจากไม่สามารถหาค่าปริมาณโปรตีนที่แท้จริงได้ทำให้ยากต่อการตรวจด้วยวิธี ELISA จำเป็นที่จะต้องพัฒนาวิธีการเพื่อหาสภาวะที่เหมาะสมในการตรวจระดับโปรตีนต่อไป โดยสรุปคือ SNP ใน promoter ของยีน CTGF ตำแหน่ง -447 ไม่มีความสัมพันธ์กับความเสี่ยงในการเกิดโรคและระดับความรุนแรงของการทำงานของตับ

สาขาวิชา.....วิทยาศาสตร์การแพทย์.....ลายมือชื่อนิสิต.....ลักษณะ.....  
ปีการศึกษา.....2548.....ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา.....  
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....  


# # 4674758030: MAJOR MEDICAL SCIENCE

172611

KEYWORD: BILIARY ATREISA / CTGF / POLYMORPHISMS/ ARMS / RFLP/ ELISA

PATTARATIDA SA-NGUANMOO : SERUM CTGF LEVEL AND POLYMORPHISMS IN THAI CHILDREN WITH BILIARY ATRESIA. THESIS ADVISOR : PROFESSOR YONG POOVORAWAN, M.D., THESIS COADVISOR : ASST. PROF. PAISARN VEJCHAPIPAT, M.D. Ph.D., 82 pp. ISBN 974-17-4297-5.

Connective tissue growth factor (CTGF) is a highly profibrogenic molecule, which is overexpressed in many fibrotic organs, including those of the liver. Biliary atresia (BA) patients who receive Kasai operation have variable fibrosis levels in their livers. Single-nucleotide polymorphisms (SNPs) in the *CTGF* gene promoter (-447G>C and -132C>G) may be associated with BA and the variable fibrosis levels in the patients. This study was performed to determine the frequencies of polymorphisms and haplotype in the *CTGF* gene promoter in the Thai population and to investigate the susceptibility of this population to BA. The target fragments of the *CTGF* gene promoter were amplified and analyzed by Amplification- refractory mutation systems (ARMS) and polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism techniques in 84 BA patients and 142 healthy controls. The test for Hardy-Weinberg equilibrium was performed using HWE program of SNPAnalyzer and statistical analysis was carried out with the SPSS and Epi Info version 6 programs. Two SNPs were genotyped, both of them in the promoter region (-447G>C and -132C>G). There is only one SNP at the position -447 in the Thai population. No significant differences in genotype and allele frequency were observed between BA and controls or with BA subgroups. In this experiment, serum CTGF levels in patients cannot be distinguished from the control group because the system of ELISA technique was not optimized. In conclusion, our population *CTGF* polymorphism at -447G>C is not involved with BA and susceptibility of the host.

Field of study ..... Medical Science ..... Student's signature..... Pattraratida Sa-nguanmoo  
Academic year ..... 2005 ..... Advisor's signature..... Yong Por  
Co-advisor's signature..... Paisarn Vejchapiwat