جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

مجله علوم آزمایشگاهی، دوره پنجم(شماره1) بهار و تابستان 1390

تحقیقی

دارای رتبه علمی - پژوهشی از کمیسیون
نشریات علوم پزشکی کشور

پلی مورفیسم ژن گیرنده اینترفرون گاما در بیماران مسلول

الهام بیرانوند
دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه ایمنی شناسی و میکروب شناسی،دانشگاه علوم پزشکی مازندران

سعید عابدیان کناری
دکترای علوم آزمایشگاهی و متخصص ایمنی شناسی(PhD)،مرکز تحقیقات بیولوژی سلولی و مولکولی و گروه ایمنی شناسی و میکروب شناسی دانشگاه علوم پزشکی مازندران

عباس قاهری
پزشک عمومی، مرکز بهداشت استان مازندران

محمد صادق رضایی
فوق تخصص عفونی اطفال، گروه کودکان ، دانشگاه علوم پزشکی مازندران

هادی حسن نیا
دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه ایمنی شناسی و میکروب شناسی،دانشگاه علوم پزشکی مازندران

محترم نصرالهی
استاد میکروب شناسی، عضو هیئت علمی دانشگاه علوم پزشکی مازندران

محمد رضا پارسایی
پزشک عمومی، مرکز بهداشت استان مازندران

محمد آهنجان
دکترای میکروب شناسی، گروه ایمنی شناسی و میکروب شناسی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران

بهنوش بیرانوند
دانشجوی کارشناسی ارشد آمار زیستی ، دانشگاه علوم پزشکی مازندران ،ساری، ایران

الهام احمدی باصیری
دانشجوی پزشکی،دانشگاه علوم پزشکی جندی شاپوراهواز

فرشته جیواد
دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه ایمنی شناسی و میکروب شناسی،دانشگاه علوم پزشکی مازندران

زمینه و هدف *: اینترفرون گاما و اینترفرون گاما رسپتور(IFNγ/IFNγR) مهم ترین ژنهای مرتبط با سل هستند که نقش مهمی در بروز این بیماری در افراد مستعد دارند. هدف از پژوهش حاضر بررسی پلی مورفیسم ژن گیرنده اینترفرون گامای شماره یک (56C/T –) در افراد مبتلا به سل می باشد.*

روش بررسی: *در یک مطالعه مورد- شاهدی، 62 بیمار مبتلا به سل و 74 فرد سالم انتخاب شدند. استخراج DNA ژنومیک از خون محیطی با استفاده از کیت شرکت Roche (آلمان) و تعیین ژنوتیپ با روش PCR-RFLP انجام شد. آنالیز وابستگی ژنوتیپ ها و آلل ها با بیماری در مقایسه با گروه کنترل، با استفاده از آزمون مربع کای و رگرسیون لجستیک دو طرفه توسط نرم افزار SPSS نسخه 18 محاسبه شد.*

یافته‌ها *: نتایج حاصل از بررسی فراوانی ژنوتیپی و آللی بیانگر آن بود که فراوانی ژنوتیپ TT در بیماران مبتلا به سل و افراد سالم به ترتیب 5/ 43 درصد و 17/5 درصد بوده است که با استفاده از آماره ی رگرسیون لجستیک 0/148 = نسبت شانس و P =0/006 به دست آمد که بیانگر اختلاف معنی داری بین گروه مورد وشاهد می باشد. هم چنین فراوانی آلل T در بیماران مبتلا به سل 62/09 درصد بوده است که با استفاده از آماره ی رگرسیون لجستیک 0/418= نسبت شانس و P =0/028 ، به دست آمد که این نتایج نیز بیانگر ارتباط معنی داری بین گروه مورد وشاهد می باشد.*

نتیجه گیری: *نتایج این مطالعه نشان می دهد که پلی مورفیسم ناحیه پروموتر ژن IFNγR در موقعیت 56C/T– در بیماران مبتلا به سل فراوانی بیشتری دارد بنابراین می تواند در استعداد ابتلا بیماری سل نقش موثری داشته باشد.*

واژه های کلیدی *:سل ، اینترفرون گاما رسپتور، واکنش زنجیره ای پلی مراز*

نویسنده مسئول: سعید عابدیان کناری
تلفن : 09121985667
پست الکترونیک:
abedianlab@yahoo.co.uk
آدرس دانشگاه علوم پزشکی مازندران ،دانشکده پزشکی ،گروه میکروبشناسی و ایمونولوژی

وصول مقاله: 90/6/13
اصلاح نهایی: 90/10/4
پذیرش مقاله:90/10/10

آدرس مقاله:
بیرانوند ا، عابدیان کناری س، قاهری ع، رضایی م ص، حسن نیا ه ، نصرالهی م، پارسایی م ر، آهنجان م، بیرانوند ب، احمدی باصیری ا ، جیواد ف. پلی مورفیسم ژن گیرنده اینترفرون گاما در بیماران مسلول. مجله علوم آزمایشگاهی، 1390دوره پنجم(شماره1) : 23-18

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

مقدمه

سل یکی از مهم ترین بیماری های عفونی در جهان است که سالیانه موجب مرگ ومیر حدود دو میلیون نفر در جهان می شود.(1). ماکروفاژهای آلوئولار پس ازورود مایکوباکتریوم توبرکلوزیس به دستگاه تنفس ،میکروب سل را شناسایی و فاگوسیت می کنند و سپس با ارائه آنتی ژن ها به لنفوسیتهای T موجب تولید سایتوکاین های التهابی توسط این سلولها می شود(2). هنگامی که بیماری سل با عواملی مثل نقص ایمنی اکتسابی(ایدز) ، سوءتغذیه ، دیابت ومقاومت دارویی سویه های مایکوباکتریوم همراه شود برای درمان وپیشگیری این بیماری به استراتژی های جدیدی نیاز است. سیستم ایمنی بدن نقش مهمی در پاتوژنز و پیشرفت این بیماری دارد. در نتیجه با پی بردن به نحوه برخورد پاسخهای سیستم ایمنی در مقابل عفونت با مایکوباکتریوم توبرکلوزیس و بررسی فاکتورهای ژنتیکی می توان به مکانیسم بیماری زایی سل پی برد. هر چند که اطلاعات مربوط به مکانیسم های دفاعی بدن در مقابل مایکوباکتریوم توبرکلوزیس وممانعت از بروز این بیماری پس از ترزیق واکسن محدود می باشد(3)، با این وجود نقش فاکتور های ژنتیکی در بروز و پیشرفت این بیماری به اثبات رسیده است (4). ژنهای مختلفی ازجمله MHC کلاس یک(5)،NRAMP1 (6) ،رسپتور ویتامین D (7)، Toll-like receptor2 (8)، IFNγ و دیگر رسپتورهای این ژن با تولید سایتوکاین های اختصاصی و ایجاد شبکه ی سایتوکاینی در کنترل این بیماری نقش مهمی دارند (9).

IFNγR اولین ومهم ترین ژن مرتبط با سل می باشد که واریانتهای این ژن در استعداد ابتلا به این بیماری نقش مهم وشناخته شده ای دارند (10و11). IFNγR هترودایمری از IFNγR1 و IFNγR2 است که بر روی کروموزوم شماره6 قرار گرفته است ودارای هفت اگزون و شش اینترون است (12). IFNγ / IFNγR دارای نقشهای متعددی شامل فعالیت های ضد میکروبی، ضدویروسی و تنظیم پاسخهای سیستم ایمنی می باشد.IFNγ به عنوان محرک اصلی سلولهای عرضه کننده آنتی ژن مانند سلولهای دندریتیک و ماکروفاژها است که دارای فعالیت ضدسلولهای سرطانی نیز می باشد (13) . در مطالعاتی که بر روی حیوانات آزمایشی صورت گرفته نشان دهنده ارتباط IFNγ / IFNγR با بعضی از عفونت ها مانند ایدز، هپاتیت وسل است (14). علاوه بر این، موتاسیون در ژن SNP (+874T/A) IFN-γ با بیماری سل ریوی در اسپانیا(15) ، افریقای جنوبی(16) ،جزایر سیسیل (17)وچین(18) به اثبات رسیده است. با توجه به این که اطلاعات کاملی از موتاسیون ژن IFNγR1 با بیماری سل در کشور ما و هم چنین دیگر کشورها وجود ندارد ، لذا در این پژوهش سعی شده طی یک مطالعه مورد شاهدی ارتباط جهش در ژن گیرنده اینترفرون گاما و بیماری سل بررسی شود.

روش بررسی

جمعیت مورد مطالعه: در این مطالعه مورد -شاهدی، 62 بیمار مبتلا به سل (33مرد و 29زن که 45مورد دارای سل ریوی و17 نفر مبتلا به فرم خارج ریوی بودند) مراجعه کننده به مرکز بهداشت استان مازندران و74 فرد سالم(51مرد و23زن) با همسان سازی سن و جنس و نژاد پس از کسب رضایت اگاهانه انتخاب شدند. افرادی که به عنوان گروه شاهد انتخاب شدند فاقد هر گونه علایم کلینیکی ابتلا به سل یا سابقه عفونت حاد یا مزمن ریوی بودند. انتخاب بیماران این مطالعه برطبق معیارهای سازمان بهداشت جهانی(WHO) صورت گرفته بود که شامل: مشاهده آدنوپاتی ناف ریه، مثبت شدن نتیجه کشت یا اسمیر مستقیم و داشتن علائم کلینیکی بوده است (1). تمامی شرکت کنند گان در این مطالعه ایرانی وفاقد نقص ایمنی اکتسابی(ایدز)بودند.

جمع آوری نمونه واستخراج DNA:

از همه افراد تحت مطالعه مقدار 2 میلی لیتر خون محیطی، در لوله های استریل حاوی EDTA جهت استخراج DNA جمع آوری شد. DNA ژنومی با استفاده از کیت استخراج DNA (Roche, Germany) بر طبق دستورالعمل شرکت سازنده استخراج شد. تعیین ژنوتیپ با استفاده از واکنش زنجیره ایی پلی مراز به روش هضم آنزیمی PCR-RFLP انجام شد. برای انجام PCR، 100 نانوگرم از DNA ژنومی، 0/5 میکرومول از هر کدام از پرایمرهای مربوطه(جدول 2)، 200 میکرومول dNTP، 2 میلی مول MgCl2، 25/1 واحداز آنزیمTaq پلی مراز (فرمنتاز، ایتالیا) در حجم نهایی 25 میکرولیتر باهم مخلوط شدند، سپس تکثیر به

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

روش واکنش زنجیره ای پلیمراز در دستگاه ترمال سایکلر (اپندروف، آلمان) بر اساس پروفایل دمایی ، دناتوراسیون اولیه 4 دقیقه در 94 درجه سانتیگراد، 35 سیکل در 94 درجه سانتیگراد (30 ثانیه) و 61 درجه سانتیگراد (30 ثانیه) و 72 درجه سانتیگراد (40 ثانیه) و در نهایت به مدت 5 دقیقه در 72 درجه سانتیگراد انجام شد. جهت هضم آنزیمی محصول PCR جایگاه 56-، با 2 واحد آنزیم AfeI (فرمنتاز، ایتالیا) به مدت 12 ساعت در دمای 37 درجه سانتیگراد انکوبه شدند. سپس محصول هضم را برای مشاهده بر روی ژل آگارز 1/5 % برده و بعد از رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید توسط دستگاه ترانس ایلومیناتور آشکارسازی باندهای CC (bp 304 ،115) ، CT(304،115،419 bp)، TT (419 bp) صورت گرفت (شکل شماره 1).

انواع ژنوتیپ های بدست آمده در حاصل جهت تعیین ژنوتیپ با استفاده از ژل آگارز مقابل DNA Ladder 100bp نشان داده شده است.

آنالیز آماری: داده های بدست آمده با استفاده از تست های آماری مربع کای و یا آزمون دقیق فیشر بررسی شدند، علاوه بر این ارتباط بین پلی مرفیسم ژن IFNγR با بیماری سل (نسبت شانس) با استفاده از آزمون رگرسیون لجستیک با سطح اطمینان 95 درصد مورد ارزیابی قرار گرفتند. P value کمتر از 0/05 از لحاظ آماری معنی دار در نظر گرفته شد.

یافته ها

در مجموع 136 فرد (52 زن و 84 مرد) در این مطالعه مورد ارزیابی قرار گرفتند. مشخصات دموگرافیگ و یافته های آزمایشگاهی افراد مورد مطالعه در جدول شماره 1 خلاصه شده است. همانطور که مشاهده می شود سن و جنس در این افراد همسان سازی شده و برای جلوگیری از تاثیر فاکتور های محیطی همه افراد از یک منطقه جغرافیایی بودند. نتایج حاصل از بررسی فراوانی ژنوتیپی و آللی پلی مورفیسم ژن IFNγR در این مطالعه در دو گروه بیماران سلی و کنترل در جدول شماره 3 آورده شده است. همانطور که مشاهده می شود فراوانی ژنوتیپ TT در بیماران مبتلا به سل 43/5 درصد بوده است که با استفاده از آماره ی رگرسیون لجستیک 0/148 = نسبت شانس و P =0/006 به دست آمد که بیانگر اختلاف معنی داری بین گروه مورد و شاهد می باشد. هم چنین فراوانی آلل T در بیماران مبتلا به سل 62/09 درصد بوده است که با استفاده از آماره ی رگرسیون لجستیک 0/418= نسبت شانس و P =0/028 ، به دست آمد که این نتایج نیز بیانگر ارتباط معنی داری بین گروه مورد وشاهد می باشد.

جدول شماره 1: مشخصات دموگرافیگ و برخی از یافته های آزمایشگاهی بیماران مبتلا به سل و افراد شاهد

	کنترل (تعداد=74)	بیمار سلی (تعداد=62)	P -value
سن(mean ± SD)	42/2±14/1	45/9±17/6	0/17
جنس (زن)	23	29	0/06

جدول شماره 2: توالی پرایمرها و آنزیم های محدودالاثر برای تعیین ژنوتیپ

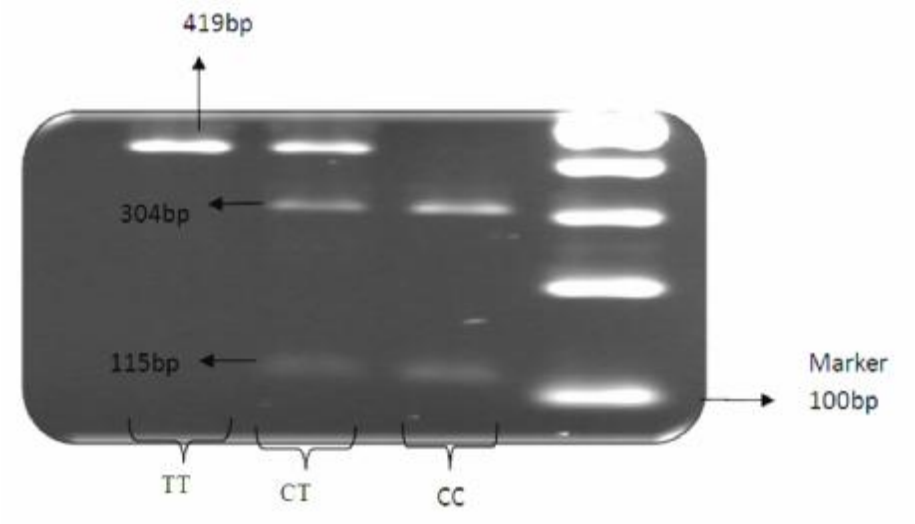
موقعیت	روش	توالی پرایمرها	آنزیم های محدودالاثر	شکل های آللی
−56C/T (rs2234711)	RFLP-PCR	Forward: 5′- GCCCATCTCAGCCCTGCTCA3 ′- Reverse: 5′- ATTGTGGCTCGGCTGTGGCC -3′	AfeI	C: 115+304 bp T: 419 bp

جدول شماره 3: فراوانی ژنوتیپی و آللی پروموتر ژن IFNγR1 در بیماران مبتلا به سل و افراد شاهد

موقعیت	ژنوتیپ/الل	شاهد	سل	نسبت شانس[a]	P - value[b]
		تعداد (%)	تعداد (%)	(ضریب اطمینان 95%)	
-56	CC	39 (52/7)	12 (19/3)	1(مرجع)	
	CT	22 (29/7)	23 (37 /09)	0/148	0/006
	TT	13(17/5)	27(43/5)		
	C	100 (67/5)	47 (37/9)	0/418	0/028
	T	48 (32/4)	77(62/09)		

[a] با استفاده از آزمون لجستیک رگرسیون محاسبه شد

[b] با استفاده از آزمون مربع کای محاسبه شد



شکل شماره 1: بررسی پلی مورفیسم های 56C/T− در پروموتر ژنIFNγR1

بحث

امروزه سل به عنوان یکی از مهم ترین بیماری ها در جهان است که سالیانه موجب مرگ ومیر میلیونها نفر می شود. فاکتورهای ژنتیکی متعددی در بروز وپیشرفت این بیماری دخالت دارد(5). سیستم ایمنی اختصاصی باتولید سایتوکاین هایی نظیرIFN-γ ،IL-12 وIL-18 می تواند به حذف مایکوباکتریوم توبرکلوزیس کمک کند(19). اولین ژن مرتبط با بیماری سلIFNγR می باشد که علاوه بر فعالیت ضد ویروسی وضد میکروبی، نقش مهمی در تنظیم پاسخهای سیستم ایمنی دارد(10و11). درطی یک مطالعه تجربی انجام شده بر روی موشهای فاقد ژن (IFNγR1-/-) وآلوده شده با باسیل کالمت گرین نشان داده شد که این موشها فاقد توانایی تولید مناسب متابولیتهای نیتروژن و اکسیژن هستند(20). در پژوهشی دیگر، ارتباط بین پلی مورفیسم ژن اینتر فرون گاما و حساسیت به سل نشان داده که آللA موتاسیون A/T 874+ در اولین جایگاه اینترون کاندیدی برای ابتلا به سل بوده است. علاوه بر این، مطالعات تجربی دیگر نشان داده که موتاسیون های نقطه ای می توانند از طریق تنظیم سطح فاکتورهای رونویسی مانند nuclear factor-KB ، بیان ژن اینترفرون گاما را تنظیم کنند(23-21). در بررسی که موران وهمکارانش در تکزاس ایالات متحده انجام دادند مشاهده کردند که بین موتاسیون 874A/T+ وبیماری سل ارتباط معنی داری وجود نداشت(24) ولی در طی یک مطالعه مورد شاهدی که در جنوب شرقی چین برروی این موتاسیون انجام شده، نشان داده شد که ارتباط معنی دار ی بین بیماری سل و گروه کنترل بوده است(25). در این پژوهش ارتباط بین پلی مورفیسم (rs2234711) 56C/T- وحساسیت به توبرکلوزیس نشان داده شده است (جدول شماره3). اما دربررسی که Kardum وهمکارانش انجام دادند، نشان می دهد که ارتباط معنی داری بین موتاسیون های (G-611A, T-56C) وابتلا به سل در جمعیت مورد مطالعه وجود نداشته است (26). با مطالعه ی مورد شاهدی که در کشورچین برروی افراد مبتلا به هپاتیت مزمن انجام شده نشان دهنده ارتباط بین پلی مورفیسم 56C/T- و پیشرفت این بیماری بوده است(27). با این وجود در پژوهشی دیگر ارتباط بین موتاسیون (G-611A, T-56C) و استعداد ابتلا به بیماری سل به اثبات رسیده است(28).

نتیجه گیری

نتایج حاصل از این تحقیق نشان می دهد که گیرنده اینترفرون گاما از پروتئینهای موثر در پاتوژنز بیماری محسوب شده و لذا پیشنهاد می شود که شناخت مکانیسم های مولکولی این ژن میتواند در پیشگیری و درمان بیمارا ن مبتلا به سل نقش موثری داشته باشد. نتیجه گیری نهایی حاصل از این مطالعه موید رل احتمالی موتاسیون56C/T- ژنIFNγR در ابتلا به بیماری سل می باشد.

تشکر وقدردانی

نویسندگان بدین وسیله از تمامی افراد شرکت کننده در این تحقیق نهایت تشکر را دارند. این مطالعه در معاونت تحقیقات و فن آوری دانشگاه علوم پزشکی مازندران به شماره -89 به ثبت رسیده است که نویسندگان تشکر و قدر دانی خود را از آن معاونت محترم اعلام میدارند. علاوه بر این شایسته است که از زحمات آقای فرازمند، دکتر نیما روحانی وخانم پدرام فرو که در تمامی مراحل این پایان نامه ما را مساعدت نمودند قدردانی شود.

References

1-Global tuberculosis control – surveillance, planning, financing,WHO report 2008; http://www.who.int/tb report//publications/global_ en/index.html.

2-Flynn JL, Chan J.*Immunology of tuberculosis.* Ann Rev Immunol . 2001; 19:93-129.

3-World Health Organization: WHO Report 2009: Global Tuberculosis Control-Epidemiology, Strategy, Financing Geneva: WHO; 2009.

4- Stein CM , Zalwango S , Chiunda AB , Millard C , Leontiev D V , Horvath A L, et al. *Linkage and association analysis of candidate genes for TB and TNFa cytokine expression: evidence for association with IFNGR1, IL-10, and TNF receptor 1 genes*. Hum Genet. 2007; 121(6):663–73.

5- Goldfeld AE, Delgado JC, Thim S, Bozon MV, Uglialoro AM, Turbay D, et al. *Association of an HLA-DQ allele with clinical tuberculosis*. Jama .1998; 279(3):226–8.

6- Bellamy R, Ruwende C, Corrah T, McAdam KP, Whittle HC, Hill AV.*Variatio s in the NRAMP1 gene and susceptibility to tuberculosis in West Africans*. N Engl J Med. 1998; 338(10):640–4.

7- Wilkinson R J, Llewelyn M, Toossi Z, Patel P, Pasvol G, Lalvani A, et al. *Influence of vitamin D deficiency and vitamin D receptor polymorphisms on tuberculosis among Gujarati Asians in west London: a case-control study*. Lancet. 2000; 355:618–21.

8- Ben AM, Barbouche MR, Bousnina S, Chabbou A, Dellagi K. *Toll-like receptor 2 Arg677Trp polymorphism is associated with susceptibility to tuberculosis in Tunisian patients*. Clin Diagn Lab Immunol .2004; 11(3):625–6.

9- Cooper AM, Khader SA.*The role of cytokines in the initiation, expansion, and control of cellular immunity to tuberculosis*. Immunol Rev . 2008; 226:191-204.

10-Jouanguy E, Lammamedi CS, Altare F. *Partial interferon-c receptor 1 deficiency in a child with tuberculoid bacillus Calmette Guerlin infection and a sibling with clinical tuberculosis.* J Clin Invest. 1997; 100(11):2658–64.

11- Jouanguy E, Lamhamedi-Cherradi S, Lammas D, Dorman SE, Fondanèche MC, Dupuis S, et al. *A human IFNGR1 small deletion hotspot associated with dominant susceptibility to mycobacterial infection*. Nat Genet 1999; 21(4):370–8.

12- Bulat-Kardum L, Etokebe GE, Knezevic J, Balen S, Matakovic-Mileusnic N, Zaputovic L, etal. *Interferon-gamma receptor-1 gene promoter polymorphisms (G-611A; T-56C) and susceptibility to tuberculosis*. Scand J Immunol. 2006; 63(2):142–50.

13- Mogues T, Goodrich ME, Ryan L, LaCourse R, North RJ.*The relative importance of T cell subsets in immunity and immunopathology of airborne Mycobacterium tuberculosis infection in mice.* J Exp Med . 2001; 193(3):271–80.

14- Altare F, Jouanguy E, Lamhamedi-Cherradi S, Fondanéche MC, Fizame C, Ribiérre F, etal. *A causative relationship between mutant IFNgR1 alleles and impaired cellular response to IFN gamma in a compound heterozygous child.* Am J Hum Genet.1998; 62(3):723–6.

15-Lopez-Maderuelo D, Arnalich F, Serantes R, Gonzalez A, Codoceo R, Madero R, et al. *Interferon-g and interleukin-10 gene polymorphisms in pulmonary tuberculosis*. Am J Respir Crit Care Med. 2003; 167(7):970–5.

16- Rossouw M, Nel HJ, Cooke GS, van Helden PD, Hoal EG. *Association between tuberculosis and a polymorphic NFKB binding site in the interferon g gene.* Lancet. 2003; 9372 (361):1871–2.

17-Lio D, Marino V, Serauto A, Gioia V, Scola L, Crivello A, et al.*Genotype frequencies of the +874 T-A single nucleotide polymorphism in the first intron of the interferon-g gene in a sample of Sicilian patients affected by tuberculosis*. Eur J Immunogenet. 2002; 29(5):371–4.

18- He J, Wang J, Lei D , Ding S. *Analysis of Functional SNP in Ifng/Ifngr1 in Chinese Han Population with Tuberculosis.* Scandinavian Journal of Immunology .2010; 71(6):452–458.

19- Casanova JL, Abel L. *Genetic dissection of immunity to mycobacteria: the human model*. Annu Rev Immunol.2002; 20:581–620.

20-Kamijo R, Gerecitano J, Shapiro D, Green SJ, Aguet M, Le J, et al. *Generation of nitric oxide and clearance of interferongamma after BCG infection are impaired in mice that lack the interferon-gamma receptor*. J InXamm. 1995; 46(1):23–31.

21-Rossouw M, Nel HJ, Cooke GS, Van Helden PD, Hoal EG. *Association between tuberculosis and a polymorphic NFkappaB binding site in the interferon gamma gene.* Lancet. 2003; 361(9372):1871-2.

22- Pravica V, Asderakis A, Perrey C, Hajeer A, Sinnott PJ, Hutchinson IV. *In vitro production of IFN-gamma correlates with CA repeat polymorphism in the human IFN-gamma gene*. Eur J Immunogenet.1999; 26(1):1–3.

23- Bream JH, Ping A, Zhang X, Winkler C, Young HA. *A single nucleotide polymorphism in the proximal IFN-gamma promoter alters control of gene transcription.* Genes Immun .2002;3(3):165–9.

24- Moran A, Ma X, Reich RA, Graviss EA. *No association between the +874T／A single nucleotide polymorphism in the IFN-γ gene and susceptibility to TB.* Int J Tuberc Lung Dis.2007; 11(1):113–5.

25- Ding S, Li L, Zhu X.*Polymorphism of the interferon-γ gene and risk of tuberculosis in a southeastern Chinese population*. Hum Immunol . 2008; 69(2):129–33

26- Bulat-Kardum L, Etokebe GE, Knezevic J, Balen S, Matakovic-Mileusnicy N, Zaputovic L, et al. *Interferon-γReceptor-1 Gene Promoter Polymorphisms (G-611A; T-56C) and Susceptibility to Tuberculosis.* Scandinavian Journal of Immunology. 2006; 63(2): 142–150.

27- Zhou J, Chen DQ, Poon VK, Zeng Y, Ng F, Lu L, et al. *A regulatory polymorphism in interferon-γ receptor 1 promoter is associated with the susceptibility to chronic hepatitis B virus infection*. Immuno genetics. 2009; 61(6):423–430.

28-Rosenzweig SD, Schaffer AA, Ding L, Sullivan R, Enyedi B, Yim JJ, et al. *Interferon-gamma receptor 1 promoter polymorphisms: population distribution and functional implications*. Clin Immunol .2004; 112(1):113-9.