

· 论 著 ·

# Penta D、Penta E 基因座与军人被动攻击行为关联的病例对照研究

过 伟<sup>1</sup>, 巴华杰<sup>2</sup>, 杨 春<sup>1</sup>, 余海鹰<sup>1</sup>, 赵汉清<sup>1</sup>, 高志勤<sup>1</sup>

[摘要] 目的 探讨军人被动攻击行为与 Penta D、Penta E 基因座的关联情况。方法 采用 PCR 结合毛细管电泳的方法对 178 例男性军人被动攻击行为者(研究组)和 459 例健康男性(对照组)的外周静脉血样进行 Penta D、Penta E 基因座的基因型分析,观察两组在 Penta D、Penta E 基因座的等位基因及基因型分布差异。结果 Penta D、Penta E 基因座均符合遗传平衡定律(Hardy-Weinberg 定律);Penta E 基因座等位基因及基因型频率在两个群体中分布差异有统计学意义( $P < 0.05$ );在两个群体中 Penta E 基因座的基因型 16-18 的频率分布差异有统计学意义( $P < 0.01$ , OR: 6.564, 95% CI: 2.278 ~ 18.914);Penta D 基因座等位基因频率及基因型频率在两个群体中分布无显著差异( $P > 0.05$ )。结论 Penta E 基因座多态性与军人被动攻击行为的发生存在关联,Penta E 基因座基因型 16-18 为军人被动攻击行为的遗传易感因素。

[关键词] 军人;被动攻击行为;短串联重复序列;遗传多态性;病例对照研究

[中图分类号] R349.64 [文献标志码] A doi:10.3969/j.issn.1672-271X.2013.03.006

## Case-control study of association between Penta D, Penta E loci with passive aggressive behaviors of army-men

GUO Wei<sup>1</sup>, BA Hua-jie<sup>2</sup>, YANG Chun<sup>1</sup>, YU Hai-ying<sup>1</sup>, ZHAO Han-qing<sup>1</sup>, GAO Zhi-qin<sup>1</sup>. 1. 102 Hospital of PLA, Changzhou, Jiangsu 213003, China; 2. DNA Laboratory of the Bureau of Changzhou Public Security, Changzhou, Jiangsu 213003, China

[Abstract] Objective To investigate the relationship between the passive aggressive behavior of army-men and Penta D and Penta E loci. Methods PCR and electrophoresis method were used to conduct genotype analysis on Penta D and Penta E in the peripheral blood of 178 passive-aggressive violent offenders of army-men and 459 healthy men. Results Penta D and Penta E loci in army-men with passive-aggressive behavior and healthy group were found to coincide with Hardy-Weinberg equilibrium ( $P > 0.05$ ). There was a significant difference in locus Penta E ( $P < 0.05$ ) between both groups, not on locus Penta D ( $P > 0.05$ ). There was significant differences at genotype 16-18 on locus Penta E between the two groups ( $P < 0.01$ ), with the OR values being 6.564 (95% CI: 2.278 to 18.914). Conclusion Locus Penta E might be associated with passive-aggressive behavior of army-men, with genotype 18-19 being the genetic susceptible factor.

[Key words] army-men; passive-aggressive behavior; short tandem repeats (STRs); genetic polymorphism; case-control studies

被动攻击行为是一个体在情感反应的作用下草率地、不考虑后果地对另一个体造成身体伤害的行为<sup>[1]</sup>。被动攻击行为者在实施冲动攻击行为时往往不能控制自己的行为,事后多后悔<sup>[2]</sup>。研究表明攻击行为的发生具有一定的生物学基础<sup>[3]</sup>,与社会、家庭、环境和遗传等因素密切相关<sup>[4]</sup>。

短串联重复序列(short tandem repeat, STR)基因座在染色体上呈串联排列,具有多态性<sup>[5]</sup>,广泛存在于人类基因组非编码区中。曾被人们认为是不会提供任何遗传信息特征的“无用的 DNA”<sup>[6]</sup>。现认识到这些 STR 基因座所在的染色体区域包含有

多达几十万千碱基的 DNA 序列,并与染色体上的“热点区域”结合而表现出高度的连锁不平衡(linkage disequilibrium, LD)<sup>[7-8]</sup>。且 STR 基因座基因组区或单倍型区的区域,能够保守地在不同群体间传递或仅出现在某些特定的群体中<sup>[9]</sup>。可见,非编码区域的 STR 基因座遗传标记的多态性可能会提供附近与其连锁的编码区的遗传信息。目前,STR 基因座已广泛应用于基因作图、定位克隆、亲子鉴定、疾病机理的连锁分析以及肿瘤生物学、群体遗传学和进化生物学的研究。杨春等<sup>[10]</sup>研究了 15 个 STR 基因座与冲动暴力(被动攻击)行为的关联情况,发现 STR 基因座的 THO1 和 TPOX 与冲动暴力行为存在关联。而 STR 基因座中 Penta D 和 Penta E 与军人被动攻击行为的关联研究还未见报道。本研究选取 STR 的基因座 Penta D、Penta E 采用病例-对照

作者单位: 1. 213003 江苏常州,解放军 102 医院; 2. 213003 江苏常州,常州市公安局刑警支队 DNA 实验室  
通讯作者: 杨 春, E-mail: yangchun8749@163.com

关联的研究方法应用于军人被动攻击行为的研究,以探寻与军人被动攻击行为发生相关联的遗传易感因素和(或)抗性因素。

## 1 对象和方法

**1.1 研究对象** 研究组:为某军区 2005 年 1 月—2012 年 8 月期间实施伤人具有被动攻击行为的汉族男性军人 178 例,相互之间无亲缘关系,户籍地均为江苏省,且经两名精神科主治医师调查排除脑外伤史、酒精与药物滥用史及重性精神疾病史。年龄 18~35( $25.8 \pm 5.9$ )岁;被动攻击行为使用工具:钝器 39 例,锐器 49 例,徒手 90 例;学历:初中 33 例,高中 83 例,大学 62 例。对照组:均为来自我院及其他单位的男性健康体检者。共 459 名,年龄 22~84( $26.5 \pm 12.6$ )岁;户籍地均为江苏省。经调查无犯罪记录、攻击行为及重性精神疾病史,家系调查均排除攻击行为及精神疾病史。两组年龄差异均无统计学意义( $P > 0.05$ )。所有受试者均对本研究知情同意并签署知情同意书;本研究经医院伦理委员会审核批准。

### 1.2 方法

**1.2.1 样本采集** 采集研究对象的外周静脉血 5 ml,乙二胺四乙酸(EDTA)抗凝,−80℃保存。

**1.2.2 模板 DNA 制备** 采用 Chelex-100 提取法提取所有样本的 DNA<sup>[11]</sup>。

**1.2.3 PCR 扩增** Penta D 基因座正向引物 5'-GAAGGTCGAAGCTGAAGTG-3',反向引物 5'-ATTA-GAATTCTTTAATCTGGACACAAG-3'(Gen Bank Accession:AP001752);Penta E 基因座正向引物 5'-AT-TACCAACATGAAAGGGTACCAATA-3',反向引物 5'-TGGGTTATTAATTGAGAAAACCTCCTTACAATTT-3'(Gen Bank Accession:AC027004),由上海生工生物工程技术服务有限公司合成。分别对 Penta D、Penta E 基因座进行 PCR 扩增,反应体系为 25 μl,其中含 KCl 50 mmol/L, Tris HCl (PH:8.3) 10 mmol/L, MgCl<sub>2</sub> 2.5 mmol/L, dNTPs 200 μmol/L, 引物均为 0.2 μmol/L, Taq Gold polymerase 2.5 U, DNA 模板 1 μl,加去离子水至终体积 25 μl。扩增条件:95℃ 10 min 后;94℃ 35 s,60℃ 1 min,70℃ 1 min,各 28 个循环;60℃ 60 min;4℃ 保存。每次 PCR 添加 PCR 阳性对照(Control DNA 9947A)及阴性对照

(dH<sub>2</sub>O)。

**1.2.4 PCR 产物电泳及检测** 采用 ABI3130XL 遗传分析仪(ABI 公司)对扩增产物进行自动毛细管电泳,由 Genscan 1.0 软件搜集检测数据,再由 Gene MapperID v3.2 软件(ABI 公司)分析基因产物片段长度并对等位基因进行分型。每次检测添加等位基因分型标准物(Promega 公司)及结果检测空白对照(dH<sub>2</sub>O)。

**1.3 统计学处理** 采用 PowerStats 分析软件(Promega 公司)对 STR 基因座等位基因及基因型数据进行处理;应用遗传平衡定律(Hardy-Weinberg 定律)软件对基因座的基因型数据进行  $\chi^2$  检验;采用 IBM SPSS Statistics 19 软件对基因座等位基因及基因型在研究组和对照组中的分布差异进行  $R \times C \chi^2$  检验,对于出现 1/5 以上格子理论频数(T, theoretical frequency) < 5 或  $T < 1$  时,采用 Fisher 方法计算确切 P 值, $P < 0.05$  为差异有统计学意义;基因座等位基因或基因型频率在 2 个群体中的显著性检验采用四格表  $\chi^2$  检验,对于任一格  $T < 1$  时,采用 Fisher 方法计算确切 P 值,显著性水准采用 Bonferroni 多重检验校正,即: $\alpha = 0.05/n$ ( $n$  为同一 STR 基因座等位基因或基因型检验的次数),计算存在显著差异基因座等位基因或基因型的优势比(odds ratio, OR)及 95% 可信区间(confidence interval, CI)。

## 2 结果

**2.1 Hardy-Weinberg 平衡检验** 对研究组及对照组 Penta D、Penta E 基因座的基因型频率观察值和理论值进行  $\chi^2$  检验,基因型频率分布均符合 Hardy-Weinberg 平衡( $P > 0.05$ )。

**2.2 两组 STR 基因座等位基因及基因型频率分布差异** 由表 1 可见,研究组与对照组 Penta E 基因座等位基因( $\chi^2 = 33.76, P < 0.05$ )及基因型( $\chi^2 = 225.25, P < 0.01$ )频率分布的差异显著;研究组与对照组在 Penta E 基因座基因型 16-18 的频率分布分别为 6.74% 和 1.09%,差异有统计学意义( $P < 0.05/118, OR:6.564, 95\% CI:2.278 \sim 18.914$ )。

STR 基因座 Penta D 等位基因及基因型频率在两个群体中的分布差异均无统计学意义( $P > 0.05$ )。

表 1    研究组与对照组 Penta E 基因座基因型频率的比较(频数,%)

基因型	研究组	对照组	基因型	研究组	对照组	基因型	研究组	对照组
5-5	0(0.00)	4(0.87)	11-15	4(2.25)	8(1.74)	14-21	1(0.56)	4(0.87)
5-10	1(0.56)	0(0.00)	11-16	3(1.69)	12(2.61)	14-22	0(0.00)	1(0.22)
5-11	2(1.12)	9(1.96)	11-17	2(1.12)	8(1.74)	15-15	1(0.56)	2(0.44)
5-12	3(1.69)	4(0.87)	11-18	0(0.00)	11(2.40)	15-16	4(2.25)	4(0.87)
5-13	1(0.56)	2(0.44)	11-19	5(2.81)	6(1.31)	15-17	2(1.12)	2(0.44)
5-14	1(0.56)	1(0.22)	11-20	4(2.25)	0(0.00)	15-18	0(0.00)	6(1.31)
5-15	1(0.56)	6(1.31)	11-21	0(0.00)	4(0.87)	15-19	0(0.00)	5(1.09)
5-16	4(2.25)	6(1.31)	11-22	0(0.00)	2(0.44)	15-20	2(1.12)	4(0.87)
5-17	3(1.69)	2(0.44)	11-23	0(0.00)	1(0.22)	15-21	2(1.12)	2(0.44)
5-18	0(0.00)	2(0.44)	11-24	0(0.00)	2(0.44)	15-22	0(0.00)	2(0.44)
5-19	0(0.00)	8(1.74)	11-25	1(0.56)	0(0.00)	15-23	1(0.56)	0(0.00)
5-20	1(0.56)	0(0.00)	12-12	2(1.12)	4(0.87)	15.3-19	1(0.56)	0(0.00)
5-21	1(0.56)	2(0.44)	12-13	3(1.69)	4(0.87)	16-16	3(1.69)	5(1.09)
5-22	0(0.00)	2(0.44)	12-14	5(2.81)	8(1.74)	16-17	4(2.25)	13(2.83)
8-8	1(0.56)	0(0.00)	12-15	7(3.93)	8(1.74)	16-18	12(6.74)	5(1.09)*
8-10	0(0.00)	2(0.44)	12-16	2(1.12)	6(1.31)	16-19	2(1.12)	3(0.65)
8-12	1(0.56)	0(0.00)	12-17	1(0.56)	11(2.40)	16-20	1(0.56)	6(1.31)
8-17	0(0.00)	1(0.22)	12-18	1(0.56)	11(2.40)	16-21	1(0.56)	0(0.00)
9-9	0(0.00)	4(0.87)	12-19	4(2.25)	5(1.09)	16-22	0(0.00)	4(0.87)
9-10	1(0.56)	4(0.87)	12-20	0(0.00)	9(1.96)	16-23	1(0.56)	0(0.00)
9-11	1(0.56)	1(0.22)	12-21	2(1.12)	0(0.00)	17-17	1(0.56)	7(1.53)
9-12	0(0.00)	5(1.09)	12-22	1(0.56)	2(0.44)	17-18	5(2.81)	3(0.65)
9-13	0(0.00)	4(0.87)	12-23	0(0.00)	2(0.44)	17-19	4(2.25)	0(0.00)
9-14	0(0.00)	2(0.44)	12-24	0(0.00)	2(0.44)	17-20	0(0.00)	6(1.31)
9-15	0(0.00)	2(0.44)	13-13	0(0.00)	7(1.53)	17-21	1(0.56)	4(0.87)
10-10	0(0.00)	4(0.87)	13-14	0(0.00)	3(0.65)	17-22	1(0.56)	2(0.44)
10-11	0(0.00)	12(2.61)	13-15	2(1.12)	2(0.44)	17-24	1(0.56)	0(0.00)
10-12	2(1.12)	12(2.61)	13-16	3(1.69)	0(0.00)	18-18	1(0.56)	0(0.00)
10-13	0(0.00)	2(0.44)	13-17	0(0.00)	9(1.96)	18-19	4(2.25)	2(0.44)
10-14	1(0.56)	2(0.44)	13-18	1(0.56)	6(1.31)	18-20	0(0.00)	2(0.44)
10-17	0(0.00)	8(1.74)	13-19	0(0.00)	2(0.44)	18-21	0(0.00)	3(0.65)
10-18	4(2.25)	0(0.00)	13-20	2(1.12)	0(0.00)	18-22	0(0.00)	4(0.87)
10-19	0(0.00)	2(0.44)	13-21	1(0.56)	2(0.44)	18-24	0(0.00)	2(0.44)
10-20	0(0.00)	2(0.44)	14-14	0(0.00)	4(0.87)	19-20	0(0.00)	4(0.87)
10-21	0(0.00)	1(0.22)	14-15	2(1.12)	6(1.31)	19-22	1(0.56)	1(0.22)
10-24	1(0.56)	0(0.00)	14-16	1(0.56)	7(1.53)	20-21	1(0.56)	0(0.00)
11-11	7(3.93)	4(0.87)	14-17	2(1.12)	4(0.87)	20-23	0(0.00)	2(0.44)
11-12	6(3.37)	20(4.36)	14-18	3(1.69)	2(0.44)	21-21	0(0.00)	4(0.87)
11-13	4(2.25)	11(2.40)	14-19	1(0.56)	4(0.87)			
11-14	7(3.93)	2(0.44)	14-20	1(0.56)	6(1.31)			

注:与研究组比较,\* $P<0.05/118$

3 讨 论

被动攻击行为是运动型冲动,又叫行为去抑制,是指不能抑制已经发生的行为。被动攻击行为往往造成他人伤害,有着严重的社会后果。有研究显示<sup>[12]</sup>,被动攻击行为凶犯脑脊液中 5-羟色胺(5-HT)的水平明显降低,去甲肾上腺素代谢物 3-甲基-

4-羟苯乙二醇也降低。有研究认为<sup>[3]</sup>低水平的 5-HT 与非预谋的暴力犯罪(被动攻击行为)有关,而高水平的 5-HT 与有预谋的暴力犯罪(主动攻击行为)有关。正常情况下,5-HT 抑制行为的启动和激活,而多巴胺(DA)则启动和激活行为,这两者保持平衡状态。当 5-HT 能抑制时,DA 神经元突触前膜上的 5-HT<sub>2</sub> 受体功能抑制,引起 DA 能脱抑制释放,

从而启动和激活行为,易出现冲动行为,导致被动攻击行为产生。Retz 等<sup>[13-14]</sup>的研究显示,DRD3 受体基因及 5-HT 转运启动子基因多态性与攻击行为存在关联,其可能参与攻击行为的调节。Manuck 等<sup>[15]</sup>的研究显示,单胺氧化酶 A(MAOA)基因启动子内 30 bp 长度的 VNTR 基因座多态性与攻击行为及冲动行为存在关联,具有 2、3 等位基因群体比具有 1、4 等位基因群体更容易产生攻击及冲动行为。Aluja 等<sup>[16]</sup>发现雄性激素受体基因中较少的 CAG 重复和较多的 GGN 重复更容易产生攻击行为。而 Westberg 等<sup>[17]</sup>发现雌激素受体  $\alpha$  基因二核苷酸重复序列多态性与女性攻击行为存在关联。Vevera 等<sup>[18]</sup>等的研究结果显示,冲动暴力犯罪与 COMT 基因 Ala146Val 多态性存在相关,从而支持 COMT 与无精神疾病的攻击行为存在密切相关性。可见,攻击行为有着相应的遗传学基础,但具体的遗传机制还有待进一步的研究。

Penta D、Penta E 基因座分别定位于人类染色体 21q22.3 区域及 15q26.2 区域,其遗传遵循孟德尔遗传定律,突变率低,在人体不同组织中其 STR 分型一致,扩增容易,电泳分型准确,重复性好<sup>[19]</sup>。对 Penta D、Penta E 基因座与军人被动攻击行为进行关联性研究,可以筛选出与军人被动攻击行为相关联的相应染色体区域,对于进一步寻找军人被动攻击行为相关基因以及对容易出现攻击行为的军人进行提前诊断、预防等有着重要的意义。本研究中,研究组与对照组基因型频率分布均符合 Hardy-Weinberg 平衡,表明本研究对群体基因频率的估计较为可靠,能够代表各自群体。

本研究结果显示,STR 基因座 Penta E 基因多态性与军人被动攻击行为存在关联。研究组与对照组进行单一等位基因及基因型频率比较,发现携带 Penta E 基因座基因型 16-18 的军人发生被动攻击行为的危险性是未携带此基因型军人的 6.564 倍 (OR: 6.564, 95% CI: 2.278 ~ 18.914),从而推断 Penta E 基因座的基因型 16-18 可能是与军人被动攻击行为发生相关的易感基因型或与军人被动攻击行为相关的易感基因存在连锁。杨春等<sup>[10]</sup>曾研究了 15 个 STR 基因座与普通人群的冲动暴力(被动攻击)行为的关系,发现 THO1 基因座等位基因 10、TPOX 基因座等位基因 11 与冲动暴力(被动攻击)行为的发生有关,但其研究的 15 个 STR 基因座并不包括本研究中的 Penta D、Penta E 两个基因座。Penta D 基因座多态性与军人被动攻击行为不存在相关,其确定的结论还需要更多研究数据的支持。

本研究结果提示:Penta E 基因座可能与军人被动攻击行为存在关联,推测在 15 号染色体上可能存在与军人被动攻击行为相关的基因。因本研究样本例数还不够大,其确切的结论需要更多的研究数据进一步印证。同时,本研究仅对男性军人被动攻击行为与 Penta D、Penta E 基因座进行了关联研究,女性军人及其他群体被动攻击行为与 Penta D、Penta E 基因座的关联情况还有待进一步的研究。下一步的研究将在进一步增加研究样本的基础上,对人类染色体 21q22.3 区域进行高密度遗传标记精细定位,进而筛查出军人被动攻击行为的易感基因。

## 【参考文献】

- [1] 乔屹,谢斌,张明岛.冲动-预谋性攻击行为量表中文版的信效度检验[J].中华行为医学科学与脑科学杂志,2009,18(4):366-368.
- [2] Chen CY,Tien YM,Juan CH,et al. Neural correlates of impulsive-violent behavior:an event-related potential study[J]. Neuroreport. 2005,16(11):1213-1216.
- [3] 刘小玉,宋美,王学义.暴力犯罪与相关激素水平研究进展[J].中国行为医学科学,2007,16(9):859-860.
- [4] Apter A,Gothelf D,Orbach I,et al. Correlation of suicidal and violent behavior in different diagnostic categories in hospitalized adolescent patient[J]. J Am Acad Child Adolesc Psychiatry,1995,34(7):912-918.
- [5] Edwards A,Civitello A,Hammond HA,et al. DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats[J]. Am J Hum Genet,1991,49(4):746-756.
- [6] Schneider PM. Basic issues in forensic DNA typing[J]. Forensic Sci Int,1997,88(1):17-22.
- [7] Goldstein DB,Hirschhorn JN. In genetic control of disease, does 'race' matter? [J]. Nat Genet,2004,36(12):1243-1244.
- [8] Phillips MS, Lawrence R, Sachidanandam R, et al. Chromosome-wide distribution of haplotype blocks and the role of recombination hot spots[J]. Nat Genet,2003,33(3):382-387.
- [9] Yunis EJ,Larsen CE,Fernandez-Via M, et al. Inheritable variable sizes of DNA stretches in the human MHC: conserved extended haplotypes and their fragments or blocks [J]. Tissue Antigens, 2003,62(1):1-20.
- [10] 杨春,巴华杰,高志勤,等.短串联重复序列基因座与冲动暴力行为的关联研究[J].中华精神科杂志,2012,45(2):85-88.
- [11] Walsh PS,Metzger DA,Higuchi R. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material[J]. Biotechniques,1991,10(4):506-513.
- [12] Linnoila M,Virkkunen M,Scheinin M, et al. Low cerebrospinal fluid 5-hydroxyindoleacetic acid concentration differentiates impulsive from nonimpulsive violent behavior[J]. Life Sci,1983,33(26):2609-2614.
- [13] Retz W,Rsler M,Supprian T, et al. Dopamine D3 receptor gene polymorphism and violent behavior: relation to impulsiveness and ADHD-related psychopathology [J]. J Neural Transm,2003,110(5):561-572.

三维超声成像必须要有足够的羊水量且感兴趣区无脐带、胎盘等遮挡。三维超声图像质量还与孕周相关,孕周太小,胎儿较小,其颜面部显示不清晰;孕周较大,则羊水较少,对三维成像也造成一定的困难,故一般于 24~28 周检查较为理想。

本研究显示在胎儿体表畸形中唇裂的发生率最高,为 48.1%,无脑儿、小下颌的发生率最低,均占 3.7%;本组三维超声对胎儿体表畸形确诊率为 96.3%,除了 1 例疑似唇裂胎儿无法确诊,其余均诊断无误。现在认为:①在胎儿颜面部结构方面,三维超声对诊断胎儿唇裂具有重要的诊断价值,常规二维超声需要多个断面图像才能形成胎儿面部的初步整体印象,而三维超声表面成像可清晰直观地显示胎儿颜面部解剖结构及其相互间位置关系<sup>[5]</sup>。张素阁等<sup>[6]</sup>发现在判断胎儿面部结构时,三维超声的识别率明显高于二维超声。且三维超声的“蛙面征”对无脑儿的诊断具有较大的帮助<sup>[7]</sup>。②在脊柱畸形方面,二维超声对脊柱仅能显示断面图像,体现为串珠样强回声,而三维超声能整体显示胎儿脊柱和肋骨及其连接关系,可进行脊柱裂等的定位,且脊柱裂也能得到更好地显示。③在胎儿肢体方面,三维超声对胎儿畸形的显示较二维超声更直观,能将众多连续的二维切面图像形象的展现出来,尤其对于胎儿手指与胎足的显示更具优越性。因此,杨炜等<sup>[8]</sup>认为三维超声的检出率明显高于二维超声。

有学者<sup>[9-10]</sup>认为实时三维超声对胎儿体表畸形,特别是颜面部、脊柱及四肢方面畸形的诊断符合率较二维超声有所提高,与本组研究结果一致。但在内脏器官畸形的检查中,黄枢等<sup>[11]</sup>认为显示胎儿体表结构以表面三维成像为主,显示胎儿体内结构以断层超声显像为主,两者技术为互补,亦有利于提高产前胎儿畸形的检出率。Ghi 等<sup>[12]</sup>认为,三维超

声是在二维超声的基础上进行,故目前还不能取代二维超声,虽然目前三维超声成像已成为产前筛查胎儿畸形的重要手段。三维超声可直观显示胎儿体表特征,而且立体感强,空间关系明确,可明显提高胎儿体表畸形的检出率,但也应与二维超声结合使用。

# 【参考文献】

- [1] Avni FE, Cos T, Cassart M, et al. Evolution of fetal ultrasonography [J]. Eur Radiol, 2007, 17(2): 419-431.
- [2] 周文娟, 李自清, 周彩虹. 三维超声在诊断胎儿畸形中的应用 [J]. 东南国防医药, 2011, 13(4): 380.
- [3] 吴青青, 马玉庆, 陈 焰. 三维立体超声成像在产科的应用进展 [J]. 国外医学妇幼保健分册, 2005, 16(4): 248-249.
- [4] 谢红宁. 妇产科超声诊断学 [M]. 北京: 人民卫生出版社, 2005: 89.
- [5] 何雪冬. 三维超声成像在产前诊断中的临床应用价值 [J]. 中国超声医学杂志, 2007, 23(10): 783-786.
- [6] 张素阁, 王惠芳, 刘兰芬, 等. 三维超声在胎儿畸形诊断中的应用价值 [J]. 中国超声医学杂志, 2008, 24(12): 1119-1121.
- [7] 彭元忠, 张万平, 李妩真, 等. 实时三维超声成像诊断胎儿体表畸形的临床价值 [J]. 临床超声医学杂志, 2012, 14(2): 142-143.
- [8] 杨 炜, 杨 萌. 超声三维成像模式在筛查胎儿肢体畸形中的应用 [J]. 中国医学影像学杂志, 2011, 12(2): 107-108.
- [9] 安显鸿, 梁国欣, 单立军. 实时三维成像技术在胎儿体表畸形筛查中的应用 [J]. 中国临床实用医学, 2010, 4(8): 182-183.
- [10] 杜 娟, 张桂云, 金影徐, 等. 产前二维及三维超声诊断胎儿畸形的对比研究 [J]. 中国临床医学, 2010, 17(4): 576-578.
- [11] 黄 枢, 闫建平. 2 种超声显像技术在诊断胎儿畸形中的价值 [J]. 医学研究生学报, 2010, 23(7): 729-731.
- [12] Ghi T, Perolo A, Banzi C, et al. Two dimensional ultrasound is accurate in the diagnosis of fetal craniofacial malformation [J]. Ultrasound Obstet Gynecol, 2002, 19(16): 543-551.

(收稿日期: 2013-02-16; 修回日期: 2013-03-22)

(本文编辑: 张仲书; 英文编辑: 王建东)

(上接第 227 页)

- [14] Retz W, Retz-Junginger P, Supprian T, et al. Association of serotonin transporter promoter gene polymorphism with violence: relation with personality disorders, impulsivity, and childhood ADHD psychopathology [J]. Behav Sci Law, 2004, 22(3): 415-425.
- [15] Manuck SB, Flory JD, Ferrell RE, et al. A regulatory polymorphism of the monoamine oxidase-A gene may be associated with variability in aggression, impulsivity, and central nervous system serotonergic responsivity [J]. Psychiatry Res, 2000, 95(1): 9-23.
- [16] Aluja A, García LF, Blanch A, et al. Association of androgen receptor gene, CAG and GGN repeat length polymorphism and impulsive-disinhibited personality traits in inmates: the role of short-long haplotype [J]. Psychiatr Genet, 2011, 21(5): 229-239.

- [17] Westberg L, Melke J, Landén M, et al. Association between a dinucleotide repeat polymorphism of the estrogen receptor alpha gene and personality traits in women [J]. Mol Psychiatry, 2003, 8(1): 118-122.
- [18] Vevera J, Stopkova R, Bes M, et al. COMT polymorphisms in impulsively violent offenders with antisocial personality disorder [J]. Neuro Endocrinol Lett, 2009, 30(6): 753-756.
- [19] Br W, Brinkmann B, Budowle B, et al. DNA recommendations. Further report of the DNA Commission of the ISFH regarding the use of short tandem repeat systems. International Society for Forensic Haemogenetics [J]. Int J Legal Med, 1997, 110(4): 175-176.

(收稿日期: 2013-03-01)

(本文编辑: 史新中 英文编辑: 王建东)