

关于国家自然科学基金资助项目批准及有关事项的通知

安徽医科大学 李旭先生/女士：

根据《国家自然科学基金条例》的规定和专家评审意见，国家自然科学基金委员会（以下简称自然科学基金委）决定批准资助您的申请项目。项目批准号：81273142，项目名称 HLA 基因族拷贝数变异与 HBV 感染后转归和抗病毒疗效的分子流行病学研究，资助金额 65.00 万元，项目起止年月：2013 年 01 月至 2016 年 12 月，有关项目的评审意见及修改意见附后。

请尽早登录科学基金网络信息系统（<https://isis.nsfc.gov.cn>），获取《国家自然科学基金资助项目研究计划书》（以下简称计划书）并按要求填写。计划书电子文件通过科学基金网络信息系统（<https://isis.nsfc.gov.cn>）或通过电子邮件发至 report@pro.nsfc.gov.cn 信箱，由依托单位确认后提交至自然科学基金委；计划书纸质文件（一式两份）由依托单位审核并加盖单位公章后报送至自然科学基金委 医学科学部。

请按照依托单位规定时间，及时将电子和纸质计划书提交依托单位进行确认审核。自然科学基金委接收依托单位报送计划书截止时间为 **2012 年 9 月 10 日**。

对于有修改意见的项目，请按修改意见调整计划书相关内容；如对修改意见有异议，须在计划书报送截止日期前提出。

未说明理由且逾期不报计划书者，视为自动放弃接受资助。

附件：项目评审意见及修改意见

国家自然科学基金委员会

医学科学部

2012 年 8 月 17 日

项目评审意见及修改意见表

项目批准号	81273142	项目负责人	李旭	申请代码 1	H2609
项目名称	HLA 基因族拷贝数变异与 HBV 感染后转归和抗病毒疗效的分子流行病学研究				
资助类别	面上项目	亚类说明	非连续资助类项目		
附注说明					
依托单位	安徽医科大学				
资助金额	65.00 万元	起止年月	2013 年 01 月至 2016 年 12 月		
<p>通讯评审意见：</p> <p><1> 该课题针对 HLA 基因与 HBV 感染的发病与转归相关性研究，提出以检测 HLA 系统的 CNV 水平来阐述 HBV 疾病发展变化的规律，有较好的创新性和科研价值。国内外暂无同类型研究报道。但是，申请人已有的工作基础和发表文章显得有些薄弱，课题组整体科研能力不高，课题的研究思路和实验整体设计有些局限性，命题的范围很大而实际研究内容很少，最终研究目的缺乏深入探讨的内容，没有让人信服的前期工作基础。</p> <p><2> 乙型肝炎病毒的慢性感染及临床转归是病毒本身、机体的遗传因素、免疫状况和所处环境的综合因素的结果，以往的研究多数关注的是病毒基因的变异（包括型）与免疫相关分子的基因多态性等。本项目申请人利用人类基因变异的一个全新的概念-拷贝数的变异所影响到的相关分子的表达水平及功能的改变，具体来说本项目拟比较与免疫密切相关的 HLA 基因的拷贝数的变异，对乙肝感染后的临床转归的影响。有一定的新意。申请人目前有不同临床类型的患者，有一定的相关研究的基础，但是对于申请书中所说的本项目能够“掌握中国人群中的 HLA 基金拷贝数变异的情况”似乎不可能。鉴于申请人目前仍有国自然基金项目（至 2013-12 月），如果资金允许可以给与一定的启动资金。</p> <p><3> 该项目采用病例对照和 HBV 感染核心家系研究，利用多重荧光定量 PCR，对一定数量急慢性 HBV 感染者、慢性 HBV 感染后不同转归、抗病毒治疗不同疗效患者和 HBV 感染家系的标本进行 HLA 基因族 CNV（拷贝数变异）检测及统计分析。</p> <p>该项目选题有明显创新性和重要研究意义，研究目标明确，内容重点突出、总体方案可行，研究成果对于阐明 HLA 基因 CNV 在各组患者中的分布规律和在 HBV 感染遗传易感性中的作用具有科学价值。项目组进行了较多与本课题直接相关的研究工作，前期工作基础较好。</p> <p>建议随时关注 Database of Genomic Variants (DGV)的更新，并补充调整研究内容。</p>					

对研究方案的修改意见：

医学科学部

2012 年 8 月 17 日