

評論：基因與運動與台灣民眾痛風得病風險的關聯性

近幾年痛風發生率逐年上升，全世界之發生率介於1-4%，且男性發生率高於女性。而台灣痛風發生率也有逐漸增加趨勢，痛風與代謝症候群已成為公共衛生重要之議題。影響痛風發生的危險因子相當多，包括：環境因子及個體差異，環境因子包含：生活習慣、運動、飲食等，個體差異則包含：基因差異及共病症的有無。

過去研究指出在適量運動可降低體內血清尿酸濃度，過量運動則可能導致體內血清尿酸濃度增加。然而，同時探討基因及環境因子與痛風間的關聯性之研究仍相當有限。全基因組關聯性研究（genome-wide association studies, GWAS）為找尋複雜性疾病相關的遺傳變異之常用方法，然而，多數GWAS結果只能解釋一小部分的遺傳變異。近幾年發展出基因風險評分（genetic risk score, GRS）試圖統合多個遺傳變異位點的風險總和，藉此預測疾病的發生風險。過去已發表許多與痛風相關之GWAS及GRS研究，也發現痛風相關的遺傳變異位點，但多以歐美族群為主，少有亞洲族群之研究。至於在台灣同時探討基因與環境對於痛風的影響的研究，更是稀少。因此，該研究嘗試以台灣人體生物資料庫之資料，探討痛風、遺傳變異與運動之間的關聯，期望未來可結合臨床資料以預測痛風風險，提供痛風更有效的預防方法。

該研究運用台灣人體生物資料庫2008年至2017年收集之30-70歲志願參與且有運動習慣者1,727位，其中痛風患者353位，以基因數據篩選遺傳變異位點後估計基因風險

分數，並以問卷中的運動類型與頻率等資訊估計運動消耗熱量進行分組分析，以探討痛風、基因風險與運動之關聯。另外以基因風險分數中位數分層，分為基因風險分數高及基因分數低兩組，進行分層分析，以評估在不同程度的基因風險分數下，運動消耗熱量和痛風的關聯是否具有差異。結果顯示，依運動習慣消耗熱量之四分位數分組，加入第五組極端值，與熱量消耗最低組相比，熱量消耗第二、四、五組罹患痛風的勝算較高，且第五組痛風勝算比為最低組的兩倍，並具有統計上的顯著意義。基因風險分層分析結果，進一步發現在低基因風險組，與運動消耗熱量最低組相比，熱量消耗最高組其痛風得病風險為最低組別的2.32倍（ $p = 0.034$ ），但在調整控制變項後，其統計結果則減弱為邊際顯著性。至於在高基因風險組，相較於運動消耗熱量最低組，各組痛風得病風險皆未能達到統計上的顯著意義。

該研究結果顯示，在研究對象達到適量運動量（第三組）時，對於痛風風險呈現保護作用，然而，如果在過度運動（第五組）的情況下，痛風得病風險則可能有大幅提高的情形。依基因風險分層分析，在低基因風險組仍可觀察到相同趨勢，顯示運動對低基因風險族群之痛風得病風險可能有較大之影響。

該研究運用台灣人體生物資料庫的資料，同時考量基因與環境因素，探討其對痛風得病風險之影響，研究結果可適用於台灣族群或華人族群。然而，該研究運動變項來自於台灣人體生物資料庫的問卷資料，可能會有資訊誤差的情形，進而影響研究結果的估計值。其次，該研究為橫斷性研究設計，因此，無法判定運動與痛風之時序性，進而無法確認其因果關係。此外，鑒於代謝症候群與痛風及運動間具有密切關係，儘管該研究將代謝症候群納入共病症中進行模型控

林明薇

國立陽明交通大學公共衛生研究所

地址：台北市北投區立農街二段155號

E-mail: mingweilin@nycu.edu.tw

DOI:10.6288/TJPH.202210_41(5).11012801

制，是否足以克服代謝症候群的影響，值得後續更細緻的研究加以釐清。最後，該研究雖在過度運動組（第五組）觀察到，其痛風得病風險有大幅提高的情形，然而，無論是在整體分析或分層分析，這一組的樣本數明顯較小，恐有統計檢力不足之情形，因此，在研究結果之推論及闡釋尤須格外審慎小心。

無論是在整體分析或分層分析，該研究均發現過度運動與痛風得病風險之關聯，然而，受限於該研究之限制，未來研究建議可以長期追蹤研究設計，並串聯其他資料庫，收集用藥數據及痛風疾病病程相關資訊，以確認運動及基因交互作用對痛風發生之影響。