مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی سمنان- جلد ۱۱، شماره ۱ (پیاپی ۳۳)، پائیز ۱۳۸۸

استفاده از سه روش مولکولی متفاوت در شناسایی الگوی ژنتیکی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس ژنوتایپ بیجینگ

الهه تاج‌الدین [۱*] (M.Sc) ، پریسا فرنیا [۲] (Ph.D)، محمد کارگر [۱] (Ph.D)، جمیله نوروزی [۳] (Ph.D)، مجتبی احمدی [۲] (B.Sc)، مهدی کاظم‌پور دیزچی [۲] (M.Sc)، محمدرضا مسجدی [۴] (M.D)، علی‌اکبر ولایتی [۴] (M.D)

۱- *دانشگاه آزاد اسلامی، واحد جهرم*

۲- *مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی، پژوهشکده سل و بیماریهای ریوی، دارآباد، تهران*

۳- *دانشگاه علوم پزشکی ایران*

۴- *دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی شهید بهشتی، مرکز تحقیقات سل و بیماری‌های ریوی*

چکیده

سابقه و هدف: سویه بیجینگ بیش از ۱/۴ مایکوباکتریوم توبرکلوزیس در سرتاسر جهان را تشکیل می‌دهد. این سویه ویژگی‌های مهمی از جمله داشتن ارتباط با مقاومت چند دارویی دارا می‌باشد. هدف از این مطالعه شناسایی الگوی ژنتیکی سویه‌های بیجینگ (Beijing) با استفاده از روش‌های اسپولیگوتایپینگ، تایپینگ variable number tandem repeat (VNTR) و RFLP-IS6110 می‌باشد.

مواد و روش‌ها: سویه کشت مثبت ۲۳۸ مسلول ریوی (سال ۱۳۸۷-۱۳۸۶) با استفاده از روش اسپولیگوتایپینگ تعیین شد. سپس سویه‌های بیجینگ جدا شده به روش RFLP و VNTR مورد بررسی قرار گرفتند. آنالیز داده‌های RFLP با استفاده از نرم‌افزار Gel campair صورت گرفت و داده‌های اسپولیگوتایپینگ پس از مقایسه با اطلاعات موجود در بانک جهانی اسپولیگوتایپینگ (SPOLDB4) آنالیز شدند. با روش VNTR تنوع آللی ۹ لوکوس (QUB3232، QUB 11b، ETR-F، ETR-E، ETR-D، ETR-C، ETR-B، ETR-A، MPTR-A) در سویه‌های بیجینگ بررسی شد. با استفاده از آزمون Hunter Gaston Index (HGI) تنوع اللی هر یک از لوکوس‌ها در سویه‌های بیجینگ محاسبه گردید.

یافته‌ها: روش اسپولیگوتایپینگ، ۸ گونه مایکو باکتریوم توبر کلوزیس (EA12, EA13, T, U, Haarlem CAS 2, CAS 1, Beijing) را شناسایی کرد. با ا ستفاده از روش VNTR typing ، لوکوس QUB 3232 به عنوان لوکوس بسیار افتراق‌دهنده (HGI ≥ 0.6) و لوکوس‌های ETR-F، ETR-E و QUB 11b به عنوان لوکوس‌های افتراق‌دهنده متوسط (HGI ≥ 0.4-0.6) و سایر لوکوس‌ها به عنوان ضعیف‌ترین لوکوس افتراق‌دهنده در سویه‌های بیجینگ ، شناسایی شدند. در روش VNTR typing، ۱۰ سویه (۷۷٪) و در روش RFLP، ۱۳سویه از ۱۳ سویه بیجینگ (۱۰۰٪) الگوی متفاوت از خود نشان دادند.

نتیجه‌گیری: تنوع در الگوی ژنتیکی نشان‌دهنده فعال شدن مجدد (reactivation) در جمعیت مورد بررسی می‌باشد. به دلیل هزینه بالا و اتلاف وقت در روش RFLP، می‌توان از روش VNTR typing همراه با اسپولیگوتایپینگ برای مطالعات اپیدمیولوژی مولکولی سل استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: اسپولیگوتایپینگ، VNTR typing، RFLP، مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، ژنوتایپ بیجینگ

مقدمه

سل یکی از معضلات اصلی جهان بوده و هر سال ۳ میلیون نفر جان خود را به علت این بیماری از دست می‌دهند. تخمین زده شده است که یک سوم از جمعیت دنیا به باکتری مایکوباکتریوم توبرکلوزیس آلوده هستند [۱]. یک گروه از این سویه‌ها تحت عنوان ژنوتایپ بیجینگ شناسائی شده، که

* نویسنده مسئول، تلفن: ۲۰۱۰۹۵۰۵-۰۲۱ نمابر: ۲۰۱۰۹۵۰۵ - ۰۲۱ Email: Elahe_tajedin@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۳۸۸/۳/۶ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۸/۶/۱۷