

شیوع ژنوتیپ ویروس هپاتیت B با روش تعیین توالی در اهداکنندگان خون کرمان، اصفهان و یزد

زهره شریفی^۱، احمد قره‌باغیان^۲، مژگان نوروزی^۳

چکیده

سابقه و هدف

هپاتیت B یکی از عمده‌ترین بیماری‌هایی است که می‌تواند از طریق خون و فرآورده‌های خونی منتقل شود. اهمیت بالینی ژنوتیپ‌های ویروس هپاتیت B و ارتباط آن با موتاسیون‌ها تشخیص داده شده است. هدف از انجام این مطالعه، بررسی حضور و میزان شیوع ژنوتیپ‌های ویروس هپاتیت B در میان اهداکنندگان خون مراکز انتقال خون کرمان، اصفهان و یزد بود.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه مقطعی، سرم ۱۲۰ نفر از اهداکنندگان خون که از نظر حضور آنتی‌ژن سطحی ویروس هپاتیت B (HBs Ag) با روش الایزا مثبت تشخیص داده شده بودند، به طور تصادفی ساده انتخاب شده و مورد آزمایش قرار گرفتند. پس از استخراج DNA ویروس، سکانس ژن P به وسیله nested-PCR تکثیر و ژنوتیپ ویروس هپاتیت B با روش sequencing تعیین شد. توالی‌های به دست آمده و توالی‌های رفرانس به وسیله برنامه Clustal W مرتب شدند و درخت فیلوژنتیکی آن به وسیله روش Neighbor-joining (NJ) ترسیم گردید. آنالیز آماری با استفاده از آزمون فیشر و نرم افزار SPSS ۱۱/۵ انجام شد.

یافته‌ها

از ۱۲۰ نمونه HBsAg مثبت، ۶۹ نمونه (۵۷/۵٪) با فاصله اطمینان ۶۶/۳۴٪ - ۴۸/۶۵٪ که با روش nested-PCR مثبت بودند، بر روی نمونه‌های مثبت تعیین توالی شدند. ژنوتیپ D در میان اهداکنندگان داوطلب خون آلوده به ویروس هپاتیت B ۱۰۰٪ تعیین گردید.

نتیجه‌گیری

شیوع ژنوتیپ D ویروس هپاتیت B در اهداکنندگان خون در این مطالعه ۱۰۰٪ بود. این نتیجه می‌تواند در تهیه کیت‌های تشخیصی ویروس هپاتیت B هم چنین تهیه پانل‌های کنترل کیفی جهت ارزیابی روش‌های تشخیصی ویروس مورد استفاده قرار گیرد.

کلمات کلیدی: ویروس هپاتیت B، اهداکنندگان خون، ژنوتیپ

تاریخ دریافت: ۸۷/۱۲/۴

تاریخ پذیرش: ۸۷/۷/۱۱

۱- PhD ویروس‌شناسی - استادیار مرکز تحقیقات سازمان انتقال خون ایران

۲- مؤلف مسؤل: PhD ایمونوهما‌تولوژی بالینی - دانشیار مرکز تحقیقات سازمان انتقال خون ایران - صندوق پستی: ۱۱۵۷-۱۴۶۶۵

۳- کارشناس ارشد هماتولوژی و بانک خون - مرکز تحقیقات سازمان انتقال خون ایران

مقدمه

هپاتیت B یکی از مشکلات سلامت عمومی در جهان می باشد. طبق آمار سازمان بهداشت جهانی، حدود ۲ بلیون نفر در سراسر جهان با ویروس هپاتیت B آلوده شده اند و حدود ۳۵۰ میلیون نفر عفونت های مزمن دارند. سالانه ۴ میلیون هپاتیت بالینی حاد جدید روی می دهد و یک میلیون ناقل هر سال از هپاتیت فعال مزمن، سیروز یا سرطان کبدی اولیه می میرند (۱). ویروس هپاتیت B یکی از مهم ترین عوامل ایجاد کننده هپاتیت حاد، مزمن و سرطان کبد در آسیا، آفریقا و کشورهای اروپای جنوبی می باشد. ژنوم ویروس هپاتیت B، DNA دو رشته ای است که به طور کامل حلقوی نمی باشد و دارای ۴ فریم خواندنی (C,S,X,P(ORF می باشد (۲). چون این ویروس می تواند از طریق خون و فرآورده های آن منتقل شود، به آن هپاتیت سرمی نیز می گویند. راه های دیگر انتقال آن از مادر به جنین، تماس جنسی، تماس با سر سوزن و سرنگ آلوده به خصوص در معتادین تزریقی است. آلودگی به ویروس هپاتیت B به سه حالت متفاوت عفونت حاد، عفونت مزمن و ناقلین بی علامت دیده می شود. فرم مزمن هپاتیت B می تواند منجر به سرطان سلول های کبد گردد (۳). در سال ۱۹۸۸ اوکاموتو و همکاران برای اولین بار ۴ ژنوتیپ A-D را بر اساس انشعاب ۸ درصدی یا بیشتر ژنوم کامل تعیین کردند (۴). در سال ۱۹۹۲، نورد و همکاران ژن S ویروس هپاتیت B را که قبلاً توسط اوکاموتو طبقه بندی شده بود مورد مقایسه قرار دادند و آن ها نشان دادند که کمترین تفاوت های توالی ژن S میان ژنوم ها ۴/۱٪ می باشد (۵). ژنوتیپ های جدید F و E با استفاده از تفاوت های حداقل ۴ درصدی در سطح ژن S تعیین شدند. سپس ژنوتیپ های G و H از کشورهای کالیفرنیا و آمریکای مرکزی گزارش داده شدند، بنابراین کلاً ۸ ژنوتیپ HBV تاکنون مشخص شده اند (۶).

مطالعه ها نشان داده اند که تصویر بالینی، پیش آگهی دراز مدت بیماری و پاسخ به درمان به ژنوتیپی بستگی دارد که بیمار به آن آلوده می شود (۷). هم چنین ژنوتیپ های ویروس هپاتیت B از توزیع جغرافیایی ویژه ای برخوردارند. ژنوتیپ A در آمریکای شمالی، اروپای

شمالی، هند و آفریقا فراوان می باشد. ژنوتیپ های B و C در آسیا فراوان هستند و ژنوتیپ D در اروپای جنوبی، خاورمیانه، منطقه مدیترانه و هند یافت می شود. ژنوتیپ E در آفریقای غربی و جنوبی و ژنوتیپ F در آمریکای جنوبی و مرکزی فراوان می باشد. ژنوتیپ G در ایالات متحده آمریکا و اروپا و ژنوتیپ H در آمریکای مرکزی و کالیفرنیا فراوان است (۸، ۹).

دوره بالینی بیماری HBV به سن بیمار، پاسخ ایمنی، هم چنین سوشی که افراد را آلوده می کند وابسته است. کمتر از یک درصد عفونت حاد، منجر به هپاتیت مرگ آسا می شود (۱۰). ژنوتیپ C در بیماران سیروزی معمول است. ژنوتیپ A اغلب منجر به مزمن شدن بیماری می شود و اغلب در بیماران مزمن مشاهده می گردد. ژنوتیپ D در بیماران هپاتیتی مصرف کننده مواد مخدر تزریقی در غرب مشاهده شده است (۱۱). افراد مبتلا به ژنوتیپ C، پاسخ کمتری به اینترفرون می دهند. پاسخ آنتی بادی علیه HBsAg و HBeAg منجر به تغییر ژنوتیپ افراد آلوده می شود (۱۲). الگوی توزیع جغرافیایی ژنوتیپ ویروس هپاتیت B نیز با افزایش مهاجرت ها در حال تغییر است (۱۳).

برای تعیین ژنوتیپ ویروس هپاتیت B، از روش هایی مانند توالی یابی Line-PCR-RFLP، PCR Probe-Assay با استفاده از آغازگرهای اختصاصی و روش الیزا استفاده می شود که در حال حاضر تعیین توالی دقیق ترین روش بوده و کشف و آشکارسازی جهش های شایع و غیر شایع با آن امکان پذیر است.

ژن انولپ (S) ویروس هپاتیت B به طور کامل با ژن پلی مرز هم پوشانی دارد، بنابراین ویروس هایی که بر اثر داروهای ضد ویروسی در ژن پلی مرز آن ها تغییراتی به وجود آید، ممکن است این تغییرات بر روی ژن S نیز تاثیر بگذارد و باعث کاهش اتصال anti-HBs به HBsAg شود. بعضی موتاسیون ها در ژن پلی مرز مرتبط به مقاومت به لامی وودین، ممکن است باعث کدون خاتمه زودرس در ژن S و در نتیجه عدم ترشح HBsAg شود. عدم شناسایی HBsAg در حضور HBV-DNA می تواند به دلیل موتاسیون در ژن پلی مرز باشد. به این دلایل، در این مطالعه ژن پلی مرز ویروس هپاتیت B مورد مطالعه قرار گرفت.

پس از استخراج HBV DNA، به منظور تولید انبوه ژنوم ویروس، از روش nested PCR استفاده شد. ۲۰ μL از آمیزه PCR به ۵ μL DNA استخراج شده افزوده شد.

در مرحله اول nested PCR، از آغازگر F₁ که ۲۰ نوکلئوتید از ژنوم HBV در فواصل ۷۶-۵۶ nt با توالی 5'-CCTGCTGGTGGCTCCAGTTC-3' بود و آغازگر R₁ که از ۲۱ نوکلئوتید از ژنوم کامل هپاتیت B در فواصل ۱۴۱۶-۱۳۹۵ و با توالی 5'-CGT CCC GCG ACA GGAT 3'- و با توالی CCA GTT-3' تشکیل شده بود، استفاده شد که قطعه ۱۳۶۰ را ایجاد می‌کرد.

در مرحله دوم ۲۳ μL از آمیزه PCR، به ۲ μL محصول مرحله اول PCR افزوده شد. در مرحله دوم nested PCR، از آغازگرهای F₂ و R₂ دارای ۲۲ نوکلئوتید (۳۲۰nt - ۲۹۸) با توالی 5'-CYT GGC CWA AAT TCG CAG 3'- و با توالی 5'-TCCC-3' و ۲۲ نوکلئوتید (۱۰۱۹nt-۹۹۷) با توالی 5'-GCA AAN CCC AAA AGA CCA CAAT-3' از ژنوم کامل هپاتیت B به ترتیب استفاده شد که قطعه ۷۲۱ pb را ایجاد می‌کرد (جدول ۱).

چرخه دمایی در مرحله اول nested PCR شامل دناتوراسیون اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه بود. سپس واکنش طی ۳۵ سیکل تکثیر شامل دناتوره شدن به مدت ۴۵ ثانیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، اتصال آغازگرها به مدت ۴۵ ثانیه در دمای ۶۳ درجه سانتی‌گراد، طویل شدن به مدت ۴۵ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و در نهایت طویل شدن سنتز رشته‌ها به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد، ادامه یافت. چرخه دمایی در مرحله دوم nested PCR با همان سیکل دمایی مرحله اول انجام شد و فقط دمای اتصال آغازگرها به ۵۶ درجه سانتی‌گراد تغییر یافت.

برای آشکارسازی نتایج مرحله دوم nested PCR از الکتروفورز روی ژل آگاروز و از نشانگر وزن مولکولی ۱۰۰ pb در کنار نمونه‌ها استفاده شد.

۱۰۰ μL از محصول مرحله دوم PCR به وسیله کیت (High pure PCR product purification kit) روش تخلیص شد و جهت تعیین توالی به شرکت تکاپو زیست ارسال شد. آنالیز توالی با استفاده از ژن رفرانس و به کمک نرم

هدف از این مطالعه تعیین شیوع و ژنوتایپینگ ویروس هپاتیت B در اهداکنندگان خون پایگاه‌های کرمان، یزد و اصفهان بود.

مواد و روش‌ها

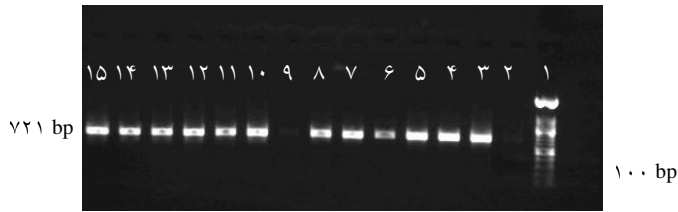
مطالعه انجام شده یک مطالعه مقطعی بود. نمونه‌ها از افرادی که جهت اهدای خون به سه پایگاه کرمان، یزد و اصفهان مراجعه کرده بودند و آزمایش آنان از نظر HBsAg مثبت بود، جمع‌آوری گردید. پس از فراخوان اهداکننده و خونگیری مجدد، نمونه‌هایی که از نظر anti-HCV و anti-HIV منفی بودند و HBsAg آن‌ها با آزمایش تاییدی مانند آزمایش خشی‌کنندگی مثبت بودند به صورت تصادفی ساده جهت مطالعه انتخاب شدند.

نمونه‌های سرم ۱۲۰ اهداکننده خون جمع‌آوری و در دمای ۷۰ °C نگهداری شدند. جمعیت مورد مطالعه شامل ۹۵ مرد و ۲۵ زن در فاصله سنی بین ۶۵ - ۲۰ سال بودند. همه ۱۲۰ نمونه سرم با روش الایزا از نظر آنتی‌ژن سطحی ویروس HBsAg مثبت بودند.

جدول ۱: مواد مورد استفاده در تهیه آمیزه PCR

غلظت	مقدار	مواد
۱۰ X	۲/۵ μL	بافر PCR
۱۰ mM	۰/۵ μL	dNTP
۲۵ mM	۲/۵ μL	MgCl ₂
۵ U	۰/۲ μL	Taq پلی‌مراز
-	۱۳/۳ μL	d.H ₂ O
۱۰ μM	۰/۵ μL	آغازگر F ₁
۱۰ μM	۰/۵ μL	آغازگر R ₁

از کیت استخراج اسید نوکلئیک با خلوص بالای (High pure nucleic acid kit) روش برای استخراج HBV DNA استفاده شد. این کیت برای خالص‌سازی اسید نوکلئیک ویروس از سرم طراحی شده است و مطابق دستورالعمل کیت، مراحل آزمایش انجام شد. در آخرین مرحله اسیدهای نوکلئیک خالص شده به وسیله بافر تخلیص، باز یافت شدند.

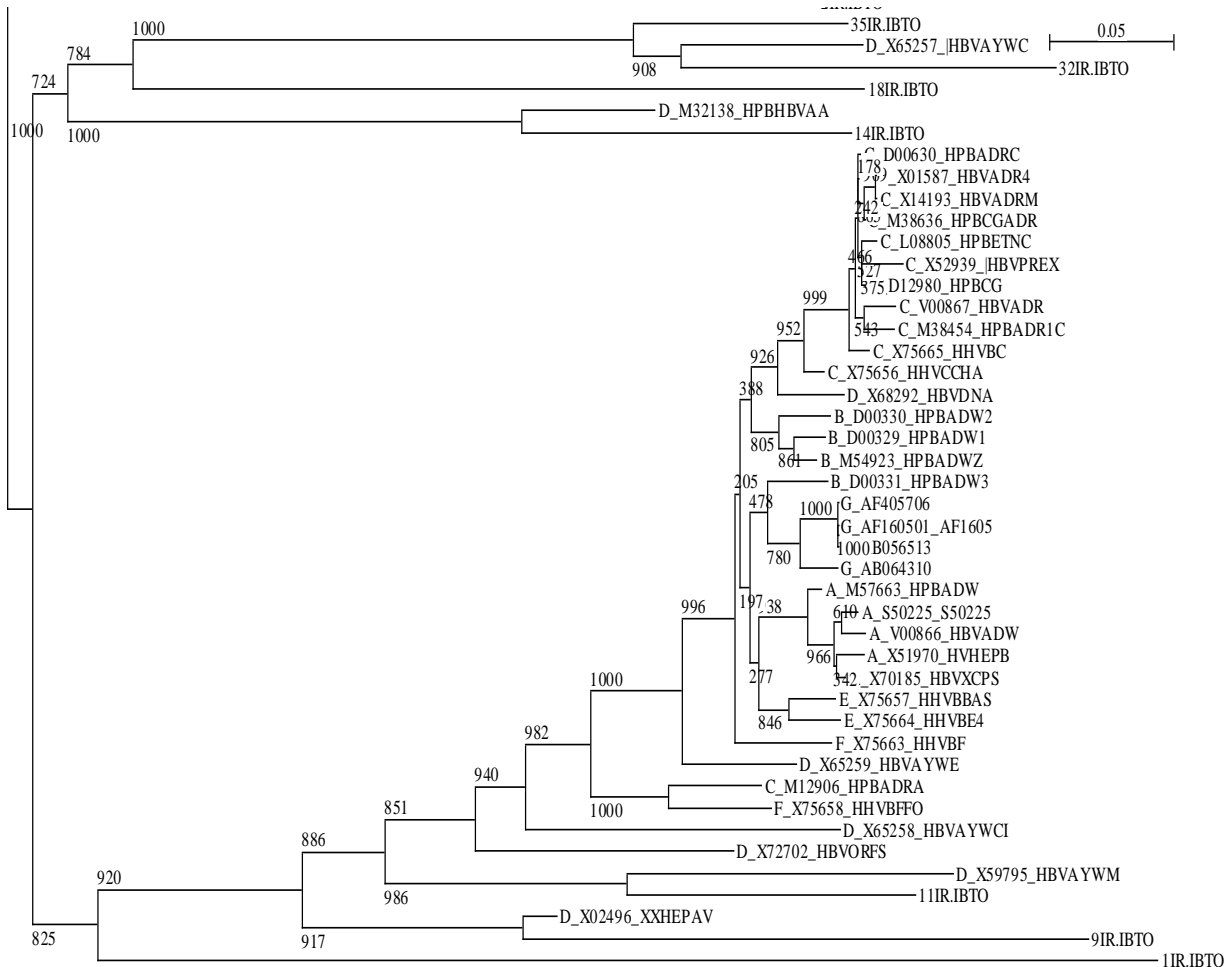


افزار CEQ8000 انجام شد. سپس با استفاده از نرم افزار CLUSTAL W، توالی به دست آمده با توالی‌های ژن فرانس از ژنوتیپ‌های مختلف مرتب شد. به وسیله روش Neighbor-joining (NJ)، درخت فیلوژنتیکی رسم شد و برای اعتبار درخت فیلوژنتیک، ۱۰۰۰ بار رسم درخت تکرار شد.

یافته‌ها

۱۲۰ نمونه (۴۰ نمونه از هر استان) از اهدا کنندگان خون پایگاه‌های یزد، اصفهان و کرمان که از لحاظ سیرولوژی HBsAg مثبت بودند، جهت استخراج DNA ویروسی استفاده شدند. سپس با استفاده از آغازگرهای اختصاصی، بر روی ناحیه ژن پلی‌مراز ویروس هپاتیت B آزمایش

شکل ۱: الکتروفورز محصول nested-PCR بر روی ناحیه ژن پلی‌مراز ویروس هپاتیت B با آغازگرهای اختصاصی بر روی ژل آگاروز ۱٪. ستون شماره ۱ نشانگر وزن مولکولی ۱۰۰ جفت بازی است (Roche). ستون شماره ۲، سرم کنترل منفی. ستون شماره ۳، سرم کنترل مثبت. ستون‌های شماره ۸-۴ و ستون‌های شماره ۱۵-۱۰ سرم اهداکنندگانی است که HBV-DNA در آن‌ها یافت شده است. ستون شماره ۹ مربوط به سرم اهداکننده‌ای است که HBV-DNA در آن یافت نشده است.



شکل ۲: ترسیم درخت فیلوژنتیکی. بررسی آنالیز فیلوژنتیک ایزوله‌های HBV اهداکنندگان خون نشان می‌دهد که تمامی ایزوله‌های این مطالعه با سایر ایزوله‌های ژنوتیپ D، ویروس هپاتیت B که به عنوان ژن فرانس از آن‌ها در این مطالعه استفاده شد، در یک گروه قرار می‌گیرند. برای صحت درخت فیلوژنتیکی رسم درخت ۱۰۰۰ بار تکرار شده که نتایج تکرار رسم درخت در کنار ایزوله‌ها نشان داده شده است.

بین اهداکنندگان خون ۰/۵٪ گزارش شده است (۱۵). ۳۵٪ ایرانیان در معرض HBV قرار گرفته‌اند و ۳٪ آن‌ها ناقل مزمن ویروس هپاتیت B می‌باشند (۱۶). در مقایسه با ایالات متحده که عفونت HBV مسؤل ۲۵٪ هپاتیت‌های مزمن گزارش شده، در ایران HBV مسؤل ۷۰٪ تا ۸۰٪ موارد هپاتیت‌های مزمن می‌باشد و نشان داده شده که ویروس هپاتیت B علت اصلی بیماری‌های کبدی در ایران است (۱۷).

ژنوتیپ‌های ویروس هپاتیت B از توزیع جغرافیایی ویژه‌ای برخوردارند. ژنوتیپ D ظاهراً در حوزه دریای مدیترانه و خاورمیانه فراوان یافت می‌شود و این مساله با محل جغرافیایی ایران در جهان منطبق می‌باشد. تعیین ژنوتیپ HBV برای روشن ساختن سیر بیماری و بیماری‌زایی ویروس مهم است زیرا ژنوتیپ‌ها از لحاظ بیماری‌زایی و عکس‌العمل در برابر درمان با یکدیگر تفاوت دارند.

روش‌های مختلفی برای تعیین ژنوتیپ ویروس هپاتیت B مورد استفاده قرار می‌گیرد که یکی از این روش‌ها تعیین توالی می‌باشد. در این مطالعه جهت تعیین شیوع ژنوتیپ‌های HBV از روش تعیین توالی استفاده شد. از ۱۲۰ نمونه HBsAg مثبت، ۶۹ نمونه از نظر HBV-DNA مثبت و ۵۱ مورد منفی بودند که این نتایج می‌تواند به دلایل مختلف باشد. ممکن است افرادی HBsAg مثبت باشند ولی HBV-DNA در آنها منفی باشد، چون روش‌هایی که برای تشخیص و شناسایی HBV-DNA به کار می‌رود، ممکن است حساسیت لازم را نداشته و به دلیل پایین بودن بار HBV-DNA، علی‌رغم مثبت بودن از نظر HBsAg، HBV-DNA در نمونه‌ها قابل شناسایی نباشد.

مواردی نیز وجود دارد که تکثیر ویروس متوقف شده و فرد در مرحله آشکارسازی anti-HBs است ولی هنوز HBsAg آن از سرم حذف نشده است (۱۸).

هم چنین ممکن است DNA ویروس در داخل ژنوم سلول‌های کبدی قرار گرفته است و بنابراین در سلول کبدی، DNA آزاد ویروسی یا Hbc Ag، قابل شناسایی نیست. این گروه از بیماران ذرات کامل ویروس را تولید

nested PCR انجام شد. پس از انجام nested PCR نمونه‌ها، ۶۹ نمونه (۵۷/۵٪، ۶۶/۳۴ - ۴۸/۶۵ = CI ۹۵٪) یعنی ۲۲ نمونه از استان اصفهان، ۲۸ نمونه از استان کرمان و ۱۹ نمونه از استان یزد از نظر HBV-DNA مثبت شدند (شکل ۱).

۱۷ نمونه از هراستان جهت تعیین توالی انتخاب شدند. پس از تعیین توالی، ۳۰ نمونه (۱۰ نمونه از هر استان) که کروماتوگرام آن‌ها واضح بود و تعیین توالی آن‌ها به خوبی انجام شده بود، آنالیز شدند. بررسی آنالیز فیلوژنتیک ایزوله‌های HBV اهداکنندگان خون نشان داد که تمامی این مطالعه با سایر ایزوله‌های ژنوتیپ D، ویروس هپاتیت B که به عنوان ژن رفرانس از آن‌ها در این مطالعه استفاده شد، در یک گروه قرار می‌گیرند. برای صحت درخت فیلوژنتیکی، رسم درخت ۱۰۰۰ بار تکرار شد (شکل ۲).

تمامی ۳۰ ایزوله با استفاده از نرم‌افزار BLAST دربانک ژن مورد بررسی قرار گرفتند. با استفاده از بالاترین نمره بر اساس جفت شدن (matching) باها، توالی ایزوله‌های HBV اهداکنندگان با ایزوله‌هایی از کشورهای بلاروس، قزاقستان، ازبکستان، هند و چین به طور نزدیکی یعنی حدود ۹۸٪-۹۹٪ از نظر توالی نوکلئوتیدها شباهت داشتند و در گروه ژنوتیپ D، ساپ ژنوتیپ D1 قرار گرفتند.

بحث

این تحقیق اولین مطالعه در ایران است که جهت تعیین ژنوتیپ ویروس هپاتیت B در جمعیت اهداکنندگان خون پایگاه‌های کرمان، اصفهان و یزد به روش تعیین توالی (sequencing) بر روی ژن پلی‌مراز ویروس هپاتیت B انجام شده است. عفونت مزمن ویروس هپاتیت B، یک بیماری وسیع و گسترده می‌باشد که بیش از ۵٪ از جمعیت جهان را آلوده کرده و یکی از بزرگترین مشکلات بهداشتی جهان و کشور ما محسوب می‌شود. ایران در منطقه خاورمیانه قرار دارد و بر طبق گزارش‌های CDC (Center for Disease Control)؛ شیوع عفونت مزمن هپاتیت B در آن، در سطح متوسط قرار دارد. میزان شیوع HBsAg مثبت در سال ۱۳۵۷ در ایران ۳/۴٪ گزارش شده است (۱۴). میزان شیوع HBsAg مثبت در افراد معمولی ۱/۷٪ و در

شده، بیشترین شباهت ایزوله‌ها با سوش Swedish (AF121240SW) گزارش گردیده است (۲۰). در مطالعه امینی باویل و همکاران، شباهت بالایی بین توالی ایزوله‌های HBV بیماران ایرانی با توالی ایزوله‌های HBV کشورهای ترکیه و عربستان سعودی گزارش شده و در مطالعه دیگری که بر روی بیماران مزمن و بر روی ژن‌های S و C انجام شده بود، ارتباط نزدیکی بین ایزوله‌های ایرانی با سوش‌هایی از کشورهای لیتوانی، آلمان و فرانسه گزارش شده است (۲۱). در مطالعه اخیر، بیشترین شباهت بین ایزوله‌های ایران با کشورهای تازه استقلال یافته شوروی از قبیل قزاقستان، ازبکستان، بلاروس و ایزوله‌های هند و چین مشاهده گردید. احتمال دارد شباهت بین ایزوله‌های اصفهان، کرمان و یزد با ایزوله‌های کشورهای تازه استقلال یافته، به دلیل افزایش مسافرت‌ها و داد و ستد با کشورهای همسایه باشد. از طرف دیگر به دلیل این که در مطالعه‌های قبلی، از ژن‌های S و C ویروس هپاتیت B برای تعیین ژنوتیپ استفاده شده بود و در این مطالعه ناحیه ژن پلی‌مراز مورد مطالعه قرار گرفته است، شاید ناحیه ژن‌های مورد مطالعه و طول قطعات با سوش‌های در گردش مناطق مختلف شباهت نشان دهد که تنها با تعداد کافی نمونه و توالی کامل تمام ژن‌های ویروس هپاتیت B می‌توان به نتیجه قطعی دست یافت.

مهاجرت انسان‌ها و مسافرت‌های بین کشورها ممکن است منجر به تغییر ژنوتیپ‌های ویروس هپاتیت B شود. در مطالعه کومار در هند، ژنوتیپ ویروس هپاتیت B به طور اولیه در جمعیت هند، ژنوتیپ D گزارش شده که در طول زمان به علت مهاجرت افراد از اروپا به هند به خصوص در هند شمالی به طور نسبی با ژنوتیپ A ویروس هپاتیت B جایگزین شده است (۲۵).

به دلیل هم پوشانی ژن‌های هپاتیت B با یکدیگر، ممکن است بعضی موتاسیون‌ها در یک ژن بر روی بیان ژن‌های دیگر مثل sAg مؤثر باشد و در نتیجه این ویروس در نمونه‌های خون افراد اهداکننده خون با کیت‌های سرولوژیکی تجاری قابل شناسایی نباشد. بنابراین بررسی موتاسیون‌ها بر روی ژن‌های C، S و P به خصوص در ایران که این ویروس به شکل آندمیک وجود دارد، می‌تواند

نکرده یا بسیار کم تولید می‌کنند و ژنوم ویروس که در داخل ژنوم سلول کبدی قرار گرفته است، فقط HBsAg را تولید می‌کند (۱۹).

مطالعه‌هایی که جهت تعیین ژنوتیپ ویروس هپاتیت B در ایران انجام شده، بیشتر در بیماران و بر روی ژن‌های S و C ویروس هپاتیت B بوده است. مطالعه‌ای که توسط گودرزی و همکاران در سال ۲۰۰۷ بر روی ۱۰ بیمار HCC (Hepato Cellular Carcinoma) با روش تعیین توالی و آنالیز فیلوژنتیکی در ناحیه Pre S انجام شد، آشکار نمود که تمام واریته‌های جدا شده به ژنوتیپ D تعلق داشتند (۲۰).

در مطالعه‌ای که توسط علویان و همکاران بر روی ۱۰۹ ایرانی که از نظر HBs Ag مثبت بودند انجام گرفت، ژنوتیپ D تنها ژنوتیپی بود که در این افراد شناخته شد (۱۶).

در مطالعه‌ای که توسط امینی باویل و همکاران بر روی نمونه ۲۵ بیمار هپاتیت مزمن B با استفاده از روش تعیین توالی بر روی ژن C انجام شد، ژنوتیپ D در میان ایزوله‌ها ژنوتیپ غالب بود (۲۱). در مطالعه‌ای که بر روی ۵۵ اهداکننده خون در تهران صورت گرفت، با استفاده از روش PCR-RFLP بر روی ژن S مشخص شد که همگی واریته‌ها دارای ژنوتیپ D بودند (۲۲). ژنوتیپ شناسایی شده در این مطالعه (ژنوتیپ D)، با نتایج مطالعه‌های قبلی در ایران مطابقت دارد.

در کشورهای همسایه هم چون ترکیه، پاکستان، افغانستان و روسیه شایع‌ترین ژنوتیپ، D گزارش شده است. در کشورهای هند، عربستان و مصر نیز شایع‌ترین ژنوتیپ D می‌باشد. بنابراین شایع‌ترین ژنوتیپی که در منطقه مدیترانه شرقی گزارش شده، ژنوتیپ D است که با مطالعه ما مطابقت دارد (۲۳، ۲۴).

توالی ایزوله‌های HBV اهداکنندگان خون در مقایسه با توالی‌های موجود در بانک ژنی در جستجوی بلاست، بهترین انطباق‌ها و بالاترین امتیازها را با کشورهای قزاقستان، بلاروس و ازبکستان هم چنین کشورهای هند و چین نشان داد.

در مطالعه‌ای که قبلاً بر روی ۱۰ بیمار HCC انجام

خون نشان داد که تمامی ایزوله‌های این مطالعه در ژنوتیپ D، HBV قرار دارند. این نتایج می‌تواند در تشخیص ایمونولوژیکی و ژنتیکی ویروس هپاتیت B به منظور تهیه کیت‌های تشخیصی ویروس هپاتیت B هم چنین تهیه پانل‌های کنترل کیفی جهت ارزیابی روش‌های تشخیصی ویروس مورد استفاده قرار گیرد.

در ارزیابی روش‌های سرولوژیک در غربالگری خون اهداکنندگان مهم باشد (۲۶). یافته‌های این مطالعه اهمیت ژنوتایپینگ HBV را نشان می‌دهد که می‌تواند جهت تهیه پانل‌های کنترل کیفی برای ارزیابی روش تشخیصی و هم چنین خرید کیت‌های تشخیصی، تکمیل و بهبود برنامه‌های غربالگری در کشور ما، بسیار مؤثر باشد.

نتیجه‌گیری

بررسی آنالیز فیلوژنتیک ایزوله‌های HBV اهداکنندگان

References :

- 1- Kuhns MC, Busch MP. New strategies for blood donor screening for hepatitis B virus. *Infectious diseases*. 2006; 10(2): 77-91.
- 2- Chu CJ, Keeffe EB, Han SH, Perrillo RP, Min AD, Soldevila-Pico C, *et al*. Hepatitis B virus genotypes in the United States: results of a nationwide study. *Gastroenterology* 2003; 125 (2): 444-51.
- 3- Alam MM, Zaidi SZ, Malik SA, Shaikat S, Naeem A, Sharif S, *et al*. Molecular epidemiology of hepatitis B virus genotypes in Pakistan. *BMC Infect Dis* 2007; 7: 115.
- 4- Okamoto H, Tsuda F, Sakugawa H, Sastrosoewignjo RI, Imai M, Miyakawa Y, *et al*. Typing hepatitis B virus by homology in nucleotide sequence: comparison of surface antigen subtypes. *J Gen Virol* 1988; 69(Pt 10): 2575-83.
- 5- Norder H, Courouce AM, Magnius LO. Complete genomes, phylogenetic relatedness, structural proteins of six strains of the hepatitis B virus, four of which represent two new genotypes. *Virology* 1994; 198(2): 489-503.
- 6- Arauze-Ruiz P, Norder H, Roberston BH. Genotype H: a new Amerindian genotype of hepatitis B virus revealed in Central America. *Journal of General Virology* 2002; 83: 2059-73.
- 7- Moraes MT, Niel C, Gomes SA. A polymerase reaction based assay to identify genotype f of hepatitis B virus. *Braz J Med Biol Res* 1999; 32 (1): 45-9.
- 8- Kidd-Ljunggren K, Miyakawa Y, Kidd AH. Genetic variability in hepatitis B viruses. *J General Virol* 2002; 83(6): 1267-80.
- 9- Ozdemir FT, Duman D, Ertem D, Avşar E, Eren F, Ozdoğan O, *et al*. Determination of hepatitis B genotypes in patients with chronic hepatitis B virus infection in Turkey. *Turk J Gastroenterol* 2005;16(4):183-7.
- 10- Kato H, Orito E, Sugauchi F, Ueda R, Gish RG, Usuda S, *et al*. Determination of hepatitis B virus genotype G by polymerase chain reaction with hemi-nested primers. *Journal of Virological Methods* 2001; 98(2): 153-9.
- 11- Blackberg J, Kidd-Ljunggren K. Occult hepatitis B virus after acute self-limited infection persisting for 30 years without sequence variation. *J Hepatol* 2000; 33(6): 992-7.
- 12- Kao JH, Wu NH, Chen PJ, Lai MY, Chen DS. Hepatitis B genotypes and the response to interferon therapy. *J Hepatol* 2000; 33(6): 998-1002.
- 13- Bowyer SM, van Staden L, Kew MC, Sim JG. Unique segment of the hepatitis B virus group A genotype identified in isolation from south Africa. *J Gen Virol* 1997; 78(Pt 7): 1719-29.
- 14- Farzadegan H, Harbour C, Ala F. The prevalence of hepatitis B surface antigen and its antibody in blood donors and high risk groups in Iran. *Vox Sang* 1979; 37(3): 182-6.
- 15- Merat Sh, Malekzadeh R, Rezvan H, Khatibian M. Hepatitis B in Iran. *Arch Iran Med* 2000; 3(4): 192-201.
- 16- Alavian SM, Fallahian F, Lankarani KB. The changing epidemiology of viral hepatitis B in Iran. *J Gastrointest Liver Dis* 2007; 16(4): 403-6.
- 17- Alavian SM, Keyvani H, Rezai M, Ashayeri N, Sadeghi HM. Preliminary report of hepatitis B virus genotype prevalence in Iran. *World J Gastroenterol* 2006; 12(32): 5211-3.
- 18- Robinson SW. Hepatitis B virus and hepatitis D virus. In; Mandell GL, Bennet JE, Dolin R. *Principles and Practice of Infectious Diseases*. 5th ed. New York: Churchill Living stone; 2000. p.1406-39.
- 19- Crow Ford MJ. The liver and the biliary. In: Cotran RS, Kumar V, Robbins SL. *Pathologic Basis of*

- Disease. 4th ed. Philadelphia: WB Saunders; 1994. p. 831-67.
- 20- Goodarzi Z, Malekzadeh R, Montazeri G, Alavian SM, Qurbanalizadgan M, Daram M, *et al.* Phylogenetic Analysis of HBV Based on PreS Region in Iranian Hepatocellular Carcinoma Patients. *Hepatitis Monthly* 2007; 7(4): 201-5.
- 21- Amini Babil-Olyae S, Sarrami-Forooshani R, Adeli A, Sabahi F, Abachi M, Azizi M, *et al.* Complete genomic sequence and phylogenetic relatedness of hepatitis B virus isolates from Iran. *J Med Virol* 2005; 76 (3) : 31-26.
- 22- Milani S, Sharifi Z, Hosseini M, Mahmoodian Shooshtari M. Determination of HBV genotypes among HBs Ag positive blood donors in Tehran, Iran using PCR-RFLP. *Iranian J Publ Health* 2009; 38(1): 41-7.
- 23- Amini-Babil-Olyae S, Alavian SM, Adeli A, Sarrami-Forooshani R, Sabahi F, Sabouri E, *et al.* Complete genomic sequence and phylogenetic relatedness of hepatitis B virus genotyping, core promoter, and precore/core mutations among Afghan patients infected with hepatitis B: A preliminary report. *J Med Virol* 2006; 78(3): 358-64 .
- 24- Alam MM, Zaidi SZ, Malik SA, Shaukat S, Naeem A, Sharif S. Molecular epidemiology of Hepatitis B virus genotypes in Pakistan. *BMC Infect Dis* 2007; 7:115.
- 25- Kumar A, Kumar SI, Pandey R, Naik S, Aggarwal R. Hepatitis B virus genotype A is more often associated with severe liver disease in northern India than is genotype D. *Indian J Gastroenterol* 2005; 24(1): 19-22.
- 26- Gutiérrez C, Devesa M, Loureiro CL, León G, Liprandi F, Pujol FH. Molecular and Serological evaluation of surfaces antigen negative hepatitis B virus infection in blood donors from Venezuela. *J Med Virol* 2004; 73(2): 200-7.

*Original Article***Prevalence of hepatitis B virus genotypes to be determined by sequencing in blood donors in Kerman, Esfahan and Yazd**Sharifi Z.¹(PhD), Gharehbaghian A.¹(PhD), Noroozi M.¹(MS)¹Research Center of Iranian Blood Transfusion Organization, Tehran, Iran**Abstract****Background and Objectives**

Hepatitis B is one of the major diseases that has the potential to be transmitted by blood transfusion. Specific genotypes of hepatitis B virus are increasingly recognized for their clinical significance and association with particular viral mutations. The aim of this study was to investigate the prevalence of hepatitis B virus genotypes in blood donors of Kerman, Yazd and Isfahan Blood Centers.

Materials and Methods

Sera of 120 blood donors, who were positive for hepatitis B surface antigen (HBsAg) using ELISA method, were selected. HBV DNA was extracted from sera using commercial kits and the p gene sequences were amplified by nested-PCR. HBV genotypes were determined by direct sequencing of the polymerase gene of HBV. The obtained sequences were aligned with Clustal W programme. Phylogenetic trees were constructed by the Neighbor-joining (NJ) method. The data were analyzed with Fisher test by SPSS 11.5

Results

Out of 120 HBsAg positive volunteer blood donors, 69 (57.5% , CI 95% = 48.65-66.34) were positive for HBV DNA sequence. Sequence analysis was done on the positive samples. Genotype D was detected among 100% of HBV infected volunteer blood donors.

Conclusions

The prevalence rate of genotype D was found to be 100%. These findings may have an impact on the immunological and genetic diagnosis of HBV as well as on the selection of diagnostic kits and viral quality control panels.

Key words: Hepatitis B virus, Blood Donors, Genotype
Sci J Iran Blood Transfus Org 2010; 6(4): 248-256

Received: 22 Feb 2009

Accepted: 3 Oct 2009

Correspondence: Gharehbaghian A., PhD of Clinical Immunohematology. Associate Professor of Iranian Blood Transfusion Organization-Research Center.

P.O.Box: 14665-1157, Tehran, Iran. Tel: (+9821) 88601564; Fax: (+9821) 88601599

E-mail: gharehbaghian@ibto.ir