

## کلونینگ ژن POL ویروس HIV-1 و تعیین زیر گروه‌های آن

رعنا تبار اسد لاله<sup>۱</sup>، زهره شریفی<sup>۲</sup>، احمد قره باغیان<sup>۳</sup>

### چکیده

#### سابقه و هدف

شناسایی تنوع ژنتیکی و سیر تکاملی ویروس HIV در کشور، به بررسی مولکولی پیوسته و مداوم نیاز دارد که بتواند اطلاعات مفیدی در راستای طراحی روش‌های درمانی و تشخیصی جدید ارائه دهد. در این مطالعه از روش ژن کلونینگ، جهت ارزیابی توزیع و تنوع ژنتیکی اشکال در حال گردش ویروس HIV-1 استفاده شد.

#### مواد و روش‌ها

در یک مطالعه تجربی، ۵۰ نمونه که با روش الایزا، HIV مثبت بودند، بررسی شدند، تمام موارد معتاد تزریقی بوده و سابقه درمان آنتی رتروویرال نداشتند. ژن ریورس ترانس کریپتاز ویروس HIV-1 با روش Nested RT-PCR و با استفاده از آغازگرهای اختصاصی تکثیر شد، سپس با استفاده از وکتور PTZ-57RT کلون شد و چندین کلون از هر بیمار تعیین توالی شد. توالی‌های به دست آمده از ژن ریورس ترانس کریپتاز با توالی‌های رفرانس که از بانک اطلاعات جهانی به دست آمده بود، با استفاده از نرم‌افزار ClustalW ۱/۸ مرتب شد. سپس درخت فیلوژنتیک با استفاده از نرم‌افزار NJplot رسم شد.

#### یافته‌ها

از ۵۰ نمونه مورد بررسی، ۳۰ نمونه با استفاده از روش Nested RT-PCR تکثیر شدند، آنالیز نوکلئوتیدها بر روی ژن ریورس ترانس کریپتاز با استفاده از چندین کلون از هر فرد انجام شد. تمام نمونه‌ها ساب تایپ CRF35-AD بودند.

#### نتیجه گیری

نتایج این مطالعه نشان داد که CRF35-AD، شایع‌ترین گونه نو ترکیب در بین بیماران است. اطلاعات پیرامون تنوع ژنتیکی ویروس در افراد و ساب تایپ‌های ویروسی در گردش جامعه، می‌تواند در طراحی روش‌های تشخیصی، برنامه‌های کنترل عفونت و درمان، مفید باشد.

**کلمات کلیدی:** HIV1، کلونی‌ها، تنوع ژنتیکی

تاریخ دریافت: ۹۰/۶/۲۸

تاریخ پذیرش: ۹۰/۱۱/۱۰

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد هماتولوژی - مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران  
۲- مؤلف مسئول: PhD ویروس‌شناسی - دانشیار مرکز تحقیقات انتقال خون - مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون - تهران - ایران - صندوق پستی: ۱۴۶۶۵-۱۱۵۷  
۳- PhD ایمونوهماولوژی بالینی - دانشیار دانشکده پیراپزشکی دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی - تهران - ایران

**مقدمه**

در حال حاضر بیماری ایدز، یکی از معضلات بهداشتی جهان می باشد. هم چنان که وارد هزاره جدید می شویم، ویروس از بین برنده سیستم ایمنی بدن انسان یا همان Human Immunodeficiency Virus (HIV) در به خطر انداختن سلامتی بشر در سراسر جهان نقش بزرگی دارد. آمارهای ارایه شده اخیر از سوی سازمان ملل نشان می دهد که تقریباً ۳۴ میلیون نفر از مردم جهان به این بیماری مبتلا هستند و هر ساله تعداد ۵/۶ میلیون نفر، به این مقدار افزوده می گردد.

فاجعه انسانی مربوط به ایدز بی مانند است و در حال حاضر، چشم انداز روشنی برای تولید واکسن مؤثر علیه ویروس HIV و بیماری ایدز، وجود ندارد (۱). دلایل اصلی و مهمی که باعث شده تاکنون راهی مطمئن برای کنترل این ویروس در دسترس نباشد، وجود جهش های فراوان و متنوع در ژنوم ویروس به دلیل فشار سیستم ایمنی بدن، فقدان فعالیت تصحیح در عملکرد آنزیم ترانس کریپتاز معکوس و سرعت تکثیر بالای ویروس در هر سیکل تکثیر، هم چنین نوترکیبی ویروس می باشد (۲). ایجاد فرم های نوترکیب ویروس در اثر عفونت چندگانه در افراد مبتلا، عامل ایجاد تنوع ژنومی بسیار در این ویروس است و منجر به ایجاد سوش های نوترکیب جدیدی می شود که نقش برخی از این فرم های ریکامیننت، به اندازه ساب تایپ های اصلی ویروس در ایجاد پاندمی های اخیر گزارش شده است (۳). احتمال دارد سوش غالب، وارد گردش در جامعه شود که باید مورد شناسایی قرار گیرد. به همین دلیل مطالعه های زیادی بر روی جهش های ژنومی به خصوص جهش های ژنومی که منجر به مقاومت دارویی و ایجاد تغییر ویژه ای در عملکرد و سیکل زندگی ویروس می شود؛ صورت گرفته است. با توجه به مطالعه های انجام شده بر روی ژن POL ویروس HIV، ثابت شده است که ژن POL در عملکرد و سیکل زندگی ویروس نقش حیاتی دارد و آنزیم های مهم ویروس HIV یعنی پروتئاز (PR)، اینتگراز (IN) و ریورس ترانس کریپتاز (RT) را کد می کند. در نتیجه این تحقیقات ثابت شده است که برخی از جهش هایی که در ژن POL ایجاد می شوند، منجر به بروز

مقاومت دارویی در ویروس HIV می گردند.

از آنجایی که ویروس های موجود در یک فرد به علت موتاسیون های فراوان هتروژن بوده و دارای ژنتیک یکسانی نمی باشند و با روش تعیین توالی مستقیم فقط ژنتیک یک ایزوله ویروسی مورد بررسی قرار می گیرد، در این تحقیق سعی شده با استفاده از چندین کلون، تفاوت های ژنومی ویروس های موجود در هر فرد مورد بررسی قرار گیرد. از طرفی تعیین توالی کامل ژن ریورس ترانس کریپتاز و کلون کردن این ژن، می تواند منبع اطلاعاتی مفیدی برای مطالعه های آتی در مورد جهش های ایجاد شده جهت مقایسه سیر تکاملی ویروس ارایه دهد. اطلاعات پیرامون تنوع ژنتیکی ویروس HIV-1 در تشخیص این بیماری هم چنین روش های غربالگری اهداکنندگان نیز مؤثر است به این معنی که برای شناسایی افراد مبتلا در طراحی کیت های الایزا و PCR، برای به دست آوردن پاسخ صحیح، طراحی اولیه باید به گونه ای باشد که قابلیت شناسایی تمام ساب تایپ ها و فرم های نوترکیب در حال گردش (CRFs = Circulating Recombinant Forms) شایع را داشته باشد و فقط مخصوص گروه B نباشد، اغلب کیت های تجاری بر اساس ژنوتیپ B طراحی شده اند که در اروپا و آمریکا شایع می باشد (۲). بنابراین شناسایی ساب تایپ اصلی در گردش هر جامعه جهت شناسایی سریع، طراحی آزمایش های غربالگری مناسب، سیاست گذاری جامعه جهت درمان و بررسی مقاومت در برابر دارو ضروری می باشد.

**مواد و روش ها**

این مطالعه با استفاده از ۵۰ نمونه خون EDTA دار تهیه شده از معتادان مراجعه کننده به مراکز بهداشت کردستان انجام شد. ۹۲٪ نمونه ها مرد و ۸٪ زن بودند. نمونه گیری ساده و مطالعه انجام شده تجربی بود.

**استخراج RNA ویروسی:**

استخراج RNA ویروس HIV-1 از پلاسمای افراد مبتلا به عفونت با این ویروس انجام شد و برای ساخت cDNA مورد استفاده قرار گرفت. برای این کار از کیت High Pure

لازم به ذکر است که سه مرحله دناتوراسیون، آنیلینگ و اکستنشن، ۳۰ سیکل تکرار شد.

#### بررسی محصول PCR:

معمول‌ترین روش بررسی محصول PCR، روش ژل الکتروفورز است که در این مطالعه، با استفاده از ژل آگاروز ۱٪ و جریان الکتریسیته به میزان ۸۵-۸۰ ولت به مدت ۴۵ دقیقه انجام شد. مشاهده DNA متعاقب الکتروفورز روی ژل آگاروز و با رنگ‌آمیزی با اتیدیوم بروماید امکان‌پذیر خواهد بود.

#### اتصال قطعات DNA:

برای انجام واکنش اتصال، ابتدا محصول مرحله دوم PCR به وسیله کیت (High pure PCR product purification kit) با برچسب تجاری روش تخلیص و سپس در وکتور PTZ-57RT کلون شد. در این تحقیق به منظور کلونینگ ژن ریورس ترانس کریپتاز از کیت کلونینگ فرمتاز، استفاده شد. سپس محصول واکنش به باکتری مستعد به روش کلرور کلسیم ترانسفورم شد. در نهایت سلول‌های ترانسفورم شده به یک پلیت حاوی آنتی‌بیوتیک، X-Gal و IPTG (Isopropyl β-D-1-thiogalactopy ranoside) اضافه گردید. پلیت‌ها به طور شبانه (۱۸-۱۶) در انکوباتور °C ۳۷ قرار داده شد تا کلنی‌های آبی (کلنی فاقد پلاسمید نوترکیب) یا سفید (کلنی حاوی پلاسمید نوترکیب) ظاهر شود.

#### روش کلونی PCR:

برای استخراج پلاسمید از کیت High pure plasmid isolation kit با برچسب تجاری روش استفاده شد. با استفاده از روش کلونی PCR و آغازگر اختصاصی قطعه مورد نظر، وجود قطعه DNA خارجی در ناقل پلاسمیدی تایید شد. به همین منظور واکنش PCR به حجم ۲۵ میکرولیتر مطابق با شرایط مذکور در قسمت مربوط به واکنش PCR با استفاده از آغازگرهای اختصاصی و ۱ میکروگرم پلاسمید استخراج شده از کلنی‌های سفید، به عنوان الگو انجام شد.

Viral RNA Kit از شرکت روش استفاده شد. غلظت RNA با استفاده از بررسی میزان جذب نور UV در ۲۶۰ نانومتر محاسبه شد. برای تعیین میزان خلوص RNA، میزان جذب آن در ۲۶۰/۲۸۰ نانومتر محاسبه شد.

#### واکنش RT-Nested PCR:

ساخت cDNA با استفاده از کیت تاکارا بيو (INC) انجام شد. این کیت حاوی مستر میکس آماده متشکل از آنزیم با تصحیح خطا (proof reading) و بافر مناسب واکنش PCR، dNTPs و Loading Buffer است و با افزودن الگو، آغازگرهای جلوبرنده و معکوس و ریورس و آب مقطر استریل، آماده انجام واکنش PCR می‌باشد. واکنش به صورت Nested PCR و با استفاده از دو جفت آغازگر خارجی و داخلی در دو مرحله انجام شد.

جدول ۱: آغازگرهای ژن ترانس کریپتاز معکوس در مرحله اول و دوم

| نام آغازگر | سکانس آغازگر                     |
|------------|----------------------------------|
| MJ3        | 5'AGT AGG ACC TAC ACC TGT AC3'   |
| MJ4        | 5'CTG TTA GTG CTT TGG TTC CTC 3' |
| A20        | 5'ATT TTC CCA TTA GTC CTA TT3'   |
| NE1        | 5'ATG TCA TTG ACA GTC CAG CT3'   |

در مرحله اول PCR، از cDNA تهیه شده به عنوان الگو و در مرحله دوم با محصول PCR به دست آمده از مرحله اول، به عنوان الگو با استفاده از دستگاه ترموسایکلر اپندورف، طبق برنامه زیر، PCR انجام شد.

#### جدول ۲: چرخه دمایی واکنش PCR

| مرحله               | درجه حرارت (سانتی‌گراد) | مدت      |
|---------------------|-------------------------|----------|
| دناتوراسیون مقدماتی | ۹۸ °C                   | ۵ ثانیه  |
| دناتوراسیون         | ۹۸ °C                   | ۱۰ ثانیه |
| آنیلینگ             | ۵۵ °C                   | ۳۰ ثانیه |
| اکستنشن             | ۷۲ °C                   | ۱ دقیقه  |
| اکستنشن نهایی       | ۷۲ °C                   | ۱۰ دقیقه |

## تعیین توالی مولکول DNA (Sequencing):

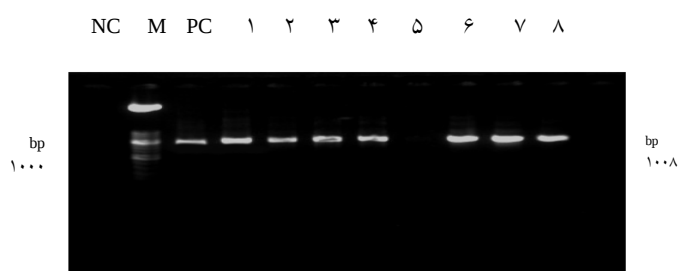
برای تعیین توالی نوکلئوتیدهای ژن کلون شده، بایستی باکتری ترانسفورم شده کشت داده شود، پلاسمیدهای نوترکیب عاری از هر گونه آلودگی استخراج شوند و توسط روش خاتمه زنجیره DNA نشاندار با رنگ فلئورسنت و با استفاده از دستگاه تعیین توالی شوند. در این تحقیق به منظور تعیین توالی قطعه کلون شده در پلاسمید pTZ57R/T، ابتدا پلاسمیدهای موجود در باکتری‌های کلنی سفید با استفاده از کیت شرکت رُوش استخراج گردیدند و جهت تعیین توالی به شرکت تکاپو زیست ارسال شدند. کروماتوگرام‌های به دست آمده با استفاده از نرم‌افزار کروماتاس، مورد بررسی قرار گرفتند و برای بررسی توالی‌های به دست آمده با کروماتوگرام رسم شده، نتایج تعیین توالی با استفاده از نرم‌افزار sequence analyzer و برنامه Backman ۸۰۰۰ با ژن رفرانس مقایسه شدند و صحت بازهای آن‌ها کنترل شد. برای تعیین ژنوتیپ ویروس با استفاده از برنامه Clastal W ۱/۸۴، توالی‌های به دست آمده با ژن‌های رفرانس مرتب شدند و برای رسم درخت فیلوژنتیک، از نرم‌افزار Nj Plot استفاده شد. برای بررسی صحت رسم درخت فیلوژنتیک، رسم درخت ۱۰۰۰ بار تکرار شد. سپس نتیجه تعیین توالی ژن کلون شده به کمک برنامه NCB1 BLAST از نظر تشابهات و اختلافات با ژن RT ویروس HIV-1 ثبت شده در بانک جهانی مقایسه گردید.

## یافته‌ها

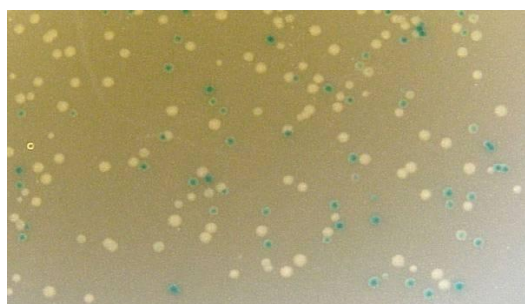
برای تعیین میزان خلوص RNA، میزان جذب آن در ۲۶۰/۲۸۰ نانومتر محاسبه شد، مقدار حاصله بین ۱/۹ تا ۲/۱ به دست آمد که نشانگر خلوص مناسب RNA بود. استخراج RNA ویروس HIV-1 از پلاسمای افراد مبتلا به عفونت با این ویروس انجام شد. پس از ساخت cDNA، واکنش PCR با آغازگرهای اختصاصی ژن ترانس کریپتاز معکوس انجام شد و قطعه‌ای به طول تقریبی ۱۰۰۸ جفت باز تکثیر گردید (شکل ۱).

حضور قطعه ۱۰۰۸ جفت بازی در کنار نشانگر وزن مولکولی با استفاده از آغازگرهای اختصاصی ژن

ترانس کریپتاز معکوس، نشان‌دهنده موفقیت در تکثیر ژن ترانس کریپتاز معکوس می‌باشد. پس از خالص‌سازی و کلونینگ ژن پروتئاز در وکتور PTZ57R/T، کلون‌های حاصله مورد بررسی قرار گرفت و کلون‌های سفید رنگ که حاوی قطعه مورد نظر بودند انتخاب شدند (شکل ۲).



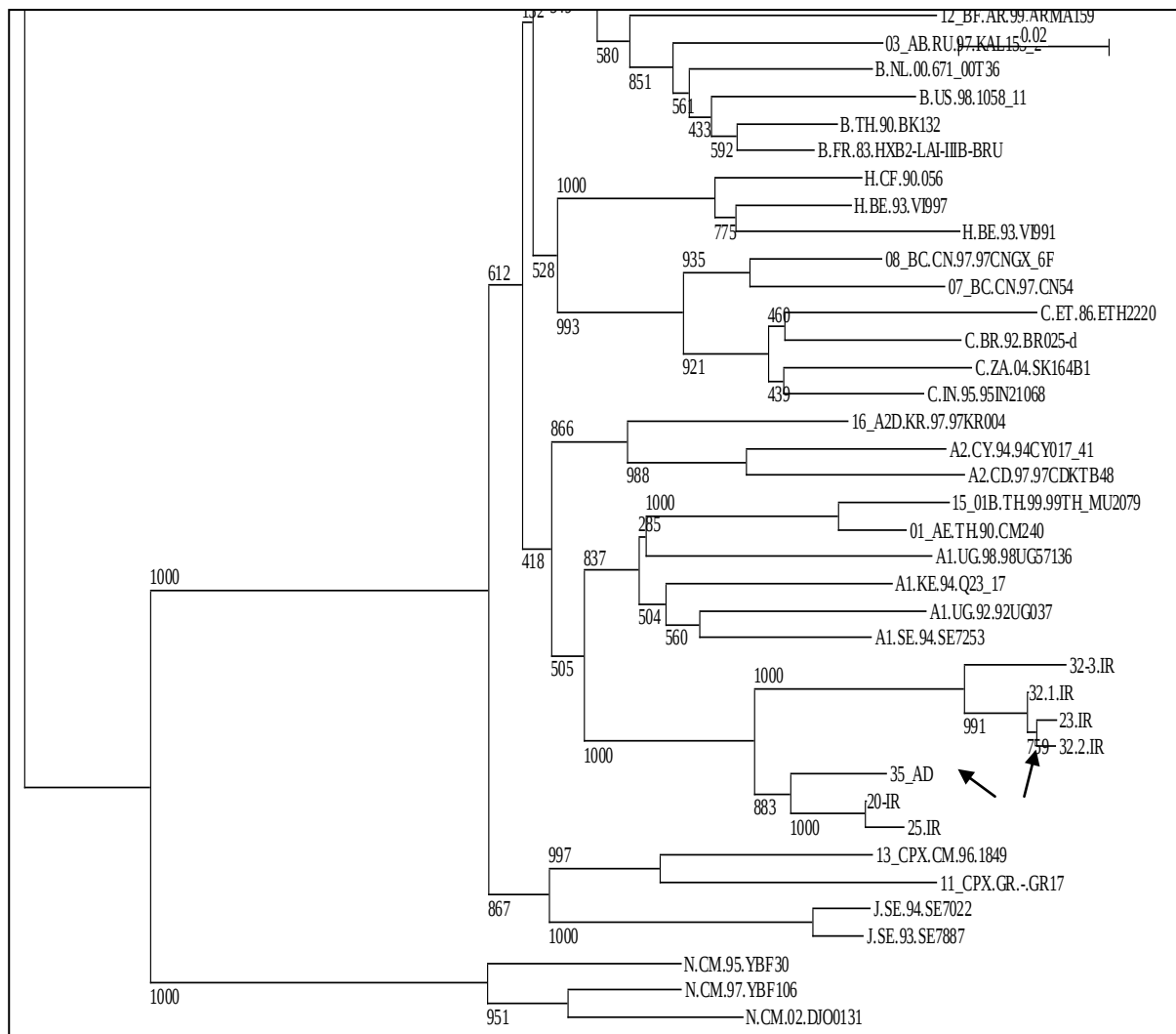
شکل ۱: NC کنترل منفی، M مارکر وزن مولکولی، PC کنترل مثبت و ستون‌های شماره ۱-۸ مربوط به نمونه بیمار است.



شکل ۲: کلونی‌های سفید رنگ حاوی پلاسمید نوترکیب

جهت تایید حضور ژن در کلون‌های انتخاب شده، از کلونی PCR با آغازگرهای اختصاصی استفاده شد. پس از تایید کلونینگ، برای بررسی تطابق توالی‌های به دست آمده از پلاسمید نوترکیب PTZ-RT با کروماتوگرام رسم شده، نتایج تعیین توالی با ژن رفرانس مقایسه شد و صحت بازهای آن‌ها کنترل گردید. برای تعیین ژنوتیپ ویروس، توالی‌های به دست آمده با ژن‌های رفرانس مرتب شده و برای صحت رسم درخت فیلوژنتیک رسم درخت ۱۰۰۰ بار تکرار شد (شکل ۳).

نتایج به دست آمده از آنالیز فیلوژنتیک ژن RT نشان داد



شکل ۳: رسم درخت فیلوژنتیک ژن RT که ایزوله‌های این مطالعه با IR نشان داده شده است و رسم درخت ۱۰۰۰ بار تکرار شد.

که تحت گونه شایع در میان معتادان تزریقی، CRF35A-D می‌باشد که بیشترین تشابه را با ساب تایپ نو ترکیب موجود در افغانستان دارد.

## بحث

با گذشت قریب به ۲۷ سال از اولین گزارش ابتلا به ایدز در جهان و گذشت ۲۵ سال از کشف عامل بیماری، هنوز هم کنترل مؤثر ایدز با شکست مواجهه است. ریشه اصلی این چالش به پاتوزن مولکولی ویروس HIV برمی‌گردد. ویروسی که از مکانیسم‌های مختلفی برای گریز از سیستم

ایمنی بدن میزبان بهره می‌گیرد. یکی از شاخص‌ترین راه‌های استفاده ویروس جهت فرار از سیستم ایمنی میزبان، گلیکوزیلاسیون گلیکوپروتئین‌های سطحی ویروس می‌باشد که از خشی‌سازی اپی‌توپ‌ها توسط آنتی‌بادی جلوگیری می‌کند. از طرفی ورود ویروس به ژنوم سلول میزبان باعث می‌شود که سلول‌های آلوده شده‌ای که از بین نمی‌روند، به طور دایم منبعی برای حفظ ویروس در میزبان باشند. از راه‌های گریز دیگر ویروس که برای ما دارای اهمیت بیشتری است، پتانسیل بالای آن در موتاسیون می‌باشد که به آن فرار موتاسیونی می‌گویند. مکانیسم اخیر

باعث تنوع قابل ملاحظه ویروس HIV-1 شده و منجر به آدپته شدن سریع ویروس در برابر سیستم ایمنی میزبان، هم چنین مقاوم شدن آن در برابر درمان‌های آنتی رتروویرال می‌شود.

اما آن چه که در مورد ویروس HIV-1 از نظر اپیدمیولوژیکی و بالینی اهمیت دارد، تنوع ژنتیکی بسیار بالای ویروس است که باعث ایجاد جمعیت متنوعی از ویروس در یک فرد آلوده (Quasispecies) می‌شود. این تنوع ژنتیکی در نتیجه سرعت همانندسازی بالای ویروس ( $10^4$  ویریون در روز)، موتاسیون‌های مکرر آن ( $10^{-5} \times$ ) (۳/۴)، در هر سیکل، همانندسازی به دلیل نداشتن عملکرد تصحیح خطا در آنزیم ترانس کریپتاز معکوس ویروس HIV-1، ایجاد فرم‌های نو ترکیب داخل گونه‌ای و بین عفونت چندگانه (multiple infection) و دوگانه (dual infection) در فرد آلوده، انتقال فرم‌های نو ترکیب حاصله به سایرین و ایجاد فرم‌های نو ترکیب جدید در گردش در جامعه (Circulate- recombinant forms) می‌شود که ممکن است حتی به فرم غالب در گردش در جامعه تبدیل شود. شناسایی ساب تایپ‌ها و CRFs شایع در هر جامعه و هم چنین بررسی تنوع ژنتیکی ویروس در هر فرد مبتلا هم چنین در کل جامعه دارای اهمیت بسیاری است زیرا همان طور که اشاره شد، انواع مختلفی از اشکال نو ترکیب بین گونه‌ای از ویروس ایجاد شده است که نقش برخی از آن‌ها در ایجاد پاندمی‌های ویروس HIV-1، به اندازه ساب تایپ‌های اصلی ویروس می‌باشد به طوری که در مطالعه‌های انجام شده، وفور اشکال نو ترکیب بین گونه‌ای در پاندمی‌های اخیر تایید شده است. افزایش CRF03-AB در روسیه، CRF08-BC، CRF07-BC در چین، CRF15-01B در تایلند و CRF35-AD در ایران و افغانستان گزارش شده است، در حالی که تا سال ۲۰۰۵ فرم غالب ساب تایپ ویروسی در ایران نوع A گزارش شده بود.

در مطالعه‌ای که توسط زمانی و همکارانش در سال ۲۰۰۵ با استفاده از نمونه موکوس دهانی به دست آمده از ۶۱۱ معتاد تزریقی (۵۸۸ مرد و ۲۳ زن) مراجعه‌کننده به مراکز درمان اعتیاد در تهران انجام شد، گروه اصلی آلوده به HIV در ایران معتادان تزریقی و فاکتور خطر اصلی در ابتلا

به آن، استفاده از سرنگ مشترک در میان آن‌ها گزارش شده بود (۴).

در مطالعه‌ای که در سال ۲۰۰۶ توسط نادری و همکارانش با استفاده از نمونه تهیه شده از ۱۲ معتاد تزریقی HIV+ در مشهد انجام شد، در تمام موارد ساب تایپ آلوده‌کننده A گزارش شده بود (۶).

در مطالعه‌ای که توسط سارمی فروشانی و همکارانش در سال ۲۰۰۶ در مورد آنالیز فیلوژنتیک HIV در ایران در دو گروه هموفیلی و معتادان تزریقی با تهیه ۱۲۲ کلون از ژن gag-p17 و ۱۳۱ کلون از ژن env (V1-V5) از ۶۱ بیمار HIV+ انجام شد، ساب تایپ آلوده‌کننده در افراد هموفیلی B و در معتادان تزریقی A گزارش شد. در این مطالعه نیز اعتیاد تزریقی، عامل اصلی انتقال HIV در ایران و ساب تایپ A، ساب تایپ غالب در گردش جامعه گزارش شده بود (۵).

در مطالعه‌ای که در سال ۲۰۰۹ توسط موسوی و همکارانش در مورد میزان انتقال ویروس HIV مقاوم به درمان انجام شد، ۷۳ نمونه HIV مثبت از افراد زیر ۲۵ سال از مراکز مشاوره در تهران، قم، اصفهان، لرستان، کرمانشاه، همدان، کردستان، فارس و یزد تهیه شده بود. ۷۲٪ نمونه‌ها مرد و ۲۸٪ زن بودند. ۶۴٪ افراد معتاد تزریقی بودند و تمام افراد انتخاب شده، برای بار اول درمان را آغاز کرده بودند که ساب تایپ در تمام نمونه‌ها CRF35-AD و فقط در یک نمونه G و یک نمونه A گزارش شده بود (۶). هم چنین در مطالعه‌ای که توسط سهیلی و همکارانش در سال ۲۰۰۹ انجام شد، تعیین توالی ژن‌های پروتاز، ترانس کریپتاز معکوس و انولپ از ۱۸ فرد مبتلا به HIV-1 که تحت درمان نبودند، انجام شد و تمامی نمونه‌ها دارای ساب تایپ CRF35-AD گزارش شدند (۷).

در مطالعه همکار و همکارانش در سال ۲۰۱۰ که بر روی ۴۲ بیمار تحت درمان با داروهای آنتی رتروویرال که حداقل یک سال از شروع درمان آن‌ها می‌گذشت انجام شد، ۸۳٪ موارد مرد و ۱۷٪ زن بودند و ۳۶٪ آن‌ها دارای اعتیاد تزریقی بودند. در این مطالعه ساب تایپ CRF35-AD در ۴۸٪ موارد، ساب تایپ B در ۴۳٪ موارد، ساب تایپ نو ترکیب CRF01A-E در ۵٪ موارد و ساب تایپ A در ۵٪

موارد گزارش شده بود(۸).

همان طور که مشاهده می شود در تمام مطالعه هایی که تا به حال انجام شده، درصد مردان آلوده بیش از زنان است و بیشترین درصد آلودگی در افراد مورد مطالعه، گروه معتادان تزریقی می باشند.

در مطالعه ما نیز افراد مبتلا به HIV سابقه اعتیاد تزریقی داشتند که ۹۲٪ آن ها را مردان و ۸٪ را زنان تشکیل داده بودند، بنابراین می توان گفت که میزان ابتلای مردان در ایران از زنان بیشتر است و سبب تایپ CRF35-AD در حال حاضر نیز عمده ترین و اصلی ترین سبب تایپ در معتادان تزریقی در انتقال بیماری HIV-1 در ایران می باشد. تا سال ۲۰۰۶، سبب تایپ A در معتادان تزریقی و سبب تایپ B در افراد هموفیلی گزارش شده بود ولی در سال ۲۰۰۹، سبب تایپ CRF35-AD سبب تایپ اصلی آلوده کننده در ایران بود. سبب تایپ های A و G فقط در یک مورد گزارش شده بود و در سال ۲۰۱۰ چهار سبب تایپ CRF35-AD، B، CRF01A-E و A به ترتیب با فراوانی ۴۸٪، ۴۳٪، ۵٪ و ۵٪ در ایران گزارش شده است.

طبق گزارش های موجود از سال ۲۰۰۵ تا سال ۲۰۰۹، تنوع سبب تایپ های ویروس HIV-1 هم چنین دامنه گروه های آلوده در ایران در حال افزایش است و ممکن است طی سال های آینده، سبب تایپ اصلی در گردش در جامعه نیز در حال تغییر باشد که نیاز به مطالعه مداوم دارد، به عنوان مثال سبب تایپ A در معتادان تزریقی از ۱۰۰٪ موارد در سال ۲۰۰۵ به ۵٪ موارد در سال ۲۰۱۰ کاهش یافته است و سبب تایپ CRF35-AD، به سبب تایپ اصلی در گردش در جامعه تبدیل شده است.

یکی از دلایل حضور این سبب تایپ های نو ترکیب در ایران ممکن است مهاجرت و یا مسافرت به کشورهای همسایه و یا ورود مهاجران آن کشورها به ایران و آلودگی افراد به سبب تایپ نو ترکیب موجود در آن جوامع باشد، البته عامل دیگر ممکن است عفونت چندگانه فرد به دو سبب تایپ متفاوت و ایجاد سبب تایپ نو ترکیب جدید در فرد و انتقال آن به سایرین مطرح باشد، جهت بررسی این دو احتمال مطالعه های انجام شده در کشورهای همسایه مورد بررسی قرار گرفت.

در مطالعه انجام شده توسط ساندرس در سال ۲۰۰۹ در افغانستان که در دو گروه معتادان تزریقی و Sex Workers انجام شد، از ۶۲۳ نمونه معتاد تزریقی در سه شهر هرات، جلال آباد، مزار شریف، ۱۱ نمونه HIV مثبت تشخیص داده شده بود که سبب تایپ آلوده کننده در تمام موارد CRF35-AD گزارش شد. از ۵۴۴ نمونه تهیه شده از Sex workers فقط یک مورد مثبت تشخیص داده شد که سبب تایپ آلوده کننده A-E بود(۹). در مطالعه انجام شده توسط سعید خان در سال ۲۰۰۶، از ۳۴ معتاد تزریقی HIV مثبت که تعداد کمی از آن ها سابقه سفر به کشور امارات را داشته و در آن کشور رابطه جنسی با افراد Sex workers داشتند، تمام موارد آلوده به سبب تایپ A در پاکستان گزارش شده بود(۱۰). در مطالعه انجام شده توسط ییلماز در سال ۲۰۰۶، از ۲۷ بیمار(۲۶ فرد بالغ و ۱ نوزاد) که متولد ترکیه بودند، ۲۰ نفر در اثر رابطه جنسی با جنس مخالف (هتروسکسوال) آلوده شده بودند، ۲ بیمار در اثر انتقال خون و نوزاد از طریق مادر آلوده به بیماری مبتلا شده بودند، ۴ نفر به سبب تایپ A، ۱۹ نفر به سبب تایپ B، یک نفر به سبب تایپ C و یک نفر به سبب تایپ D و دو نفر به سبب تایپ F1 آلوده بودند. در این مطالعه سبب تایپ غالب آلوده کننده در استانبول ترکیه، B گزارش شده بود البته سبب تایپ non B نیز دیده شده بود(۱۱).

### نتیجه گیری

نتایج این مطالعه نشان داد که CRF35-AD شایع ترین تحت گونه نو ترکیب در بین بیماران معتاد تزریقی است. با توجه به عدم گزارش ژنوتیپ D تاکنون در ایران، احتمال دارد که این فرم ریکامیننت، در نتیجه ابتلای افراد به فرم ریکامیننت در خارج از ایران یا ورود مهاجرین آلوده به فرم ریکامیننت به کشور باشد که باعث گسترش این سبب تایپ ها در ایران شده است. بنابراین لازم است مطالعه وسیع تری در کشور بر روی ژنوم کامل ویروس به عمل آید.

### تشکر و قدردانی

این تحقیق حاصل پایان نامه کارشناسی ارشد هماتولوژی

کیت سازی و ویروس شناسی سازمان انتقال خون، تشکر و قدردانی می نمایند. هم چنین از مرکز تحقیقات انتقال خون به دلیل حمایت مالی این پروژه سپاسگزاری می گردد.

مصوب مرکز تحقیقات مؤسسه عالی آموزشی و پژوهشی طب انتقال خون می باشد. نویسندگان به این وسیله از آقای شهرام سمیعی و کارکنان محترم بخش های

## References :

- 1- Epidemic Update. UNAIDS Report on the global AIDS epidemic; 2010. Chapter 2. Available From: [http://www.unaids.org/documents/20101123\\_GlobalReport\\_Chap2\\_em.pdf](http://www.unaids.org/documents/20101123_GlobalReport_Chap2_em.pdf).
- 2- Kijak GH, McCutchan FE. HIV diversity, molecular epidemiology, and the role of recombination. *Curr Infect Dis Rep* 2005; 7(6): 480-8.
- 3- Taylor BS, Sobieszczyk ME, McCutchan FE, Hammer SM. The challenge of HIV-1 subtype diversity. *N Engl J Med* 2008; 358: 1590-602.
- 4- Zamani S, Kihara M, Gouya MM, Vazirian M, Ono-Kihara M, Razzaghi EM, *et al*. Prevalence of and factors associated with HIV-1 infection among drug users visiting treatment centers in Tehran, Iran. *AIDS* 2005; 19(7): 709-16.
- 5- Naderi HR, Tagliamonte M, Tornesello ML, Ciccozzi M, Rezza G, Farid R, *et al*. Molecular and phylogenetic analysis of HIV1 variants circulating among injecting drug users in Mashhad-Iran. *Infect Agent Cancer* 2006; 1: 4.
- 6- Sarraimi-Forooshani R, Das SR, Sabahi F, Adeli A, Esmaili R, Wahren B, *et al*. Molecular analysis and phylogenetic characterization of HIV in Iran. *J Med Virol* 2006; 78(7): 853-63.
- 7- Mousavi SM, Hamkar R, Gouya MM, Safaie A, Zahraei SM, Yazdani Z, *et al*. Surveillance of HIV drug resistance transmission in Iran: experience gained from a pilot study. *Arch Virol* 2010; 155(3): 329-34.
- 8- Soheilli ZS, Ataiee A, Tootian S, Zadsar M, Amini S, Abadi K, *et al*. Presence of HIV-1 CRF35\_AD in Iran. *AIDS Res Hum Retroviruses* 2009; 25(1): 123-4.
- 9- Hamkar R, Mohraz M, Lorestani S, Aghakhani A, Truong HM, McFarland W, *et al*. Assessing subtype and drug-resistance-associated mutations among antiretroviral-treated HIV-infected patients. *AIDS* 2010; 24(Suppl2): 585-91.
- 10- Sanders-Buell E, Bose M, Nasir A, Todd CS, Stanekzai MR, Tovanabutra S, *et al*. Distinct circulating recombinant HIV-1 strains among injecting drug users and sex workers in Afghanistan. *AIDS Res Hum Retroviruses* 2010; 26(5): 605-8.
- 11- Khan S, Rai MA, Khanani MR, Khan MN, Ali SH. HIV-1 subtype A infection in a community of intravenous drug users in Pakistan. *BMC Infect Dis* 2006; 6: 164.
- 12- Yilmaz G, Midilli K, Türkoğlu S, Bayraktaroğlu Z, Kuşkucu AM, Ozkan E, *et al*. Genetic subtypes of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) in Istanbul, Turkey. *Int J Infect Dis* 2006; 10(4): 286-90.

**Original Article**

## **Cloning of HIV-1 POL gene and its Subtyping**

**Tabar Asad Laleh R.<sup>1</sup>, Sharifi Z.<sup>1</sup>, Gharehbaghian A.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Blood Transfusion Research Center, High Institute for Research and Education in Transfusion Medicine, Tehran, Iran

<sup>2</sup>Paramedical Faculty, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

### **Abstract**

#### **Background and Objectives**

The identification of the genetic diversity and evolution of HIV-1 in the country needs constant molecular survey which could represent useful information to design new diagnostic and therapeutic strategies. Gene cloning strategy was used to evaluate the distribution and genetic diversity of the HIV-1 circulating forms.

#### **Materials and Methods**

Overall, 50 HIV-1 seropositive subjects were enrolled in the study. All of them were IDUs and had no history of antiretroviral therapy. The reverse-transcriptase genes of HIV-1 were amplified by nested RT-PCR using specific primers. Then, the RT gene of HIV-1 was cloned into a cloning vector PTZ-57R. Multiple clones from each patient were sequenced. The obtained sequences were aligned with the reference sequences, retrieved from the GenBank database. Multiple sequence alignments were performed by using the ClustalW 1.8 software package. Phylogenetic trees were generated by using the neighbor-joining plot.

#### **Results**

Of 50 serum samples, 30 were HIV RNA positive by nested RT-PCR. The nucleotide sequence analysis was performed on the RT genes from multiple clones. All samples were of HIV-1 CRF35-AD strains.

#### **Conclusions**

Data showed that CRF35-AD strain is the most prevalent in HIV infected patients. Information on the genetic diversity of viruses in patients and also viruses circulating in the community can be useful in design of diagnostic procedure, infection control programs and treatment.

**Key words:** HIV-1, Clones, Genetic Diversity

Received : 11 Sep 2011

Accepted: 25 Jan 2012

---

Correspondence: Sharifi Z., PhD of Virology. Associate Professor of Blood Transfusion Research Center, High Institute for Research and Education in Transfusion Medicine.  
P.O.Box:14665-1157, Tehran, Iran. Tel: (+9821) 82052229; Fax : (+9821) 88601555  
E-mail: z.sharifi@ibto.ir