

عنوان مقاله:

تغییرات نوکلئوتیدی توالی ژن کدکننده پروتئین چند عملکردی X در فرد مبتلا به ویروس هپاتیت B

محل انتشار:

مجله دانشگاه علوم پزشکی گرگان، دوره 19، شماره 3 (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

A علیرضا محبی - M.Sc Student in Virology, Student Research Committee, Golstan University of Medical Sciences, Gorgan, Iran

A علی شاکری مقدم - M.Sc Student in Microbiology, Student Research Committee, Golstan University of Medical Sciences, Gorgan, Iran

Y یوسف دوزندگان - M.Sc Student in Virology, Student Research Committee, Golstan University of Medical Sciences, Gorgan, Iran

N نازنین لرستانی - M.Sc Student in Virology, Student Research Committee, Golstan University of Medical Sciences, Gorgan, Iran

A اعظم میرعرب - M.Sc Student in Virology, Student Research Committee, Golstan University of Medical Sciences, Gorgan, Iran

AV عبدالوهاب مرادی - Professor, Infectious Diseases Research Center, Golstan University of Medical Sciences, Gorgan, Iran

A علیجان تبرای - Associate Professor, Infectious Diseases Research Center, Golstan University of Medical Sciences, Gorgan, Iran

خلاصه مقاله:

زمینه و هدف: عفونت مزمن با ویروس هپاتیت B (HBV) یکی از عوامل اصلی در ایجاد سیروز و سرطان سلول کبدی است. بیماری زایی ویروس به وسیله پروتئین چندعملکردی (HBx) صورت می گیرد. تغییر در توالی ژن کدکننده این پروتئین باعث تنظیم فاکتورهای نسخه برداری و بیماری زایی می شود. این مطالعه به منظور آنالیز ژنتیک تکاملی ژن کدکننده HBx در فرد مبتلا به HBV مزمن انجام شد. روش بررسی: در این مطالعه توصیفی آزمایشگاهی ابتدا از فرد آلوده به عفونت مزمن با ویروس هپاتیت B توالی کامل کدکننده HBx تکثیر و کلون شد. سپس با توالی های مرجع ژنوتیپ ها، سروتیپ ها و زیرسروتیپ های مختلف ویروس موجود در پایگاه GenBank. همردیفی توسط نرم افزار CLC Sequence Viewer انجام شد. از نتیجه هم ردیفی برای رسم درخت فیلوژنیک توسط سرور T-rex و آنالیز ژنتیک جمعیت توسط نرم افزار DnaSP استفاده شد. انتخاب طبیعی در سطح نوکلئوتید و پروتئین توسط تست Tajima's D انجام گردید. یافته ها: جهش شناخته شده ای در سطح پروتئین در توالی کدکننده HBx فرد آلوده مزمن یافت نشد. نتایج انتخاب طبیعی نشان دهنده جهش های خنثی در ژن HBx بود. نتایج فیلوژنی نشان داد توالی کدکننده HBx در فرد آلوده مزمن قرابت ژنتیکی به ژنوتیپ D و زیرسروتیپ ayw2 داشت. نتیجه گیری: چندریختی انتخاب طبیعی در ژن کدکننده HBx رخ می دهد. همچنین نتیجه فیلوژنی مطالعه حاضر با یافته های پیشین استان گلستان و ایران که فراوانی ژنوتیپ D و زیرسروتیپ ayw2 را گزارش داده اند؛ مطابقت دارد.

کلمات کلیدی:

Hepatitis B virus, HBx, Population genetics, DnaSP, Genotype D, Serotype ayw2
ویروس هپاتیت B پروتئین چندعملکردی X، ژنتیک جمعیت، DnaSP، ژنوتیپ D، سروتیپ ayw2

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1723761>



