

عنوان مقاله:

شناسایی ژنوتیپ های ویروس هپاتیت سی بر اساس بیومارکرهای ژنومی

محل انتشار:

اولین کنگره بین المللی و سیزدهمین کنگره ژنتیک ایران (سال: 1393)

تعداد صفحات اصل مقاله: 5

نویسندگان:

الهام الیاسی - دانشجوی کارشناسی ارشد فناوری اطلاعات، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه قم

منصور ابراهیمی - دانشیار گروه زیست شناسی دانشکده علوم پایه و گروه پژوهشی بیوانفورماتیک، دانشگاه قم

سجاد رضائی - فارغ التحصیل کارشناسی ارشد آمار، دانشکده علوم پایه، دانشگاه شاهرود

امیر حسین کیوانجو - فارغ التحصیل کارشناسی زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه قم

خلاصه مقاله:

یکی از شش ویروس شناخته شده هپاتیت، ویروس هپاتیت C است که عامل اکثر موارد هپاتیت ویروسی در انسان است. از دید اپیدمیولوژی حدود 3 درصد از مردم جهان به هپاتیت C مبتلا هستند و شیب تند انتشار آن چیزی نزدیک به سه میلیون نفر در سال است در ایران بر اساس اطلاعات رسمی 1,0 درصد جمعیت کشور را آلوده به هپاتیت C تخمین زده ولی طبق آمار غیررسمی، 1,3 درصد جمعیت کشور به این ویروس مبتلا هستند. هزینه یک دوره درمان بیماری با داروهای نسل جدید به 60 تا 80 میلیون تومان بالغ شده که پاسخ به درمان بر اساس نوع ژنوتیپ ویروس متفاوت می باشد. بنابراین تشخیص نوع ژنوتیپ ابتلایی در مورد ویروس هپاتیت، قدم اولدر تعیین پروسه درمانی می باشد. این مطالعه جهت شناسایی بیومارکرهای مبتنی بر توالی ژنومی ویروس می باشد. روش: توالی ژنومی 742 ویروس هپاتیت سی بر اساس دو ژنوتیپ 1 و 2 تهیه شده و بانک اطلاعاتی بر اساس الگوهای 20 تایی استخراج گردید. از 9 مدل آماری وزندهی، جهت تعیین متغیرهای مهم و بیومارکری بر اساس توالیهای ژنومی 20 تایی در شناسایی ژنوتیپ 1 و 2 استفاده گردید نتیجه گیری: یافتههای مطالعه نشان داد که بر اساس الگوهای وزندهی، سه تکرار، AGATCGTTGGTGGAGTTTA و CAAAGAAAAACCAAAAGAAA و CTAGCCGAGTAGTGTGGGT میتواند به عنوان بیومارکر برای جداسازی ژنوتیپهای ویروسهای هپاتیت سی استفاده گردند

کلمات کلیدی:

ژنوتیپ، ویروس هپاتیت سی، متنکاوی، بیومارکر ژنومی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/327914>

