

بررسی جهش‌های بتاگلوبین در مبتلایان تالاسمی بتا در استان قزوین

معصومه تفضلی* (Ph.D)، عیسی نورمحمدی (Ph.D)، فرهاد ذاکر (Ph.D)، سیما خردمند کیا (M.Sc)

دانشگاه علوم پزشکی ایران، مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی دانشگاه علوم پزشکی ایران

چکیده

سابقه و هدف: تالاسمی از مهم‌ترین ناهنجاری‌های ارثی خونی بوده و جهش‌های ژن گلوبین بتا از شیوع بیش‌تری در جهان برخوردار است. شناخت این جهش‌ها از نظر تشخیص و درمان در مناطق گوناگون با ارزش است. این پژوهش جهت بررسی شیوع جهش‌های بتاگلوبین در مبتلایان تالاسمی بتا در استان قزوین انجام شد.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه از ۳۰ بیمار از بیمارستان قدس قزوین نمونه خون جمع‌آوری و پس از استخراج DNA به روش سدیم کلراید اشیاعی، آزمایش ARMS با استفاده از PCR با پرایمرهای معین جهت شناسایی ۱۳ جهش انجام شد.

یافته‌ها: بیش‌ترین جهش در ژن بتا گلوبین در این بیماران به ترتیب IVSII-1 (۵۰٪)، IVSI-110 (۱۵٪) و Fr8-9 (۵٪) شناسایی شد و درصد کمی از آن‌ها هم ناشناخته باقی ماندند.

نتیجه‌گیری: غربال‌گری جهش‌ها در جمعیت کوچک بیماران در منطقه قزوین نشان داد که فراوانی جهش‌های مورد بررسی با منطقه حوزه خاورمیانه متفاوت بوده که احتمالاً عوامل نژادی و جغرافیایی دخیل هستند. پیشنهاد می‌شود که با سایر پرایمرها، جهش‌های ناشناخته در این ناحیه مورد بررسی قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: بتا تالاسمی، جهش، واکنش زنجیری پلی‌مراز

مقدمه

تالاسمی یکی از مهم‌ترین بیماری‌های ارثی و یکی از علل کم‌خونی‌های ارثی با وراثت اتوزوم بوده و بتا تالاسمی از انواع شایع آن می‌باشد. جهش‌های متعددی با تغییرات کم در نقطه‌ای از DNA که سازنده زنجیره بتا است باعث بروز بیماری می‌گردد [۶]. کاهش سنتز در تولید زنجیره بتا موجب عدم تعادل نسبت زنجیره‌های آلفا و بتا شده که رسوب زنجیره‌های اضافی آن‌ها باعث تغییرات پاتوفیزیولوژیک در بیمار می‌شود [۱۳]. مطالعات انجام گرفته نشان می‌دهد که این بیماری در بعضی از مناطق کشور ایران تا ۱۰٪ ناقل دارد و در شمال و جنوب کشور از شیوع بیش‌تری برخوردار است [۱۴]. گسترش این بیماری در نقاط مختلف دنیا متفاوت است؛

چنانچه در حوزه مدیترانه و خاورمیانه و هند شایع‌تر و در نواحی آسیای دور و اروپای شرقی شیوع کم‌تری دارند [۱۲]. با توجه به انواع جهش‌ها و اهمیت آن‌ها در جمعیت‌های مختلف، پراکندگی جهش‌های این بیماری در ایران حائز اهمیت است. در ضمن موفقیت در تشخیص قبل از تولد در صورت اطلاعات کافی از جهش‌های شایع این بیماری با هزینه کم‌تر و سرعت بیش‌تر امکان‌پذیر است. جلوگیری از بیماری تالاسمی بتا نیازمند بررسی همه‌جانبه جهش‌های مختلف مولکولی در جمعیت‌های مختلف به‌خصوص با احتمال شیوع بالا می‌باشد. در ایران در این زمینه مطالعات مختلفی صورت گرفته است اما در استان قزوین چنین بررسی انجام نشده است که هدف این مقاله می‌باشد. از این رو یک جمعیت

* نویسنده مسئول. تلفن: ۰۲۱-۸۸۰۵۴۳۶۵، نمابر: ۰۲۱-۸۸۰۵۴۳۵۵، E-mail: cmrc.iums@yahoo.com

نسبتاً کوچک با توجه به امکانات موجود از بیماران استان قزوین مورد بررسی قرار گرفت.

بیماران مورد نظر همگی مبتلا به تالاسمی ماژور بودند و خون‌گیری از آنها قبل از تعویض خون صورت گرفت.

تعداد ۱۵ نمونه خون که جهش IVSII-I داشتند به آزمایشگاه ژنتیک رفرانس تحویل و از DNA آنها به عنوان کنترل استفاده شد و همچنین از ۹ فرد سالم به عنوان شاهد استفاده گردید. برای استخراج DNA از روش استاندارد سدیم کلراید اشباعی (Saturated NaCl) استفاده گردید [۷]. بدین ترتیب که گلبول‌های قرمز خون توسط بافر، لیز شده (Lysis) و سپس DNA از سلول هسته‌دار جدا شد.

مواد و روش‌ها

برای انجام این پژوهش از بیماران بیمارستان کودکان قدس قزوین (بخش تالاسمی) هماهنگی انجام گرفت. از ۳۰ بیمار خون‌گیری و ریدی انجام شد که ۱۰ میلی‌لیتر خون در EDTA تهیه و نمونه‌ها در شرایط مناسب به مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی دانشگاه علوم پزشکی ایران منتقل گردید.

جدول ۱. ترتیب توالی بازهای آلی پرایمرهای مورد استفاده در تسخیر موتاسیون‌های تالاسمی

ترتیب توالی بازهای آلی (3→5)	نوع پرایمر
ACA CCA TGG TGC ACC TGA CTC CTG AGC AGA	Codon 8N
ACA CCA TGG TGA ACC TGA CTC CTG AGC ACG	Codon 8M
TAA ACC TGT CTT GTA ACC TTG ATA CCT ACC	Codon 30N
TAA ACC TGT CTT GTA ACC TTG ATA CCT ACG	Codon 30M
TTA AAC CTG TCT TGT AAC CTT GAT ACG AAC	IVSI-1N
TTA AAC CTG TCT TGT AAC CTT GAT ACG AAT	IVSI-1M
CTC CTT AAA CCT GTC TTG TAA CCT TGT TAC	IVSI-5N
CTC CTT AAA CCT GTC TTG TAA CCT TGT TAG	IVSI-5M
TCT CCT TAA ACC TGT CTT GTA ACC TTC ATA	IVSI-6N
TCT CCT TAA ACC TGT CTT GTA ACC TTC ATG	IVSI-6M
ACC AGC AGC CTA AGG GTG GGA AAA TAC ACC	IVSI-110N
ACC AGC AGC CTA AGG GTG GGA AAA TAC ACT	IVSI-110M
TGT AAC CTT GAT ACC AAC CTG CCC A	IVSI-25 N
TGCCCA GTT TCT ATT GGT CTC CTT AAA CCT GTC	IVSI-25 M
GGT AAG GAC TCA AAG AAC CTC TGG GTC CAA	Fr:36/37N
GGT AAG GAC TCA AAG AAC CTC TGG GTC CAG	Fr :36/37M
CAG ATC CCC AAA GGA CTC AAA GAA CCT GTG	Codon39N
CAG ATC CCC AAA GGA CTC AAA GAA CCT GTA	Codon39M
AGC ATC AGG AGT GGA CAG ATC CCC AAT GG	Codon44N
CAG CAT CAG GAG TGG ACA GAT CCC CAA TGA	Codon44M
AAG AAA ACA TCA AGG GTC CCA TAG ACT GAC	IVSII-1N
AAG AAA ACA TCA AGG GTC CCA TAG ACT GAT	IVSII-1M
GGT TTC ATA TTG CTA ATA GCA GCT ACA ATC GAG C	IVSII-745N
GGT TTC ATA TTG CTA ATA GCA GCT ACA ATC GAG C	IVSII-745M
CCT TGC CCC ACA GGG CAG TAA CGG CAC ACT	Fr8,9N
CCT TGC CCC ACA GGG CAG TAA CGG CAC ACC	Fr8,9M
ACC TCA CCC TGT GGA GCC AC	CommonC (internal control)
CCC CTT CCT ATG ACA TGA ACT TAA	CommonD (internal control)

منظور از N، نرمال و M، موتانت است.

تعیین جهش ژن بتاگلوبین بتا با روش PCR-ARMS انجام شد [۱۰]. ابتدا شرایط مطلوب آزمایش برای ۱۳ جهشی که پرایمرهای آنها از شرکت زیست پژوه خریداری شده بود، انجام شد. بهینه کردن شرایط PCR شامل اختصاصی بودن باند، اختصاصی کار کردن پرایمرهای موتانت و نرمال می‌باشد. از دستگاه ترموسیکلر (Eppendorf, Germany) استفاده

نمونه خون با بافر لیز (سوکروز ۰/۳۲ میلی‌مول، تریس ۱۰ میلی‌مول، کلرور منیزیم ۵ میلی‌مول و تریتون-X-۱۰۰ یک درصد) مخلوط و مدت یک دقیقه سانتریفوژ شد و به روی رسوب حاصله، سود ۵۰ میلی‌مول اضافه و مدت ۲۰ دقیقه در بن‌ماری جوش قرار داده شد و سپس مدت ۳۰ ثانیه سانتریفوژ شد و محلول رویی حاوی DNA به دست آمد.

از بین ۳۰ نمونه غیرخویشاوند که رابطه خواهر و برادری نداشتند، RT-PCR انجام شد. نتایج به‌دست آمده در جدول ۲ اشاره گردیده است. نتایج نشان می‌دهد که ۸۰٪ موارد پرایمرهای به‌کار برده شده جهش‌ها را شناسایی نمودند و باقی‌مانده یعنی ۲۰٪ ناشی از جهش‌هایی هستند که شیوع کم‌تری دارند و ال‌هایی هستند که در مطالعه، ناشناخته باقی مانده‌اند یا این‌که پرایمرهای آن‌ها در این مطالعه بررسی نشده است.

جدول ۲. ال‌های جهش‌یافته و ناشناخته در ۳۰ بیمار

غیرخویشاوند تالاسمیک

درصد	تعداد	
۱۰۰	۶۰	ال‌های بررسی شده
۸۰	۴۸	ال‌های جهش یافته
۲۰	۱۲	ال‌های ناشناخته

بررسی در تمامی نمونه‌های بیماران نشان می‌دهد، که ۵۰٪ بیماران دارای جهش IVSII-1 و ۱۵٪ دارای جهش IVSI-110 و ۵٪ دارای جهش Fr8-9 می‌باشند. بعضی از جهش‌ها از وفور کم‌تری برخوردار هستند. ۶ مورد از جهش‌ها به‌طور کامل در بیماران یافت نگردید که شامل IVSI-1, IVSI-25, Fr36-37, C39, C44, IVSII-745 بشود (جدول ۳).

جدول ۳. درصد انواع جهش‌های شناسایی شده در بیماران تالاسمیک

انواع جهش‌ها	تعداد	درصد نسبت به کل ال‌ها	درصد نسبت به ال‌های جهش یافته	انواع جهش‌ها	تعداد	درصد نسبت به کل ال‌ها	درصد نسبت به ال‌های جهش یافته
IVSII-1	۳۰	۵۰	۶۲/۵	IVSI-1	۰	۰	۰
IVSI-5	۱	۱/۶۶	۲/۰۸	Fr36-37	۰	۰	۰
C30	۲	۳/۳	۴/۱۶	IVSI-25	۰	۰	۰
IVSI-6	۲	۳/۳	۴/۱۶	C44	۰	۰	۰
IVSI-110	۹	۱۵	۱۸/۷۵	C39	۰	۰	۰
Fr8-9	۳	۵	۶/۲۵	IVSII-745	۰	۰	۰
C8	۱	۱/۶۶	۲/۰۸				

تحقیقات نشان داده است که شیوع جهش‌های تالاسمی بتا در نقاط مختلف دنیا متفاوت است. [۸،۴،۱۳]. در حوزه مدیترانه جهش IVSI-110 با فراوانی ۳۲٪ و Non sense

شد. پس از بهینه کردن شرایط PCR نمونه‌های بیماران هم‌راه کنترل موتانت و کنترل نرمال برای جهش‌های شایع ایران بررسی شدند.

انواع پرایمرهای مورد استفاده، جهش‌های فوق را بررسی کردند (جدول ۱). به‌طور خلاصه در سیکل اول دما تا ۹۴°C برای یک دقیقه می‌رسد و متناسب با جهش‌های موجود پرایمرها در هر لوله وجود دارد که با کاهش حرارت تا ۶۶°C مدت ۱ دقیقه اتصال پرایمرها به ناحیه جهش یافته صورت می‌گیرد. سپس حرارت مجدداً تا ۷۲°C برای ۱/۵ دقیقه بالا می‌رود و پرایمرها در حضور dNTPs و بافر موجود، رشته مکمل DNA را می‌سازند. در سیکل‌های بعدی تعداد زیادی محصول DNA مورد نظر به‌دست می‌آید.

پس از پایان فرآیند تکثیر انجام سیکل‌ها در دستگاه ترموسیکلر، محصولات به‌دست آمده روی ژل آگار ۲٪ حاوی اتیدیوم بروماید، الکتروفورز (GNA-100, Pharmacia) شده که باند درخشان آن‌ها در صورت وجود داشتن توسط دستگاه Transiluminator (UV-20, Pharmacia) مشاهده شد [۱۰].

نتایج

بحث و نتیجه‌گیری

بررسی قرار گیرند و همچنین ژن بتاگلوبین در این افراد بررسی توالی ژنتیکی شود.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از کلیه همکاران در دانشگاه علوم پزشکی قزوین، به ویژه مسئولین بیمارستان قدس و همچنین از معاونت پژوهشی و مدیر امور پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی ایران که در تأمین مالی و اجرای این پژوهش در مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی ما را یاری نمودند تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع

- [1] اخوان نیکی هاله، فتحی معصومه، لطفی مریم، زینلی سیروس، دونامور اریک، ایون زاک. بررسی مولکولی ژن‌های بتاگلوبین در افراد تالاسمیک استان مازندران. دومین کنگره خون و بیماریهای مرتبط. تهران، ۳-۱ دی ۱۳۷۵. صفحات ۱۲۸-۱۲۹.
- [2] پور نقشبند زهرا، قانع مصطفی، زینلی سیروس، ذولفقاری بهزاد. بررسی موتاسیون‌های شایع بتا تالاسمی در استان اصفهان. اولین همایش ملی بیوتکنولوژی ایران؛ تهران، ۵ اسفند ۱۳۷۸. صفحات ۱۳۴۵-۱۳۴۱.
- [3] Badens C, Martinez di, Montemuros F, Michel GF, Thuret I. Molecular basis of hemoglobinopathies and G6PD deficiency in the Comorian. *Hematol J*, 2002; 1(4): 264-8.
- [4] Benito A, Villegas A, Perez-Cano R, Bernal R. β -thalassemia in south west spain. *Br J Haematol*, 1996; 92(2): 336-8.
- [5] Cao A, Moi P. Genetic modifying factor in beta-thalassemia. *Clin Chem Lab Med*, 2000; 38(2): 123-32.
- [6] Mazza JJ. *Manual of clinical hematology*. 3rd ed. Lippincott Williams and Wilkins; 2002. p.149-53.
- [7] McPherson MJ, Qurike P, Tailor GR. PCR a practical approach. 1st ed. Oxford: Oxford University press; 1993. p.33-58.
- [8] Moren I, Bolufer P, Luzperez M. Rapid detection of Major Mediterranean β -thalassemia mutations. *Br J Haematol*, 2002; 119(2): 554-7.
- [9] Najmabadi H, Kariminejad R, Sahebjam S, Pourfarzad F, Teimourian S, Sahebjam F. The beta thalassaemia mutation spectrum in the Iranian population. *Hemoglobin*, 2001; 25(3): 285-96.
- [10] Newton CR, Graham A, Heptinstall LE, Powel SJ, Summers C, Kalsheker N. Analysis of any point mutation in DNA. *Nucleic Acid Res*, 1989; 17(7): 2503-16.
- [11] Old JM. Antenatal diagnosis. *Baillieres Clin Haematol*, 1991; 4(2): 391-428.
- [12] Thein SL. Beta-thalassemia prototype of a single gene disorder with multiple phenotypes. *Int J Hematol*, 2000; 76(suppl2): 96-104.
- [13] Thein SL. Beta thalassaemia. *Baillieres Clin Haematol*, 1998; 11(1): 91-126.
- [14] Yavarian M, Hartevelde CL, Batelan D, Bernini LF, Giordano PC. Molecular spectrum of Beta-thalassaemia in the Iranian province of Hormozgan. *Hemoglobin*, 2001; 25(1): 35-43.

CD39 با فراوانی ۲۶٪ و در هندوهای آسیایی جهش‌های IVSI-5, Fr8/9, IVSI-I به ترتیب با فراوانی‌های ۲۲٪، ۱۹٪ و ۱۳٪ و در آفریقا جهش ۲۹- با فراوانی ۵۵٪ بیش‌تر از انواع دیگر در بیماران دیده می‌شود [۸،۱۱].

در این مطالعه فراوانی جهش‌های IVSI-110, IVSII-1 و Fr8/9 بتا تالاسمی در استان قزوین به ترتیب ۱۵٪، ۵۰٪، ۱۵٪ به دست آمده که با مناطق دیگر از جمله مدیترانه تفاوت دارد که احتمالاً عوامل نژادی و جغرافیایی در ایجاد آن دخیل است و تظاهرات بیماری را تحت تأثیر قرار می‌دهد [۵]. جالب این‌که نتایج به دست آمده حاضر با بعضی از نتایج داخل کشور تطابق و اختلاف دارد؛ از جمله در مطالعه‌ای در اصفهان جهش IVSII-1 بیش‌ترین شیوع را داشته و IVSI-1 در موارد کمی مشاهده گردید، ولی در این مطالعه جهش مورد دوم دیده نشد [۲]. لازم به ذکر است که جهش IVSII-I در شمال کشور نیز شایع است [۱]. با توجه به پرونده بیماران در استان قزوین که تعداد زیادی از بیماران غیربومی و مهاجر از شمال هستند، وفور جهش IVSII-1 قابل توجه می‌باشد. در گزارشی که در جمعیت‌های متفاوتی از ایرانیان صورت گرفته است جهش در IVSII-1 از شایع‌ترین جهش‌ها در شمال کشور بوده است که با مطالعه حاضر انطباق دارد [۹]. نکته قابل توجه این‌که، جهش IVSII-1 در مردم جزایر کومورو که در اقیانوس هند زندگی می‌کنند نیز به وفور دیده شده است [۳]. در مطالعه‌ای در هرمزگان، بیش‌ترین جهش IVSI-5 و سپس IVSII-1 بود و جهش IVSI-110 مشاهده نشد، که برخلاف مطالعه حاضر می‌باشد [۱۴].

با نتایج به دست آمده، شیوع جهش‌های مولکولی حاضر در استان قزوین می‌تواند راهنمای مفیدی جهت پیش‌گیری از تالاسمی و برنامه‌ریزی در کنترل و تشخیص قبل از تولد این بیماری باشد.

در خاتمه جهت مطالعات تکمیلی پیشنهاد می‌شود که پرایمرهای دیگر تهیه و بر روی جهش‌های ناشناخته مورد