View metadata, citation and similar papers at core.ac.uk
brought to you by CORE
provided by shahrekord university of medical scinces

Downloaded from armaghanj.yums.ac.ir at 11:20 +0330 on Saturday January 13th 2018

مقاله پژوهشی

ارمغان دانش، مجله علمی پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی یاسوج
دوره ۱۷، شماره ۵، آذر و دی۱۳۹۱(شماره پی در پی ۷۱)

تعیین ژنوتیپ‌های ویروس هپاتیت B در افراد با آنتی ژن سطحی مثبت مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد

علی کریمی، لقمان سلیم زاده*، نادر باقری، کورش حیدری، سید مسیح حسینی

دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، مرکز تحقیقات گیاهان دارویی

تاریخ دریافت:۱۳۹۱/۲/۲۴ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۴/۱۸

چکیده

زمینه و هدف: ویروس هپاتیت B یکی از عوامل مهم هپاتیت‌های ویروسی است که بر اساس تغییرات ژنتیکی در ژن کد کننده آنزیم پلی‌مراز آن، دارای هشت ژنوتیپ می‌باشد. نوع ژنوتیپ ویروس از فاکتورهای مهم مرتبط با پیشرفت بیماری و نیز پاسخ به درمان پس از ابتلا به این عفونت می‌باشد. هدف مطالعه حاضر تعیین ژنوتیپ‌های ویروس هپاتیت B در افراد با آنتی‌ژن سطحی مثبت بود.

روش بررسی: این مطالعه تجربی بر روی نمونه‌های سرم ۱۱۶ فرد با آنتی ژن سطحی مثبت ویروس هپاتیت B مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد در سال ۱۳۹۰ صورت گرفت. ابتدا اسید نوکلیئک ویروس هپاتیت B از نمونه‌های سرمی استخراج گردید و سپس تست واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز بر روی این نمونه‌ها انجام شد. در ادامه عمل ژنوتیپینگ ویروس روی نمونه‌های مثبت شده در واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با استفاده از تست Real-time-PCR و با به کار بردن پرایمرها و پروب های اختصاصی تایپ، انجام شد. داده‌ها با آزمون آماری کای دو تجزیه و تحلیل شدند.

یافته‌ها: تعداد ۲۳ نفر(۱۹/۸ درصد) از نظر اسید نوکلئیک ویروس هپاتیت B مثبت بودند. دو نوع ژنوتیپ به دست آمده از این ویروس و فراوانی آنها به ترتیب شامل ژنوتیپ D با فراوانی ۱۷ از ۲۳ (۷۳/۹ درصد) و ژنوتیپ C با فراوانی ٦ از ۲۳ (۲٦/۱ درصد) بودند.

نتیجه‌گیری: ژنوتیپ D، مانند برخی مناطق دیگر کشورایران، ژنوتیپ غالب در شهرکرد بوده، ولی ژنوتیپ C نیز احتمالاً یکی از ژنوتیپ-های دیگر شایع در این منطقه می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: ژنوتیپینگ، هپاتیت، پلی‌مراز

نویسنده مسئول: لقمان سلیم زاده، شهرکرد، رحمتیه، دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، مرکز تحقیقات گیاهان دارویی

Email: Loghman_Salim@yahoo.com

Downloaded from armaghanj.yums.ac.ir at 11:20 +0330 on Saturday January 13th 2018

مقدمه

حدود دو میلیارد نفر در جهان با ویروس هپاتیت B آلوده بوده و مرگ و میر سالانه ناشی از آن حدود ششصد میلیون نفر می‌باشد(۲ و۱). ویروس هپاتیت B یک ویروس DNA دار است که به علت جهش‌های ژنتیکی در ژن کد کننده آنزیم پلی‌مراز ویروس تا کنون هشت ژنوتیپ مختلف از آن که از A تا H نام‌گذاری شده‌اند، شناسایی شده است(۳-۱). نیاز روز افزون به شناخت و تعیین ژنوتیپ‌های این ویروس به این علت است که برخی ویژگی‌های مهم مرتبط با بیماری از جمله شدت بیماری، سیر بالینی، پیش آگهی، پاسخ به درمان، تفاوت‌های سرولوژیکی و تکثیر ویروس، به طور اختصاصی به نوع ژنوتیپ آن بستگی دارد(٤-۱).

بر اساس یک سری از گزارش‌ها، شدت بیماری کبدی در صورت آلودگی با ژنوتیپ C ویروس نسبت به ژنوتیپ B بیشتر است(٥ و۱) و بیماری در این افراد با سرعت بیشتری باعث آسیب و نارسایی کبدی می‌شود(۲). هم‌چنین به نظر می‌رسد که در بیماران آلوده شده با ژنوتیپ D میزان ابتلاء به کارسینومای هپاتوسلولار و ریسک عود ویروس نسبت به ژنوتیپ A بیشتر است(٦) و در ضمن این بیماران میزان مرگ و میر بالاتری پس از پیوند کبد دارند. علاوه بر این مشخص شده است که بیماران آلوده شده به ژنوتیپ‌های C و D ویروس نسبت به ژنوتیپ‌های A و B میزان پاسخ پایین‌تری به درمان با اینترفرون آلفا دارند(۷ و۱). نوع ژنوتیپ ممکن است که بر میزان ظهور موتاسیون های مقاومت به داروی لامیوودین که در درمان بیماران کاربرد دارد، تأثیر بگذارد که به نظر می‌رسد این مقاومت در ژنوتیپ A بیشتراز ژنوتیپ D باشد(۹ و۸). هم‌چنین نشان داده شده است که میزان آنزیم آلانین ترانس آمیناز سرم در عفونت ناشی از ژنوتیپ C بیشتر از میزان آن در عفونت با ژنوتیپ B است(۲). به علاوه امکان بروز سیروز و نیز هپاتیت برق آسا به دنبال عفونت با ژنوتیپ D زیادتر از عفونت با ژنوتیپ A می‌باشد(٦و٥). نحوه انتقال نیز تا حدود زیادی در ژنوتیپ‌های مختلف این ویروس متفاوت می‌باشند و بر اساس یک گزارش، انتقال ژنوتیپ A عمدتاً از طریق تماس جنسی صورت می‌گیرد(۱۰).

ژنوتیپ‌های مختلف ویروس هپاتیت B توزیع جغرافیایی متفاوتی دارند و در ارتباط با شیوع ژنوتیپ‌های مختلف این ویروس، مطالعات متعددی در کشورهای مختلف جهان و نیز در کشور ایران صورت گرفته است(۱٥-۱۱). اگرچه در ارتباط با شیوع این ویروس در شهرکرد چند مطالعه سرولوژیکی صورت گرفته است(۱۸-۱٦)، ولی تاکنون مطالعه‌ای در رابطه با تعیین ژنوتیپ‌های شایع آن در این ناحیه انجام نشده است. لذا هدف از مطالعه حاضر تعیین ژنوتیپ‌های هپاتیت B در افراد با آنتی‌ژن سطحی مثبت مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد بود.

Downloaded from armaghanj.yums.ac.ir at 11:20 +0330 on Saturday January 13th 2018

روش بررسی

در این مطالعه تجربی، افراد مورد مطالعه، ۱۱۶ فرد با آنتی‌ژن سطحی مثبت هپاتیت B مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد بودند. جمعیت مذکور تقریباً تمامی افراد قابل دسترس با آنتی‌ژن سطحی مثبت در مدت زمان مطالعه در این شهر بودند.

نمونه سرم جمع آوری شده از افراد مذکور جهت انجام آزمایش‌های مولکولی در دمای ۷۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد و به دنبال آن، اسید نوکلئیک موجود در سرم آنها با استفاده از کیت اختصاصی کیاژن ساخت کشور آلمان و بر اساس دستورالعمل شرکت سازنده استخراج گردید. در پایان اسید نوکلئیک به دست آمده به وسیله اسپکتروفوتومتر از نظر کمی ارزیابی شده و جهت انجام تست واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز[1] به کار برده شد.

برای تشخیص DNA ویروس هپاتیت B در نمونه‌های استخراج شده از سرم‌های مذکور، روش واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز معمولی با استفاده از کیت اختصاصی در دسترس نورژن ساخت کشور کانادا به همراه کنترل‌های مثبت و منفی این ویروس به کار برده شد. برای انجام تست مذکور از دستورالعمل توصیه شده در کیت استفاده گردید. در پایان، محصولات واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با استفاده از ژل پلی‌آکریل‌آمید الکتروفورز شده و پس از رنگ‌آمیزی به روش نیترات نقره بررسی شدند.

به منظور تعیین ژنوتیپ ویروس، تست Real time-PCR بر روی نمونه‌های DNA استخراج شده از سرم بیمارانی که بر اساس تست واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز دارای DNA این ویروس بودند، انجام شد. تست مذکور بر اساس دستورالعمل توصیه شده در کیت در دسترس لایف ریور ساخت کشور چین صورت گرفت. کیت مورد نظر حاوی پرایمرها و پروب اختصاصی تیپ‌های B، C، D و همچنین کنترل مثبت هر کدام از تیپ‌های اشاره شده بود. مخلوط واکنش تیپ D مجزا بوده و بر اساس پروب اختصاصی مورد استفاده، می‌بایست در کانال کربوکسی فلورسئین قرائت شود. مخلوط واکنش تیپ‌های B و C مشترک بوده و بر اساس پروب‌های اختصاصی مورد استفاده، می‌بایست تیپ B در کانال کربوکسی فلورسئین و تیپ C در کانال کربوکسی دی کلرو دی متوکسی فلورسئین قرائت شود. برای انجام این روش از دستگاه Rotor Gene 3000 ساخت کشور استرالیا استفاده شد. برنامه به کار برده شده در این تست که در سه مرحله صورت گرفت، شامل؛ دناتوره شدن اولیه در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲ دقیقه، دناتوره شدن ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲ دقیقه و واکنش‌های زنجیره‌ای شامل؛ ۴۰ سیکل به صورت دناتوره شدن در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ ثانیه و مرحله اتصال- پیشبرد در دمای ۶۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۰ ثانیه بود. در هر سیکل، قرائت فلورسنت در

1-Palymerase Chain Reaction (PCR)

Downloaded from armaghanj.yums.ac.ir at 11:20 +0330 on Saturday January 13th 2018

کانال‌های مورد نظر در دمای ٦٢ درجه سانتی‌گراد انجام گرفت.

داده‌های جمع‌آوری شده با استفاده از نرم‌افزار SPSS [1] و آزمون آماری کای دو[2] تجزیه و تحلیل شدند.

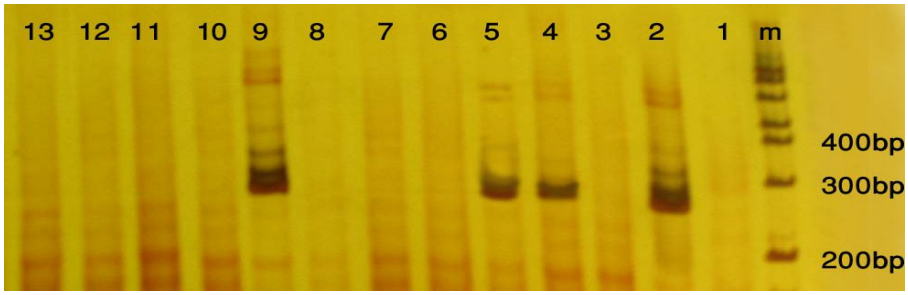
یافته‌ها

بر اساس نتایج واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، ٢٣ مورد از ١١٦ نفر (١٩/٨ درصد) نمونه سرم افراد با آنتی‌ژن سطحی مثبت ویروس هپاتیت B بررسی شده، دارای اسید نوکلئیک ویروس بودند. محصول الکتروفوز واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز در تصویر ١ نشان داده شده است.

بر اساس نتایج تست Real time-PCR بر روی نمونه‌های مذکور، دو نوع ژنوتیپ D و C این ویروس هپاتیت B به دست آمد که به ترتیب فراوانی عبارت از ژنوتیپD به تعداد ١٧ از ٢٣ نفر (٧٣/٩ درصد) و ژنوتیپ C به تعداد ٦ از ٢٣ نفر (٢٦/١ درصد) بودند.

بحث

به دلیل روش تکثیر متفاوت ویروس هپاتیت B نسبت به سایر ویروس‌های دارای DNA، میزان جهش در این ویروس و به ویژه در آنزیم پلی‌مراز ویروس زیادتر می‌باشد. لذا بر اساس تغییرات ژنتیکی ایجاد شده در ژن کد کننده این آنزیم، تا کنون هشت ژنوتیپ مختلف از ویروس هپاتیت B شناسایی شده است(٢ و ١). آگاهی از نوع و فراوانی ژنوتیپ‌های ویروسی آلوده کننده بیماران عامل مهمی‌در پیش‌بینی احتمال پیدایش مقاومت به داروهای به کار برده شده و شدت و سرانجام بیماری بوده و در مدیریت درمان و کنترل بیماری‌های کبدی نیز کاربرد دارد. این مسئله احتمالاً در پیشبرد روند تولید واکسن علیه این ویروس و نیز از جنبه‌های اپیدمیولوژیکی ارزشمند خواهد بود(٧ و ٢). لذا هدف از مطالعه حاضر تعیین ژنوتیپ‌های هپاتیت B در افراد با آنتی‌ژن سطحی مثبت مراجعه کننده به مراکز درمانی شهرکرد بود.



تصویر ١: محصولات واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز الکتروفورز شده روی ژل پلی آکویل آمید به منظور بررسی حضور اسید نوکلئیک ویروس هپاتیت B (ستون m : مارکر، ستون ١: کنترل منفی، ستون ٢: کنترل مثبت، ستون‌های ٤، ٥ و ٩ نمونه های مثبت، ستون‌های ٣، ٦، ٧، ٨، ١٠، ١١، ١٢ و ١٣ نمونه‌های منفی می‌باشند).

1-Statistical Package for Social Sciences
2-Chi-square Test

Downloaded from armaghanj.yums.ac.ir at 11:20 +0330 on Saturday January 13th 2018

در مطالعه حاضر از ۱۱٦ نمونه افراد با آنتی‌ژن سطحی مثبت، ۲۳ نفر (۱۹/۸ درصد) از نظر اسید نوکلئیک هپاتیت B مثبت بودند. ژنوتیپ D این ویروس با فراوانی ۱۷ از ۲۳ (۷۳/۹ درصد) ژنوتیپ غالب بود. در مطالعات صورت گرفته در برخی نقاط کشور مانند مطالعه علویان و همکاران(۲۰۰٦) در تهران، امینی و همکاران(۲۰۰۲) در انستیتو پاستور و نیز مطالعه شریفی و همکاران(۲۰۱۰) بر روی نمونه‌های به دست آمده از شهرهای کرمان، اصفهان، یزد و تهران، ژنوتیپ D به عنوان تنها ژنوتیپ شایع در این نواحی نام برده شده است که با نتایج مطالعه حاضر هم‌خوانی داشته و نشان دهنده احتمالی غالب بودن این ژنوتیپ در تمام کشور ایران می‌باشد(۱۹ و ۱۵، ۱٤). هم‌چنین نتایج تعدادی از بررسی‌های صورت گرفته در برخی نقاط جهان ژنوتیپ D را به عنوان ژنوتیپ غالب معرفی می‌نماید. در دو مطالعه جداگانه در ترکیه و مصر بر روی بیماران آلوده به ویروس هپاتیت B، ژنوتیپ D گزارش شده است (۲۱ و ۲۰). در بررسی صورت گرفته در عربستان سعودی بر روی ۷۰ نمونه، در ۸۱/٤ درصد موارد ژنوتیپ D به دست آمده است(۱٦). به علاوه بر اساس نتایج مطالعه‌ای در کشورهای حوزه مدیترانه، ژنوتیپ D این ویروس، شایع‌ترین ژنوتیپ در این ناحیه گزارش شده است(۲۲). مهم‌تر این که بر اساس نتایج دو مطالعه در افغانستان و پاکستان، این ژنوتیپ بیشترین فراوانی را داشته است(۲۳ و ۲۲). مطابقت نتایج بررسی حاضر با نتایج فوق الذکر، حاکی از غالب بودن این ژنوتیپ در ایران و کشورهای همسایه آن می‌باشد. نتایج این بررسی‌ها، اطلاعات با ارزشی جهت درمان و نیز مطالعات اپیدمیولوژیک در این کشور ها فراهم می‌نماید. در همین ارتباط، غالب بودن یک ژنوتیپ در این کشورها، می‌تواند نشان دهنده گردش این ژنوتیپ در مناطق و انتقال آن در اثر مهاجرت گسترده بین این نواحی باشد.

مهم‌ترین یافته مطالعه حاضر، جداسازی ژنوتیپ C با فراوانی ٦ از ۲۳ (۲٦/۱ درصد) به عنوان دومین ژنوتیپ به دست آمده می‌باشد. به نظر می‌رسد این اولین گزارش از جدا شدن این ژنوتیپ از کشور ایران است. اگرچه در برخی مطالعات انجام شده در کشور ایران وجود این ژنوتیپ گزارش نشده است(۱۹ و۱۵، ۱٤)، ولی مطالعه‌های انجام شده درجنوب شرقی آسیا و چین، ژنوتیپ C را یکی از شایع‌ترین ژنوتیپ‌ها در این نواحی گزارش نموده است(۲۵ و۲٤). نکته قابل توجه این که بر اساس گزارشی در افغانستان، ژنوتیپ C، دومین ژنوتیپ شایع در این منطقه بوده است که مشابه نتایج این مطالعه است(۲٦). هم‌خوانی نتایج این بررسی با نتایج مطالعه افغانستان، به ویژه احتمالاً بیانگر ورود بعضی ژنوتیپ‌ها به کشور ایران در اثر مهاجرت افراد از کشورهای همسایه می‌باشد. مهاجر پذیر بودن منطقه مورد مطالعه یعنی استان چهارمحال و بختیاری نیز احتمالاً مؤید این موضوع می‌باشد. بهرحال جدا شدن ژنوتیپ C در این بررسی،

Downloaded from armaghanj.yums.ac.ir at 11:20 +0330 on Saturday January 13th 2018

علی‌رغم این که شاید بحث‌انگیز باشد، نیاز به مطالعات گسترده تر، دقیق تر و به صورت مداوم را جهت تشخیص ژنوتیپ‌های احتمالی جدید آشکار می‌نماید.

نتیجه‌گیری

در مجموع این مطالعه نشان داد که در منطقه شهرکرد از کشور ایران، علاوه بر ژنوتیپD ، ژنوتیپ‌های دیگر نظیر ژنوتیپ C نیز ممکن است شیوع قابل توجهی داشته باشند.

تقدیر و تشکر

این مطالعه، حاصل طرح پژوهشی مصوب دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد با شماره ۲۲۹-۷۴-۰۱-۱۳۸۹ بود. از معاونت محترم پژوهشی دانشگاه مذبور جهت حمایت مالی تقدیر و تشکر می‌شود.

Downloaded from armaghanj.yums.ac.ir at 11:20 +0330 on Saturday January 13th 2018

REFERENCES:

1.Mumtaz K, Hamid S, Ahmed S, Moatter T, Mushtaq S, Khan A, et al. A study of genotypes, mutants and nucleotide sequence of hepatitis B virus in Pakistan: HBV genotypes in pakistan. Hepat Mon 2011;11(1): 14-8.
2.Guirgis BS, Abbas RO, Azzazy HM. Hepatitis B virus genotyping: current methods and clinical implications. Int J Infect Dis 2010;14(11): e941-53.
3.Zhu CT, Dong CL. Characteristics of general distribution of hepatitis B virus genotypes in China. Hepatobiliary Pancreat Dis Int 2009; 8(4): 397-401.
4.Eftekhari Y, Kazemi Arababadi M, Hakimi H, Rezazadeh Zarandi E. Common HBV genotype in southeastern Iranian patients. Arch Iran Med 2010; 13(2): 147-9.
5.Alam MM, Zaidi SZ, Malik SA, Shaukat S, Naeem A, Sharif S, et al. Molecular epidemiology of Hepatitis B virus genotypes in Pakistan. BMC Infect Dis 2007; 7: 115.
6.Thakur V, Guptan RC, Kazim SN, Malhotra V, Sarin SK. Profile, spectrum and significance of HBV genotypes in chronic liver disease patients in the Indian subcontinent. J Gastroenterol Hepatol 2002; 17(2): 165-70.
7.Kao JH, Chen PJ, Lai MY, Chen DS. Occult hepatitis B virus infection and clinical outcomes of patients with chronic hepatitis C. J Clin Microbiol 2002; 40(11): 4068-71.
8.Buti M, Cotrina M, Valdes A, Jardi R, Rodriguez-Frias F, Esteban R. Is hepatitis B virus subtype testing useful in predicting virological response and resistance to lamivudine? J Hepatol 2002; 36(3): 445-6.
9.Zollner B, Petersen J, Schroter M, Laufs R, Schoder V, Feucht HH. 20-fold increase in risk of lamivudine resistance in hepatitis B virus subtype adw. Lancet 2001; 357(9260): 934-5.
10.Mahmood S, Niiyama G, Kamei A, Izumi A, Nakata K, Ikeda H, et al. Influence of viral load and genotype in the progression of Hepatitis B-associated liver cirrhosis to hepatocellular carcinoma. Liver Int 2005; 25(2): 220-5.
11.Kew MC, Kramvis A, Yu MC, Arakawa K, Hodkinson J. Increased hepatocarcinogenic potential of hepatitis B virus genotype A in Bantu-speaking sub-saharan Africans. J Med Virol 2005; 75(4): 513-21.
12.Alfaresi M, Elkoush A, Alshehhi H, Alzaabi A, Islam A. Hepatitis B virus genotypes and precore and core mutants in UAE patients. Virol J 2010; 7: 160.
13.Haddad R, Martinelli Ade L, Uyemura SA, Yokosawa J. Hepatitis B virus genotyping among chronic hepatitis b patients with resistance to treatment with lamivudine in the city of ribeirao preto, state of sao paulo. Rev Soc Bras Med Trop 2010; 43(3): 224-8.
14.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.
15.Amini-Bavil-Olyaee 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): 318-26.
16.Karimi A, Hoseini SM. Seroprevalence of Hepatitis B and C Virus and HIV Markers among Blood Donors from Shahre-Kord, Iran (2004-2006). Kuwait Medical Journal 2008, 40(4): 279-81.
17.Karimi A, Mokhtarian K. Evaluation of vaccine induced immunity to Hepatitis B Virus among health care workers in a university hospital in Iran. Kuwait Medical Journal 2010; 42 (3):202-4.
18.Karimi A, Imani R. Prevalence of HBsAg, HCV and HIV antibodies among intervenous drug users in Shahre-Kord, Iran. Journal of Isfahan Medical sciences 2007; 8: 10-4.
19.Sharifi Z, Gharehbaghian A, Noroozi M. Prevalence of hepatitis B virus genotypes to be determined by sequencing in blood donors in Kerman, Esfahan and Yazd. The Scientific Journal of Iranian Blood Transfusion Organization 2010; 6(4): 248-56.
20.Gust ID. Epidemiology of hepatitis B infection in the western pacific and south east asia. Gut 1996; 38(2): S18-23.

21.Naito H, Hayashi S, Abe K. Rapid and specific genotyping system for hepatitis B virus corresponding to six major genotypes by PCR using type-specific primers. J Clin Microbiol 2001; 39(1): 362-4.
22.Alexopoulou A, Dourakis SP. Genetic heterogeneity of hepatitis viruses and its clinical significance. Curr Drug Targets Inflamm Allergy 2005; 4(1): 47-55.
23.Baig S, Siddiqui A, Chakravarty R, Moatter T. Hepatitis B virus subgenotypes D1 and D3 are prevalent in Pakistan. BMC Res Notes 2009; 2: 1.
24.Zhang AM, Wang HF, Wang HB, Su HB, Xin SJ, Hu JH, et al. Distribution and clinical significance of HBV genotypes in patients with HBV infection in 30 regions of China. Zhonghua Shi Yan He Lin Chuang Bing Du Xue Za Zhi 2011; 25(2): 126-8.
25.Candotti D, Lin CK, Belkhiri D, Sakuldamrongpanich T, Biswas S, Lin S, et al. Occult hepatitis B infection in blood donors from South East Asia: molecular characterisation and potential mechanisms of occurrence. Gut 2012; 20: 40 .
26.Attaullah S, Rehman S, Khan S, Ali I, Ali S, Khan SN. Prevalence of hepatitis B virus genotypes in HBsAg positive individuals of Afghanistan. Virol J 2011; 8: 281.

Downloaded from armaghanj.yums.ac.ir at 11:20 +0330 on Saturday January 13th 2018

Armaghane-danesh, Yasuj University of Medical Sciences Journal (YUMSJ)

Original Article

Downloaded from armaghanj.yums.ac.ir at 11:20 +0330 on Saturday January 13th 2018

Genotyping of Hepatitis B Virus in HBsAg Positive Individuals Referred to the Health Centers of Shahrekord, Iran

Karimi A, Salimzadeh L*, Bagheri N, Heidari K, Hosseini SM

Medical Plants Research Center, Shahrekord University of Medical Sciences, Shahrekord, Iran

Received: 13 May 2012 Accepted: 28 June 2012

Abstract

Background & aim: Hepatitis B Virus is one of the most important viral hepatitis which includes eight genotypes based on genetic variations in the gene encoding virus RNA polymerase. Clinical picture, treatment response and prognosis of HBV infection is genotype dependent. Therefore, this study was aimed to determine the HBV genotypes in HBsAg-positive individuals. .

Methods: This experimental study was conducted on one hundred and sixteen HBsAg-positiveindividuals referred to the health centers of Shahrekord, Iran, in 2011. Firstly, the viral nucleic acid was extracted from serum samples and subsequently, the samples were subjected to Polymerase Chain Reaction (PCR). Finally, genotyping was carried out on the positive samples, using Real-time PCR with type specific primers and probes. The data were analyzed using the chi-square test.

Results: 23 out of 116 (19.8%) of the HBsAg-positive individuals were positive for HBV DNA. 17 out of 23 (73.9%) and 6 out of 23 (26.1%) of the patients were found to be infected with HBV genotypes of D and C, respectively.

Conclusion: Same as other regions of Iran, genotype D, , is the dominate genotype of HBV in Shahrekord, Iran. However, genotype C may be one of the other common genotypes in this region.

Key words: Genotyping, Hepatitis, Polymerase Chain Reaction

***Corresponding Author: Salimzadeh L**, Medical Plants Research Center, Shahrekord University of Medical Sciences, Shahrekord, Iran
Email: Loghman_Salim@yahoo.com