

استفاده از مولتی پلکس PCR در شناسایی حذف‌های شایع ژن آلفاگلوبین در حاملین آلفاتالاسمی

رؤیا کیانی شیرازی*، دکتر سیروس زینلی**، دکتر مرتضی کریمی‌پور**، دکتر بهناز زربخش**، رضا علی بخشی***

* بخش ژنتیک گروه علوم پایه، واحد علوم و تحقیقات دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

** بخش بیوتکنولوژی، انستیتو پاستور ایران، تهران، ایران

*** عضو هیئت علمی دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه

چکیده

زمینه و هدف: آلفاتالاسمی شایع‌ترین اختلال توارثی سنتز هموگلوبین در دنیا می‌باشد. آلفاتالاسمی عمدتاً حاصل حذف یک یا هردو ژن آلفا موجود در کروموزوم ۱۶ می‌باشد. حاملین اشکال حذفی آلفاتالاسمی (α/α - یا α/α -) از نظر بالینی طبیعی بوده ولی کم‌خونی هیپوکروم، میکروسیتیک دارند. هتروزیگوت‌های مرکب (α/α -) کم‌خونی نسبتاً شدیدی دارند و بیماری HbH نامیده می‌شود. جنین‌هایی که هیچ ژن آلفایی به ارث نمی‌برند (α/α -) (سندرم هیدرویس فتالیس) در دوران جنینی یا مدت کوتاهی بعد از تولد می‌میرند. بیش از ۹۵٪ آلفاتالاسمی‌های شناخته شده حذف یک یا هر دو ژن آلفاگلوبین موجود بر روی کروموزوم ۱۶ را دارند.

روش بررسی: آزمایش بر روی ۱۱۴ فرد ایرانی با MCV و MCH پایین و HbA2 نرمال که به درمان آهن هم پاسخی ندادند از طرف مراکز بهداشتی کشور به انستیتو پاستور ایران ارجاع داده شده بودند، انجام گرفت. DNA ژنومی از سلول‌های سفید خونی به روش Salting Out تخلیص گردید. در این تحقیق در یک لوله منفرد Multiplex-PCR برای هفت حذف (α -SEA, α -THAI, α -MED, α -3.7, α -4.2, α -20.5, FIL) آلفاتالاسمی انجام گردید.

یافته‌ها: DNA حاملین آلفاتالاسمی برای وجود انواع متفاوت جهش‌های ژن آلفاگلوبین مورد آزمایش قرار گرفتند. جهش‌های ژنی (حذف‌ها) در تعدادی از نمونه‌های مورد مطالعه شناسایی گردیدند. این حذف‌ها شامل: حذف‌های تک ژن α -3.7 و α -4.2 و حذف‌های دو ژنی مدبترانه‌ای α -MED و α -20.5 بودند.

نتیجه‌گیری: حذف α -3.7 شایع‌ترین حذف ژن آلفاگلوبین در نمونه‌های مورد مطالعه می‌باشد. Multiplex-PCR روشی ساده، سریع و حساس برای تعیین حذف‌های ژن آلفاگلوبین می‌باشد.

کلیدواژه‌ها: آلفا تالاسمی، مولتی پلکس PCR، ایران

زمینه و هدف

آلفا تالاسمی یکی از شایع‌ترین اختلالات هموگلوبین در دنیاست. مجموعه ژنی آلفاگلوبین انسانی با طولی در حدود

۳۰ کیلو باز با ترتیب 3' $\alpha 1$ - $\alpha 2$ - $\alpha 1$ - $\psi\alpha 2$ - $\psi 2$ 5' بر روی کروموزوم شماره ۱۶ قرار دارد. اساس مولکولی آلفا تالاسمی عمدتاً حاصل حذف قطعات متغیری از یک یا دو ژن آلفا در

پیچیدگی غربالگری برای حذف‌های شایع آلفاتالاسمی را کاهش می‌دهد (۱) و از آن می‌توان در شناسایی سریع ناقلین و تشخیص قبل از تولد استفاده کرد.

روش بررسی

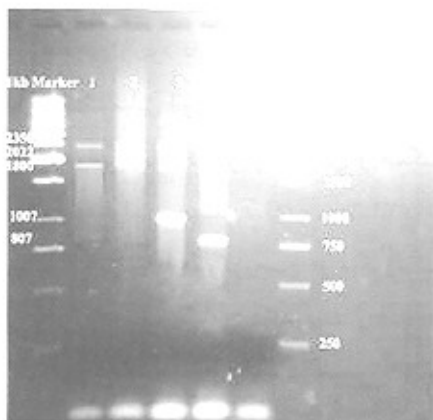
نمونه‌ها از افرادی که از طرف مراکز بهداشتی کشور به انستیتو پاستور ایران ارجاع داده شده بودند و بعضی از آزمایشگاه‌های ژنتیک پزشکی در تهران، انتخاب گردیده‌اند. این افراد میکروسیتیک و هیپوکرومیک با MCV و MCH پائین و HbA2 نرمال یا کاهش یافته داشتند و تحت درمان آهن قرار گرفته و پاسخ نداده‌اند. برای نمونه‌گیری، ۱۰-۵ میلی لیتر از خون محیطی هر فرد در داخل لوله‌ای که حاوی ۲۰۰-۱۰۰ میکرولیتر EDTA می‌باشد، ریخته شد. DNA با روش نمک اشباع Salting Out استخراج گردید (۸). غلظت DNA استخراج شده به روش اسپکتروفتومتری تعیین گردید تا مقدار مناسبی از DNA استخراج شده جهت واکنش PCR استفاده شود. مرحله بعد شناسایی جهش‌های حذفی از طریق مولتی پلکس PCR می‌باشد که در این روش پرایمرهایی که جهت دو طرف نواحی حذفی طراحی شده‌اند استفاده گردید. ابتدا پرایمرهای رفت و برگشت جهت هر حذفی به تنهایی بکار برده شد که جهت هر واکنش ۵۰ میکرولیتری، از هر پرایمر به غلظت 100 pmol (۱ میکرولیتر) استفاده گردید و شرایط و دمای PCR برای تمامی پرایمرها بصورت جفتی (رفت و برگشت) بهینه گردید. در مرحله بعد دو جفت پرایمر باهم استفاده شدند، در این مرحله میزان پرایمرهای مصرفی را کمتر نموده و از هر پرایمر به میزان ۰/۷ میکرولیتر استفاده شد. بدین ترتیب که پرایمرهای $\alpha\text{-}3.7$ و $\alpha\text{-}4.2$ را باهم و پرایمرهای MED⁻ و $\alpha\text{-}20.5$ با یکدیگر بکار برده شدند. سپس از تمامی پرایمرهای موجود هر کدام به میزان ۱۰ میکرولیتر در یک تیوب ریخته و مخلوطی از پرایمرها (Primer mix) تهیه می‌گردد. جهت هر واکنش ۵۰ میکرولیتری، مقدار ۷ میکرولیتر از مخلوط پرایمرها به یک تیوب ۰/۵ml اضافه می‌شود. به میزان 0.4 μl (2U) از آنزیم Fast Start Taq DNA Polymerase به تیوب واکنش اضافه می‌گردد. ضمناً از بافر آنزیم با غلظت نهایی MgCl₂ 1.5mM و dNTP 200 μM استفاده می‌گردد. در پایان مقدار

مجموعه ژنی آلفا گلوبین است (۱). موتاسیون‌های نقطه‌ای عملکردی که منجر به غیر فعال شدن ژن‌های آلفا می‌شوند، فراوانی کمی دارند (۳،۲). از آنجا که غربالگری جامعی برای آلفاتالاسمی در ایران صورت نگرفته است، سرویس‌های تشخیص مولکولی برای بیماران در دسترس نمی‌باشد، لذا تعداد قابل توجهی از بیماران با کم خونی میکروسیتیک و هیپوکرومی و سطوح HbA2 طبیعی ممکن است به اشتباه بتاتالاسمی خاموش تشخیص داده شوند (۳،۴).

آلفا تالاسمی یک مجموعه اختلالات خونی ژنتیکی است که از طریق کاهش تولید زنجیره‌های آلفا گلوبین بواسطه حذف یا جهش در یک یا چند ژن آلفا گلوبین که در کروموزوم ۱۶ قرار دارد، ایجاد می‌شود. زنجیره‌های آلفا برای تولید اشکال جنینی و بزرگسالی هموگلوبین لازم می‌باشند. اختلالات آلفا تالاسمی در طیفی از اختلالات بی خطر تا کشنده قرار دارند (۶-۴).

در هر فرد به طور طبیعی ۴ ژن وجود داشته که برای زنجیره‌های آلفا هموگلوبین کد می‌گذارند. اختلال در یک ژن زنجیره آلفا بی خطر است، اختلال در دو یا سه ژن زنجیره آلفا منجر به سندرم‌های حد واسط همراه با کم خونی متغیر و درجاتی از بیماری می‌شود (۸،۷). فرم‌های حد واسط آلفا تالاسمی سبب بد شکلی اسکلتی، رنگ پریدگی، یرقان و بزرگی طحال می‌شود. اختلال در هر ۴ ژن آلفا تالاسمی مانع تولید هموگلوبین جنینی یا بزرگسالی می‌شود. بدیهی است که حذف ۴ ژن زنجیره آلفا کشنده است (هیدروپس فتالیس). حالت کریز (حامل) برای آلفا تالاسمی را می‌توان از طریق غربالگری ژنتیکی تشخیص داد (۱). بسیاری از افراد ممکن است حامل آلفا تالاسمی و یا آلفا و بتا توأم باشند. بنابراین پیداکردن جهش‌های آلفا موجود در کشور برای مشخص کردن وضعیت افراد مشکوک به حامل بودن ضروری است. اختلالات آلفا تالاسمی عمدتاً در جمعیت‌هایی با منشأ مدیترانه ای و آسیای جنوب شرقی و سیاهان شایع می‌باشد (۹). در این تحقیق با استفاده از تکنیک Multiplex-PCR در یک تیوب منفرد به کمک پرایمرهای مختلف اکثر حذف‌های یک ژنی ($\alpha\text{-}3.7$ ، $\alpha\text{-}4.2$ یا دو ژنی $\alpha\text{-}MED$) (20.5) شایع در بیماری آلفاتالاسمی قابل تشخیص می‌باشد. سادگی و جامعیت این روش بطور قابل توجهی هزینه و

MgCl₂ و افزایش چرخه، باندهای اختصاصی بصورت باندهای قوی و واضح مشاهده و باندهای غیراختصاصی محو شدند (شرایط مطلوب در قسمت مواد و روشها ذکر شده است). در روش مولتی پلکس PCR نمونه هر فرد بیمار در یک تیوب قرار می‌گیرد و با داشتن هر نوع حذف باند مشخص آن حذف تکثیر می‌شود بطوری که در شکل ۱ نشان داده شده است در Lane 1 دو باند مشاهده می‌شود که مربوط به یک فرد سالم است. باند بالا کنترل مثبت می‌باشد و باند پایین بطول 1800 bp بانندی است که ناحیه $\alpha 2$ را تکثیر می‌کند و نشان دهنده ناحیه‌ای است که حذف صورت نگرفته و این فرد طبیعی می‌باشد ($\alpha\alpha/\alpha\alpha$).



شکل ۱

Lane 2 سه باند داده که از بالا به پایین کنترل مثبت، باند 3.7 و باند α می‌باشد. بنابراین این فرد یک حذف 3.7 دارد (- $\alpha/3.7$) و Lane 3 دارای سه باند می‌باشد که از بالا به پایین کنترل مثبت، α و باند 20.5 می‌باشد که طول آن 1007 bp می‌باشد و این فرد دارای یک حذف 20.5 می‌باشد (- $\alpha/20.5$) Lane 4 هم دارای سه باند می‌باشد که از بالا به پایین کنترل مثبت، باند α و باند --MED می‌باشد که این بیمار دارای یک حذف MED می‌باشد ($\alpha/\text{--MED}$). به این ترتیب با این روش می‌توان انواع حذف‌های شایع ژن آلفاگلوبین را تشخیص داد.

بحث

آلفاتالاسمی با شیوع ژنی ۱٪ تا ۹۸٪ در مناطق استوایی و تحت استوایی شایع‌ترین اختلال ارثی ساخت هموگلوبین در

DNA 100-200 ng جهت انجام واکنش PCR مورد استفاده قرار می‌گیرد. پس از تغییرات در زمان، دما و تعداد چرخه شرایط PCR مطلوب بدین ترتیب برنامه ریزی گردید: 95°C به مدت ۱۵ دقیقه، سپس ۳۵ چرخه بصورت دمای دناتوره شدن 95°C به مدت ۱ دقیقه، دمای اتصال 60°C به مدت ۱ دقیقه و دمای 72°C به مدت ۲ دقیقه و ۳۰ ثانیه تعیین گردید، در پایان 72°C به مدت ۵ دقیقه داده شد. محصول PCR را روی ژل آگارز ۱٪ برده و از 1 kb ladder استفاده می‌شود. سپس ژل را با اتیدیوم بروماید رنگ کرده و پس از مشاهده زیر UV ترانس لومیناتور عکس برداری بعمل می‌آید.

یافته‌ها

ابتدا جهت بهینه کردن دمای annealing از واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) بصورت گرادینت استفاده کرده تا دمای مطلوب بدست آید. در این تحقیق دمای مطلوب اتصال برای حذف‌های ژن آلفاگلوبین 60°C مشخص گردید. در مرحله بعد هریک از حذف‌های شایع مانند $\alpha 3.7$ - و $\alpha 4.2$ - و MED-- و $\alpha 20.5$ - ابتدا بصورت جفت پرایمرها (رفت و برگشت) PCR گردید و از این طریق از حذف اختصاصی آن نمونه بیمار اطمینان حاصل می‌شد. این افراد بعنوان کنترل‌های مثبت جهت انجام مراحل بعدی واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مراز چندنایی (Multiplex-PCR)، مورد استفاده قرار می‌گیرند. در این مرحله علی‌رغم مهیا بودن شرایط در بعضی موارد PCR انجام نشده و باند اختصاصی مربوطه نیز مشاهده نمی‌گردید. مثلاً در تیوب حاوی پرایمرهای Lis1 که بعنوان کنترل داخلی واکنش‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد و همچنین تیوب حاوی پرایمرهای $\alpha 4.2$ - با فراهم شدن شرایط مشابه پرایمرهای دیگر، تکثیری صورت نگرفته ولی با افزایش میزان پرایمر از 10 Pmol به 25 Pmol مشکل برطرف گردید و قطعات مربوطه هم تکثیر شدند. در مرحله بعد ابتدا پرایمرها بصورت دوجفتی و سپس همه پرایمرها باهم در یک تیوب منفرد مورد استفاده قرار گرفتند. پس از ران محصولات PCR و مازک بر روی ژل، باندهای اختصاصی و همچنین غیراختصاصی بصورت باندهای ضعیف و نازک دیده می‌شدند، ولی با تغییر دمای annealing و کم کردن غلظت

مشکلات فوق مرتفع می گردند. آنزیم مورد استفاده در این روش Fast Start Taq DNA Polymerase بوده است. این آنزیم بسیار اختصاصی عمل کرده و دارای حساسیت بالایی می باشد. در واکنش مولتی پلکس PCR میزان پرایمرهای مصرفی نسبت به حالتی که یک جفت پرایمر استفاده می شود بسیار کمتر است. پیشنهاد می گردد تعدادی از این افراد که مشکوک به آلفاتالاسمی می باشند و هیچ یک از حذفها را نشان نمی دهند تحت آزمایشات کاملتری قرار گیرند بطوری که می توان از روش ساترن بلات و RFLP استفاده کرد و توالی ژن آلفاگلوبین آنها Sequence شود که اگر احتمالاً حذفی وجود دارد و تابحال شناسایی نگردیده مشخص شود.

نتیجه گیری

در بعضی ترکیب های متفاوت ال های جهش یافته آلفاگلوبین امکان بوجود آمدن بچه های Hb H Disease و هیدروپس فتالیس وجود دارد (۱۰). بعلاوه مادر حامل این نوع بچه ها در معرض خطر بوده و نگهداری از افراد مبتلا به تالاسمی از لحاظ اقتصادی و هم از لحاظ روانی برای خانواده های آنها و جامعه بسیار مشکل می باشد. اگر نوع جهش در یک فرد حامل دقیقاً مشخص نشود، پی بردن به نحوه توارث و چگونگی انتقال آن به نسل های بعد مشکل خواهد بود و در نتیجه توصیه هایی که برای کمک به چنین افرادی انجام می گیرد عاری از خطا نخواهد بود.

ترکیب α تالاسمی و β تالاسمی می تواند عوارض هر دو بیماری به تنهایی را تشدید یا تضعیف کند یا بطور کلی تغییر دهد. مثلاً ترکیب یک جهش خاص (تریپلت شدن ژن α) می تواند یک β تالاسمی مینور را به بتاتالاسمی مازور تبدیل کند یا حذف یک ژن آلفا می تواند علائم بتاتالاسمی مازور را تعدیل نماید (۷). براساس همین ضرورتها تحقیق ما در زمینه تشخیص سریع و دقیق و کم هزینه انواع حذف های α تالاسمی صورت گرفت و این امکان را فراهم نمود تا با انجام Multiplex-PCR در یک لوله منفرد انواع حذف های شایع در ایران را تشخیص داد. این روش جهت تشخیص ناقلین و تشخیص قبل از تولد (PND) از اهمیت خاصی برخوردار است. همچنین با تشخیص سریع حذفها از تولد افراد HbH و هیدروپس فتالیس پیشگیری می شود.

سراسر دنیا است (۵). مجموعه ژنی آلفاگلوبین انسانی با طولی در حدود ۳۰ کیلو باز با توالی '3' $\Psi\alpha 2-\Psi\alpha 1-\alpha 2-\alpha 1$ - $\Psi 2$ ' 5' است (۶). برخلاف بتاتالاسمی که جهش های غیرحذفی غالب هستند بیش از ۹۵٪ موارد شناخته شده آلفاتالاسمی به علت حذف در یک یا دو ژن آلفاگلوبین از کروموزوم ۱۶ است (۱). افرادی که پروتئین آلفا را به اندازه کافی تولید نمی کنند، آلفاتالاسمی خواهند داشت. این بیماری عموماً در آفریقا، خاورمیانه، هند و جنوب شرقی آسیا و جنوب چین و گاهی در منطقه مدیترانه یافت می شود. نوع و فراوانی جهش های آلفاتالاسمی از منطقه ای به منطقه دیگر فرق می کند و هر جمعیتی طیف جهش های آلفاتالاسمی مربوط بخود را دارا است.

ایران در منطقه ای وجود دارد که آمار تالاسمی در آن زیاد می باشد، لذا لزوم شناسایی انواع جهش ها و فراوانی آنها در کشورمان ضروری می باشد. دکتر نیشابوری و همکاران در سال ۲۰۰۱ میزان فراوانی جهش $\alpha 3.7$ - را ۳۱.۶ درصد در افراد ایرانی با کم خونی هیپوکرومیک و میکروسیتیک در شاخصهای خونی کاهش یافته تعیین نمودند و هیچ جهش $\alpha 4.2$ - را مشاهده نکردند. (۳) برای تشخیص آلفاتالاسمی حتماً باید از آنالیز ژن α استفاده کرد. ولی در موارد مشکوک به توارث همزمان α و β تالاسمی، آزمایش سترز زنجیره های گلوبین و آنالیز ژن گلوبین باید انجام پذیرد تا به تشخیص قطعی رسید (۱۰).

روش های مولکولی جهت تشخیص قطعی تالاسمی ها: ARMS, SSCP, DGGE, Gap-PCR و ساترن بلات می باشد. در روش Multiplex PCR که همزمان هفت نوع حذف متفاوت ژن آلفاگلوبین در یک نیوب منفرد قابل تشخیص می باشد، سریع، کم هزینه و دقیق بوده و می توان هر نوع حذفی را با یک واکنش PCR شناسایی کرد. در روش های قبلی جهت شناسایی حذف در مجموعه ژنی آلفاگلوبین در یک فرد مشکوک به آلفاتالاسمی، ابتدا برای شایع ترین یعنی $\alpha 3.7$ - PCR انجام می شده است و چنانچه آن حذف وجود نداشته باشد (باندی تشکیل نگردد) جهت حذف $\alpha 4.2$ آزمایش تکرار شده و این روند تا شناسایی حذف ادامه پیدا می کند. استفاده از چنین روشی مستلزم صرف هزینه، زمان و کار مضاعف بوده که با مولتی پلکس PCR کلیه

این تحقیق ما را یاری نمودند. همچنین از رؤسا و کارکنان محترم مراکز بهداشتی سراسر کشور و رؤسا و کارکنان آزمایشگاه‌های ژنتیک پزشکی دکتر زینلی و دکتر اکبری که در رابطه با دادن بعضی از نمونه‌های خونی افراد حامل آلفاتالاسمی همکاری صمیمانه داشته‌اند، تشکر و قدردانی بعمل می‌آید.

سادگی و جامعیت این روش بطور قابل توجهی هزینه و پیچیدگی غربالگری برای حذف‌های شایع آلفاتالاسمی را کاهش می‌دهد.

تقدیر و تشکر

بدینوسیله از کلیه پرسنل محترم بخش بیوتکنولوژی انستیتو پاستور ایران کمال تشکر و قدردانی را داریم که در

REFERENCES

1. Chong SS, Boehm CD, Higgs DR, Cutting GR; 2000 Single-tube multiplex-PCR screen for common deletional determinants of α -thalassemia; Blood Vol. 95, No. 1: 360-364.
2. Chong SS, Boehm CD, Higgs DR; 2000; Simplified Multiplex-PCR diagnosis of common southeast Asian deletional determinants of α -thalassemia. Clinical chemistry Vol 46, No. 10: 1692-1695.
3. Neishabury.M,L. Abbasi-Moheb, H Nanjma badi, et al., 2001; Alpha-thalassemia deletion analysis in IRNA archives of Iranian Medicine: 4(4): 160-164.
4. Harrison's principles of internal Medicine 1994. Trans lated by: Hooman Oktai M.D.
5. El-Hamzi, MA; Warsy, As; Alswailem, AR; 1995: the fre quency of 14 Beta thalassemia among a rabs, Babrain Medical Bulletin, Nol. 10, No 1, PP 14-18.
6. Bow den DK, Vickers MA, Higgs DR: 1992; A PCR-based strategy to detect the common severe determinants of a thalassemia Br J hematol 81: 104-108.
7. Weatherrall D.J. & clegg J.B. 2001; the thalassemia syndromes. Blackwell science publication.
8. Miller SA, Dg Kes DD, Polesky HF. 1988 A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells Nucleic Acids Res 16:12115.
9. Santos, CD, Duartea A. SS, et al., 2004 ; Expression of α -hemoglobin stabilizing protein gene during human erythropoiesis. Experimental Hematology 32, 157-162.
10. Shaji. R.V., Srivastava. A, chandy. M, Krishnamoorthy. R, 2000; A single tube multiplex PCR method to detect the common α + thalassemi alleles. Blood, vol 95, Number 5.