

شناسایی گونه‌های آسپرژیلوسی با کاربرد تک آنزیم محدودساز *MwoI* در روش RFLP مبتنی بر آمپلیفیکاسیون ناحیه ژنی *rDNA*

کامبیز ديبا^۱، سيدحسين ميرهندي^۲، پريوش کردبچه^۳، زهره خورشيدوند^۳

۱- دانشيار، گروه انگل شناسی و قارچ شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ارومیه، ارومیه، ایران.

۲- استاد، گروه انگل شناسی و قارچ شناسی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران.

۳- کارشناس ارشد، گروه انگل شناسی و قارچ شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ارومیه، ارومیه، ایران.

یافته / دوره پانزدهم / شماره ۴ / پاییز ۹۲ / مسلسل ۵۷

چکیده

دریافت مقاله: ۹۲/۴/۱۰، پذیرش مقاله: ۹۲/۶/۱۹

*** مقدمه:** گونه‌های آسپرژیلوس بعضاً با بیماری‌های انسان مرتبط هستند. یافتن یک روش دقیق و سریع برای شناسایی این قارچ‌ها اهمیت ویژه‌ای دارد و می‌تواند در غربالگری بیماری و اهداف اپیدمیولوژیک مؤثر باشد.

*** مواد و روش‌ها:** نمونه‌های ما شامل گونه‌های مختلف آسپرژیلوسی از نمونه‌های بالینی و محیطی چهار بیمارستان آموزشی بودند. آسپرژیلوس‌ها ابتدا با روش مورفولوژیک شناسایی شدند. توده‌های میسلیمی آسپرژیلوسی از کشت‌های سابورود براث استخراج شده برای استخراج DNA به روش فنل کلروفرم-گلاسیید مورد استفاده قرار گرفتند. آمپلیفیکاسیون ژن *rDNA* با استفاده از پرایمرهای یونیورسال ناحیه ITS انجام شد و محصولات واکنش زنجیره‌ای قابل هضم با آنزیم محدودساز *MwoI* با استفاده از روش PCR-RFLP مورد تفکیک قرار گرفتند.

*** یافته‌ها:** ما موفق به شناسایی هشت گونه مهم آسپرژیلوس شامل: آسپرژیلوس فلاووس، آسپرژیلوس نایجر، آسپرژیلوس فومیگاتوس، آسپرژیلوس ترئوس، آسپرژیلوس کلاواتوس، آسپرژیلوس اکراسئوس، آسپرژیلوس آمستلوتیدامی و آسپرژیلوس نیدولانس با کاربرد روش مولکولی آزمون شدید. شناسایی و افتراق مهمترین گونه‌های آسپرژیلوس بدست آمده از کشت کوتاه مدت ۳۶ ساعته و استفاده از پروفایل معرفی شده شامل استخراج DNA، PCR و هضم آنزیمی برای تقریباً تمام نمونه‌های آزمون شده زمانی در حدود یک روز کاری نیاز داشت.

*** بحث و نتیجه‌گیری:** روش PCR-RFLP مبتنی بر ژن DNA ریبوزومی، برای تعیین گونه‌های آسپرژیلوسی مورد استفاده قرار گرفت. کاربرد آنزیم محدودساز *MwoI* ما را قادر نمود که بیشترین افتراق را در بین گونه‌های آسپرژیلوسی ایجاد نماییم و گونه‌های مهم آسپرژیلوسی را در مدت زمان کوتاهی شناسایی کنیم.

*** واژه‌های کلیدی:** آسپرژیلوس، آمپلیفیکاسیون، آنزیم محدودساز.

آدرس مکاتبه: ارومیه، کیلومتر ۱۱ جاده سرو، دانشکده علوم پزشکی ارومیه، گروه انگل شناسی و قارچ شناسی

پست الکترونیک: kambiz37diba@gmail.com

مقدمه

برخی از گونه‌های جنس اسپریلوس با بیماری‌های انسانی از جمله بیماری برونکوپولمونری آلرژیک، کراتیت قارچی، عفونت قارچی گوش، سینوزیت‌های بینی و همچنین عفونت‌های مهاجم ریه مرتبط هستند (۱). اگرچه اسپریلوس فومیگاتوس به عنوان مهمترین عامل اسپریلوزیس مهاجم مطرح است، اما حداقل ۳۰ گونه دیگر نیز با بیماری‌های انسان در ارتباطند که می‌توان از مهمترین این عوامل، گونه‌های اسپریلوس فلاووس، اسپریلوس نایجر، اسپریلوس ترئوس، اسپریلوس نیدولانس، اسپریلوس یوستوس و اسپریلوس ورسی‌کالر را ذکر کرد (۲).

در عین حال بین گونه‌های بیماری‌زای اسپریلوس، تفاوت‌هایی از نظر پاسخ به درمان‌های ضد قارچی وجود دارد، در برخی مؤسسات اسپریلوس ترئوس به لحاظ این‌که به داروهای ضد قارچی حساسیت کمتری نشان می‌دهد اهمیت ویژه‌ای یافته است. چنان‌که در مقایسه با اسپریلوس فومیگاتوس به داروی آفوتریسین B حساسیت کمتری نشان می‌دهد. همچنین اسپریلوس نیدولانس در مقایسه با اسپریلوس فومیگاتوس از حساسیت کمتری برخوردار است و به همین ترتیب اسپریلوس یوستوس با وجود این‌که یک عامل نادر عفونت مهاجم تلقی می‌گردد در عین حال مقاومت بیشتری در مقایسه با اسپریلوس فومیگاتوس نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های ضد قارچی از جمله وریکونازول نشان می‌دهد (۳).

با این اوصاف، یافتن یک روش صحیح، دقیق و به موقع برای تشخیص و شناسایی گونه‌های اسپریلوس در نمونه‌های بالینی اهمیت ویژه‌ای می‌یابد، و می‌تواند در پایش و غربالگری بیماری و اهداف اپیدمیولوژیک مؤثر باشد. روش‌های سنتی و رایج در شناسایی اسپریلوس‌ها بررسی مورفولوژیک ماکروسکوپی و میکروسکوپی می‌باشند. این روش‌ها ارزان قیمت بوده و تنها نیازمند امکانات کشت، مشاهده و بررسی میکروسکوپی است (۴). اما در عین حال روش‌های

کلاسیک از نقایصی نظیر زمانبری طولانی از سه روز تا چند هفته، ضرورت نیروهای متخصص با تجربه و دقت پایین رنج می‌برند. از طرفی کشت‌ها همیشه به اسپورزایی منتهی نمی‌گردند و اشتباهات متعددی که در شناسایی با این روش‌ها رخ می‌دهند.

اخیراً روش‌های مولکولی با دقت و سهولت انجام و حساسیت بالا برای تشخیص و شناسایی عوامل قارچی پاتوژن از جمله گونه‌های اسپریلوس مورد استفاده قرار گرفته‌اند (۵). یکی از این روش‌ها (واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در ترکیب با روش پلی مورفیسم طول قطعه محدود شده (PCR-RFLP) می‌باشد (۶). مطالعه حاضر به کاربرد روش PCR-RFLP با کاربرد آنزیم محدود ساز MwoI به صورت تکی با توانایی افتراق بین هشت گونه اسپریلوس می‌پردازد.

مواد و روش‌ها

مطالعات مورفولوژیک

سویه‌های شناسنامه‌دار جهانی از ۳۰ گونه اسپریلوس عامل بیماری‌های انسان از کلکسیون کشت‌های میکروبی ژاپن^۱ به دست آمدند، و سویه‌های اصلی ما که از نمونه‌های بالینی ارجاعی به آزمایشگاه قارچ شناسی دانشکده بهداشت دانشگاه علوم پزشکی تهران و نیز از کشت‌های مثبت بیماران بستری در چهار بیمارستان آموزشی در تهران، اصفهان و کرمانشاه و از نمونه‌های محیطی این بیمارستان‌ها به دست آمدند. تمامی نمونه‌های به دست آمده محیطی (بیمارستانی) و بالینی، در محیط کشت پایه سابورود دکستروز آگار ۴٪ تلقیح گردیده در دمای ۲۸ درجه سانتی‌گراد رشد داده شدند تا این‌که اسپورولاسیون کامل ظاهر گردید. از هر کشت به دست آمده متعلق به هر سویه اسپریلوسی یک سوسپانسیون تلقیحی شامل بخش اسپورزای کشت در محیط تلقیحی حاوی ۲٪ آگار باکتریولوژیک و ۵٪/۰

1. Japanese Collection for Microorganisms

توئین ۸۰ تهیه شده، یک حجم کوچک از آن به محیط‌های کشت افتراقی چهارگانه انتقال یافت.

تمامی ایزوله‌های آسپرژیلوسی با استفاده از خصوصیات مورفولوژیک میکروسکوپی و ماکروسکوپی و با کمک کلیدهای شناسایی رفرانس از جمله میزان رشد، ویژگی‌های ماکروسکوپی کلنی (شکل، رنگ، بافت، توپوگرافی و غیره) و نیز ویژگی‌های میکروسکوپی کلنی (رئوس کونیدیایی^۱، طول و قطر کونیدیوفور، شکل و اندازه وزیکول‌ها، شکل و اندازه فیالیدها، یک ردیفی یا دو ردیفی بودن فیالیدها و شکل و اندازه کونیدی‌ها) و سایر ویژگی‌های میکروسکوپی مورد بررسی قرار گرفتند (۷).

نمونه‌هایی از کلنی‌های آسپرژیلوسی اعم از سویه‌های مربوط به کلکسیون و ایزوله‌های جمع‌آوری شده از نمونه‌های بالینی و محیط، محیط کشت عصاره سیب زمینی (۲۰٪)، دکستروز (۲٪) و آگار (۱/۵٪)^۲ کشت داده شد و پس از ۷ روز انکوباسیون در حرارت ۲۸ درجه سانتی‌گراد، کلنی‌ها از لحاظ ویژگی‌های ماکروسکوپی کلنی و نیز ویژگی‌های میکروسکوپی کلنی مورد بررسی قرار گرفتند (۸).

مطالعات مولکولی

الف) کشت و استخراج DNA

کشت‌های براث با تلقیح یک نیدل از کشت ۷ روزه در SG ۴٪ به پنجاه میلی لیتر از محیط SG ۴٪ broth در فلاسک‌های ۲۵۰ میلی‌لیتری تهیه گردید. سپس در دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد بر روی یک سطح متحرک به مدت ۷۲ ساعت قرار گرفت، جمع‌آوری هایفی قارچ پس از این مدت با استفاده از فیلترهای میلی‌پور (۰/۴۵μm) و شستشو با بافر

Tris-EDTA و نیز آب مقطر دو بار تقطیر استریل انجام شد (۹).

توده‌های میسلیمی به نام Matt به لوله‌های استریل منتقل گردیده و در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. در استخراج DNA به روش Glass beads - Phenol Chloroform توده هایفی به‌دست آمده پس از گذراندن مرحله‌ای در دستگاه vacuum drier کاملاً شکننده می‌گردد. سپس قطعه کوچکی از آن در یک لوله میکروویوژ حاوی ۴۰۰ میکرولیتر از بافر استخراج و ۴۰۰ میلی گرم از گلاسبید با قطر ۰/۵ میلی‌متر مخلوط نموده نهایتاً ۴۰۰ میلی گرم از محلول فنل کلروفرم اضافه گردید، مخلوط به مدت ۲-۳ دقیقه در دیسممبراتور به شدت ۹۰۰-۱۰۰۰ زده تا یک سوسپانسیون هموژن فراهم گردید. سپس لوله‌ها در میکروویوژ قرار گرفته با سرعت ۵۰۰g به مدت پنج دقیقه رسوب‌گیری شد (۱۰).

مایع رویی به لوله جدید منتقل شده به میزان هم حجم از فنل کلروفرم افزوده دوباره سانترفوژ با شرایط قبلی انجام گرفت. بار دیگر مایع رویی به لوله جدید منتقل شده به میزان دو برابر حجم از ۲- پروپانل و ۰/۱ حجم از استات سدیم به لوله افزوده در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد فریزر به مدت بیست دقیقه سرمادهی شد. سپس ده دقیقه رسوب‌گیری در میکروویوژ با سرعت ۱۲۰۰g انجام شد.

در این مرحله رسوب تشکیل شده است که در انتهای لوله قابل مشاهده بود. برای حذف نمک و الکل با درصد بالا، یک‌بار شستشو با اتانل ۷۰٪ انجام گردید و رسوب انتهایی با افزودن بیست میکرولیتر از آب مقطر دو بار تقطیر دوباره حل شده در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد ذخیره شد (۱۱).

1. Conidial heads

2. Potato Dextrose Agar (PDA)

ب) تکثیر DNA هدف با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمر (PCR)

۱- انتخاب پرایمرها: توالی پرایمرهای مورد استفاده به قرار زیر می‌باشد:

Forward: 5'-TCC GTA GGT GAA CCT GCG G-3'
Reverse: 5'-TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC-3'

۲- شرایط PCR: برای انجام موفق PCR، پس از انجام آزمایشات متعدد سرانجام مواد زیر با غلظت‌های ذکر شده برای انجام یک واکنش ۱۰۰ میکرولیتری استفاده شد: بافر PCR، ۵ میکرولیتر، پرایمر رفت (ITS1) ۵۰ پیکومول، پرایمر برگشت (ITS4) پنجاه پیکومول، چهار نوع نوکلئوتید (dNTPs) ۲۰۰ میکرومولار، آنزیم Taq ۲/۵ واحد، DNA الگو ۵ میکرولیتر و آب مقطر دیونیزه با حجم لازم تا رسیدن به حجم کلی یک میکرولیتر. سپس میکروتیوب‌ها در دستگاه ترمال سایکر با برنامه دمایی استاندارد PCR (۹۵ درجه برای دناتوراسیون^۱، ۵۵ درجه برای انیلینگ^۲، ۷۲ درجه برای اکستنشن^۳) قرار گرفتند. برای مشاهده نتایج تکثیر DNA، از آگاروز ژل الکتروفورز استفاده گردید (۱۲).
ج) هضم اندونوکلازی محصولات PCR با استفاده از آنزیم محدودساز

برای اجرای تست RFLP، ۱۳ میکرولیتر از محصول PCR، ۱/۵ میکرولیتر از بافر ویژه آنزیم و ۰/۵ میکرولیتر از آنزیم محدودالتر برای حجم نهایی واکنش ۱۵ میکرولیتر در تیوب ۲۰۰ میکرولیتری ریخته شد و مدت ۳ ساعت در حرارت ۶۵-۳۰ درجه سانتی‌گراد (بسته به نوع آنزیم) قرارداده شد.

د) الکتروفورز DNA

به منظور تفکیک قطعات DNA، آگاهی از اندازه محصول PCR و نیز قابل رنگ آمیزی و قابل رؤیت کردن آنها، هر کدام از محصولات استخراج DNA، PCR و RFLP روی ژل آگارز الکتروفورز گردید و به روش اتیدیوم بروماید

رنگ آمیزی شد و پس از آن با استفاده از دستگاه ترانس ایلومیناتور دیجیتال^۴ رویت و عکس برداری می‌گردید (۱۳).

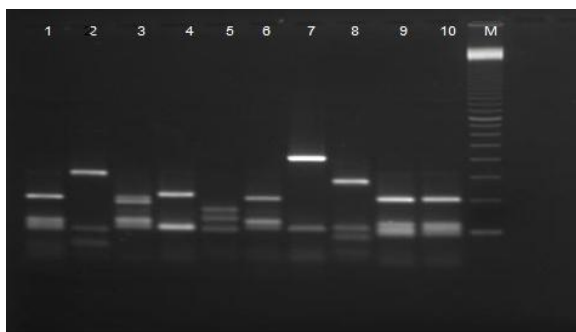
یافته‌ها

نتایج بررسی ماکروسکوپی کلنی (شکل، رنگ، بافت، توپوگرافی و غیره) و نیز ویژگی‌های میکروسکوپی کلنی (رئوس کونیدیایی)، طول و قطر کونیدیوفور، شکل و اندازه وزیکول‌ها، شکل و اندازه فیالیدها یک ردیفی یا دو ردیفی بودن فیالیدها و شکل و اندازه کونیدی‌ها) و سایر ویژگی‌های میکروسکوپی در جدول ۱ مشاهده می‌گردد.

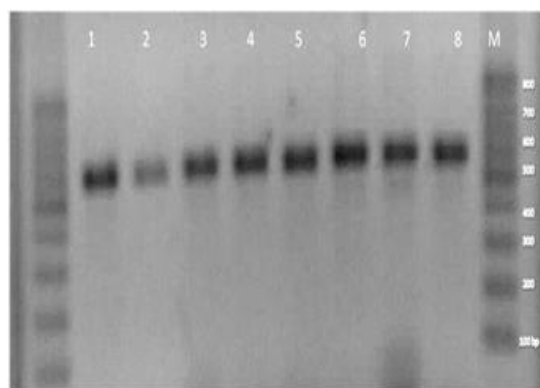
آمپلیفیکاسیون قطعات ITS ژن کدکننده DNA ریبوزومی سویه‌های استاندارد آسپرژیلوس‌ها محصولات PCR با سایز ۶۰۰bp-۵۶۰ را تقریباً در یک دامنه ثابت نشان می‌داد (شکل ۱).

آنزیم محدودساز MwoI بر روی قطعات ژنی ITS برخی گونه‌های آسپرژیلوس مکان‌های برش مختلفی ایجاد می‌نماید که حاصل هضم DNA توسط آن تشکیل باندهای DNA با سایزهای متفاوت برای هر گونه می‌باشد که بر خلاف الگوی باندی آمپلیفیکاسیون، قادر است یک الگوی افتراق بین گونه‌ای در آسپرژیلوس‌های مهم بیماریزا ایجاد نماید. چنان‌که در جدول ۲ مشاهده می‌گردد، استفاده از آنزیم محدودساز MwoI در روش مولکولی PCR-RFLP الگویی ایجاد نمود که قادر بود هشت گونه با اهمیت پزشکی را از یکدیگر افتراق دهد (شکل ۲). هرچند این نتیجه با پیش بینی نظری متفاوت بود، اما با کاربرد این روش ما قادر بودیم شناسایی اکثر گونه‌های جدا شده از نمونه‌های بالینی و محیطی (بیمارستانی) را انجام دهیم و گونه‌های یافت شده با فراوانی بالا در میان هشت گونه افتراق داده شده قرار می‌گرفت.

1. Denaturation
2. Annealing
3. Extension
4. Gel doc system



شکل ۲. تصویر الکتروفورز افقی از الگوی هضم آنزیم **MwoI** در گونه‌های آسپرژیلوس مورد بررسی. ستونهای ۱-۸ به ترتیب نمایانگر الگوی باندی گونه‌های آسپرژیلوس فومیگاتوس، آسپرژیلوس فلاووس، آسپرژیلوس نایجر، آسپرژیلوس ترئوس، آسپرژیلوس نیدولانس، آسپرژیلوس کلاواتوس، آسپرژیلوس اکراسئوس و آسپرژیلوس آمستلئویدامی می‌باشند.



شکل ۱. الکتروفورز افقی محصولات **PCR** مربوط به گونه‌های مختلف آسپرژیلوس (ستون ۱-۸) شامل موارد ذکر شده در جدول ۱. بدون در نظر گرفتن شیب ژل تقریباً تمامی باندها (ستونهای ۱-۸) با سایز تقریباً یکسان (۶۰۰-۵۰۰ bp) مشاهده می‌گردند.

جدول ۱. فراوانی و درصد کلنی‌های شناسایی شده گونه‌های آسپرژیلوس در نمونه‌های بالینی و محیطی

گونه	نمونه‌های بالینی		نمونه‌های محیطی		جمع	
	تعداد	درصد	تعداد	درصد	تعداد	درصد
<i>A.flavus</i>	۳۸	۷۴/۵	۷۰	۴۸/۲	۱۰۸	۵۵
<i>A.niger</i>	۳	۵/۸	۶۰	۴۱/۳	۶۳	۳۱/۷
<i>A.fumigatus</i>	۶	۱۱/۷	۱۲	۷/۲	۱۸	۸/۷
<i>A.nidulans</i>	۱	۱/۹۶	۱	۶/۸	۲	۱
<i>A.terreus</i>	۱	۱/۹۶	۱	۶/۸	۲	۱
<i>A. clavatus</i>	۱	۱/۹۶	۰	۰	۱	۰/۵
<i>A.ochraceus</i>	۱	۱/۹۶	۰	۰	۱	۰/۵
<i>A.amstelloidami</i>	۰	۰	۱	۶/۸	۱	۰/۵
جمع	۵۱	۱۰۰	۱۴۵	۱۰۰	۲۰۵	۱۰۰

جدول ۲. الگوی هضم آنزیمی قطعات **ITS** در هشت گونه مختلف آسپرژیلوس بوسیله آنزیم محدودساز **MwoI**

گونه	حجم اصلی نمونه (bp)	سایز باند بعد از هضم آنزیمی (bp)
<i>A. fumigatus</i>	۵۹۵	۲۰۷، ۱۲۵، ۱۰۸، ۲۹، ۲۱، ۹
<i>A. flavus</i>	۵۹۵	۳۲۵، ۹۸، ۶۵، ۴۰، ۲۰
<i>A. niger</i>	۶۰۰	۱۹۲، ۱۷۵، ۱۲۰، ۱۰۸، ۳۰، ۲۱، ۹
<i>A. terreus</i>	۶۰۷	۲۳۰، ۱۰۹، ۱۰۶، ۹۶، ۲۹، ۹
<i>A. nidulans</i>	۵۶۲	۱۶۲، ۱۳۵، ۱۰۴، ۳۱، ۲۹، ۹
<i>A. clavatus</i>	۵۷۶	۲۱۰، ۱۲۵، ۱۰۶
<i>A. ochraceus</i>	۶۰۰	۴۲۰، ۹۰، ۳۹، ۹
<i>A. amstelloidami</i>	۵۹۲	۲۸۶، ۱۰۶، ۱۰۰، ۲۹، ۹

و مولکولی (RFLP) تفاوت معنی‌داری نشان نداد. اما در نتایج RFLP با کاربرد آنزیم محدودساز **MwoI** آن چه مهم است،

بجز موارد معدود که مربوط به خطای فردی بود، نتایج حاصل از آزمایش ایزوله‌های آسپرژیلوسی با روش‌های مورفولوژی

راه اندازی و استفاده گردید. در این روش تنها از یک جفت پرایمر استفاده شد که این جفت همان پرایمرهای همگانی ITS1 و ITS4 است که در نواحی 18S و 28S مربوط به DNA ریبوزومال و به عبارت دیگر در نواحی بسیار حفاظت شده قرار گرفته‌اند. لذا پرایمرهای مزبور برای قارچ‌ها (اعم از مخمرها و کپک‌ها) عمومی بوده و ناحیه ژنی مربوطه در هر نوع قارچی با این پرایمر تقویت می‌شود.

همان‌طور که در شکل یک مربوط به الکتروفورز محصولات PCR مشاهده می‌شود، باندهای PCR به دست آمده با این پرایمرها در همه آسپرژیلوس‌ها کم و بیش یکسان (حدود ۶۰۰ جفت باز) بوده و لذا با PCR به تنهایی نمی‌توان گونه آسپرژیلوس را شناسایی کرد و لذا تست مکمل دیگر (RFLP) برای تشخیص گونه‌ها به کار گرفته شد که آنزیم محدودساز MwoI به عنوان آنزیمی که بیشترین افتراق را در بین گونه‌های آسپرژیلوس ایجاد می‌کند، مورد استفاده قرار می‌دهد.

پس از کاربرد آن و همان گونه که انتظار می‌رفت، این آنزیم قادر بود که حداکثر ۱۵ گونه آسپرژیلوس را در چند گروه یا حداقل هشت گونه مهم بیماریزا را در یک گروه شناسایی نماید و الگوی هضم آنزیمی تفکیک بین گونه‌ای مطلوب ایجاد کند (شکل ۲).

چنان که در شکل مشاهده می‌گردد، الگوی هضم آنزیم MwoI برای گونه‌های آسپرژیلوسی مورد مطالعه *A. flavus*، *A. fumigatus*، *A. ochraceus* و *A. nidulans* کاملاً متمایز می‌باشد و در مورد گونه‌های *A. amsteltoidei*، *A. niger*، *A. clavatus*، *A. terreus*، هر چند اختلاف الگوی برش فاحش نیست، اما قادر به تفکیک نسبی است. به علاوه با به کارگیری تکنیک‌های برتر نظیر کاربرد الکتروفورز عمودی و ژل پلی اکریلامید می‌توان این اختلافات کوچک (bp)

افتراق بین گونه‌ای هشت گونه از آسپرژیلوس‌های مورد مطالعه است. شناسایی و افتراق مهم‌ترین گونه‌های آسپرژیلوس به دست آمده از کشت کوتاه مدت ۳۶ ساعته و استفاده از پروفایل معرفی شده شامل استخراج DNA، PCR و هضم آنزیمی برای تقریباً تمام نمونه‌های آزمون شده زمانی در حدود یک روز کاری اختصاص داد.

بحث و نتیجه گیری

از لحاظ اپیدمیولوژیک شناسایی عوامل آسپرژیلوسی چه برای شناخت هر چه بیشتر پاتوژن بیماری و چه برای قطع زنجیره‌های انتقال و کنترل آنها به خصوص در طغیان‌های بیمارستانی، ضروری و مهم است. روش‌های مورفولوژیک برای تعیین گونه آسپرژیلوس‌ها کافی و معتبر نمی‌باشند و لذا استفاده از روش‌های معتبرتری همچون روش‌های مبتنی بر DNA (DNA-based یا PCR-based) ضروری است. مرور مقالات نشان می‌دهد که تقریباً تمامی روش‌های به اصطلاح DNA-based که تا به حال برای شناسایی آسپرژیلوس‌ها به کار رفته است، به استثناء تعیین سکانس (Sequencing) تنها به تعداد معدودی از آسپرژیلوس‌ها محدود بوده‌اند. روش‌های متعددی بر پایه PCR برای شناسایی گونه‌های آسپرژیلوس به کار گرفته شده که عمدتاً آمپلیفیکاسیون ژن rDNA در نواحی ITS1، ITS2، 5.8s را به عنوان نواحی ژنی که تا حدود زیادی از تغییر بین گونه‌ای و ثبات درون گونه‌ای برخوردارند، به کار می‌برند. از این روش‌ها می‌توان به: PCR-Sequencing ناحیه ITS (۱۴)، PCR-EIA (۱۵)، Nested-PCR با هدف نواحی ITS-rDNA (۱۶)، و همچنین PCR-RFLP (۱۷، ۱۸) اشاره نمود که همگی در شناسایی آسپرژیلوس‌ها در سطح جنس و گونه به کار رفته‌اند. در این طرح روش PCR-RFLP مبتنی بر ژن DNA ریبوزومی برای تعیین گونه حدود سی گونه از جنس آسپرژیلوس معرفی،

تشخیص اکثر گونه‌های آسپرژیلوس برخوردار است. روش مولکولی برقرار شده قادر به شناسایی و سویه‌های آسپرژیلوسی که از نمونه‌های بالینی مختلف به دست آمده از بیمارستانهای آموزشی مورد مطالعه بوده است.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از کلیه شرکت کنندگان در این طرح تقدیر و تشکر می‌گردد.

۳۰-۵) را قابل مشاهده نمود. شناسایی و افتراق گونه‌های آسپرژیلوس در این سیستم شناسایی تک آنزیمی از کشت کوتاه مدت ۲۴-۳۶ و استفاده از پروفایل معرفی شده شامل استخراج DNA، PCR و هضم آنزیمی برای تقریباً ۱۰-۶ نمونه که همگی می‌تواند در طی یک روز کاری انجام گردد، به مراتب سریع‌تر از روش‌های شناسایی سنتی و مورفولوژیک می‌باشد که چندین روز را می‌طلبد. روش مولکولی PCR-RFLP با کاربرد آنزیم محدودساز MwoI از حساسیت و ویژگی بالایی برای

References

- Iwen PC, Rupp ME, Langnas AN, Reed EC, Hinrichs SH. Invasive pulmonary aspergillosis due to *Aspergillus terreus*: 12-year experience and review of the literature. *Clin Infect Dis*. 1998; 26: 1092-1097.
- Hope WW, Walsh TJ, Denning DW. The invasive and saprophytic syndromes due to *Aspergillus* spp. *Medical Mycol*. 2005; 43: S207-S238.
- Chandrasekar PH. Antifungal resistance in *Aspergillus*. *Medical Mycol*. 2005; 43: S295-S298.
- Samson RA. The genus *Aspergillus* with special regards to the *Aspergillus fumigatus* group. *Contrib Microbil*. 1999; 2: 5-20.
- Krappmann S, Braus GH. Nitrogen metabolism of *Aspergillus* and its role in pathogenicity. *Medical Mycol*. 2005; 43: S31-S40.
- Hinrikson HP. Molecular method for the identification of *Aspergillus* species. *J Med Mycol*. 2003; 43: S129- S137.
- Raper KB, Fennell DI. The Genus *Aspergillus*. Baltimore: Williams & Wilkins, 1965.
- Diba K, Kordbacheh P, Mirhendi H, Rezaie S, Mahmoudi M. Identification of *Aspergillus* species using morphological characteristics. *PAK J MEDL SCI*. 2007; 23(6): 867-872.
- Martinez-Culebras PV, Ramon D. An ITS-RFLP method to identify black *Aspergillus* isolates responsible for contamination in grapes and wine. *Int J Food Microbiol*. 2007; 113: 147-153.
- De Aguirre L, Hurst SF, Choi JS, Shin JH. Rapid differentiation of *Aspergillus* species from other medically important opportunistic molds and yeasts by PCR-enzyme immunoassay. *J Clin Microbiol*. 2004; 42: 3495-3504.
- Loeffler J, Kloepfer K, Hebart H. Polymerase chain reaction detection of *aspergillus* DNA in experimental models of invasive aspergillosis. *J Infect Dis*. 2002; 185: 1203-1206.
- Henry T, Iwen PC, Hinrichs SH. Identification of *Aspergillus* species using internal transcribed spacer regions 1 and 2. *J Clin Microbiol*. 2000; 38: 1510-1515.
- Diego M, Giovanni R, Guglielmetti S, Daffonchio D. 16S-23S rRNA intergenic spacer region sequence variation in *Streptococcus thermophilus* and related dairy streptococci and development of a multiplex ITS-SSCP analysis for their identification. *J Microbiol*. 2003; 149: 807-813.
- Travis H, Iwen PC, Hinrichs SH. Identification of *Aspergillus* species using Internal Transcribed Spacer Regions 1 and 2. *J Clin Microbiol*. 2000; 38(4): 1510-1551.
- De Aguirre L, Hurst SF, Choi JS. Rapid differentiation of *Aspergillus* species from other medically important opportunistic molds and yeasts by PCR-Enzyme Immunoassay. *J Clin Microbiol*. 2004; 42(8): 3495-3504.
- Zhao J, Kong F, Li R, Wang D. Identification of *Aspergillus fumigatus* and isolated species and related species by Nested PCR targeting ribosomal DNA Internal Transcribed Spacer Region. *J Clin Microbiol*. 2001; 39(6): 2281-2286.
- Yuko K, Tsutomu A. Single-Strand Conformation polymorphism Analysis of

PCR-Amplified Ribosomal DNA Internal Transcribed Spacers to Differentiate Species of *Aspergillus* Section *Flavi*. *J Appl Environ Microbiol.* 1996; 8: 2947-2952.

18. Somashekar D, Rati ER. PCR-restriction fragment length polymorphism of aflR gene for differentiation and detection of *Aspergillus* in maize. *Int J Food Microbiol.* 2003; 93: 101-107.