

مطالعه تنوع مولکولی باکتری پاستورلا مولتوسیدا در جدایه‌های گاوی و گاومیشی استان آذربایجان شرقی به روش برش با آنزیم‌های تعیین حدودی

جلال شایق*^۱، علی‌رضا منادی^۲، جلیل دولگری شرف^۳

- ۱- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد شبستر، استادیار گروه دامپزشکی، شبستر، ایران.
 - ۲- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد تبریز، استادیار گروه پاتوبیولوژی، تبریز، ایران.
 - ۳- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد شبستر، کارشناس ارشد گروه دامپزشکی، شبستر، ایران.
- *نویسنده مسئول مکاتبات: Jalal_shayeghi@yahoo.co.in
(دریافت مقاله: ۹۲/۵/۲۸ پذیرش نهایی: ۹۳/۴/۳)

چکیده

در مقاله حاضر، جهت مطالعه بیشتر تنوع ژنتیکی جدایه‌های باکتری پاستورلا مولتوسیدا جدا شده از گاو و گاومیش تعداد ۱۰ نمونه شامل ۸ نمونه گاوی و ۲ نمونه گاومیشی با روش برش با آنزیم‌های تعیین حدودی مورد مطالعه قرار گرفت. این روش با استفاده از آنزیم آندونوکلناز Hha-I اجرا و در نتیجه دو نوع الگوی مشخص I و II تولید شد. در هر دو الگو نمونه‌های گاوی و گاومیشی حضور داشتند. برخلاف مطالعات مشابه تنوع ژنتیکی این جدایه‌ها اندک بود. در ضمن با توجه به مشابهت سویه‌های گاومیشی و گاوی در این مطالعه، پیشنهاد می‌گردد مطالعه دیگری با نمونه‌های بیشتر جهت بررسی امکان انتقال سویه‌های گاوی و گاومیشی در میان هم بررسی گردد.

کلید واژه‌ها: پاستورلا مولتوسیدا، گاو و گاومیش، روش برش با آنزیم‌های تعیین حدودی، تنوع مولکولی.

مقدمه

پاستورلا مولتوسیدا از عوامل دخیل در پاستورلوز ریوی محسوب می‌شود. این بیماری یکی از مشکلات جدی در طب گاو و گوسفند بوده و امروزه تلاش‌های بسیاری در جهت مبارزه و پیشگیری از این بیماری در حال انجام می‌باشد (Quine et al., 2002).

مطالعه و تعیین تیپ در پاستورلا مولتوسیدا به هر دو روش فنوتیپی و ژنوتیپی مورد ارزیابی قرار گرفته و سیستم‌های متعددی برای آن مطرح است. اما روش‌های

پاستورلا مولتوسیدا یکی از عوامل باکتریایی بسیار مهم در بیماری‌های گاو و گاومیش بوده و علاوه بر آن در گوسفند، خوک و طیور نیز ایجاد بیماری می‌کند. این باکتری در گاو عامل سپتی سمی هموراژیک (Hemorrhagic septicemia) و یکی از عوامل دخیل در تب حمل و نقل و پاستورلوز ریوی گاوی (Bovine pneumonic pasteurellosis) می‌باشد. در گوسفند نیز

تایید و نیز از نظر کپسولی تعیین تیپ شده بود (Shayeh et al., 2010a)، تهیه شد (جدول ۱).

استخراج DNA: روش استخراج DNA برای همه جدایه‌ها با استفاده از پروتکل بلاکال و همکاران، با اصلاحاتی به شرح ذیل انجام گردید (Blackall et al., 1995). ابتدا ۲ تا ۳ پرگنه پاستورلا مولتوسیدا در محیط BHI broth (مرک)، داخل لوله‌های درپنج دار به ابعاد ۱۶×۱۲ کشت داده شده و در دمای ۳۷ درجه سلسیوس با حرکت ملایم به مدت ۲۴ ساعت انکوبه شدند. لوله حاوی باکتری در ۶۰۰۰rpm به مدت ۱۰ دقیقه سانتریفیوژ گردیدند. مایع رویی بیرون ریخته شد و یک میلی‌لیتر از بافر فسفات نمکی (PBS) به پلیت حاصله افزوده گردید. در مرحله بعد محتوای لوله به یک میکروتیوب ۱/۵ میکرولیتری تمیز ریخته شده، مجدداً در ۱۰۰۰g به مدت ۱۰ دقیقه به منظور شستشو سانتریفیوژ انجام گرفت. این عمل ۳ بار تکرار شد. سپس مقدار یک میلی‌لیتر از بافر سالین ۰/۸۵ درصد و EDTA ۰/۰۵ مولار به آن افزوده و به شدت ورتکس شد. در مرحله بعد مقدار ۱۰۰۰µl از محلول لیزوزیم (فرمتناز) با غلظتی برابر ۲۰ mg/ml به میکروتیوب فوق افزوده گردیده و در داخل بن ماری با دمای ۳۷ درجه سلسیوس به مدت ۶۰ دقیقه انکوبه و سپس به آرامی مخلوط گردید. مقدار ۱۰۰µl از محلول SDS ۲۵ درصد به میکروتیوب فوق افزوده و دوباره به آرامی مخلوط شد. در مرحله بعد مقدار ۱۰µl از محلول پروتئیناز k با غلظتی برابر ۲۱/۴ mg/ml به میکروتیوب فوق افزوده شده و در داخل یخ به مدت ۱۵ دقیقه انکوبه و سپس به آرامی مخلوط گردید. میکروتیوب فوق در داخل بن ماری با دمای ۶۵ درجه

مطالعه فنوتیپی پاستورلا مولتوسیدا با ایراداتی روبرو می‌باشند (Townsend et al., 2001). بنابراین، در سال‌های اخیر استفاده از روش‌های شناسائی و دسته‌بندی با روش‌های مولکولی رایج گردیده و تلاش‌های بسیاری در جهت تقسیم‌بندی باکتری بر پایه خصوصیات ژنتیکی در حال انجام است. از روش‌های مهم تعیین ژنوتیپی می‌توان به روش برش با آنزیم‌های تعیین حدودی (Restrictions endonuclease analysis)، Ribotyping، Pulsed field gel electrophoresis، Multilocus enzyme electrophoresis و نیز REP-PCR (Repetitive-extragenic plaindormic PCR) اشاره کرد. در میان این روش‌ها روش REA به تنهایی یا در کنار روش Ribotyping جهت تعیین قرابت اپیدمیولوژیک بین جدایه‌های مختلف شده و میزان صحت حساسیت و اختصاصیت این روش بسیار بالا ارزیابی گردیده است (Blackall and Miffin, 2000).

تاکنون استفاده از روش فوق در مطالعات اپیدمیولوژیک جدایه‌های پاستورلا مولتوسیدا از طیور، گاو، خوک و گوزن نتایج مطلوبی را در پی داشته است (Davise et al., 2004; Weiser et al., 2003). تاکنون دو مطالعه با این روش در ایران روی جدایه‌های پاستورلا مولتوسیدا در طیور و نیز بز و گوسفند انجام شده است (Jabbari et al., 2002; Shayegh et al., 2011).

مواد و روش‌ها

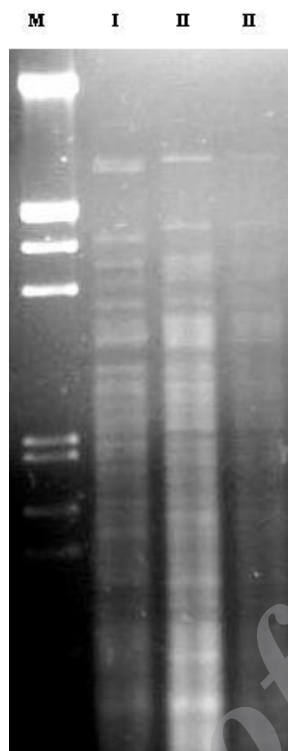
تهیه جدایه‌ها: در مطالعه حاضر تعداد ۱۰ جدایه حاصل از پنومونی گاو که در آزمایشگاه میکریبولوژی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شبستر قبلاً مورد مطالعات بیوشیمیائی قرار گرفته و به روش مولتی پلکس PCR

اجرای روش REA با استفاده از آنزیم HhaI: پس از تنظیم غلظت DNA استخراج شده به میزان ۵ میکروگرم روش REA پیشنهاد شده توسط Sambrook (۱۹۹۵)، به مدت ۳ ساعت مورد هضم آنزیمی با آنزیم HhaI قرار داده و پس از خنثی سازی آنزیم طبق بروشور کارخانه سازنده مقدار ۲۰ میکرولیتر از DNA هضم شده با ۴ میکرولیتر از 6xLoading Dye solution مخلوط و به صورت افقی در ژلی از آگارز با غلظت ۰/۷ درصد در ۲۵ ولت و به مدت ۱۶ ساعت الکتروفورز گردید. ژل حاصله به مدت ۳۰ دقیقه در اتیدیوم بروماید، رنگ آمیزی و سپس با استفاده از دستگاه Thech UV عکس برداری گردید.

یافته‌ها

روش REA با استفاده از آنزیم HhaI: نتایج حاصل از استخراج DNA پس از ارزیابی با روش اسپکتروفتومتر و الکتروفورز نشان از استخراج با نتایج مطلوب و غلظت مناسب داشت. نتایج حاصل از اجرای روش تعیین تیپ REA پس از استخراج DNA رضایت بخش بوده و الگوهای حاصل از هضم آنزیمی در شکل ۱ ارائه شده‌اند. بررسی الگوهای حاصله از REA وجود ۲ الگو (I و II) را نشان می‌دهد. هر دو الگوی حاصله بین جدایه‌های به دست آمده از گاو و گاو میش مشترک بودند (جدول ۱).

سلسیوس به مدت ۲۵ دقیقه انکوبه و مقدار $10/5 \mu\text{l}$ از محلول RNase با غلظتی برابر 10 mg/ml به میکروتیوب فوق افزوده و در داخل بن ماری با دمای 37°C درجه سلسیوس به مدت ۳۰ دقیقه انکوبه و سپس به آرامی سر و ته گردید. در مرحله بعدی مقدار $800 \mu\text{l}$ از محلول کلروفرم-فنل (۱ به ۱) به عصاره فوق افزوده شده و با احتیاط و به آرامی مخلوط گردید. پس از آن میکروتیوب فوق در 14000 rpm به مدت ۵ دقیقه در 4°C درجه سلسیوس سانتریفیوژ شد. فاز رویی داخل میکروتیوب به یک میکروتیوب $1/5$ میلی لیتری جدید و تمیز انتقال داده شد. مقدار $0/25$ حجم کلی از محلول استات سدیم ۳ مولار به محتوای میکروتیوب فوق افزوده و به آرامی مخلوط شد. مقدار $2/5$ برابر حجم کلی از اتانول مطلق با دمای 20°C - درجه سلسیوس به محتوای میکروتیوب فوق افزوده و به آرامی مخلوط گردیده و در فریزر 20°C - درجه سلسیوس به مدت ۳۰ دقیقه انکوبه گردید. پس از انکوباسیون، میکروتیوب‌ها در دور 14000 rpm به مدت ۵ دقیقه در 4°C درجه سانتریفیوژ گردیدند. اتانول با وارونه قرار دادن میکروتیوب حاوی DNA استخراج شده، خارج و تا خشک شدن کامل در دمای 37°C درجه سلسیوس انکوبه شد. پس از آن مقدار $100 \mu\text{l}$ آب دیونیزه به آن اضافه و به آرامی با سمپلر مخلوط شد. پس از استخراج بلافاصله غلظت DNA استخراج شده با اسپکتروفتومتر در طول موج‌های ۲۸۰ و ۲۶۰ نانومتر محاسبه گردید.



شکل ۱- M: نشانگر فازی لامبدا، I: الگوی شماره I، II: الگوی شماره II

جدول ۱- نمونه‌های مورد استفاده و نتایج حاصله

شماره جدایه	میزبان جدا شده	ژنوتیپ کپسولی	الگوی REA
۱	گاو	A	I
۲	گاومیش	D	I
۳	گاو	B	I
۴	گاو	A	II
۵	گاو	A	II
۶	گاومیش	A	II
۷	گاو	A	II
۸	گاو	B	II
۹	گاو	B	II
۱۰	گاو	B	II

بحث و نتیجه‌گیری

مطالعه حاضر، اولین مطالعه ژنوتیپی در خصوص جدایه‌های پاستورلا مولتوسیدای گاوی و گاومیشی در ایران با روش برش با آنزیم‌های تعیین حدودی است.

نتایج تنها دو نوع الگوهای حاصله از روش مذکور را نشان می‌دهد. این نتایج در مقایسه با نتایج مطالعات مشابه در ایران (Jabbari et al., 2002; Shayegh et al., 2011) بیان می‌دارد که جدایه‌های گاوی و گاومیشی

این مطالعه نتایج مطالعات قبلی را تصدیق می‌کند (Jabbari et al., 2002; Shayegh et al., 2011).

ارتباط میان جدایه‌های گاوی با گاو میشی که تنها در دو الگو دیده می‌شوند و شاید احتمال تبادلات جدایه‌ای میان این دو گونه میزبانی را مطرح سازد. هر چند تعداد بیشتری جدایه از هر دو میزبان برای چنین ادعایی لازم است. برخی از مطالعات امکان چنین رویدادی را در میان دو میزبان گوسفند و بز در حیات وحش (Wesseir et al., 2002; Rudolph et al., 2003) و در گله‌های مخلوط گوسفند و بز در روش سنتی نگهداری ایشان در برخی کشورها از جمله ایران (Shayeh, et al., 2010b; Shayegh et al., 2011) محتمل دانسته‌اند. احتمال وجود چنین ارتباطی در میان گاو و گامیش نیز با توجه به سیستم پرورشی سنتی این دو حیوان در ایران نیز دور از ذهن نیست.

با توجه به نتایج به دست آمده احتمال تبادل جدایه‌های گاوی و گاو میشی مطرح می‌گردد. پیشنهاد می‌شود این فرضیه با تعداد جدایه‌های بیشتر پاستورلا مولتوسیدا و نیز روش‌های دیگر همچون بررسی تشابه توالی sRNA ۱۶ تکرار گردد.

برخلاف جدایه‌های گوسفندی و بز و همچنین جدایه‌های طیور دارای تنوع ژنتیکی کمتری می‌باشند و در تیپ‌بندی به این روش به الگوهای کمتری تعلق می‌گیرند.

شایق و همکاران (۲۰۱۱) در مطالعه جدایه‌های بز و گوسفندی توانسته‌اند آنها را به ترتیب در ۵ و ۶ گروه تقسیم‌بندی نمایند (Shayegh et al., 2011). مطالعه جباری و همکاران (۲۰۰۲) نیز تنوع بیشتری را در میان جدایه‌های طیور در کشور نشان می‌دهد (Jabbari et al., 2002).

نتایج این مطالعه با یافته‌های دیویس در سال ۲۰۰۴ روی جدایه‌های گاوی مغایرت دارد. در مطالعه دیویس (۲۰۰۴) این تنوع بیشتر گزارش شده است و شاید این امر به دلیل محدود بودن نمونه‌های گاوی و گاو میشی در مطالعه حاضر باشد (Davise et al., 2004).

مطالعه توامان تعلق تیپ‌های کپسولی مختلف به الگوهای مشخص روش برش با آنزیم‌های تعیین حدودی در مطالعه حاضر رابطه خاصی را بین این دو دسته نشان نمی‌دهد. در مطالعات مشابه نیز چنین ارتباطی ملاحظه نگردیده بود. بنابراین نتایج حاصل از

منابع

- Blackall, P.J. and Mifin, J.K. (2000). A review of Identification and typing of *Pasteurella multocida* Avian Pathology, 29: 271-287.
- Blackall, P.J., Pahoff, J.L., Marks, D., Fegan, N. and Morrow, C.J. (1995). Characterization of *Pasteurella multocida* isolates from fowl cholera outbreaks on seven turkey farms. Australian Veterinary Journal, 72(4): 135-138.
- Davies, R.L., MacCorquodale, R. and Reilly, S. (2004). Characterisation of bovine strains 2 of *Pasteurella multocida* and comparison with isolates of avian, ovine and porcine 3 origin. Veterinary Microbiology, 99: 145-158.

- Jabbari, A.R., Saharee, A. and Esmaily, F. (2002). Characterization of avian *Pasteurella multocida* isolates by protein profiles and Restriction endonuclease analysis chromosomal DNA. *Archive of Razi Institute*, 15(1): 143-159.
- Quinn, P.J., Markey, B.K., Carter, M.E., Donnelly, W.J. and Leonard, F.C. (2003). *Veterinary Microbiology and Microbial Disease*. U.K., London: Blackwell Publishing.
- Rudolph, K.M., Hunter D.L., Forey W.J., Cassirer E.F., Rimler R.B. and Ward A.C.S. (2003). Sharing of *Pasteurella* spp. Between Free-ranging Bighorn Sheep and Feral Goats. *Journal of Wildlife Diseases*, 39(4): 897-903.
- Shayegh, J., Atashpaz, S., Zahraei Salehi, T. and Hejazi, M.S. (2010a). Potential of *Pasteurella multocida* Isolated from Healthy and Diseased Cattle and Buffaloes in Induction of Diseases. *Bulletin of the Veterinary Institute in Pulawy*, 54: 299-304.
- Shayegh, J., Parvizi, M. and Hejazi, M.S. (2010b). Diversity of Caprine and Ovine *Pasteurella multocida* Isolates Based on 16s rRNA Gene Sequencing. *Iranian Journal of Veterinary Research*, 11(4): 373-377.
- Shayegh, J., Mikaili, P., Dolgari Sharaf, J., Kamani, J. and Beheshti, R. (2011). Restriction endonuclease analysis: isolation and identification of ovine and caprine *Pasteurella multocida*. *Research Opinions in Animal and Veterinary Sciences*, 1(9): 611-613.
- Weiser, G.C., DeLong, W.J., Paz, J.L., Shafii, B., Price, W.J. and Ward, A.C. (2003). Characterization of *Pasteurella multocida* associated with pneumonia in bighorn sheep. *Journal of Wild Animal Disease*, 39: 536-544.

Archive of SIRD