· 论 著·

TaqMan-MGB 探针对 HCV 基因的检测及分型研究

林秀蓉,陈巧绘,林 海

[**摘要**] **目的** 建立快速准确检测丙型肝炎病毒(hepatitis C virus, HCV)常见基因分型方法,为丙型肝炎临床诊断和治疗提供依据。方法 对 40 例 HCV-RNA 阳性血清标本,通过逆转录为 cDNA 后,进行 TaqMan-MGB 探针检测、分型。结果 HCV-RNA 阳性血清 40 例,共检出 39 例,其中 1b 型 29 例,占74.36%,2a 型 5 例占 12.82%,3b 型 6 例占 13.38%。结论 所测患者的基因型以 1b 为主,3b 次之,2a 相对较低;TaqMan-MGB 探针分型的符合率达 97.5%。

[关键词] 丙型肝炎病毒;TaqMan-MGB 探针;基因分型

[中图分类号] R349.6 [文献标志码] A [文章编号] 1672-271X(2012)01-0020-03

Study on rapid detecting and genotyping of HCV gene by TaqMan-MGB probes

LIN Xiu-rong, CHEN Qiao-hui, LIN Hai. Out-patient Department, Fuzhou General Hospital of Nanjing Milirary Command, Fuzhou, Fujian 350025, China

[Abstract] Objective To establish an assay for fast and accurate genotyping HCV with TaqMan-MGB probes and to support the clinical diagnosis and treatment. Methods Fourty serum samples of HCV-RNA positive were collected. The cDNA was transcripted and genotyped with TaqMan-MGB probes. Results HCV-RNA positive were detected in 39 out of 40 specimens. Of which, 29 samples were genotyped as 1b (74. 36%), 5 samples were 2a (12.82%), and 6 samples were 3b (13.38%). Conclusion The type of 1b was the mainly genotype, 3b and 2a types were listed next in the detected specimens. This genotyping methods can genotype the HCV gene successfully.

[**Key words**] hepatitis C virus; TaqMan-MGB probe; genotype

慢性丙型肝炎 10 年内约有 20% 发展成肝硬 化,而肝硬化患者每年约3%发展为肝细胞癌,因此 丙型肝炎的快速分型与诊断是临床科学治疗的前提 和基础[1]。丙型肝炎病毒(hepatitis C virus, HCV) 属黄热病毒科,为单股正链 RNA 病毒,约 9600 个核 苷酸,具有高度多态性和变异性,根据基因序列的同 源性可分为不同的型和亚型[2]。Simmonds 提出并 根据 HCV 的 5'-NCR 区序列的差异,建立了 HCV 基 因组序列的分型方法,将 HCV 分为 6 种基因型和 30 几种亚型[3]。在此分型方法的基础上,目前已报 道的基因型有11个,亚型超过70种。我国主要以 基因型 1b 为主,2a 次之,3b 在华南和西南地区流 行,6a 主要流行于港澳地区^[4-5]。本研究针对国内 检测较多的 3 种基因型分别设计 TaqMan-MGB 探 针,将 RNA 逆转录为 cDNA 后,再利用探针进行分 型,现将结果报告如下。

1 材料与方法

作者简介: 林秀蓉(1971-),女,福建福州人,本科,主管护

师,从事门诊护理及管理工作

作者单位: 350025 福建福州,南京军区福州总医院门诊部

- 1.1 材料 2010 年 8 月至 12 月收集来自福建某 医院 HCV-RNA 阳性血清 40 例,其中男 24 例,女 16 例,年龄 15~65 岁,静脉采血 4 ml 于 30 min 内分离 血清,-20℃冻存备用。
- 1.2 仪器和试剂
- **1.2.1** 主要仪器 ABI 公司 7500 型 realtime-PCR 仪, TGL-16G 低温高速离心机, 新加坡 ESCO 4A-4A1 生物安全柜。
- 1.2.2 主要试剂 HCV-RNA 定量试剂盒购于南京冯阳生物技术公司, SuperScriptTM Ⅲ第一链合成试剂盒、RT-PCR 试剂盒购于 Invitrogen 公司,探针及反应预混液购于上海基康公司。
- 1.2.3 探针及引物序列 对从美国国立生物技术信息中心(NCBI)下载的 HCV 基因序进行比较和筛选,用 Express 2.0 设计基因探针(表1)。
- 1.3 方法 针对三型常见的丙型肝炎基因型,分别设计 TaqMan 探针,在探针的 5′分别标记 FAM (FAM-1b,FAM-3b)、VIC(VIC-2a),3′标记萃灭基因 TAMARA 和 MGB 基因。检测时每一个样品分两管进行,第一管加入 FAM-1b 和 VIC-2a,第二管加入 FAM -3b和 VIC-2a,将 VIC 设置为绿色,FAM-1b

设置为红色, FAM-3b 设置为棕色, 扩增结束后, 根据读取的扩增曲线快速分型(图1)。

表 1 试验所涉及的引物及 MGB 探针 (探针 1-3 分别对应于 1b、2a 和 3b 基因)

 引物名称	序列(5′→3′)
Sense-primer	TTAGCCATGGCGTTAGT
Anti-sense-primer	CACTCGCAAGCACCCTA
1. Probe-1b	CCCCGCGAGACTGC-MGB
2. Probe-2a	GGGAAGTACTGGGT-MGB
3. Probe-3b	AATCGCCGGGATGAC-MGB

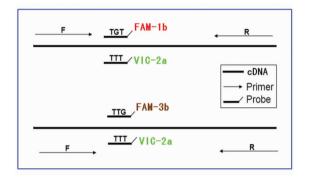


图 1 TaqMan-MGB 探针检测 HCV 基因示意图 检测 1b 和 3b 的等位基因的探针在 5'标记 FAM 发光基 团,检测 2a 基因的探针在 5'标记 VIC 发光基团

1.3.1 总 RNA 的提取 将 200 μ l 血液样本放入 离心管,在离心管中加入 800 μ l Trizol,室温混匀,放置 5 min;加入 200 μ l 氯仿剧烈振荡 15 s,室温放置 2 min;4℃ 12000 r/min(离心半径 8 cm,下同)离心 15 min;仔细吸取上层水相到另一离心管中,加入 500 μ l 异丙醇,轻轻混匀后室温静置 10 min;4℃ 12000 r/min 离心 10 min,弃上清;加入 75% 乙醇 1 ml,充分洗涤沉淀;4℃ 7500 r/min 离心 5 min,弃上

清,洁净工作台内吹风至沉淀干燥;将沉淀溶于 10 μl DEPC 处理的水中,立即进入 cDNA 第一链的合成。

- 1.3.2 cDNA 第一链合成 反应体积 20 μl,其中 10 mM dNTP 1 μl,10 pmol 引物 Oligo(dT)1 μl,总 RNA 2 μl,RNA 酶抑制剂 1 μl(40 U/μl),SuperScriptTM Ⅲ 0.5 μl(200 U/μl),按以下条件进行反转录反应: 95℃ 3 min,迅速置于冰浴中 2 min;42℃,90 min,70℃,15 min,37℃加入 RNAaseH(2 U/μl) 1μl,孵育 20 min,4℃保存。
- 1.3.3 反应体系设计及检测 为了既节约又能检测目的序列,我们设计了双管法来检测 HCV 基因,探针 Prob1、Prob2 和引物 F及 R组成一组,用来检测 1b和 2a;探针 Prob2 和探针 Prob3 及引物 F、R组成一组,用来检测 2a和 3b。反应在 Stedp one realtime PCR 仪中进行,反应设置为:50℃预变性 2 min,95℃始变性 10 min,95℃退火 10 s,60℃延伸 40 s,40 个循环,每一次循环结束检测荧光,全部反应结束后检测荧光判读基因分型。

2 结 果

利用荧光定量 PCR TaqMan-MGB 扩增建立的 检测方案,对 40 个样本进行了检测。根据扩增曲 线,可以方便快速地检测出大部分样本的基因型 (图 2),共有 39 个样品被检出,检出率 97.5%。其 中,1b 型 29 例,占 74.36%;2a 型 5 例,占 12.82%; 3b 型 6 例,占 13.38%。

3 讨论

HCV 是一种经血液传播引起的慢性肝脏疾病的 RNA 病毒,其核酸是单股线性,正链 RNA 长约9.4 kbp。由于病毒缺乏RNA复制酶亦缺乏校正

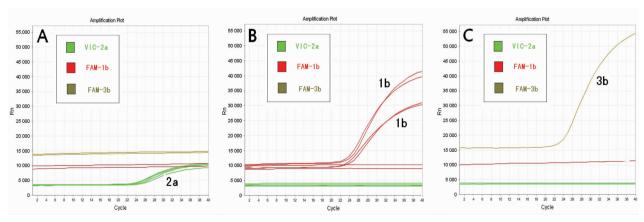


图 2 扩增结果 A;HCV-2a;B;HCV-1b;C;HCV-3b

功能,复制时易引起基因突变,因此 HCV 病毒呈现高度异质性,不同地区、不同人群甚至不同个体分离到的病毒株基因组均不同。根据基因序列差异,目前 HCV 主要被划分为6个基因型,不同基因型的分布有地区差异。

我国大陆地区 HCV 基因型主要为 1 型,其次为 2 型,香港地区还有 6 型,其分布呈南北差异,南方以 1 型为主,北方 2 型逐渐增多^[7]。郝飞等^[6]报道,我国大陆地区 1b 型占 80%,与本研究结果大致相当。但是近年由于人口流动增加,HCV 的地域分布也有所变化,福建为沿海地区,对外交流多,人口流动快,人群中 HCV 基因型呈现动态变化,而不同的基因型对治疗的反应性不同。对丙型肝炎患者进行快速准确的分型是医治的前提和基础,准确的分型方法有助于提高丙型肝炎的医治水平^[8]。

丙型肝炎的诊断,除症状体征及肝功能检查以外,主要是靠血清病毒学的实验室检测,而抗-HCV阳性是临床诊断的重要依据,根据丙型肝炎的基因分型,较具有说服力和实用价值。基因分型的方法很多,有测序法、酶切分型等^[9-10],TaqMan 法是近年来应用较多的一种基因分型方法,其优点是检测的特异性较高,但是也有不足之处,比如专用试剂合成价格比较高、需要专业的公司合成等^[11]。本研究使用的 TaqMan-MGB 探针基因分型方法,探针设计合理,灵敏度和特异性均较高,值得推广。

【参考文献】

- [1] Degon F, Natural history of hepatitis C virus infection [J]. Nephrol Dial Transplant, 1996, 11 (suppl 4):16-18.
- [2] 路福兴,藏 隽. 丙型肝炎流行病学[J]. 国外医学:病毒学分册,1998,5(4):109-111.
- [3] Saito I, Miyamura T, Ohbayashi A, et al. Hepatitis C virus infection is associated with the development of hepatocellular carcinoma [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1990, 87:6547-6549.
- [4] 王丽娜. 丙型肝炎病毒核心抗原检测对临床诊断的价值[J]. 中国医药指南,2010,10(8):66-67.
- [5] 朱丰村,奚经巧. HCV 检测技术的研究进展[J]. 实验与检验医学,2008,26(2):162-165.
- [6] 郝 飞,宇宙耀. 丙型肝炎基础与临床[M]. 北京:人民卫生出版社,1998:40.
- [7] 陈淑芬,于秋丽,赵玉良. 丙型肝炎病毒基因分型检测方法的研究[J]. 中华医学研究杂志,2004,4(5):423-425.
- [8] 姚仁南,张建辉,陈复兴,等. 丙型肝炎病毒核心抗原检测试剂的初步应用[J]. 东南国防医药,2008,10(3):168-169.
- [9] 黄永建,刘剑荣,夏洪娇,等. 102 例丙型肝炎病毒基因分型结果分析[J]. 检验医学与临床,2010,7(19):2101-2103.
- [10] 吴立平,刘玉萍,王乃昌,等. 山西省不同人群丙型肝炎病毒的 基因分型研究[J]. 中华微生物学和免疫学杂志,2001,21(4): 364-366.
- [11] 黄前川,曹军皓,丁进亚. PCR-反向点杂交检测武汉地区丙型 肝炎病毒的基因分型[J]. 中华医院感染学杂志, 2011, 21 (13);2674-2676.

(收稿日期:2011-07-18;修回日期:2011-09-19)

(本文编辑:张仲书; 英文编辑:王建东)

《东南国防医药》征订启事

《东南国防医药》杂志是南京军区联勤部卫生部主管、南京军区医学科学技术委员会主办的综合性医学学术期刊(双月刊)。是中国科技论文统计源期刊(中国科技核心期刊)、全军优秀期刊,被中国学术期刊综合评价数据库、中国万方数据-数字化期刊群、中文生物医学期刊文献数据库、中国期刊全文数据库、中国学术期刊(光盘版)、中华首席医学网等收录。

常设栏目有专家论坛、论著、综述·讲座、临床经验、护理园地、医院管理、部队卫生、短篇·个案等。对各类基金资助课题论文以及申报军区和地方科技进步奖、医疗成果奖的论文优先选登。本刊单月 20 日出版。国内统一刊号: CN 32-1713/R,国际标准刊号: ISSN 1672-271X。铜版纸彩色印刷,大 16 开本,96 页,每期定价 10.00 元,全年 60.00 元。欢迎广大作者与读者积极订阅。

编辑部地址:南京市明故宫路6号《东南国防医药》编辑部 邮编:210016

电话:0501-868555、868556(军) 025-80868555、80868556(地)

E-mail:dngfyy@163.com