



ارائه شده توسط:

سایت ترجمه فا

مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده

از نشریات معتبر

شناسایی تنوع باکتریهای واژینال و رابطه آن با واژینوز باکتریال تشخیص داده شده بالینی با

دنا توریگ الکتروفورز ژل گرادیانی و تحلیل تطابق

چکیده

واژینوز باکتریال یا BV یک بیماری کمپلکس شایع مربوط به پیامدهای بدخیم سلامتی بیشماری است که زنان به سنین مختلف را در کل دنیا مبتلا کرده است. سبب شناختی این بیماری BV به طرز ضعیفی درک شده است که به دلیل دشواری تعیین معیار ژنتیکی مولکولی برای تشخیص مجموعه میکروبی واژینال در زنان مبتلا به BV مثبت از زنان سالم می باشد. ما از تکنیک هایی با سیستم آنالیز تصویربرداری ژلی و PCR-DGGE با دامنه وسیع همراه با تعیین توالی ۱۶S rRNA ی ژنی و تحلیل آماری برای تحقیق روی ساختار این جمعیت میکروبی در اکوسیستم میکروبی واژینال سالم و مبتلا به BV استفاده کرده ایم. جمعیت باکتریهای واژینال شناسایی شده در افراد مبتلا به BV خیلی پیچیده تر و متنوعتر از افراد بدون بیماری BV می باشد. میانگین تعداد گونه های میکروبی در ۱۲۸ زن با بیماری BV مثبت تقریباً دو برابر بیشتر از ۶۸ فرد مورد مطالعه بدون بیماری BV بوده است (4.05 ± 1.96 در مقابل 2.59 ± 1.14). اقدامات تعیین توالی باعث کسب بسیاری فیلوتیپ های تازه می شود (۱۹۸ تا از توالی های ما نمایانگر ۵۹ گونه می باشد)، که شامل چندین باکتری مرتبط به بیماری BV تازه یا BVAB است و بسیاری هم متعلق به عفونت های فرصت طلب می باشد که نقش آنها در تعیین شرایط سلامتی مجموعه میکروبی واژن بدون توضیح باقی مانده است. این مطالعه به شناسایی گونه های *Algoriphagus aquatilis*, *Atopobium vaginae*, *Burkholderia fungorum*, *Megasphaera genomosp* به عنوان نشانگرهای بیماری BV و بیماران مبتلا به BV دارای جمعیت باکتریایی با تاکسون غنی و متنوع می پردازد. شاید گونه بیفیدوباکتریوم و استافیلوکوک یا حتی گونه های بیگانه تر از جمله موجودات هم سفره در جمعیت میکروبی واژینال نرمال باشند. کلیدواژه ها: واژینوز باکتریال BV، روش PCR-DGGE، آنالیز کتابخانه کلون، سیستم تحلیل تصویربرداری ژل، آنالیز تطابقی

بیماری واژینوز باکتریال یا BV یک اختلال واژنی شایع است که مشخصه آن تغییر مجموعه میکروبی باکتریال واژینال طبیعی به یک حالت ناهمگن حاوی یک جمعیت پیچیده از ارگانیسیم های غیرهوازی و میکروهوازی می باشد. بیماری BV با عفونت های منتقله جنسی و نتایج بارداری بدخیم مانند وزن تولد پایین جنین، تولد پیش از موعد، مرگ نوزاد و عفونت ثانویه بعد از زایمان همراه است و نیز ریسک فاکتوری برای پارگی پیش از موعد غشاهای جنینی می باشد (PROM). درمان این بیماری با آنتی بیوتیک معمولاً با شکست همراه است که به دلیل تنوعات نامعین باکتریهای مربوط به BV یا BVAB می باشد. بسیاری باکتریهای همراه با BV به کشت مقاوم بوده یا اینکه شناسایی مشکلی با روشهای قدیمی دارند، که بررسی آسیب شناختی بیماری BV را تحت ممانعت قرار می دهد. تا کنون، فقدان اقدامات پیشگیری و درمانی موثر وجود داشته است.

طبق طبقه بندی Nugent، یک امتیاز از ۷ الی ۱۰ به شکل بیماری BV در نظر گرفته می شود که یک بیماری بالینی است که تحت تاثیر شناسایی ریخت شناختی باکتریهای گرم منفی و مثبت بدون شواهدی از ریخت شناسی لاکتوباسیل ها می باشد. برعکس، امتیاز از صفر تا ۳ یک میکروفلور واژن بدون اختلال در نظر گرفته می شود که جنس لاکتوباسیل در آن حداکثر می باشد که به عنوان باکتری میله ای شکل گرم مثبت اصلی شناسایی شده است.

در کل، نژاد (ملیت)، عادات رفتاری، وضعیت بهداشت شخصی، و غیره به عنوان علل بیماری BV در نظر گرفته شده اند. هر چند توافقی در متون علمی وجود دارد که هیچ عامل منفردی احتمالاً باعث BV نمی باشد، هیچ توافقی نظری درباره این امر وجود ندارد که چه چیزی جمعیت باکتریایی آسیب شناختی را در این سندرم تشکیل می دهد. مقایسات مستقل از رشد جامع جمعیت باکتریایی واژن بین افراد مورد مطالعه با و بدون بیماری BV تعریف شده در مطالعات نادری انجام شده است.

با ابداع و بکارگیری تست تکثیر اسیدنوکلیک مستقل از محیط کشت یا NAAT در سالهای اخیر، این امکان هست که ساختار و تغییر پویای مجموعه میکروبی بررسی بشود. روشهای مولکولی در واژن زنان سالم غیرباردار باکتریهای جنس لاکتوباسیل را شناسایی کرده است که با طیف وسیعی از گونه های باکتریها از جمله موارد ذیل زندگی می کنند:

Gardnerella, Atopobium, Eggerthella, Megasphaera, Leptotrichia, Prevotella, Enterococcus, Bifidobacterium, Staphylococcus, Corynebacterium, Streptococcus, Bacterioides, Mycoplasma, Escherichia, Peptostreptococcus, Ureaplasma, Veillonella, Candida

ولیکن در حال حاضر طیفی از گونه های باکتری که مربوط به تشخیص بالینی می باشند، یعنی امتیاز Nugent به خوبی تعریف نشده اند.

در این مطالعه، ما به تحقیق و بررسی درباره ترکیب BVAB در زنان روستایی به سن باروری پرداخته ایم. زنان مبتلا به BV و بدون BV بوسیله معیارهای Nugent تشخیص داده شد و به عنوان افراد مورد مطالعه ثبت نام گردیده و از روشهای الکتروفورز ژل گرادیان دناتوره سازی واکنش زنجیره پلی مرازی (PCR-DGGE) و تکنیک تعیین توالی DNA برای آنالیز اطلاعات ژنتیکی ژنهای ۱۶S rRNA (یا ۱۶S rDNA) باکتریهای واژن استفاده گردید. اطلاعات تعیین توالی ۱۶S rDNA هر باکتری شناسایی شده با بانک داده های ژنی شناسایی گردید. بعلاوه، سیستم تصویربرداری ژل DGGE برای محاسبه فراوانی نسبی هر گونه باکتریایی نسبت به کل جمعیت میکروبی یک نمونه (سواب واژنی) استفاده گردید. نهایتاً، روش آماری مناسبی برای تحلیل رابطه میان ترکیب باکتریایی و بیماری BV و نیز رابطه میان بیماری BV و سایر ریسک فاکتورها استفاده گردیده است.

۲- مواد و روشها

۲-۱- بیان مسائل اخلاقی

همه شرکت کنندگان ثبت نامی در این مطالعه رضایت نامه مطلعانه کتبی را برای شرکت خود در مطالعه امضا کرده بودند. پروتکل مطالعه و فرم رضایت نامه به تصویب هیئت بررسی اخلاقی در موسسه پزشکی پایه آکادمی Shandong علوم پزشکی رسیده بود.

۲-۲- افراد مورد مطالعه

تعداد ۱۹۶ زن در دوره پیش یائسگی بدون نشانه و نشانه دار با سن میانه ۳۶ سال (دامنه سنی ۱۸ الی ۴۸) از بیمارستان Qilu در دانشگاه Shandong ثبت نام کردند. تعداد ۱۲۸ زن با بیماری BV به دلیل امتیازات Nugent از ۷ الی ۱۰ تشخیص داده شدند، در صورتیکه ۶۸ تحت عنوان سالم تعریف شدند که دارای امتیازات ۰-۳ بودند. برای تایید نتیجه معیار امتیازات Nugent، یک کیت تست موجود در بازار (ساخت کارخانه

Sciarray Biotech Co در چین) استفاده گردید. این کیت تست براساس اصولی است که طی آن اسیدلاکتیک و هیدروپروکسید به طرز ضعیفی توسط بیشتر ارگانسیم های مربوط به BV تولید می شود و مقدار pH در ترشحات واژن به طرز برجسته ای بین زنان مبتلا به BV (معمولا $pH \geq 4,5$) و زنان سالم (معمولا با $pH < 4,5$) متفاوت است. همه زنان در سلامت خوبی به سر برده و تحت درمان انتی بیوتیک در زمان مطالعه نبودند. بعد از مالش کامل، سواب ها از منطقه خلفی یا قوس کانال واژن از تعداد ۱۹۶ زن مبتلا به BV و بدون BV جمع آوری گردیده و در منهای ۴۰ درجه سانتیگراد برای استخراج DNA باکتریال و آزمایشات بعدی قرار داده شدند.

۲-۳- عصاره گیری DNA باکتریال از سواب های واژینال

برای شناسایی حساس همه اجزای موجودات زنده در واژن که ما گرفته ایم یک روش استخراج DNA موثر از اهمیت اساسی برخوردار می باشد. به اختصار، سواب ها به شدت در میزان ۱ mL از محلول آب نمک فیزیولوژیکی برای انتشار سلولها در یک فاز مایع تکان داده شدند. سلولها در لوله های Eppendorf به کمک سانتریفوژ در دور ده هزارتایی برای مدت ۵ دقیقه رسوب داده شدند، و با سلولهای سوسپانسیونه مجدد در PBS (pH به اندازه ۶,۸) شستشو داده شدند، و باز در دور ۱۳ هزارتایی برای مدت ۳ دقیقه سانتریفوژ شدند. رسوبات مجددا در میزان ۲۰۰ μL از ماتریس لیز کننده مجددا سوسپانسیونه شدند (اساسا شامل SDS، پروتئیناز K) و این مخلوط برای مدت ۱ الی ۲ ساعت در یک حمام آب در ۵۵ درجه سانتیگراد انکوبه گردید. این نمونه برای مدت ۱۰ ثانیه چرخانده شده و در ۱۰۰ درجه سانتیگراد برای ۸ دقیقه جوشانده شد و باز برای مدت ۱۰ ثانیه چرخانده شد و در دور ۱۳ هزارتایی برای مدت ۳ دقیقه سانتریفوژ گردید. لایه رویی شامل الگوی DNA در درجه حرارت ۲۰- درجه سانتیگراد ذخیره سازی گردید یا مستقیما برای فرایند PCR استفاده گردید.

۲-۴- تکثیر DNA در نمونه های DNA

واکنش های تکثیر نمونه DNA در لوله های منفرد PCR به حجم ۰,۲ mL (بدون RNase، DNase و پیروژن) با استفاده از دستگاه ترموسایکلر (کارخانه Bio-Rad Laboratories) انجام گردید. هر سیستم واکنش PCR شامل ۵,۰ μL از بافر $10\times$ (بدون $MgCl_2$ ، 10 mM Tris-HCl و 50 mM KCl)، ۲,۵ μL از $MgCl_2$ (۵۰ mM)، ۰,۵ μL از dNTP (هر یک ۱۰ mM)، میزان ۱,۲۵ μM از گلیسرول (۸۰ درصد) (مارک تجاری

Invitrogen، شرکت Life Technologies)، ۴,۰ μL از آلبومین سرمی گاوی (BSA) (میزان ۱۰ mg/mL)
HDA-۱ GC (مارک تجاری Invitrogen، شرکت Life Technologies)، میزان ۵۰ pmoles/μL از پرایمر
با فرمول ذیل:

(5'-CGC CCG GGG CGCGCC CCG GGC GGG GCG GGG GCA
CGG GGGGAC TCC TAC GGG AGG CAG CAG-3')

و پرایمر HAD-۲ (5'-GTA TTACCG CGG CTG CTG GCA-3') (مارک تجاری
Invitrogen، شرکت Life Technology)، میزان ۰,۲ μL از ماده Taq DNA polymerase (مارک تجاری
Plantinum (غلظت ۵ U/μL) (مارک تجاری Invitrogen، شرکت Life Technologies)، میزان ۲,۰ μL
از نمونه DNA و آب مقطر به حجم ۵۰ μL بوده است. تکثیر PCR شامل یک دناتوراسیون DNA اولیه در ۹۴
درجه سانتیگراد برای مدت ۳ دقیقه می باشد که با ۳۰ چرخه از دناتوراسیون در ۹۴ درجه سانتیگراد برای مدت
۳۰ ثانیه، حرارت دهی در ۶۰ درجه سانتیگراد برای مدت ۱ دقیقه و طولی سازی در ۷۲ درجه سانتیگراد برای
مدت ۱ دقیقه بوده است که بعد از آن یک امتداددهی نهایی در ۷۲ درجه سانتیگراد برای مدت ۷ دقیقه وجود
داشته است. برای تایید تولید آمپلی کون، این مخلوط (یعنی محصول PCR به میزان ۵ μL و بافر بارگذاری به
میزان ۲ μL) با عملیات الکتروفورزیز (دستگاه Bio-Rad Laboratories) با استفاده از ژلهای نوع آگاروز
۱,۵% Ultrapure (مارک تجاری Invitrogen، شرکت Life Technologies) در ولتاژ ۱۰۰V برای ۴۵
دقیقه آنالیز گردید و بعد از آن هم با محلول ۱ درصدی اتیدیوم بروماید (۵۰ μL/L) رنگ امیزی گردید. ژلها با
عملیات ترانس لومیناسیون UV رویت شده و ثبت گردیدند.

۲-۵-DGGE (الکتروفورز ژل گرادیان دنا توره)

تهیه گرادیان های ژل و الکتروفورز طبق دستور کارخانه برای سیستم شناسایی موتاسیون همگانی D-Code
(شرکت Bio-Rad Laboratories) انجام گردید. غلظت های پلی آکریل آمیدف بافر دنا توره گرادیانی و بافر
تریس-استات (تریس باز ۴۰ mM، اسیداستیک منجمد ۲۰ mM، محلول EDTA با pH برابر با ۸,۰ به میزان ۱
mM، محلول TAE) به ترتیب عبارت بود از ۸ درصد، ۳۰ الی ۶۰ درصد (اوره ۷ M و ۴۰ درصد فرمامید
دیونیزه به عنوان دنا توره کننده صددرصد در نظر گرفته شد)، و ۵۰×. میزان ۱۰ μL از محصولات PCR تکثیر

شده با میزان $20 \mu\text{L}$ از بافر بارگذاری دوبرابری (0.25 mL ، از مایع بروموفنل آبی (۲درصد شرکت سیگما)، میزان 0.25 mL از محلول گزیلول سیانول (۲ درصد شرکت سیگما)، میزان 7 nL از گلیسرول، و میزان 2.5 mL از H_2O مقطر مخلوط گردیده و در چاهک ها بارگذاری گردید.

ژلها در ولتاژ 130 V و درجه حرارت 65 درجه سانتیگراد برای مدت $3.5-4.0 \text{ h}$ در مایع $1 \times \text{TAE}$ به حرکت درآمد تا زمانی که جبهه دوم رنگ (گزیلین سیانول) به انتهای ژل رسید. بعد از الکتروفورز، ژلها برداشته شده و تحت آب لوله جاری قبل از برداشتن ساندویچ شیشه-پلیت امکان خنک شدن پیدا کردند. ژل با رنگ امیزی نقره قابل رویت شد و تصاویر ژل با استفاده از سیستم تصویربرداری ژل و آنالیز ژل (مارک تجاری chemID، شرکت Saizhi Co چین) آنالیز و محاسبه گردید. اندازه گیری چگالی سنجی هر باند به کمک دستگاه ChampGel Image نسخه 3.0 (شرکت Saizhi Co چین) برای ایجاد نسبت اوج پیک یک باند احتمالی به حاصل جمع اوج پیک ها در مشخصات باندگذاری هر خط الکتروفورزی انجام گردید، که منطبق به مقدار نسبی (نسبت) یک گونه میکروبی به حاصل جمع گونه ها در یک نمونه مشخص می باشد.

۲-۶- برش باند از ژلهای گرادیان دناتوره شده

باندهای قطعه DGGE از ژلها به کمک یک چاقوی جراحی استریل برش خورده و در لوله های Eppendorf به حجم 1 mL تکی ریخته شد. باندهای برش خورده در بافر $1 \times \text{PCR}$ شستشو شد و در $35 \mu\text{L}$ از همان بافر طی شب در 4 درجه سانتیگراد انکوبه گردید.

۲-۷- تکثیر مجدد PCR باندهای برش

میزان $5 \mu\text{L}$ از محلول بافر حاوی قطعاتی از باندهای بریده شده قبلی به عنوان الگو برای تکثیر مجدد PCR استفاده گردید. این کار با استفاده از همان مخلوط PCR به حجم کلی $50 \mu\text{L}$ و با پرایمرهای یوباکتریال HDA-1 و 2 بدون گیره GC انجام گردید. شرایط تکثیر، حرارت دهی و امتداددهی مشابه با موارد توضیح داده شده قبلی است.

۲-۸- تخلیص محصول PCR تکثیرشده مجدد

قطعات استاندارد دوتایی DNA از تکثیر مجدد PCR با استفاده از پروتکل کیت تخلیص EasyPure PCR (شرکت TransGen Biotech چین) تخلیص گردیدند. به اختصار 5 حجم از بافر سوسپانسیون مجدد (RB) به

۱ حجم از نمونه تکثیرشده مجدد PCR اضافه گردید و در یک لوله میکروسانتریفوژ مخلوط گردید. این لوله در ستون چرخان با یک لوله جمع اوری ۲mL قرار داده شد و برای مدت ۶۰ ثانیه سانتریفوژ گردید. لایه رویی دور ریخته شده و محتوای DNA در ستون با بافر شستشوی WB به میزان ۰,۷۵ mL شستشو گردید. و دو بار برای ۶۰ ثانیه سانتریفوژ گردید. لایه رویی دور ریخته شد و ستون چرخشی در یک لوله میکروسانتریفوژ تمیز ۱,۵mL قرار داده شد. DNA با افزودن ۵۰µL بافر رقیق کننده (EB) رقیق گردید، و ایستاده برای مدت ۵ الی ۱۰ دقیقه ایستاده باقی ماند و بعد سانتریفوژ گردید. میزان ۵۰ µL لایه رویی حاوی DNA تخلیص شده بود.

۲-۹- تحلیل تعیین توالی

نمونه های DNA تخلیص شده با یک کیت واکنش آماده تعیین توالی چرخه BigDye (شرکت Applied Biosystems) تعیین توالی گردید. واکنش های تعیین توالی با یک دستگاه آنالایزر ژنتیکی مدل Applied Biosystems ۳۱۰۰ انجام گردید (ساخت شرکت Applied Biosystems). تعیین توالی ها با توالی های معین با استفاده از ابزار جستجوی همترازی محلی پایه مقایسه گردید (BLAST: سایت www.ncbi.nlm.nih.gov/blast)، و نزدیکترین توالی های باکتریایی مجاور با توالی های نمونه با استفاده از نرم افزار

Vector NTI Advance نسخه ۹ (شرکت Invitrogen امریکا) همتراز گردید. یک درخت فیلوژنتیک با روش محلق کننده مجاور به کمک بسته های نرم افزاری Phylip استخراج گردید.

۲-۱۰- کمیت سنجی و تحلیل آماری

۲-۱۰-۱- کمیت سنجی و اصول آماری مشترک

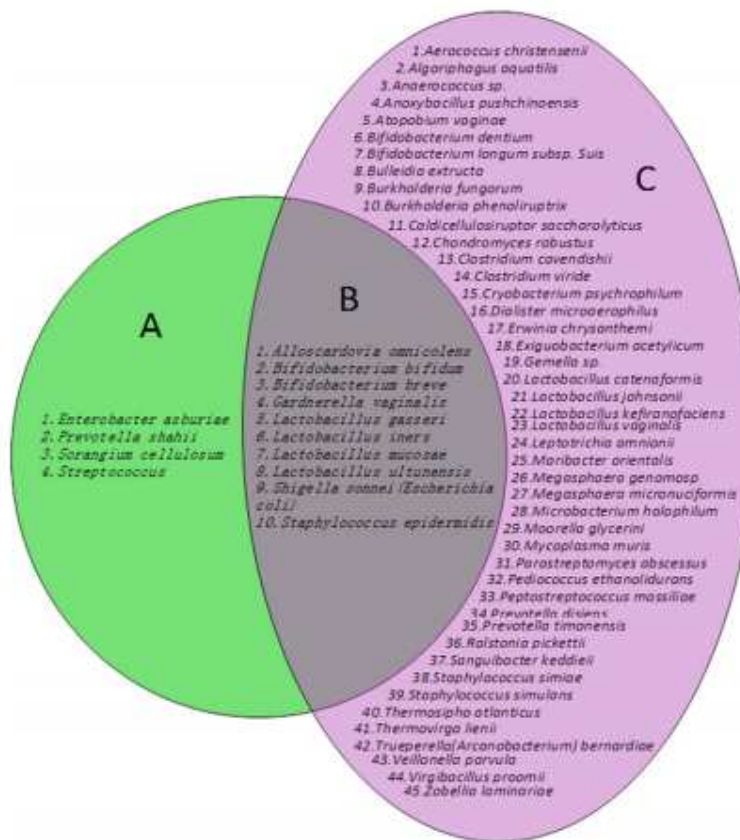
نسبت نسبی هر گونه به کل جمعیت میکروبی در هر نمونه (سواب واژینال) به طور خودکار با استفاده از سیستم تصویری ChampGel (مارک تجاری ChemID ، شرکت Saizhi Co چین) طبق توضیحات قبلی محاسبه گردید. تفاوتها در میانگین تعداد نسبت تاکسون های بین زنان BV+ و BV- با استفاده از T-test برای دو نمونه مستقل ارزیابی گردید. مقایسات میزان شیوع لاکتوباسیل ها یا سایر گونه های میان دو گروه ها با تست کای دو و تست احتمالات دقیق فیشر اندازه گیری گردید.

۲-۱۰-۲- تحلیل تطابقی

تحلیل تطابق اساساً برای شناسایی همبستگی های میان چندین متغیر طبقه ای استفاده می شود. وقتی تعداد متغیرهای طبقه ای، یا تعداد مقادیر متغیر یک یا چند متغیر طبقه ای خیلی بزرگ باشد، روشهای آماری معمول مانند تست کای دو یا مدل لوجستیک چندنامی دیگر کاربردی ندارد چون این روشهای آماری نمی تواند به درستی توضیحی برای رابطه واقعی میان هر دو متغیر طبقه ای بیابد. در این جا، تحلیل تطابقی می تواند مسئله ذکر شده را حل نماید. تعداد ابعادی که تحلیل تطابقی می تواند استخراج کند معادل با تعداد حداقل مقادیر طبقه ای بررسی شده منهای یک می باشد. در این مطالعه، ما از تحلیل تطابقی برای شناسایی رابطه میان شیوع BV استفاده کرده ایم که دارای دو وضعیت بوده و باکتریهای شناسایی شده که دارای ۵۰ گونه برای کل شرکت کنندگان بوده است. اگر شیوع BV به سادگی بر گروه مثبت BV و سالم تقسیم بندی شود، تحلیل تطابقی می تواند تنها ۱=۲-۱ بعد را استخراج کند، که در موضع ساخت یک گراف تطابقی نمی باشد. از اینرو، گروه مثبت BV باید به باید به گروه BV خالص و گروه مبتلا به عفونت BV و قارچی تقسیم بندی مجدد شود به نحوی که متغیرهای شیوع BV دارای تعداد کل ۳ گروه بشود که کمترین معیار را داشته باشد که حداقل مقدار بعد آن برابر با ۲ باشد، و با این حساب یک گراف تطابقی را بسازد. گروه دیگر تقسیم بندی نمی شود چرا که نسبت کسر گروه قارچی خیلی در این مطالعه کوچک می باشد. نرم افزار آماری SPSS (نسخه ۱۵٫۰) برای انجام همه آنالیز آماری انجام گرفته و تست های معنی داری دوطرفه بوده و مقدار p برابر با $0,05 <$ می باشد که سطح معنی داری آماری را نشان می دهد.



شکل ۱ .



شکل ۲.

۳-نتایج

۳-۱-گونه های باکتریایی شناسایی شده در زنان BV مثبت و زنان سالم

طبق شکل های ۱ و ۲، ما تعداد ۱۹۸ باند DGGE مختلف را از ۱۹۶ زن بدست آوردیم که نمایانگر ۵۹ گونه از باکتریها براساس توالی های نوکلئوتیدی ژن rRNA ۱۶S هر باند DGGE می باشد. یک تعداد کل ۱۴ باکتری در گروه سالم یافت شد و تعداد ۵۵ باکتری در گروه BV یافت شد درصورتیکه تعداد ده گونه شامل *Lactobacillus iners* و *Lactobacillus gasseri* وجود داشت که گونه های شایع در زنان سالم بود که هم در گروه زنان BV و هم در زنان سالم یافت گردید. گونه های مستقر در واژن زنان BV و زنان سالم تنها رابطه دوری با یکدیگر و با برخی گونه های شناخته شده داشته اند (جزئیات در شکل S۱ آمده است). جنس *Bifidobacterium breve* و *Bifidobacterium bifidum* که معمولا مستقر در تنها مجرای روده پستانداران درنظر گرفته می شدند، مشخص گردید که در مجموعه میکروبی واژینال زنان BV یا سالم وجود

دارند. جدول ۱ نشان دهنده تفاوت بار باکتریایی، تراکم باکتریایی و مقدار pH واژن بین گروه BV و گروه سالم می باشد. متوسط بار باکتریایی (1069.34 ± 113.38 در مقابل 317.50 ± 59.09) که نمایانگر حجم باکتریها می باشد، متوسط تعداد گونه های باکتری (4.05 ± 1.96 در مقابل 2.59 ± 1.14) و مقدار pH واژینال (3.79 ± 0.62 در مقابل 3.56 ± 0.41) در گروه BV مثبت نسبت به گروه سالم بالاتر بوده است.

Table 1
Comparison of bacterial load, mean bacterial number and vaginal pH between normal and BV-positive group.

Compared item	Nugent diagnosis	n	$\bar{x} \pm s$	t	P
Bacterial load (IOD*)	Normal	68	317.50 ± 59.09	/	/
	BV	128	1069.34 ± 113.38	5.108	<0.001
OTUs [▲] per woman	Normal	68	2.59 ± 1.14	/	/
	BV	128	4.05 ± 1.96	5.660	<0.001
Vaginal pH	Normal	68	3.56 ± 0.41	/	/
	BV	128	3.79 ± 0.62	2.707	0.007

* integrated OD value; ▲ operational taxonomic units.

بعلاوه، دو توالی rDNA ۱۶S از باکتریهای مرتبط به BV به نام BVAB وجود دارد که دارای بیش از ۹۷.۵٪ همولوگ در مقایسه با پایگاه داده استاندارد در NCBI می باشد. آنها تحت نام BVAV۱ نامیده شدند که دارای حداکثر ۹۶.۸۳۵٪ همولوگی *Lactobacillus ultunensis* و BVAB۲ می باشند که دارای ماکزیمم ۸۶.۱۸۴٪ همولوگی با *Mycoplasma muris* می باشند.

۲-۳- یک مقایسه شیوع باکتریها و نسبت نسبی بین گروه سالم و گروه BV مثبت

میزان شیوع ۵۹ نوع باکتری در گروه های سالم و مبتلا به BV تخمین زده شده است درحالیکه نسبت نسبی هر گونه باکتری در میان جمعیت میکروبی کل در میکرومحیط واژینال هر زن نیز با سیستم آنالیز تصویر ژل تعیین شده است.

Table 2
Bacteria prevalence and relative abundance in the normal and BV-positive group.

Detected bacteria	BV-positive (n = 128)		Normal (n = 68)		Prevalence comparison		Abundance comparison		
	Prevalence %	Mean abundance %	Prevalence %	Mean abundance %	χ^2	P	Normal-BV t	P	
1. <i>Aerococcus listerensis</i>	3.9063	0.5588	0.0000	0.0000	1*	0.1660	-0.5388	-1.5335	0.1268
2. <i>Algoriphagus aquatilis</i>	9.3750	1.9472	0.0000	0.0000	/	0.0097	-1.9472	-2.2915	0.0230*
3. <i>Alloscurfovina omnicoles</i>	2.3438	0.4447	4.4118	1.2496	/	0.420	0.8049	1.1203	0.2640
4. <i>Anaerostoccus</i> sp.	3.1250	0.6764	0.0000	0.0000	/	0.300	-0.6764	-1.4131	0.1592
5. <i>Anoxybacillus pushtchinoensis</i>	1.5625	0.1985	0.0000	0.0000	/	0.545	-0.1985	-0.8943	0.3723
6. <i>Atoposium vaginale</i>	17.1875	3.3221	0.0000	0.0000	13.165	<0.001*	-0.3588	-3.1830	0.0011*
7. <i>Bifidobacterium bifidum</i>	2.3438	0.4317	33.8235	7.0160	38.249	<0.001*	6.5842	4.8803	<0.001*
8. <i>Bifidobacterium breve</i>	2.3438	0.3969	17.6471	2.7847	14.716	<0.001*	2.3878	2.9416	0.0037*
9. <i>Bifidobacterium eritium</i>	1.5625	0.2699	0.0000	0.0000	/	0.545	-0.3699	-1.0331	0.3029
10. <i>Bifidobacterium longum</i> subsp. <i>indis</i>	0.7813	0.2727	0.0000	0.0000	/	1.000	-0.2727	-0.7280	0.4675
11. <i>Bifidobium extracta</i>	3.9063	0.4112	0.0000	0.0000	/	0.166	-0.4112	-1.5861	0.1143
12. <i>Baribacterium fungorum</i>	17.1875	3.3981	0.0000	0.0000	13.165	<0.001*	-3.3981	-3.3253	0.0011*
13. <i>Baribacterium phenoliruptrix</i>	0.7813	0.0922	0.0000	0.0000	/	1.000	-0.0922	-0.7280	0.4675
14. <i>Caldicellulosigranularis</i>	5.4688	1.3023	0.0000	0.0000	/	0.098	-1.3023	-1.7111	0.0887
15. <i>Chondromyces ostiatus</i>	1.5625	0.0528	0.0000	0.0000	/	0.545	-0.0528	-0.9609	0.3378
16. <i>Clostridium aversutali</i>	0.7813	0.0500	0.0000	0.0000	/	1.000	-0.0500	-0.7280	0.4675
17. <i>Clostridium viride</i>	6.2500	1.0065	0.0000	0.0000	/	0.052	-1.0065	-1.7419	0.0831
18. <i>Cryobacterium psychrophilum</i>	0.7813	0.0176	0.0000	0.0000	/	1.000	-0.0176	-0.7280	0.4675
19. <i>Dialister crosierophilus</i>	2.3438	0.3346	0.0000	0.0000	/	0.553	-0.3346	-1.0227	0.3077
20. <i>Enterobacter asburiae</i>	0.0000	0.0000	2.9412	0.2830	/	0.119	0.2830	1.9568	0.0518
21. <i>Ervwinia chrysanthemi</i>	1.5625	0.1836	0.0000	0.0000	/	0.545	-0.1836	-0.9228	0.3573
22. <i>Escherichia coli</i>	1.5625	0.0291	0.0000	0.0000	/	0.545	-0.0291	-1.0217	0.3082
23. <i>Gardnerella vaginalis</i>	63.2813	16.5287	22.0588	8.2078	30.197	<0.001*	-8.3209	-2.7929	0.0057*
24. <i>Gemella</i> sp.	4.6875	0.5549	0.0000	0.0000	/	0.094	-0.5549	-1.6258	0.1056
25. <i>Lactobacillus cateniformis</i>	7.0313	1.6728	0.0000	0.0000	/	0.029*	-1.6728	-2.0790	0.0389*
26. <i>Lactobacillus gasseri</i>	9.3750	2.4013	2.9412	2.0279	/	0.144	-0.3734	-0.2280	0.8199
27. <i>Lactobacillus iners</i>	75.7813	24.9039	70.5882	37.1071	0.622	0.495	12.2032	2.6870	0.0078*
28. <i>Lactobacillus johnsonii</i>	7.0313	2.1192	0.0000	0.0000	/	0.029*	-2.1192	-1.7550	0.0808
29. <i>Lactobacillus kefirifaciens</i>	3.1250	0.3192	0.0000	0.0000	/	0.300	-0.3192	-1.3394	0.1820
30. <i>Lactobacillus mucosae</i>	1.5625	0.3107	1.4706	0.4417	/	1.000	0.1310	0.2973	0.7666

31. <i>Lactobacillus ultunensis</i>	51.5625	19.0862	70.5882	33.2635	6.606	0.010*	14.1772	3.3739	0.0009*
32. <i>Lactobacillus vaginalis</i>	3.1250	0.4533	0.0000	0.0000	0.300	-0.4533	-1.1477	-1.1477	0.2525
33. <i>Leptotrichia amsonii</i>	0.7813	0.2095	0.0000	0.0000	1.000	-0.2095	-0.7280	-0.4675	0.2327
34. <i>Moribacter orientalis</i>	2.3438	0.2173	0.0000	0.0000	0.553	-0.2173	-1.1971	-1.1971	0.2327
35. <i>Megaspheera entomosp</i>	7.0313	0.9111	0.0000	0.0000	0.029*	-0.9111	-1.8009	-0.0733	0.0628
36. <i>Megaspheera micronaciformis</i>	6.2500	2.7784	0.0000	0.0000	0.052	-2.7784	-1.8717	0.0628	0.0628
37. <i>Microbacterium halophilum</i>	3.9063	0.1722	0.0000	0.0000	0.166	-0.1722	-1.3172	0.1893	0.0628
38. <i>Morrelia glycerini</i>	4.6875	0.4839	0.0000	0.0000	0.094	-0.4839	-1.6889	0.0928	0.0628
39. <i>Mycoplasma muris</i>	2.3438	0.3333	0.0000	0.0000	0.553	-0.3333	-1.0840	0.2797	0.0628
40. <i>Panustreptomyces obscurus</i>	0.7813	0.0725	0.0000	0.0000	1.000	-0.0725	-0.7280	0.4675	0.0628
41. <i>Pediococcus ethanoloharum</i>	0.7813	0.1820	0.0000	0.0000	1.000	-0.1820	-0.7280	0.4675	0.0628
42. <i>Peptonstreptococcus massilius</i>	7.8125	0.6302	0.0000	0.0000	0.016*	-0.6302	-2.2417	0.0261*	0.0628
43. <i>Prevotella distens</i>	5.4688	1.5567	0.0000	0.0000	0.098	-1.5567	-1.5318	0.1272	0.0628
44. <i>Prevotella stuartii</i>	0.0000	0.0000	10.2941	0.0000	<0.001*	0.7575	3.5884	0.0004*	0.0628
45. <i>Prevotella ramosensis</i>	7.8125	0.6233	0.0000	0.0000	0.016*	-0.6233	-1.7980	0.1268	0.0628
46. <i>Ralstonia pickettii</i>	0.7813	0.0376	0.0000	0.0000	1.000	-0.0376	-0.7280	0.0230*	0.0628
47. <i>Sanguibacter keddiei</i>	1.5625	0.2156	0.0000	0.0000	0.545	-0.2156	-1.0134	0.2640	0.0628
48. <i>Shigella sonnei</i> (or <i>Escherichia coli</i>)	13.2813	4.0245	11.7647	3.6161	0.092	0.826	-0.4085	-0.2152	0.1592
49. <i>Sorangium siliulosum</i>	0.0000	0.0000	2.9412	0.4174	0.119	0.4174	1.8798	0.3723	0.0628
50. <i>Staphylococcus epidermidis</i>	3.1250	0.3203	4.4118	1.7561	0.695	1.4358	1.7600	0.0017*	0.0628
51. <i>Staphylococcus imaire</i>	4.6875	1.2150	0.0000	0.0000	0.094	-1.2150	-1.5958	-0.001*	0.0628
52. <i>Staphylococcus mulans</i>	1.5625	0.1520	0.0000	0.0000	0.545	-0.1520	-1.0152	0.0037*	0.0628
53. <i>Streptococcus intermedius</i>	0.0000	0.0000	2.9412	1.0717	0.119	1.0717	1.8095	0.3029	0.0628
54. <i>Thermosipho atlanticus</i>	3.9063	0.3468	0.0000	0.0000	0.166	-0.3468	-1.4255	0.4675	0.0628
55. <i>Thermovibrio fissii</i>	1.5625	0.3191	0.0000	0.0000	0.545	-0.3191	-0.8360	0.1143	0.0628
56. <i>Frusepella (Arcanobacterium) bernardiae</i>	2.3438	0.2817	0.0000	0.0000	0.553	-0.2817	-1.2157	0.0011*	0.0628
57. <i>Veillonella parvula</i>	0.7813	0.0392	0.0000	0.0000	1.000	-0.0392	-0.7280	0.4675	0.0628
58. <i>Virgibacillus proomii</i>	3.1250	0.1420	0.0000	0.0000	0.300	-0.1420	-1.3901	0.0887	0.0628
59. <i>Zobellia immunariae</i>	4.6875	0.8889	0.0000	0.0000	0.094	-0.8889	-1.3775	0.3378	0.0628
Total lactobacillus	92.9688	51.2667	95.5882	72.8402	0.548	21.5736	4.440	<0.001*	0.0628

جدول ۲.

همانگونه که در جدول ۲ نشان داده شده است، جنس لاکتوباسیل هم در گروه سالم و هم در گروه مبتلا به BV غالب است و شیوع کل لاکتوباسیلوس به ترتیب برابر با ۹۲٫۹۷٪ و ۹۵٫۵۹٪ می باشد و تفاوت به لحاظ آماری معنی دار نیست (P در تست دقیق فیشر برابر با ۰٫۵۴۸ می باشد)، ولیکن نسبت لاکتوباسیلوس کل به طور معنی داری در گروه سالم نسبت به گروه مبتلا به BV بالاتر است (میزان ۷۲٫۸۴٪ در مقابل ۵۱٫۲۷٪ ، $t=۴٫۴۴۰$ ، $p<۰٫۰۰۱$). گونه *Lactobacillus iners* نمایانگر شایع ترین گونه ها در گروه بیمار (۷۵٫۷۸٪) و گروه سالم (۷۰٫۵۹٪) می باشد که همچنین هیچ تفاوت معنی داری هم ندارد ولیکن نسبت نسبی در گروه سالم به طور معنی داری بالاتر از گروه مبتلا به BV می باشد (میزان ۳۷٫۱۱٪ در مقابل ۲۴٫۹۰٪، با p value برابر با ۰٫۰۰۷۸). هم میزان شیوع و هم نسبت نسبی گونه *Lactobacillus ultunensis* به طور معنی داری در گروه سالم نسبت به گروه بیمار بالاتر بوده است. در ضمن، زنان از گروه سالم هم میزان شیوع بالاتر و هم نسبت نسبی بالاتری برای گونه های *Bifidobacterium bifidum* و *Bifidobacterium breve* در مقایسه با زنان از گروه بیمار BV دارند که مدرکی دال بر این است که گونه بیفیدوباکتریوم نیز باکتری واژینال طبیعی می باشد. گونه *Gardnerella vaginalis* که یک نشانگر بیماری واژینوز می باشد یک گونه غالب در گروه بیماران BV از لحاظ میزان شیوع و نسبت نسبی می باشد. ما شناسایی گونه *Atopobium vaginae* را در گروه سالم انجام ندادیم، ولیکن در گروه BV با یک میزان مثبت ۱۷٫۱۹٪ و یک نسبت نسبی میانگین برابر با ۳٫۳۲٪ مشخص گردیده است.

دو نوع گونه های *Prevotella* شناسایی شدند که یکی *Prevotella shahii* بود که در گروه سالم یافت می شده است و یکی گونه *Prevotella timonensis* بود که در گروه مبتلا به BV شناسایی گردید. ولیکن دو نوع استافیلوکوک وجود دارد (گونه *Staphylococcus simiae* و گونه *Staphylococcus simulans*) که تنها در گروه مبتلا به BV کشف شده است. گونه *Peptostreptococcus massiliae* تنها در گروه BV می زیست که از میان آنها میزان شناسایی و نسبت نسبی برابر با به ترتیب ۷,۸۱ و ۰,۶۳ درصد بوده است. جنس های ذیل و همبستگی آنها با BV به ندرت گزارش شده است: (۱) گونه *Burkholderia fungorum* در گروه سالم شناسایی نگردید، میزان مثبت و نسبت نسبی آن در گروه BV مثبت عبارت است از به ترتیب ۱۷,۱۹ و ۳,۴۰ درصد. بعلاوه، گونه های ذیل

Megasphaera genomosp, Megasphaera micronuciformis, Algoriphagus aquatilis and Arcanobacterium bernardiae

به طور انحصاری در زنان مبتلا به BV شناسایی شده اند.

(۲) میزان عفونت اشرشیا کلی که متعلق به جنس باسیلوس روده می باشد، چه در گروه BV و چه در گروه سالم کمتر از ده درصد نیست و این تفاوت از لحاظ آماری معنی دار نیست ($P=0,826$).

۳-۳- آنالیز تطابقی

شکل ۳ نشان دهنده نتیجه آنالیز تطابقی است که براساس داده های فراوانی میانگین (نسبت نسبی) گونه های باکتری شناسایی شده با روش DGGE و روش تعیین توالی DNA اجرا شده است. طبق شکل ۳، تمایز خوبی در بعد ۱ و بعد ۲ برای گروه سالم، گروه BV، و گروه BV با واژینیت قارچی یا همان FV وجود داشته است که به ترتیب در ربع اول، سوم و چهارم قرار دارند. در اولین ربع، گونه های ۳ و ۷ و ۸ و ۲۰ و ۲۷ و ۳۱ و ۴۴ و ۴۹ و ۵۰ وجود داشتند که به گروه سالم مرتبط بودند. باکتریهای مرتبط با BV عبارتند از ۲ و ۶ و ۱۰ و ۱۲ و ۱۳ و ۱۴ و ۱۵ و ۱۶ و ۱۷ و ۳۵ و ۵۴ و ۵۹ و گونه های ۱ و ۴ و ۵ و ۹ و ۱۹ و ۲۲ و ۲۹ و ۴۸ رابطه ای با بیماری BV و FV داشتند.

۳-۴- قضاوت جامع باکتریهای مربوط به BV

همانگونه که قبلا گفته شد، ما از مقایسه شیوع (جدول ۲) مقایسه نسبت نسبی (جدول ۲) و آنالیز تطابقی برای شناسایی همبستگی های هر گونه باکتریایی با شرایط سلامتی استفاده کرده ایم. نتایج در جدول ۳ نشان داده شده است.

چه با مقایسه شیوع چه با مقایسه نسبت نسبی آنالیز تطابقی، ما یک رابطه قوی را میان زنان سالم و گونه های ۷، ۸، ۲۷، ۳۱، ۵۰ شناسایی کرده ایم که نمایانگر به ترتیب گونه های

Bifidobacterium bifidum, Bifidobacterium breve, Lactobacillus iners, Lactobacillus ultunensis, Staphylococcus epidermidis

می باشند. درضمن، باکتریهای ۲ و ۶ و ۱۲ و ۳۵ که مربوط به گونه های

Algoriphagus aquatilis, Atopobium vaginae, Burkholderia fungorum, Megasphaera genomosp

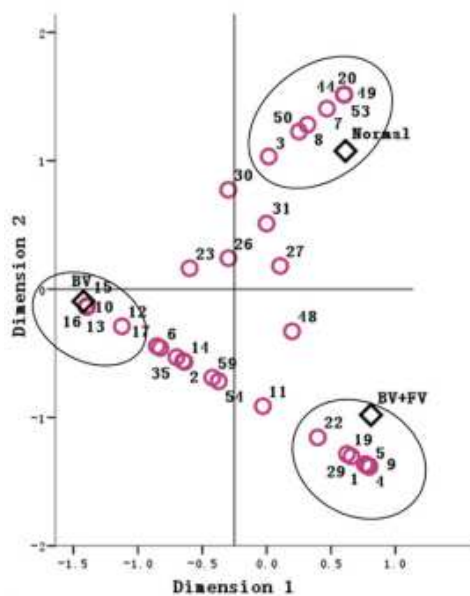
می باشند به بیماری BV مربوط بوده اند. از شکل ۳ می تواند دید که گونه *Gardnerella vaginalis* (که با شماره ۲۳ نمایش داده شده است) تقریبا در نزدیکی مبدا مختصات قرار دارد که این حقیقت را تفسیر می کند که گونه *Gardnerella vaginalis* خاص بیماری BV یا حالت سلامت نبوده است.

۴- بحث

در این مطالعه، PCR با دامنه وسیع با استفاده از یک جفت پرایمر که متداولاً خاص ناحیه حفاظت شده ژنهای rRNA باکتریها می باشد انجام گردیده است. محصولات PCR توسط DGGE آنالیز گردیده و مولکولهای DNA در هر باند DGGE تعیین توالی شدند تا اطلاعات تاکسونومی باکتریایی بدست آید. فراوانی نسبی هر باکتری طبق مقایسه جذب هر باند DGGE تعیین شده است که با آن همه باندها در یک مشخصات DGGE به لحاظ تنوعی نمایانگر کل جمعیت یک مجموعه میکروبی واژینال خاص می باشد. در این رابطه ما تعداد ۱ الی ۸ باند DGGE را در هر یک از ۶۸ زن سالم و تعداد ۲ الی ۱۳ باند DGGE را در هر یک از ۱۲۸ زن مبتلا به بیماری BV مثبت پیدا کرده ایم. از اینرو، تنها تعداد بیش از ۱۳ تعیین توالی برای هر مایع واژینال BV مثبت و تعداد بیش از ۸ تعیین توالی برای هر نمونه سالم برای محاسبه نسبت نسبی هر باکتری شناسایی شده ای لازم و ضروری می باشد. بنا به مقایسه، روش کتابخانه کلنی که به طور متداول استفاده می شود باید دست کم یک صد یا بیشتر تعیین توالی را برای هر نمونه برای پیشگیری از حذف باکتریها با هر غلظت پایین (یعنی کمتر از ۱

درصد) انجام بدهد. روش تعیین توالی PCR-DGGE که در این مطالعه بکار گرفته شده است مزیت عملکرد سریعتر و هزینه ارزانتری را در مقایسه با روشهای گزارش شده قبلی دارد، مانند کتابخانه کلونی. از اینرو نمونه های برگرفته از یک نمونه حتی بزرگتر می تواند آنالیز گردید به نحوی که اندازه نمونه در این مطالعه برابر با ۱۹۶ بوده که بسیار بالاتر از مطالعات مشابه در گذشته می باشد.

همانند گزارشات، روش PCR-DGGE ما بسیاری انواع بیشتر از باکتریها را در مقایسه با روش مبتنی بر کشت شناسایی کرده است و تعداد برابری از انواع باکتریها را توسط تحلیل کتابخانه کلونی شناسایی کرده است.



شکل ۳.

Table 3
Summary of the association between bacteria and the clinical diagnosis of BV.

Comparison of prevalence and relative proportion		Correspondence analysis			Comprehensive results	
Normal	BV	Normal	BV	BV & FV	Normal	BV
7, 8, 27, 31, 44, 50	2, 6, 12, 23, 25, 35, 42, 45, 46, 51, 52, 56	3, 7, 8, 20, 27, 31, 44, 49, 50, 53	2, 6, 10, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 35, 54, 59	1, 4, 5, 9, 11, 19, 21, 22, 28, 29, 43, 48	7, 8, 27, 31, 50	2, 6, 12, 35

جدول ۳.

یا در گروه سالم یا در گروه مبتلا به BV، تخلیه واژینال نشان دهنده جمعیت میکروبی به طور مجزا متفاوت از لحاظ ترکیب گونه ها و نیز حجم باکتریهای کل می باشد. همانند زیستگاه های غالب، گونه لاکتوباسیل باعث شکوفایی شیوع برابری در میان زنان دو گروه ولی باعث غلظت بالاتری در زنان سالم نسبت به زنان با بیماری

BV مثبت می شود و این گونه یک نکته اصلی برای درک حالت میکروفلور داخل واژنی است. گزارشات قبلی حاکی از آنست که گونه های *Lactobacillus crispatus*, *Lactobacillus iners* و سایر گونه های لاکتوباسیلوس نقش حیاتی را برای تمیز میان فلور میکروبی داخل واژنی سالم و ناسالم ایفا می کند. همانند گزارش مقاله Zhou و همکارانش، ما دریافتیم که گونه *Lactobacillus iners* به فراوانی به عنوان غالب شناسایی می شود. Kaewsrichan و همکارانش گزارش کرده اند که *L. iners* یک بخش غالب از فلور میکروبی واژینال است وقتی که فلور میکروبی در یک مرحله ناپایدار بین غیرنرمال و نرمال می باشد. درضمن، گزارش شده است که *L. crispatus* تولید H_2O_2 بیشتری و مواد باکتری کش بیشتری در مقایسه با سایر لاکتوباسیل ها می کند بنابراین به عنوان یک نقش پیشرو در حفظ سلامت اکوسیستم واژینال در نظر گرفته می شود. متأسفانه، ما گونه *Lactobacillus crispatus* در دو گروه را نیافتیم. طبق یافته های ما، زنان مبتلا به فلور میکروبی داخل واژنی باغلبه *Lactobacillus iners* و با فقدان *Lactobacillus crispatus* که بنا به پیش فرض طبق روشهای مرسوم نرمال می باشد، می تواند بنا به تصور در معرض ریسک BV باشد و باید به دقت مورد نظارت قرار گیرد.

بجز گونه های لاکتوباسیلوس، یادآوری این نکته مهم است که گونه های

Algoriphagus aquatilis, Atopobium vaginae (ananaerobe), Burkholderia fungorum and Megasphaera enomosp

مشخصه گروه BV می باشد با اینحال گونه ها با روش مبتنی بر کشت شناسایی نشده اند. این نتایج با گزارش Menard و همکارانش در ۲۰۰۸ مطابقت دارد که می گوید *A. vaginae* با بیماری BV مرتبط است. در نتیجه نتایج ما نشان می دهد که نسبت های نسبی گونه ها از جمله نکات کلیدی برای شناسایی زنان سالم و BV مثبت می باشد.

روشهای مبتنی بر کشت به جز PCR-DGGE به فراوانی برای شناسایی *G. vaginalis* که یک غیرهوازی اختیاری مرتبط به BV می باشد استفاده شده است، درحالیکه گونه های *A. vaginae*, *Burkholderia fungorum*, *Megasphaera enomosp* و سایر بی هوازی ها معمولاً توسط تکنیک PCR-DGGE شناسایی شده اند. گزارشات قبلی تایید کرده اند که *G. vaginalis* یک گونه منفرد و ویژه برای ایجاد

BV نمی باشد. در این مطالعه، ما تنها یک ارتباط ضعیفی را میان *G. vaginalis* و بیماری BV پیدا کرده ایم. بعلاوه، آنالیز تطابقی ما مشخص نکرده است که *G. vaginalis* قویا با بیماری BV یا شرایط طبیعی همراه بوده است یا خیر. بعبارت دیگر، *G. vaginalis* یک ریسک فاکتور مستقل برای شرایط BV نمی باشد.

گونه های *Bifidobacterium bifidum*, *Bifidobacterium breve* and *Escherichia coli* متعلق به زیستگاه های روده هستند ولیکن همگی در ترشحات واژینال این مطالعه شناسایی گردیدند. احتمال عفونت های فرصت طلب احتمالا زیاد است که احتمالا به دلیل بهداشت شخصی ضعیف می باشد. اشرشیا کلی با تقریبا شیوع برابر و فراوانی نسبی بین دو گروه شناسایی گردید بنابراین تصور بر این است که دقیقا یک آلودگی فرصت طلب می باشد. حین اینکه دو بیفیدوباکتریوم دارای فراوانی و شیوع بالاتر در گروه سالم نسبت به گروه مبتلا به BV می باشد، این دلالت وجود دارد که آنها ممکن است نگهدارندگان سلامتی احتمالی برای میکرومحیط واژینال باشند.

در نتیجه، روش دامنه وسیع PCR-DGGE ما و سیستم آنالیز تصویربرداری ژل می تواند اطلاعات مفیدی را درباره جمعیت باکتری ها بدست دهد. همراه با آنالیز تطابقی، ما به شناسایی گونه های

Algoriphagus aquatilis, *Atopobium vaginae*, *Burkholderia fungorum*,
Megasphaera genomosp

پرداخته ایم که به شکل منفرد یا در کل خاص بروز بیماری واژینوز باکتریال می باشند. همانند ترکیب جمعیت میکروبی حفظ کننده سلامتی، تغییرات پویای خانواده لاکتوباسیل برای نظارت بر وضعیت سلامتی فلور میکروبی واژینال اهمیت دارند. در این زمینه، اغلب زنان به ظاهر سالم در واقع احتمالا در خطر ابتلا به BV می باشند. بعلاوه ما چنین فرضیه می دهیم که برخی روابط هم سفرگی بین جنس لاکتوباسیل و سایر تاکسون ها مانند بیفیدوباکتریوم، استافیلوکوک که در زنان مناطق روستایی چین در این مطالعه یافت شده است، وجود دارد. در مقایسه با معاینات مرسوم، روش ما یک ابزار مفید برای تشخیص صحیح و درمان خواهد بود. از همه مهمتر اینکه، یافته های ما به محققان و پزشکان بالینی بینش بهتری را نسبت به سبب شناختی ضروری واژینوز باکتریال بدست می دهد.

داده های تکمیل کننده این مقاله در آدرس ۲۰۱۶,۰۸,۰۰۱/j.meegid/۱۰,۱۰۱۶/۱۰ dx.doi.org یافت می شود.

این مقاله، از سری مقالات ترجمه شده رایگان سایت ترجمه فا میباشد که با فرمت PDF در اختیار شما عزیزان قرار گرفته است. در صورت تمایل میتوانید با کلیک بر روی دکمه های زیر از سایر مقالات نیز استفاده نمایید:

لیست مقالات ترجمه شده ✓

لیست مقالات ترجمه شده رایگان ✓

لیست جدیدترین مقالات انگلیسی ISI ✓

سایت ترجمه فا ؛ مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده از نشریات معتبر خارجی