

## انگشت‌نگاری ژنتیکی سویه‌های *Helicobacter Pylori* جدا شده

### از بیماران ایرانی به روش REP-PCR

دکتر فریده سیاوشی<sup>۱\*</sup>، ساناز ذبیحی نیا<sup>۲</sup>، دکتر رضا ملک‌زاده<sup>۳</sup>، دکتر نوید دین‌پرست جدید<sup>۴</sup>، دکتر صادق مسرت<sup>۲</sup>، آزاد عمرانی<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup> استادیار، بخش میکروب شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه تهران

<sup>۲</sup> پژوهشگر، بخش میکروب شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه تهران

<sup>۳</sup> استاد، مرکز تحقیقات بیماری‌های گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی تهران

<sup>۴</sup> استادیار، بخش بیوتکنولوژی، انستیتو پاستور ایران

#### خلاصه

#### مقدمه

عفونت هلیکوباکتر پیلوری با بیماری‌های گوارشی و عواقب سخت آن مثل زخم و سرطان معده در ارتباط است. از آنجا که تنوع ژنتیکی قابل توجهی در جمعیت *H. pylori* دیده می‌شود، با به‌کارگیری روش‌های ملکولی مانند PCR و طراحی شاخص‌های ژنتیکی می‌توان سویه‌های جدا شده از بیماران گوارشی مختلف را بررسی کرد، با این فرضیه که شاید ارتباطی بین خصوصیات ژنتیکی سویه‌های هلیکوباکتر پیلوری و بیماری گوارشی خاصی وجود داشته باشد. در این مطالعه انگشت‌نگاری ژنتیکی ۶۱ سویه *H. pylori* جدا شده از بیماران مبتلا به گاستریت، زخم و سرطان معده انجام شد و الگوهای به دست آمده مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند.

#### مواد و روش‌ها

DNA از ۶۱ سویه *H. pylori* جدا شده از ۳۹ فرد طبیعی، ۱۸ بیمار مبتلا به زخم و ۴ بیمار مبتلا به سرطان معده استخراج گردید و REP-PCR انجام شد. برای تکثیر مناطق خاص حد فاصل بین توالیهای معکوس و تکراری موجود در سراسر ژنوم باکتری، یک جفت پرایمر ۱۸ نوکلئوتیدی، از قبل طراحی و به کار گرفته شدند. شرایط واکنش PCR بهینه شدند و تکرارپذیری و واکنشها مورد بررسی قرار گرفت. محصولات PCR الکتروفورز شدند، سپس تعداد و اندازه باندهای به دست آمده، با استفاده از شاخص وزن ملکولی (مارکر) تعیین شدند. تجزیه و تحلیل نتایج به دست آمده با برنامه کامپیوتری NTSYS-pc انجام و دندروگرام رسم گردید.

#### نتایج

از میان ۳۹ سویه *H. pylori* به دست آمده از بیماران طبیعی، ۲۸ نمونه در یک گروه مجزا قرار گرفتند و ۵ سویه در گروه سویه‌های جدا شده از بیماران مبتلا به زخم قرار گرفتند. ۶ سویه باقیمانده در فاصله‌ای دورتر از سایر سویه‌ها در گروه‌های جداگانه (IV-VI) قرار گرفتند. از میان ۱۸ سویه جدا شده از بیماران دارای زخم، ۱۷ سویه در یک گروه مجزا قرار گرفتند و فقط یک سویه در میان سویه‌های طبیعی طبقه‌بندی شد. سویه‌های جدا شده از بیماران سرطانی نیز در یک گروه کاملاً مجزا از سایر سویه‌ها قرار گرفتند.

#### نتیجه‌گیری

در این مطالعه با روش REP-PCR تنوع ژنتیکی سویه‌های هلیکوباکتر پیلوری بررسی و نشان داده شد که اغلب سویه‌های جدا شده از افراد طبیعی و بیماران مبتلا به زخم و سرطان، هر کدام الگوی انگشت‌نگاری ژنتیکی مخصوص به خود دارند و در گروه‌های مجزا قرار می‌گیرند؛ ولی سویه‌های جدا شده از یک گروه بیمار (بیماران مبتلا به زخم یا سرطان) بیشتر به یکدیگر شبیه می‌باشند. این مطالعه نشان داد که REP-PCR یک روش دقیق، مؤثر و تکرارپذیر برای انگشت‌نگاری ژنتیکی سویه‌های مختلف *H. pylori* است. به نظر می‌رسد که با بررسی سویه‌های بیشتر با این روش، شاید بتوان ارتباط بین عفونت یک سویه خاص *H. pylori* و بیماری گوارشی مشخص را به دقت تعیین نمود. گوارش، ۱۳۸۳؛ سال نهم: ۹-۸۱

واژه‌های کلیدی: هلیکوباکتر پیلوری (*H. pylori*)، بیماری‌های گوارشی، REP-PCR، انگشت‌نگاری ژنتیکی

#### مقدمه

مطالعات نشان داده است که عفونت *H. pylori* با گاستریت رابطه حتمی دارد<sup>(۱)</sup> و تعدادی از افراد آلوده به باکتری، دچار زخم یا

\* نویسنده مسئول: دکتر فریده سیاوشی - دانشکده علوم پایه، دانشگاه تهران

تلفن: ۶۱۱۱۲۴۶۰ / شماره: ۶۴۰۵۱۴۱

E-mail: siavoshi@khayam.ut.ac.ir