

شیوع ژن‌های *babB*, *babA2*, *oipA* در سویه‌های هلیکوباکتر پیلوری جداشده از مبتلایان به علائم گوارشی

مرتضی میلانی^۱، محمدحسین صومی^۲، ابوالفضل اکبرزاده^{۳*}

تاریخ دریافت ۱۳۹۶/۱۱/۱۹ تاریخ پذیرش ۱۳۹۷/۰۲/۰۶

چکیده

پیش‌زمینه و هدف: هلیکوباکتر پیلوری باسیل گرم منفی و میکروائتروفیل و یکی از شایع‌ترین عوامل عفونت انسان می‌باشد. این باکتری با بیماری‌های مختلفی ارتباط دارد و با داشتن فاکتورهای بیماری‌زای مانند توکسین‌ها و عوامل چسبندگی به سلول‌های اپیتلیال معده متصل می‌شود. هدف از این مطالعه، بررسی و ردیابی ژن‌های *babA2*, *babB*, *oipA* در سویه‌های جداشده از نمونه بیوپسی معده مراجعین به بخش آندوسکوپی بیمارستان امام رضا (ع) تبریز بود.

مواد و روش کار: در این مطالعه ۳۴۰ نمونه بیوپسی اخذشده از بیماران در محیط کشت بروسلا آگار کشت شد و تعداد ۱۳۰ سویه هلیکوباکتر پیلوری ایزوله گردید. نمونه‌برداری از بیماران در طی سال ۱۳۵۹ انجام شد. با استفاده از روش CTAB استخراج DNA باکتری‌ها انجام شد. با استفاده از روش PCR ژن *glmM* ردیابی شد و جهت تأیید تعیین هویت باکتری از این ژن استفاده شد و سپس ژن‌های *babA2*, *babB*, *oipA* نیز به کمک روش PCR در نمونه‌های DNA استخراج‌شده از باکتری‌ها ردیابی شدند.

یافته‌ها: از مجموع ۳۴۰ نمونه بیوپسی ۱۳۰ سویه به تفکیک از (۶۸ مرد و ۶۲ زن) و (۲۱ مورد PUD و ۱۰۹ مورد NUD) جدا شد. شیوع ژن‌های *babA2*, *babB* و *oipA* به ترتیب ۶۲/۳، ۷۳/۸ و ۵۴/۶ درصد بود. آنالیز آماری نشان داد که در بیماران مبتلا به PUD به ترتیب ژن‌های *babA2*, *babB* و *oipA* دارای شیوع ۱۳/۱، ۱۰/۸ و ۶/۹ درصد بودند.

بحث و نتیجه‌گیری: به‌طور کلی آنالیز اطلاعات ما نشان داد که ۱۳ درصد سویه‌های جداشده از موارد PUD و ۸۷ درصد از موارد NUD دارای هر سه ژن (*babA2*, *babB*, *oipA*) بودند و ژن *oipA* ارتباط معنی‌داری با ایجاد علائم بالینی داشت ($P < 0.05$).

کلیدواژه‌ها: هلیکوباکتر پیلوری، PUD، NUD

مجله پزشکی ارومیه، دوره بیست و نهم، شماره چهارم، ص ۲۶۳-۲۵۵، تیر ۱۳۹۷

آدرس مکاتبه: تبریز، دانشگاه علوم پزشکی تبریز، دانشکده علوم نوین پزشکی تبریز، گروه نانو فناوری پزشکی، تلفن: ۰۹۱۴۳۷۲۱۴۱۱

Email: akbaezadehab@tbz.med.ac.ir

مقدمه

(۱). انسان تنها میزبان این باکتری محسوب می‌شود و عفونت عمدتاً از راه مدفوعی- دهانی منتقل می‌شود. هلیکوباکتر پیلوری با توانایی تولید آمونیاک و خنثی کردن اسید معده، به‌طور طبیعی در موکوس معده ساکن می‌شود. این باکتری اگرچه معمولاً به شکل ماریچی است، ولی در صورت قرار گرفتن در شرایط آزمایشگاهی و یا در معرض آنتی‌بیوتیک‌ها به شکل کوکوئید و غیرقابل کشت تبدیل می‌شود (۲). هلیکوباکتر پیلوری یک میکروارگانسیم سخت رشد است و برای رشد نیاز به محیط‌های کشت پیچیده‌ای دارد. به‌طوری‌که در شرایط میکروآتروفیلیک، اکسیژن کاهش یافته ۵-۲

عفونت هلیکوباکتر پیلوری یکی از شایع‌ترین عفونت‌های باکتریایی در انسان می‌باشد، به‌طوری‌که بیش از ۵۰ درصد جمعیت جهان به این باکتری آلوده هستند. عفونت به این باکتری عموماً در دوران کودکی کسب می‌شود و در صورت عدم درمان برای تمام عمر باقی می‌ماند. در کشورهای توسعه‌یافته حدود ۱۰ درصد کودکان تا سن ۱۵ سالگی آلوده می‌شوند و با افزایش سن به ۶۰ سالگی این میزان به ۷۰-۶۰ درصد می‌رسد، درحالی‌که در کشورهای توسعه‌نیافته این میزان در نوجوانان به بیش از ۸۰ درصد می‌رسد

^۱ دانشیار باکتری شناسی پزشکی، مرکز تحقیقات عفونی گرمسیری، دانشگاه علوم پزشکی تبریز، تبریز، ایران

^۲ استاد، فوق تخصص گوارش بالغین، مرکز تحقیقات و گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی تبریز، تبریز، ایران

^۳ دانشیار شیمی دارویی، گروه نانوفناوری پزشکی، دانشکده علوم نوین پزشکی تبریز، دانشگاه علوم پزشکی تبریز، تبریز، ایران (نویسنده مسئول)

است. بنابراین احتمالاً SabA در طی بیماری آتروفی و التهاب مزمن نقش دارد. همچنین گرانولوسیت‌های انسان در سطح خود حامل کربوهیدرات‌های سیالیله می‌باشند. در نتیجه این سلول‌ها نیز توسط SabA شناسایی می‌شوند. به نظر می‌رسد که SabA در اتصال باکتری به پروتئین ماتریکس لامینین نیز نقش دارد (۸).

مواد و روش‌ها

سویه‌های باکتریایی: این طرح در کمیته اخلاقی دانشگاه علوم پزشکی تبریز با کد اخلاقی مورد تصویب قرار گرفت (۵/۴/۹۵۹۱) و با تکمیل فرم رضایت توسط بیمار، نمونه بیوپسی بیمارانی که دارای علائم گاستریت، زخم دئودنال، زخم معده و رفلکس گاستروازوفازیبال بودند و در دو هفته اخیر هیچ آنتی‌بیوتیکی دریافت نکرده بودند، دریافت شد. در این مطالعه با کشت ۳۴۰ نمونه بیوپسی اخذشده از بیماران مراجعه‌کننده به بخش آندوسکوپی بیمارستان امام رضا (ع) تبریز تعداد ۱۳۰ سویه هلیکوباکتر پیلوری ایزوله شد. نمونه‌های بیوپسی معده بیماران بلافاصله بعد از آندوسکوپی به محیط کشت استوارت (مرک-آلمان) منتقل شده و به آزمایشگاه ارسال گردید. در آزمایشگاه میکروپشناسی نمونه‌های بیوپسی در شرایط کاملاً استریل به شکل هموژن درآمده و در محیط کشت بروسلا آگار (پرونادیسا- اسپانیا) حاوی ۵ درصد خون گوسفند، سرم گاو و آنتی‌بیوتیک‌های وانکومایسین، تریمتوپریم و آمفوتریسین B (سیگما الدریج- آمریکا) کشت شده و در شرایط میکروآنروفل (۵٪ O₂, 85% N₂, 10% CO₂) و رطوبت بالا و دمای ۳۷ °C به مدت ۷-۵ روز انکوبه شدند. پلیت‌هایی که دارای کلنی‌های رشد یافته بودند به‌دقت بررسی شده و تعیین هویت سویه‌های هلیکوباکتر پیلوری با انجام رنگ‌آمیزی گرم، تست کاتالاز، اکسیداز و اوره آز تأیید شد (۹). برای به دست آوردن کلنی‌های خالص باکتری، سویه‌های هلیکوباکتر پیلوری در محیط کشت بروسلا آگار حاوی ۵ درصد خون گوسفند کشت مجدد شدند و بعد از ۳ روز انکوباسیون مقدار قابل‌توجهی از کلنی‌های هلیکوباکتر پیلوری رشد یافته در سطح محیط کشت جمع شد و برای انجام کارهای بعدی در داخل میکروتیوب‌های حاوی بافر PBS منتقل شد.

استخراج DNA باکتری‌های جداشده: برای این منظور از روش CTAB استفاده شد (۱۰). به این صورت که ابتدا میکروتیوب حاوی باکتری و آب دیونیزه در دور ۱۰۰۰۰ به مدت ۱۰ دقیقه سانتریفیوژ شد و مایع رویی آن دور ریخته شد و مقدار ۲۷۰ میکرولیتر بافر تریس به‌اضافه ۳۰ میکرولیتر سدیم دودسیل سولفات ۱۰ درصد و ۵ میکرولیتر پروتئیناز کا روی پلت ریخته شد و تا یک شبانه‌روز در دمای ۵۰ °C انکوبه شد. سپس ۱۰۰ میکرولیتر کلرید سدیم مولار به داخل محتویات میکروتیوب اضافه گردید و خوب ورتکس

درصد، دی‌اکسید کربن ۱۰-۵ درصد، دمای ۳۷ °C و رطوبت بالا رشد می‌نماید (۳). محیط کشت آگار حاوی مکمل‌های رشد مانند خون، سرم و آنتی‌بیوتیک (ونکومایسین، تریمتوپریم، آمفوتریسین B) جهت کشت باکتری استفاده می‌شود. از نظر اتیولوژیکی هلیکوباکتر پیلوری با گاستریت مزمن فعال، زخم دئودنال، زخم معده، MALT (سرطان بافت لنفاوی لایه موکوسی معده) و آدنوکارسینوما ارتباط دارد. به طوری که تخمین زده می‌شود که در ۲۰-۱۰ درصد جمعیت آلوده، بیماری زخم پپتیک توسعه یابد (۴). ۲-۱ درصد از افراد آلوده مبتلا به آدنوکارسینوم می‌شوند، و کم‌تر از ۱ درصد این افراد دچار MALT می‌شوند. عفونت به این باکتری با ۷۰-۶۰ درصد از کل سرطان‌های معده و ۵/۵ درصد از کل سرطان‌ها در سراسر جهان مرتبط است. به همین خاطر سازمان جهانی بهداشت در سال ۱۹۹۴ این باکتری را به‌عنوان کارسینوژن تیپ یک طبقه‌بندی کرد و اخیراً به‌عنوان تنها باکتری کارسینوژن مطرح است (۵). بیماری زخم معده یا دئودنال یا PUD: زخم معده به‌عنوان نقص موکوسی باوجود سوراخ موکوسی حداقل نیم سانتی‌متری تعریف می‌شود. زخم‌های معده عمدتاً در امتداد انحنای معده، به‌ویژه در حالت انتقال از قسمت کوریوس به آنتروم رخ می‌دهد. زخم‌های دئودنال معمولاً در بولب دئودنال (فضایی که بیشتر در معرض اسید معده قرار دارد) رخ می‌دهند. زخم دئودنال در سنین ۲۰ تا ۵۰ سالگی اتفاق می‌افتد، در صورتی که زخم معده بیشتر در سنین بالاتر از ۴۰ سال رخ می‌دهد. طبق تعریف به وجود علائم دیسترس دستگاه معده‌ای- روده‌ای فوقانی بدون وجود هرگونه ساختار غیرطبیعی در مشاهدات آندوسکوپی Non-ulcer dyspepsia گویند.

این باکتری در داخل لایه موکوسی معده زندگی می‌کند و به سلول‌های اپیتلیال معده اتصال می‌یابد. در ارتباط با چسبندگی باکتری به سلول‌های میزبان حداقل پنج فاکتور چسبندگی شناسایی شده‌اند که شامل babA, sabA, alpA, alpB, hopZ می‌باشند. از بین این فاکتورها، babA بیشتر از همه مورد مطالعه قرار گرفته است و احتمالاً در اتصال به آنتی‌ژن‌های گروه خونی لوئیس نقش دارد (۶). این آنتی‌ژن‌ها در سطح سلول‌های اپی‌تلیال معده وجود دارند. پروتئین OipA یکی دیگر از اعضای خانواده پروتئین Hop است که به‌عنوان فاکتور چسبندگی عمل می‌کند. ژن کدکننده آن در تمام سویه‌های هلیکوباکتر پیلوری وجود دارد، اما بیان آن به‌وسیله تنوع مرحله‌ای ناحیه oipA 5' تنظیم می‌شود. بیان این ژن ارتباط قوی با بیان اینترلوکین ۸ دارد (۷). چون این ژن اخیراً کشف شده است، فعلاً اطلاعات زیادی در مورد آن در دست نیست. SabA اتصال باکتری به سیالیک اسید حاوی گلیکوکونژوگه را واسطه‌گری می‌کند. تحریک التهاب و سرطان معده توسط باکتری در ارتباط با جایگزینی آنتی‌ژن‌های لوئیس غیر سیالیله، با Lex و Lea سیالیله

بعد از یک شبانه‌روز انکوباسیون در دمای یخچال میکروتیوب حاوی مقادیر مناسب DNA بوده و برای آزمایش‌های ژنوتایپی آماده بود. آزمایش PCR: بعد از آماده کردن ماستر میکس مطابق برنامه زمان‌بندی شده جدول شماره ۱ واکنش PCR انجام شد. در این مطالعه ابتدا برای تأیید وجود DNA مربوط به هلیکوباکتر پیلوری در نمونه‌های استخراج شده، با استفاده از پرایمر اختصاصی مربوط به ژن glmM تست PCR انجام شد و قطعه ۲۹۴ بازی آمپلی فای شد. سپس با استفاده از جفت پرایمرهای اختصاصی ژن‌های babA₂, babB, oipA آمپلی فای شدند.

شد. حدود ۸۰ میکرولیتر CTAB/NaCl افزوده شد و بعد از ورتکس کردن به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۶۵ درجه انکوبه شد. در مرحله بعدی ۷۰۰ میکرولیتر ایزوآمیل الکل / کلروفرم به آن اضافه شد و بعد از ورتکس، به مدت ۱۰ دقیقه در دور ۱۲۰۰۰ سانتریفیوژ گردید. فاز آبی تشکیل شده با دقت به یک میکروتیوب جدید منتقل شد. حدود ۲۵۰ میکرولیتر ایزوپروپانل به آن افزوده و خوب ورتکس کرده و ۱۰ دقیقه در دور ۱۲۰۰۰ سانتریفیوژ کرده و مایع رویی را دور ریخته و پلت تشکیل شده مجدداً در اتانول ۷۰ درصد حل گردید. سپس به مدت ۵ دقیقه در دور ۱۲۰۰۰ سانتریفیوژ شد. مایع رویی دور ریخته شد و پلت حاصل در ۵۰ میکرولیتر بافر تریس حل شد.

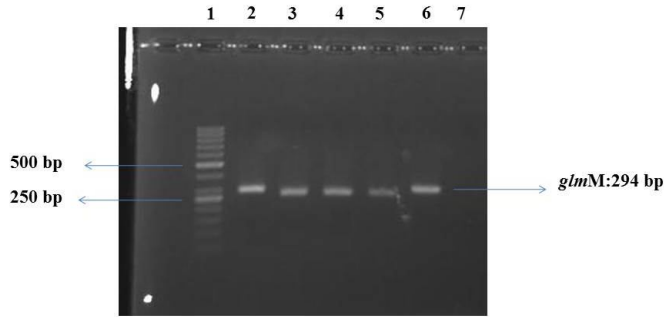
جدول (۱): برنامه زمان‌بندی شده واکنش PCR

منابع	سایز قطعه (bp)	توالی پرایمرها	دمای جوش خوردن	ژن‌های مورد آزمایش
(11)	۲۹۴	F: GGATAAGCTTTTAGGGGTGTTAGGGG R: GCTTACTTTCTAACACTAACGCGC	۵۸°C	glmM
(12)	۴۹۶	F: ATGAAAAAAACCCCTTTTAC R: CGAATTGCAAGTGATGGT	۴۰°C	babB
(13)	۲۷۱	F: CCAAACGAAACAAAAAGCGT R: GCTTGTGTA AAAAGCCGTCGT	۴۵°C	babA ₂
(12)	۴۰۱	F: GTTTTTGATGCATGGGATTT R: GTGCATCTCTTATGGCTTT	۵۶°C	oipA

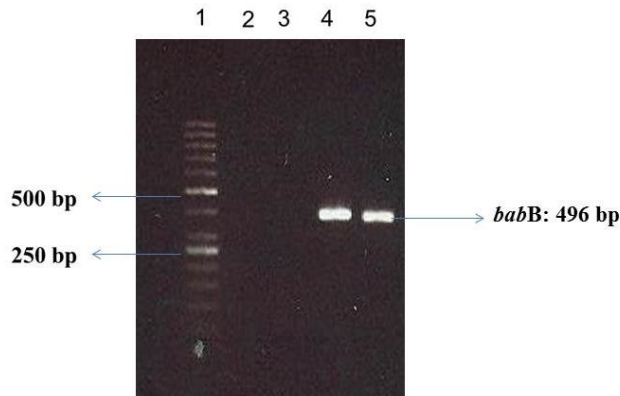
یافته‌ها

در این مطالعه از مجموع تعداد ۳۴۰ نمونه بیوپسی کشت شده در محیط‌های اختصاصی ۱۳۰ سویه هلیکوباکتر پیلوری جدا و تعیین هویت شد. این سویه‌ها به تفکیک از ۶۸ مرد و ۶۲ زن جدا شدند. در مشاهدات آندوسکوپی مراجعین به بخش، نیز ۲۱ مورد دارای علائم PUD و ۱۰۹ مورد دارای علائم NUD به ثبت رسید. علائم بالینی بیماران به تفکیک سن و جنس مورد آنالیز آماری قرار گرفت که اطلاعات آن در جدول شماره دو دیده می‌شود. همچنین به وسیله واکنش PCR ژن‌های babA₂, babB و oipA در سویه‌های هلیکوباکتر پیلوری ردیابی شدند که به ترتیب در ۶۲/۳، ۷۳/۸ و ۵۴/۶ درصد موارد مثبت بودند (اشکال شماره ۱ تا ۴).

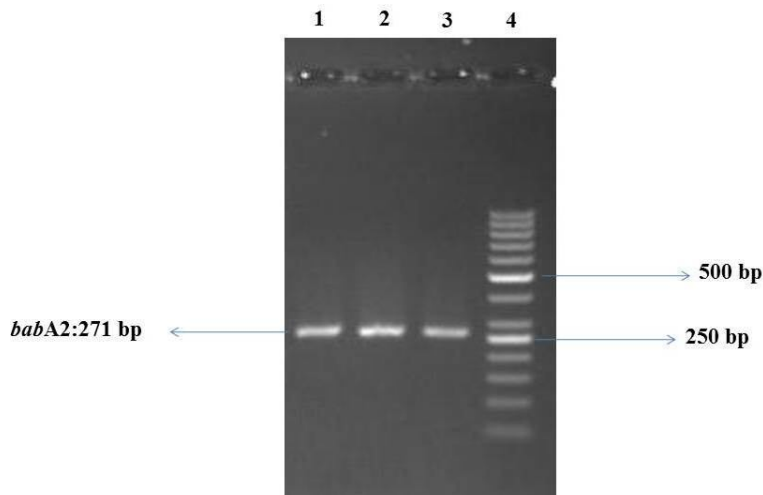
توضیح: برای تمامی واکنش‌ها شرایط یکسان انکوباسیون اولیه ۹۴°C سه دقیقه، واسرشت ۹۴°C / یک دقیقه، طویل سازی ۷۲°C / یک دقیقه و انکوباسیون انتهایی ۷۲°C / سه دقیقه اعمال شد. آنالیز آماری: اطلاعات به دست آمده در این مطالعه، با استفاده از برنامه آماری SPSS 16 و آزمون کای اسکوئر مورد آنالیز قرار گرفت. همچنین میزان همبستگی بین ژن‌های مورد آزمایش و علائم بالینی و مشاهدات آندوسکوپی با استفاده از آزمون کای دو و فیشر مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت. سطح معنی داری با ($P < 0.05$) در نظر گرفته شد.



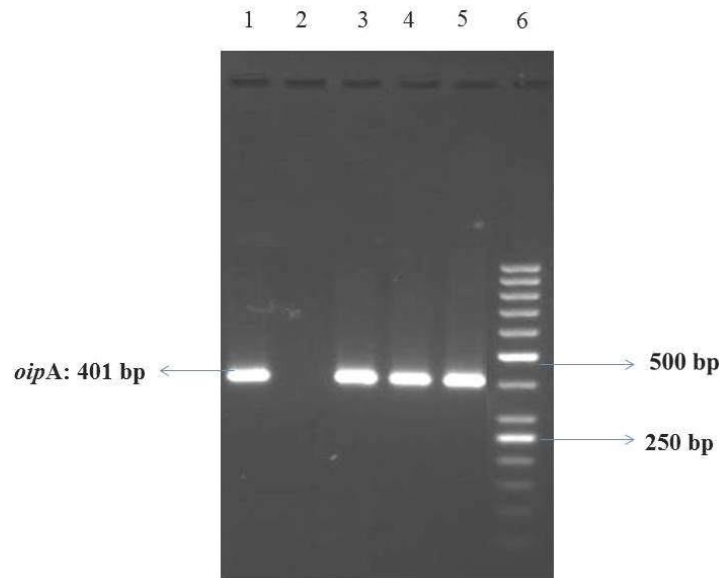
شکل (۱): الکتروفورز محصول PCR: ردیف ۱ سایز مارکر، ردیف های ۲ تا ۶ نمونه های دارای ژن *glmM* و ردیف ۷ کنترل منفی



شکل (۲): الکتروفورز محصول PCR: ردیف های ۱، ۳، ۴، ۵ نمونه های دارای ژن *babB*، ردیف ۲ کنترل منفی و ردیف ۶ سایز مارکر



شکل (۳): الکتروفورز محصول PCR: ردیف های ۱ تا ۳ نمونه های دارای ژن *babA2*، ردیف ۴ سایز مارکر



شکل (۴): الکتروفورز محصول PCR: ردیف‌های ۱، ۳، ۴، ۵ نمونه‌های دارای ژن *oipA*، ردیف ۲ کنترل منفی و ردیف ۶ سایز مارکر

بر اساس وجود این ژن‌ها در سویه‌های باکتری و علائم بالینی مشاهده‌شده در آندوسکوپی آنالیز آماری انجام شد و نشان داد که در بیماران مبتلا به PUD به ترتیب ژن‌های *babA*₂، *babB* و *oipA* دارای شیوع ۱۳/۱، ۱۰/۸ و ۶/۹ درصد بودند (جدول ۳).

جدول (۲): علائم بالینی بیماران بر اساس سن و جنس

مشخصات بیماران	علائم بالینی بیماران		کل	
	NUD [n (%)]	PUD [n (%)]		
سن	<۲۰	۲۷(۳۰/۸)	۲ (۱/۵)	۲۹
	۲۱-۴۰	۳۴ (۲۶/۲)	۱۰ (۷/۷)	۴۴
	۴۱-۶۰	۳۶ (۲۷/۷)	۷ (۵/۴)	۴۳
	>۶۰	۱۲ (۹/۲)	۲ (۱/۵)	۱۴
جنس	زن	۵۳(۴۰/۸)	۹(۶/۹)	۶۲
	مرد	۵۶(۴۳/۴)	۱۲(۹/۳)	۶۸
کل	۱۰۹	۲۱	۱۳۰	

جدول (۳): شیوع ژن‌های مورد آزمایش در سویه‌های جداشده از بیماران دارای علائم NUD و PUD

ژن‌ها	وضعیت بیماری	وضعیت بیماری		کل	ارتباط آماری
		NUD [n (%)]	PUD [n (%)]		
babB	مثبت	۶۷(۵۱/۵)	۱۴(۱۰/۸)	۸۱(۶۲/۳)	(P = 0.07)
	منفی	۴۲(۳۲/۳)	۷(۵/۴)	۴۹(۳۷/۷)	
babA2	مثبت	۷۹(۶۰/۸)	۱۷(۱۳/۱)	۹۶(۷۳/۸)	(P = 0.1)
	منفی	۳۰(۲۳/۱)	۴(۳/۱)	۳۴(۲۶/۱)	
oipA	مثبت	۶۲(۴۷/۷)	۹(۶/۹)	۷۱(۵۴/۶)	(P < 0.05)
	منفی	۴۷(۳۶/۲)	۱۲(۹/۲)	۵۹(۴۵/۴)	

بحث و نتیجه گیری

است (۱۶). مقایسه نتایج حاصل از این مطالعات با یافته های ما نشان می دهد که شیوع این ژن دارای پراکندگی جغرافیایی متنوع می باشد. ژن oipA کد کننده یک پروتئین انتهایی خارج سلولی بوده و به عنوان ویروانس فاکتور باکتری محسوب می شود. در این مطالعه سویه های هلیکوباکتر پیلوری از نظر داشتن ژن مذکور مورد آزمایش قرار گرفتند. با بررسی سایر مطالعات انجام شده در این خصوص و مقایسه آن با نتایج مطالعه ما، یافته های جالبی به دست آمد. ژن oipA با فراوانی ۷۱/۵۴ درصد در مطالعه سعود و همکاران به ثبت رسیده است بدون اینکه ارتباط معنی داری با آسیب معده ای یافت شود (۲۱). در مطالعه ای از کشور تونس نیز میزان شیوع ژن oipA حدود ۹۰/۸ درصد گزارش شده است (۲۲). در مطالعه دیگری از کوئروگا و همکاران در کشور اسپانیا این ژن در ۷۴ درصد موارد مثبت بود (۲۳). دبیری و همکاران شیوع این ژن را ۵۵ درصد گزارش کرده اند که به تفکیک در موارد PUD و NUD به ترتیب ۵۵ و ۶۱ درصد بود (۱۶). فراوانی ژن iopA در مطالعه ما نیز دقیقاً مانند نتایج دبیری به ثبت رسید به طوری که ۵۵ درصد سویه های مورد آزمایش ما در این تحقیق دارای این ژن بودند. آنالیز آماری نتایج مطالعه ما نشانگر وجود ارتباط معنی داری بین این ژن و علائم بالینی بود ($P < 0.05$). بر اساس تحقیق دیگری از دبیری و همکاران ژن oipA در سویه های جدا شده از نژادهای مختلف ایرانی بین ۳۳ تا ۱۰۰ درصد متغیر بود (۲۴). این یافته تنوع فراوانی ژن مذکور را در مناطق جغرافیایی و نژادهای مختلف اثبات می کند و مؤید یافته های مطالعه ما است. به طور کلی آنالیز اطلاعات ما نشان داد که ۱۳ درصد سویه های جدا شده از موارد PUD و ۸۷ درصد از موارد NUD دارای هر سه ژن (babA2, babB, oipA) بودند. در نهایت ما نشان دادیم، باینکه ژن های babA2 و babB به طور قابل توجهی از موارد PUD جدا شدند، ارتباط معنی داری بین ژن oipA و بیماری PUD در این منطقه وجود دارد ($P < 0.05$). با توجه به زمان بر بودن و سخت رشد بودن باکتری پیشنهاد می شود که با راه اندازی روش های مولکولی دقیق ژن های مورد نظر در نمونه های مستقیم بیوپسی بدون نیاز به کشت باکتری، ردیابی شوند. از محدودیت های این مطالعه عدم دسترسی به اطلاعات پاتولوژیکی بود. لذا پیشنهاد می شود که مشاهدات و گزارشات پاتولوژیکی به دست آمده از آزمایشگاه های پاتولوژی در کنار نتایج کشت و ردیابی ژن ها تفسیر شوند.

تشکر و قدردانی

نویسندگان مقاله بر خود لازم می دانند که از کارکنان بخش آندوسکوپی بیمارستان امام رضا (ع) و مرکز تحقیقات گوارش و کبد به خاطر همکاری در انجام این تحقیق تشکر و قدردانی نمایند.

عفونت هلیکوباکتر پیلوری در انسان تحت تأثیر چند فاکتور شامل فاکتورهای میزبانی و باکتری قرار دارد. در بین فاکتورهای باکتری، ژنوتایپ های مختلف هلیکوباکتر پیلوری در سیر بیماری دخالت دارند. ما در این مطالعه شیوع ژن های مرتبط با فاکتورهای چسبندگی و ویروانس فاکتورها در ارتباط با علائم بالینی بیماران را بررسی کردیم. تابه حال چهار تیپ آلی bab شامل babA1, babA2, babB, babC توصیف شده اند. از بین این ها فقط محصول ژن babA2 برای اتصال باکتری به گیرنده های لوئیس ضروری است (۱۴). تابه حال مطالعات زیادی ارتباط بین این ژن و بیماری PUD را اثبات کرده اند. در یک مطالعه متا آنالیز ارتباط بین این ویروانس فاکتور با ریسک ابتلا به PUD و DU قویاً مطرح شده است. در طول سال های گذشته درک دانشمندان از نقش هلیکوباکتر پیلوری در ایجاد بیماری معده ای- رودهای افزایش یافته و دانشمندان به این باور رسیده اند که ابتلا به عفونت هلیکوباکتر پیلوری زمینه ساز توسعه و ایجاد بیماری PUD شامل زخم معده و زخم دئودنال است (۱۵). در مطالعه ما، بالاترین میزان ابتلا به PUD در رده سنی ۴۰-۲۱ سال با شیوع ۷/۷ درصد و در جنس های مختلف (مردان ۹/۳ درصد و زنان ۶/۹ درصد) دیده شد. البته از نظر آماری اختلاف معنی داری بین رده های مختلف سنی و بین جنس بیماران با ابتلا به بیماری PUD مشاهده نگردید ($P > 0.05$). نتایج این تحقیق نشان داد که ۷۳/۸ درصد باکتری های جدا شده، دارای ژن babA2 بودند و در ۱۳/۱ درصد موارد این سویه ها از بیماران مبتلا به PUD جدا شدند. این یافته با نتایج حاصل از مطالعه دبیری و همکاران (۱۶) که شیوع ژن babA2 را ۷۸ درصد گزارش کرده اند، مطابقت دارد. اما در تحقیقی که در شهر اردبیل انجام شده است، شیوع ۲۶/۵ درصدی گزارش شده است (۱۷). همچنین در مطالعات جداگانه از کشورهای سوئیس و مکزیک شیوع این ژن به ترتیب ۴۷/۹ و ۲۹/۳ درصد ذکر شده است که با نتایج ما متفاوت است. این تفاوت احتمالاً به دلیل اختلاف منطقه جغرافیایی و جمعیت مورد مطالعه می باشد (۱۸، ۱۹). در این مطالعه علاوه بر ژن babA2 شیوع ژن babB نیز بررسی شد و نتایج حاصل نشان داد که شیوع ژن babB در سویه های هلیکوباکتر پیلوری جدا شده در این منطقه، ۶۲/۳ درصد بود که به تفکیک ۱۰/۸ درصد موارد، از نمونه های بیوپسی معده افراد مبتلا به PUD و ۵۱/۵ درصد از مبتلایان به NUD به دست آمد. در دو مطالعه جداگانه از تهران که توسط کاشانی و دبیری انجام شده، نتایج متفاوتی به دست آمده است. به طوری که شیوع ژن babB در مطالعه کاشانی و همکاران در مبتلایان به PUD و NUD به ترتیب ۹۱/۷ و ۷۷/۳ درصد گزارش شده است (۲۰) ولی در تحقیق دبیری و همکاران این ژن از تمام موارد بیماری ۲۸ درصد گزارش شده

References:

- Milani M, Ghotaslou R, Somi MH, Rafeey M, Akhi MT, Nahaei MR, et al. The status of antimicrobial resistance of *Helicobacter pylori* in Eastern Azerbaijan, Iran: comparative study according to demographics. *J Infect Chemother* 2012;18(6): 848-52.
- Milani M, Ghotaslou R, Akhi MT, Hejazi MS, Nahaei MR, Hasani A, et al. Relationship Between Drug Resistance and *cagA* Gene in *Helicobacter pylori*. *Jundishapur J Microbiol* 2013;6(10): 1-5.
- Megraud F. *H. pylori* antibiotic resistance: prevalence, importance, and advances in testing. *Gut* 2004;53(9): 1374-84.
- Rafeey M, Ghotaslou R, Milani M, Farokhi N, Ghojazadeh M. Association between *Helicobacter pylori*, *cagA*, and *vacA* status and clinical presentation in Iranian children. *Iran J Pediatrics* 2013;23(5): 551.
- Megraud F, Lamouliatte H. Review article: the treatment of refractory *Helicobacter pylori* infection. *Aliment Pharm Ther* 2003;17(11): 1333-43.
- Asl SF, Pourvahedi M, Mojtahedi A, Shenagari M. Analysis of *babA*, *cagE* and *cagA* genes in *Helicobacter pylori* from upper gastric patients in the north of Iran. *Infect Disord Drug Targets* 2018;
- Odenbreit S, Swoboda K, Barwig I, Ruhl S, Borén T, Koletzko S, et al. Outer membrane protein expression profile in *Helicobacter pylori* clinical isolates. *Infection Immunity* 2009;77(9): 3782-90.
- Benktander J, Barone A, Johansson MM, Teneberg S. *Helicobacter pylori* SabA binding gangliosides of human stomach. *Virulence* 2018;9(1): 738-51.
- McNulty C, Owen R, Tompkins D, Hawtin P, McColl K, Price A, et al. *Helicobacter pylori* susceptibility testing by disc diffusion. *J Antimicrob Chemother* 2002;49(4): 601-9.
- Sambrook J, Russell DW. *Molecular cloning: a laboratory manual*. CSHL Press; 2001.
- Ghotaslou R, Milani M, Akhi MT, Nahaei MR, Hasani A, Hejazi MS, et al. Diversity of *Helicobacter pylori cagA* and *vacA* genes and its relationship with clinical outcomes in Azerbaijan, Iran. *Adv Pharm Bull* 2013;3(1): 57-62.
- Kausar F, Hussain MA, Ahmed I, Ahmad N, Habeeb A, Khan AA, et al. Comparing genomes of *Helicobacter pylori* strains from the high-altitude desert of Ladakh, India. *J Clin Microbiol* 2005;43(4): 1538-45.
- Chomvarin C, Namwat W, Chaicumpar K, Mairiang P, Sangchan A, Sripa B, et al. Prevalence of *Helicobacter pylori vacA*, *cagA*, *cagE*, *iceA* and *babA2* genotypes in Thai dyspeptic patients. *Int J Infect Dis* 2008;12(1): 30-6.
- Yamaoka Y. Roles of *Helicobacter pylori BabA* in gastroduodenal pathogenesis. *World J Gastroenterol* 2008;14(27): 4265-72.
- Chen M-Y, He C-Y, Meng X, Yuan Y. Association of *Helicobacter pylori babA2* with peptic ulcer disease and gastric cancer. *World J Gastroenterol* 2013;19(26): 4242-51.
- Dabiri H, Jafari F, Baghaei K, Shokrzadeh L, Abdi S, Pourhoseingholi MA, et al. Prevalence of *Helicobacter pylori vacA*, *cagA*, *cagE*, *oipA*, *iceA*, *babA2* and *babB* genotypes in Iranian dyspeptic patients. *Microbial Pathogenesis* 2017;105: 226-30.
- Abdi E, Latifi-Navid S, Yazdanbod A, Zahri S. *Helicobacter pylori babA2* Positivity Predicts Risk of Gastric Cancer in Ardabil, a Very High-Risk Area in Iran. *APJCP* 2015;17(2): 733-8.
- Homan M, Šterbenc A, Kocjan BJ, Luzar B, Zidar N, Poljak M. Prevalence of the *Helicobacter pylori*

- babA2 gene and correlation with the degree of gastritis in infected Slovenian children. *Antonie Van Leeuwenhoek* 2014;106(4): 637-45.
19. Román-Román A, Martínez-Carrillo DN, Atrisco-Morales J, Azúcar-Heziquio JC, Cuevas-Caballero AS, Castañón-Sánchez CA, et al. Helicobacter pylori vacA s1m1 genotype but not cagA or babA2 increase the risk of ulcer and gastric cancer in patients from Southern Mexico. *Gut Pathog* 2017;9:18.
 20. Kashani SS, Douraghi M, Talebkhan Y, Bababeik M, Esmaili M, Mohammadi M. Relationship between Helicobacter pylori BabA and BabB status with other virulence factors and their correlation with disease outcome in Iran. *Int J Infect Dis* 2008;12:e214.
 21. Souod N, Sarshar M, Dabiri H, Momtaz H, Kargar M, Mohammadzadeh A, et al. The study of the oipA and dupA genes in Helicobacter pylori strains and their relationship with different gastroduodenal diseases. *Gastroenterol Hepatol Bed Bench* 2015;8(Suppl 1):S47-53.
 22. Ben Mansour K, Fendri C, Zribi M, Masmoudi A, Labbene M, Fillali A, et al. Prevalence of Helicobacter pylori vacA, cagA, iceA and oipA genotypes in Tunisian patients. *Ann Clin Microbiol Antimicrob* 2010;9:10.
 23. Quiroga AJ, Diana Marcela C, Bravo MM. BabA2, oipA and cagE Helicobacter pylori genotypes in Colombian patients with gastroduodenal diseases. *Biomedica* 2005;25(3): 325-34.
 24. Dabiri H, Maleknejad P, Yamaoka Y, Feizabadi MM, Jafari F, Rezadehbashi M, et al. Distribution of Helicobacter pylori cagA, cagE, oipA and vacA in different major ethnic groups in Tehran, Iran. *J Gastroenterol Hepatol* 2009;24(8): 1380-6.

PREVALENCE OF HELICOBACTER PYLORI BABA2, BABB AND OIPA GENOTYPES IN DYSPEPTIC PATIENTS

Morteza Milani¹, Mohammad H. Somi², Abolfazl Akbarzadeh^{3*}

Received: 09 Feb, 2018; Accepted: 26 Apr, 2018

Abstract

Background & Aims: Helicobacter pylori is a microaerophilic gram negative bacillus which is one of the most common human infections. This bacterium is associated with various diseases and having multiple virulence genes such as toxins and adhesion factors. Several adhesion factors of bacteria involved in binding to the gastric epithelial cell and cause infection. The purposes of this study were to assess the babA2, babB and oipA genes to H. pylori isolated from Imam Reza Hospital of Tabriz.

Materials & Methods: Biopsy specimens obtained from 340 patients (During the year 2016) were cultured on Brucella agar and 130 H. pylori isolates were collected. Genomic DNA of total H. pylori isolates was extracted by using CTAB method. PCR reaction was performed on glmM gene for the confirmation of H. pylori. The presence of the babA2, babB, oipA genes were determined by PCR method.

Results: The prevalence of babA2, babB and oipA genes was positive in 62.3%, 73.8% and 54.6%, respectively. The endoscopic observations indicated 21 PUD and 109 NUD cases of total 130 isolations. These findings showed that the prevalence of the babA2, babB and oipA genes in PUD patients were 13.1%, 10.8% and 6.9%, respectively.

Conclusion: Our findings showed that the prevalence of all three genes of babA2, babB and oipA in NUD patients is more than PUD patients. The oipA gene has a significant relation in developed clinical outcomes.

Address: Department of Medical Nanotechnology, School of Advanced Medical Science, Tabriz University of Medical Science, Tabriz, Iran

Tel: + 989143721411

Email: akbaezadehab@tbz.med.ac.ir

SOURCE: URMIA MED J 2018; 29(4): 263 ISSN: 1027-3727

¹ Associate Professor, Infectious and Tropical Diseases Research Center, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

² Professor, Liver and Gastrointestinal Disease Research Center, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

³ Associate Professor, Department of Medical Nanotechnology, School of Advanced Medical Science, Tabriz University of Medical Science, Tabriz, Iran (Corresponding Author)