

بررسی تنوع ژنتیکی انتامبا هیستولیتیکا و انتامبا دیسپار در نمونه بیماران با علائم گوارشی در تهران

احسان ناظم‌الحسینی مجرد^{۱*}، دکتر علی حقیقی^۲، دکتر بهرام کاظمی^۳، معصومه عظیمی‌راد^۱، محمد رستمی‌نژاد^۱،
زهرا نوچی^۱، دکتر علیرضا ابدی^۴، دکتر محمدرضا زالی^۱

^۱ مرکز تحقیقات بیماری‌های گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
^۲ گروه انگل‌شناسی و قارچ‌شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
^۳ مرکز تحقیقات بیولوژی سلولی و ملکولی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
^۴ گروه بهداشت و پزشکی اجتماعی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی

چکیده

سابقه و هدف: به درستی مشخص نیست که چرا بیماری آمیبیازیس و علائم ناشی از آن، تنها در ۵ تا ۱۰٪ افراد آلوده با انتاموبا هیستولیتیکا گزارش گردیده است. تصور می‌شود که تفاوت در میزان بیماری‌زایی در میان گونه‌های انگل، در برآیند شدت و حدت بیماری آمیبیازیس، مؤثر است. در این مطالعه، علاوه بر تعیین میزان شیوع دو تک‌یاخته انتامبا هیستولیتیکا و انتامبا دیسپار در بیماران مبتلا به اختلالات گوارشی، تنوع ژنتیکی در ژن غیر کدکننده لوکوس ۱-۲ بررسی شدند تا اختلاف ژنوتیپی انتامباها در نمونه‌های مثبت مشخص گردد.

روش بررسی: از ۱۷۰۰ نمونه مدفوع آزمایش‌شده مربوط به مراجعین به مراکز درمانی تحت پوشش دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، جمعاً ۲۷ مورد انتامبا هیستولیتیکا/انتامبا دیسپار مشاهده گردید که پس از استخراج DNA، واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) با دو جفت پرایمر اختصاصی گونه از ژن لوکوس ۱-۲ انجام گرفت و گونه آمیب، شناسایی و تعیین توالی گردید، و با توالی نوکلئوتیدهای شناخته‌شده انتامبا هیستولیتیکا و انتامبا دیسپار، مقایسه و تنوع ژنتیکی سویه‌ها بررسی گردید.

یافته‌ها: واکنش PCR با پرایمرهای فوق در ۲۱ مورد از ۲۷ نمونه مورد مطالعه، قطعه حدود ۴۳۰ جفت باز را تکثیر نمود و انتامبا دیسپار شناسایی گردید. یک سویه، قطعه‌ای در حدود ۳۴۰ جفت بازی تکثیر کرد و انتامبا هیستولیتیکا، شناسایی گردید. پنج مورد از نمونه‌ها تکثیر نشدند و از مطالعه حذف شدند. با PCR و تعیین توالی محصول PCR، تنوع ژنتیکی قابل توجهی از نظر اندازه، نوع و تعداد واحدهای تکرارشونده و ترتیب قرارگرفتن نوکلئوتیدها در ژن لوکوس ۱-۲ سویه‌های انتامبا دیسپار ایرانی مشاهده گردید.

نتیجه‌گیری: در این مطالعه، ۸ الگوی متفاوت و جدید انتامبا دیسپار در بین ۲۱ سویه مورد بررسی، مشاهده و به GenBank گزارش شد. سویه انتامبا هیستولیتیکا/ایرانی (NH1 E.h IR) با سویه استاندارد KU20 (Accession No. AB075706) گزارش‌شده از ژاپن، در ژن لوکوس ۱-۲، همخوانی ژنوتیپی ۱۰۰٪ نشان دادند.

واژگان کلیدی: آمیبیازیس، انتامبا هیستولیتیکا، انتامبا دیسپار، واکنش زنجیره پلی‌مراز (PCR)، اختلالات گوارشی.

مقدمه

از اولین گزارش آمیبیازیس تاکنون، هنوز پاسخ مناسبی برای این پرسش یافت نشده است که چرا بیماری و علائم ناشی از

آن، تنها در ۵ تا ۱۰٪ افراد آلوده با انتاموبا هیستولیتیکا گزارش گردیده است. تصور می‌شود که تفاوت در میزان بیماری‌زایی در میان گونه‌های انگل از سویی و پاسخ‌های متغیر ایمنی میزبان علیه آمیب از سوی دیگر، در برآیند شدت و حدت بیماری آمیبیازیس مؤثر هستند. در حالی که تفاوت در پاسخ ایمنی بدن بر علیه آمیب هنوز ناشناخته می‌باشد، اخیراً تحقیقات گسترده‌ای در مورد پلی‌مرفیسم انتاموبا هیستولیتیکا

*نویسنده مسئول مکاتبات: احسان ناظم‌الحسینی مجرد؛ تهران، اوین، بیمارستان آیتا... طالقانی، مرکز تحقیقات بیماری‌های گوارش و کبد، دایره تحقیقات بیماری‌های ناشی از غذا و اسهال‌های مزمن؛ پست الکترونیک: ehsanmojarad@gmail.com

تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۸۷/۲/۱

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۸۷/۵/۶