

بررسی ارتباط ژن های cagA و cagE موجود در هلیکوباکتر پیلوری با مشکلات معده در بیماران ایرانی

دکتر کاوه بقایی^{۱*}، لیلا شکرزاده^۲، فرشته جعفری^۳، مهدی بلفیون^۴، دکتر رضا مشایخی^۵، دکتر همایون زجاجی^۶، دکتر محمدرضا زالی^۵

- ۱- محقق، دکترای زیست شناسی سلولی مولکولی، مرکز تحقیقات گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
- ۲- محقق، کارشناس ارشد میکروبیولوژی، مرکز تحقیقات گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
- ۳- متخصص پاتولوژی، مرکز تحقیقات گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
- ۴- استادیار، مرکز تحقیقات گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی
- ۵- استاد، مرکز تحقیقات گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی

چکیده

سابقه و هدف: هلیکوباکتر پیلوری از باکتری های مهم بیماریزا و یکی از عوامل ایجاد سرطان معده در دنیا محسوب می شود. بیماریزایی این باکتری را به طور عمده به جزایر پاتوژنیک موجود در ژن های این باکتری نسبت می دهند که شناخته شده ترین ژن ها در این جزایر، ژن های cagA و cagE می باشند. هدف این مطالعه، تعیین ارتباط این جزایر پاتوژنیک با علائم کلینیکی در میان بیماران ایرانی بوده است.

مواد و روشها: شناسایی هلیکوباکتر پیلوری توسط کشت و ژن glmM صورت گرفت. تکثیر توالی DNA برای دو ژن cagA و cagE به وسیله واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) انجام شد.

یافته ها: از مجموع ۳۱۱ بیمار مراجعه کننده به بخشهای گوارش، ۲۳۱ بیمار هلیکوباکتر پیلوری مثبت گزارش شدند که از این تعداد ۱۵۴ (۶۶/۷٪) مورد با cagA و ۹۰ (۳۹٪) مورد با ژن cagE همراه بود. ارتباط معنی داری میان ژن های cagA و cagE و تظاهرات بالینی بیماران از جمله گاستریت، زخم معده و سرطان معده به دست نیامد.

نتیجه گیری: ارتباط معنی داری میان ژن های cagA و cagE و تظاهرات بالینی بیماران به دست نیامد و این ژن ها به عنوان فاکتورهایی به منظور افتراق منشاء بیماریها تشخیص داده نشدند؛ این نتایج با نتایج مطالعات قبلی انجام شده در کشور تطابق داشت. همچنین برخلاف برخی مطالعات ژن cagA نسبت به ژن cagE به عنوان مارکر بهتری برای cagPAI تشخیص داده شد.

واژگان کلیدی: cagA، cagE، هلیکوباکتر پیلوری، اختلالات گوارشی.

لطفاً به این مقاله به صورت زیر استناد نمایید:

Baghaei K, Shokrzadeh L, Jafari F, Bolfion M, Mashayekhi R, Zojaji H, Zali MR. Association between gastric disorders and cagA or cagE in Iranian patients. *Pejouhandeh* 2010;15(4):137-42.

مقدمه

اگرچه روند بیماریزایی هلیکوباکتر به صورت کامل شناخته نشده است اما چندین فاکتور از جمله جزایر بیماریزای cag (cag pathogenicity island (cag PAI)) به عنوان عوامل مهم بیماریزایی شناخته شده اند (۲). جزایر پاتوژنیک یا cagPAI با اندازه ای در حدود ۴۰ کیلو باز (Kb) سیستم ترشحی تیپ IV مربوط به هلیکوباکتر پیلوری را کد می کنند که از طریق آن پروتئین cagA به داخل سلول میزبان منتقل می گردد و پس از آن با فسفریله شدن انتهای ژن cagA (توالی EPIYA) که بر روی جزایر پاتوژنیک قرار گرفته، سلول به سمت بی نظمی

هلیکوباکتر پیلوری پاتوژن بسیار مهمی برای بیماران گوارشی محسوب می شود. در اکثر موارد این باکتری باعث التهابات مزمن معده بدون علائم بالینی می گردد؛ همچنین می تواند باعث ایجاد بیماریهای جدی از قبیل زخم معده، مالت و سرطان معده در برخی افراد گردد (۱).

*نویسنده مسؤول مکاتبات: دکتر کاوه بقایی؛ تهران، ولنجک، خیابان یمن، بیمارستان طالقانی، مرکز تحقیقات گوارش و کبد، دپارتمان اسهال و بیماریهای ناشی از غذا؛ پست الکترونیک: kavehbaghai@gmail.com