نامه به سردبیر

غربالگری صحیح ژنهای ویرولانس در هلیکوباکتر پیلوری

امین طالبی بزمین آبادی[۱]، هانس گردوس کوستر[۱]

[۱]گروه میکروب شناسی پزشکی، دانشکده پزشکی دانشگاه اترخت، هلند

مقاله تحقیقی " بررسی فراوانی ژن $babA_2$ در افراد مبتلا به عفونت هلیکوباکتر پیلوری در بیماران مراجعه کننده به بیمارستان فیروزگر تهران " چاپ شده دوره ۱۷، شماره ۲ و تابستان ۱۳۹۱ مجله گوارش مطالعه شد؛ موارد زیر به استحضار می رسد؛

۱. هلیکوباکتر پیلوری جزء متغیرترین میکروارگانیسم ها به لحاظ ژنتیکی؛ حداقل در بین باکتری ها محسوب می شود.(۱) طی سالیان اخیر مطالعات زیادی جهت تعیین فاکتورهای ویرولانس مناسب جهت تست های غربالگری این باکتری صورت پذیرفته است. یکی از مشکلات این مسیر؛ انواع جهش های نقطه ای و frameshift روی داده در ژنوم باکتری است که کار تشخیص آنرا بسیار مشکل می کند.(۱) از طرفی هم بررسی ژن های ویرولانس در حالی که بخواهیم از یک جفت پرایمر استفاده کنیم معمولا منجر به از دست دادن بعضی موارد مثبت می شود.

۲. در مطالعه حاضر؛ تنها ۱۳ بیمار مبتلا به سرطان معده مورد بررسی قرار گرفتند که به لحاظ آماری جهت نتیجه گیری آن هم برای شهری مثل تهران بسیار اندک به نظر می رسد. مسلماً بی ارتباط بودن حضور ژن babA2 با عارضه سرطان معده در این تحقیق تحت تاثیر تعداد اندک بیماران بوده است.

۳. babA2 جز ژن هایی است که با فراوانی بالا دچار جهش می شود؛ با این حال انتخاب دقیق پرایمر های اختصاصی جهت شناسایی توالی های مورد بررسی ، از اهمیت بالایی برخوردار است. در بررسی حاضر؛ از جفت پرایمرهای مطالعه گرهارد و همکاران در سال ۱۹۹۹ استفاده شده است.(۲) پرایمرهای مذکور به لحاظ کاربردی چندان مناسب نبوده و قادربه شناسایی قطعی ناحیه babA2 نیست. به عنوان مثال، محصول PCR با پرایمرهای مطالعه گرهارد و همکاران ۸۱۸ bp طول دارد در حالی که در بررسی مقاله حاضر محصول ۸۳۲ bp ذکر شده است. این موضوع به خوبی تفاوت و اختلاف را در شناسایی توالی های مورد بررسی را نشان می دهد.

۴. در این تحقیق، نویسندگان محترم بارها به دلایل اختلاف فی مابین نتایج مطلعات گوناگون اشاره کرده (مثلا مناطق مختلف جغرافیایی) که ضمن تائید این حقیقت لازم به ذکر است که اختلاف در پرایمرهای مورد استفاده هم می تواند دلیل دیگری بر این تفاوت باشد.(۳)

بارز است که به منظور تعیین یک الگوی واحد جهت غربالگری سویه های ویرولانت هلیکوباکتر پیلوری نیازمند معیارهای ثابت و کلیدی هستیم؛ از این روژنوتایپینگ babA2 در کنار چندین ژن دیگر نظیر homB, dupA و cagA به همراه پرایمرهای universal توصیه می شود.

REFERENCES

1. Salama N, Guillemin K, McDaniel TK, Sherlock G, Tompkins L, Falkow S. A whole-genome microarray reveals genetic diversity among Helicobacter pylori strains. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2000:**97**;14668-73.
2. Gerhard M, Lehn N, Neumayer N, Borén T, Rad R, Schepp W, et al. Clinical relevance of the Helicobacter pylori gene for blood-group antigen-binding adhesin. *Proc Natl Acad Sci U S A* 1999;**96**;12778-83.
3. Talebi Bezmin Abadi A, Taghvaei T, Mohabbati Mobarez A, Vaira G, Vaira D. High correlation of babA (2)-positive strains of Helicobacter pylori with the presence of gastric cancer.*Intern Emerg Med* 2011. [Epub ahead of print].

نویسنده مسئول: امین طالبی بزمین آبادی
هلند، اترخت، خیابان هیدلبرگان، شماره ۱۰۰، اتاق ۵۱۴،
کدپستی ۳۵۸۴
تلفن : ۰۰۳۱ ۸۸۷۵۵۶۵۰۷
نمابر: ۰۰۳۱ ۸۸۷۵۵۵۴۲۶
پست الکترونیک: amin.talebi@gmail.com
تاریخ دریافت : ۹۱/۵/۱۱
تاریخ اصلاح نهایی : ۹۱/۶/۱۹
تاریخ پذیرش : ۹۱/۶/۲۰