

موتانت های PreS2 ویروس هپاتیت B در بیماران مبتلا به سرطان کبد (HCC)

زهرا گودرزی^۱، قدرت الله منتظری^۲، سید موید علویان^۳، حسین کیوان^۴، مهدی قربانعلی زادگان^۵، مریم دارم^۱، مهدی نوروزی^۶، سید محمد جزایری^{۷*}

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد ویروس شناسی، دانشگاه تهران، دانشکده بهداشت
۲. متخصص داخلی، فوق تخصص بیماری های گوارش و کبد، استاد دانشگاه علوم پزشکی تهران
۳. متخصص داخلی، فوق تخصص بیماری های گوارش و کبد، استاد دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله (عج)
۴. PhD ویروس شناسی، استادیار دانشگاه علوم پزشکی ایران
۵. کارشناس ارشد میکروب شناسی، مرکز تحقیقات بیولوژی مولکولی دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله (عج)
۶. دانشجوی PhD ژنتیک مولکولی، دانشکده بهداشت دانشگاه تهران
۷. MD, PhD ویروس شناسی، استاد یار دانشگاه تهران، دانشکده بهداشت، بخش ویروس شناسی

* نشانی برای مکاتبه: تهران دانشگاه علوم پزشکی تهران، دانشکده بهداشت و انستیتو تحقیقات بهداشتی، بخش ویروس شناسی، تلفن: ۸۸۹۵۰۱۸۷،

jazayerism@tums.ac.ir

دریافت مقاله: اردیبهشت هشتاد و شش پذیرش برای چاپ: مرداد هشتاد و شش

چکیده

سابقه و هدف: سرطان کبد یا *Hepatocellular Carcinoma (HCC)* یکی از شایع ترین سرطان های موجود در دنیا است. عفونت مزمن با ویروس هپاتیت B (*HBV*) یکی از مهمترین عوامل ایجاد کننده آن می باشد. در طی عفونت مزمن با *HBV*، واریانت هایی از ویروس ایجاد می شود که دارای موتاسیون های حذفی در ناحیه *PreS2* می باشند. این واریانت ها ممکن است در بروز *HCC* نقش داشته باشند. هدف از این مطالعه تعیین وجود این موتانت ها در بیماران مبتلا به سرطان کبد در ایران می باشد.

روش کار: *DNA* ویروس از سرم ۱۰ بیمار مبتلا به *HCC* استخراج گردید. پس از تکثیر ناحیه *PreS* و تعیین توالی این ناحیه از ژنوم، وجود موتانت های *PreS2* در این بیماران در مقایسه با *Database* مورد بررسی قرار گرفت.

یافته ها: موتاسیون نقطه ای در سطح کدون آغازی *PreS2* در دو مورد از نمونه ها مشاهده شد. در سه مورد از ایزوله ها، *deletion* به طول چند اسید آمینه در انتهای آمینی ناحیه *PreS2* وجود داشت.

نتیجه گیری: در موتانت های حذفی *PreS2*، اپی تپ های *T cell* و *B cell* موجود بر محصول ناحیه *PreS2* حذف می شود. در نتیجه شرایطی فراهم می شود که ویروس احتمالاً بتواند از سیستم ایمنی فرار کند. این پروتئین های موتانت یافته *PreS2* در شبکه رتیکولوم آندوپلاسمی (*ER*) تجمع یافته و استرس *ER* را سبب می شوند. به این ترتیب علاوه بر اینکه شرایط نا پایداری در ژنوم سلول ایجاد می شود از طرق غیر مستقیم تکثیر هپاتوسیت ها تحریک می شود. در نتیجه این امکان وجود دارد که سلول ها به سمت سرطانی شدن پیش روند.

واژگان کلیدی: *HBV*, *HCC*, *PreS2*

مقدمه

سرطان در بین مردان و هفتمین عامل مرگ ناشی از سرطان در بین زنان است و سالانه باعث مرگ یک میلیون نفر در سرتاسر دنیا می شود. مطالعات اپیدمیولوژی نشان می دهد که عفونت مزمن با *HBV* از عوامل عمده بروز *HCC* می باشد (۲).

ویروس هپاتیت B (*HBV*) ویروسی است کوچک و پوشش دار که متعلق به خانواده *Hepadnaviridae* می باشد ژنوم این ویروس ۳/۲Kb طول دارد و از چهار قالب خواندن باز (*Open reading frame*, *ORFs*) که پروتئین *Core X*، پلی مرز و پروتئین های سطحی ویروس را کد می کنند، تشکیل شده است.

ویروس هپاتیت B (*HBV*) طیف وسیعی از بیماری های حاد و مزمن کبد را ایجاد می کند. در اکثر موارد، عفونت های حاد *HBV* معمولاً خود محدود شونده است. در حالیکه عفونت مزمن معمولاً در تمام طول عمر باقی خواهد ماند. تظاهرات بالینی عفونت مزمن *HBV* شامل حالت های: ناقل مزمن (*chronic carrier*)، هپاتیت مزمن (*chronic hepatitis*)، سیروز و *Hepatocellular Carcinoma (HCC)* می باشد (۱). *HCC* یکی از مهمترین سرطان های رایج در دنیا به خصوص در آفریقا و شرق آسیا است. همچنین سومین دلیل مرگ ناشی از

از پرایمرهای
 5'TCAGAATTCTCACCATATTCTTGGGAACAA3'
 (PS1, Sense, nucleotides 2817-2839)
 و 5'CACTAGTAAACTGAGCCA3'
 (PS2, antisense, nucleotides 668-687) به عنوان پرایمرهای خارجی (1085 bases) و
 از پرایمر
 5'AGTAAGCTTAGAAGATGAGGCATAGCAGC3'
 (PS3, antisense nucleotides 415-434) به عنوان پرایمر داخلی
 استفاده شد (۱۰).

محصولات مرحله دوم PCR که ۸۳۴ باز طول داشتند روی ژل آگارز ۱٪ منتقل گردید و بعد از رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید توسط دستگاه ترانس لومیناتور مشاهده شدند. سپس توالی محصولات مرحله دوم PCR به طور مستقیم و به صورت دوطرفه با استفاده از دستگاه sequencer ABI 3130 XL و پرایمر های PS1 و PS3 مشخص گردید. توالی های به دست آمده توسط نرم افزار Chromas اصلاح و قسمت های اضافی به آنها شد. توالی های فوق با توالی های موجود در GenBank که در سایت NCBI و در بخش Blast موجود می باشند به منظور تعیین ژنوتیپ مقایسه گردید. ردیف نوکلئوتید و اسیدهای آمینه مربوطه، با توالی های موجود در GenBank، از جمله توالی های مربوط به ویروس های جدا شده از ایران و توالی مربوط به ژنوتیپ D با شماره ABO33559 مقایسه گردید (۱۱). مقایسه توسط نرم افزار BioEdit مدل 7, 0, 5, 3 صورت گرفت.

یافته ها

از طریق مقایسه کل توالی Pre-S با توالی های موجود در GenBank مشخص گردید که هر ۱۰ ویروس جدا شده در گروه ژنوتیپ D قرار دارند. سپس با مقایسه توالی ناحیه Pre-S2 ویروس های جدا شده از بیماران و توالی های مربوط به ژنوتیپ D موجود در GenBank نتایج زیر به دست آمد:

در توالی نوکلئوتیدی ناحیه Pre-S2، در ویروس جدا شده از سه بیمار موتاسیون از نوع deletion به طول های ۹، ۱۸ و ۲۴ باز وجود داشت (شکل ۱). که در سطح اسید آمینه به ترتیب باعث حذف ۳، ۶ و ۸ اسید آمینه شده است (شکل ۲). همچنین موتاسیون نقطه ای در سطح کدون آغازی (Start codon point mutation ناحیه Pre-S2 ویروس جدا شده از دو بیمار دیده شد (شکل ۱). این نوع موتاسیون در سطح اسید آمینه منجر به تغییر متیونین به اینولین (MII) شده است. در یکی از نمونه ها (005) هر دو نوع موتاسیون نامبرده شده (deletion و Start codon point mutation) با هم اتفاق افتاده است.

شکل ۲. توالی اسید آمینه ناحیه PreS2 اکتباس شده از توالی

نوکلئوتیدی

	10	20	30	40	50
abo33559
002
003
009
005
004
007
006
010
013
015

پروتئین های سطحی ویروس شامل پروتئین های Small (S)، Large (L)، Middle (M) بوده که همگی محصول یک ORF واحد هستند. پروتئین M، محصول ناحیه PreS2 و S بوده و ناحیه PreS2 ۵۵ اسید آمینه انتهای آمینی پروتئین M را کد می کند. انتهای آمینی ناحیه PreS2 حاوی اپی تپ هایی است که توسط B cell و T cell شناسایی می شوند. آنتی بادی های القا شده توسط پپتید های این ناحیه خاصیت محافظت کنندگی دارند. در تعدادی از کشورها، پارتیکل های HBs حاوی Pre-S2 را به سلول های تخم هامستر چینی منتقل کرده به این طریق واکسن های HBs حاوی Pre-S2 تولید کرده و مورد استفاده قرار می دهند. (۵-۳).

در ارتباط با سرطانزایی HBV چندین فرضیه وجود دارد از مهمترین آنها می توان به نقش ترانس اکتیویتری پروتئین X و واریانت های حذفی PreS2 اشاره کرد (۸-۶). این واریانت ها دو نوع هستند: دسته اول به واریانت هایی اطلاق می شود که به دلیل ایجاد موتاسیون در سطح کدون آغازی اصلا قادر به ساخت پروتئین M نیستند و دسته دوم واریانت هایی را در بر می گیرد که دارای موتاسیون حذفی در نیمه انتهای آمینی ناحیه PreS2 بوده در نتیجه پروتئین M در این گروه کوتاهتر از حد معمول تولید می شود (۹). هر دو نوع این واریانت ها، در طی عفونت مزمن HBV ممکن است ایجاد شوند. شواهد به دست آمده از مطالعات مختلف در سایر نقاط دنیا نشان می دهد که موتاسیون های حذفی این ناحیه از ژنوم ممکن است در بروز HCC نقش داشته باشد. هدف این مطالعه تعیین وجود احتمالی موتانت های حذفی ویروس هیپاتیت B جدا شده از بیماران مبتلا به HCC در ایران می باشد.

روش کار

مطالعه بر روی ۱۰ نمونه سرم مربوط به بیماران مبتلا به HCC، که به صورت مزمن به HBV آلوده بودند انجام شد. این بیماران مراجعین به بیمارستان امام خمینی و آزمایشگاه کیوان بودند. هیچ یک از بیماران به ویروس هیپاتیت D و C یا HIV آلوده نبودند.

با استفاده از کیت تجاری QIAamp DNA Blood Mini Kit (QIAGEN, CA) ویروس از ۲۰۰ میکرولیتر سرم، طبق دستورالعمل کیت استخراج گردید و در نهایت DNA استخراج شده توسط ۵۰ ul بافر جدا کننده از غشای سلیکایی جدا گردید. سپس ناحیه Pre-S ویروس هیپاتیت B با روش Semi-Nested PCR و با استفاده از کیت تجاری Taq DNA Polymerase Kit (QIAGEN, CA) تکثیر یافت. واکنش هر دو مرحله PCR بر روی ۱۰۰ ul مخلوط واکنش طبق دستورالعمل کیت صورت گرفت. در واکنش مرحله اول از DNA ۵ul و در مرحله دوم از DNA 1ul استفاده گردید.

شکل ۱. توالی نوکلئوتیدی ناحیه PreS2 مربوط به ویروس های جدا شده از بیماران مبتلا به HCC در مقایسه با ژنوتیپ D موجود در GenBank



بحث

در این مطالعه ناحیه Pres2 مربوط به ۱۰ ویروس HBV جداسازی شده از بیماران HCC با ویروس Wild type موجود در GeneBank مورد مقایسه قرار گرفت. ما در این تعداد نمونه سه الگو از موتانت های Pres2 پیدا کردیم. دسته اول در کدون آغازی دچار موتاسیون شده اند که این موتاسیون در سطح اسید آمینه منجر به تغییر متیونین به اینولین (M1I) شده است. دسته دوم علاوه بر موتاسیون در کدون آغازی دارای موتاسیون از نوع deletion نیز می باشند. دسته سوم واریانت ها فقط دارای موتاسیون از نوع deletion در این ناحیه می باشند. موتاسیون های نوع deletion همگی در انتهای 5 ناحیه Pres2 واقع شده اند. در الگوی شماره ۱و۲، به دلیل وجود موتاسیون در کدون آغازی در مرحله ترجمه پروتئین M اختلال ایجاد می شود در نتیجه این موتانت ها فاقد پروتئین M هستند. موتاسیون های نوع Deletion در الگوهای شماره ۲و۳ منحصر بر انتهای آمینی ناحیه Pres2، اثر می گذارند.

در سال ۱۹۹۱ Raimondo در گزارش موردی واریانتی از ویروس را از یک بیمار مبتلا به HCC جدا کرد که در ناحیه Pres2، Deletion به طول ۳۴ نوکلئوتید وجود داشت (۱۲). در سال ۱۹۹۸، تحقیقی در همین زمینه توسط Takahashi انجام گرفت. از ۴۰ بیمار مبتلا به HCC، ۱۳ بیمار به واریانت های حذفی ناحیه Pres2 مبتلا بودند (۱۳). در سال ۲۰۰۳، کل ژنوم ویروس های جدا شده از ۱۶ بیمار مبتلا به HCC ناشی از HBV مورد مطالعه قرار گرفت. در این مطالعه ۵۰٪ از بیماران مبتلا به HCC به واریانت های حذفی Pres2 آلوده بودند (۱۴). همچنین در سال ۲۰۰۳ در کشور ایتالیا ۱۹ بیمار مبتلا به HCC از نظر وجود واریانت های Pres2 مورد بررسی قرار گرفتند که ۸۴٪ آنها به این واریانت ها آلوده بودند (۱۵) در ژاپن در همان سال با در نظر گرفتن نوع ژنوتیپ، موتاسیون های ناحیه Pres2 بررسی شد. این تحقیق نشان داد که فراوانی موتانت های حذفی ناحیه Pres2 از طرفی به نوع ژنوتیپ (در ژنوتیپ C بیشتر مشاهده شد) و از طرف دیگر به درجه پیشرفت بیماری کبد بستگی دارد. (۱۶). علاوه بر اینها بر اساس مطالعه ای که اخیرا در تایوان انجام گرفته است فراوانی میزان موتانت های حذفی Pres2 در بیماران که در مراحل پیشرفته بیماری های کبدی به خصوص HCC هستند نسبت به افراد گروه کنترل بیشتر است (۱۷). این مطالعات به همراه سایر گزارشات که در این زمینه وجود دارد، نشان داده اند که آلودگی به این واریانت رابطه تنگاتنگی با عفونتهای فعال HBV به خصوص HCC دارد. البته اکثر مطالعات ذکر شده بر روی ژنوتیپ های C و B انجام گرفته اند در حالیکه ویروسهایی که ما مورد مطالعه قرار دادیم در گروه ژنوتیپ D قرار دارند. مطالعات این چنین بر روی ژنوتیپ D کمتر صورت گرفته است.

ناحیه Pres2 با ناحیه Spacer از ژن پلی مرز هم پوشانی دارد که در عملکرد آنزیم پلی مرز هیچ نقشی برای آن شناخته نشده است (۱۴). به همین دلیل واریانت هایی از ویروس که دارای موتاسیون حذفی در این

ناحیه هستند از نظر تکثیر DNA، و ترشح ویریون، با ویروس وحشی تفاوتی ندارند (۱۸). مطالعاتی که تا کنون در این زمینه صورت گرفته نشان می دهد که در نیمه انتهای آمینی این ناحیه از ژنوم، اپی تپ های مورد شناسایی توسط B cell و T cell قرار دارد (۹). در عفونت مزمن با HBV به مدت طولانی در اثر فشار سیستم ایمنی به تدریج این موتانت ها پدید می آیند. این شرایط یک مزیت انتخابی برای این نوع واریانت ها است که از سیستم ایمنی میزبان فرار کرده و در بین جمعیت ویروسی غالب شوند (۱۹و۱۰). از طرفی نقص در تولید Pres2 باعث می شود که در ساخت پروتئین های سطحی عدم تعادل ایجاد شود. این عدم تعادل همراه است با افزایش تولید و تجمع Pres1 در داخل سلول و شبکه آندوپلاسمی که این حالت برای سلول شدیداً سمی است و ظاهری شبیه شیشه مات (Ground Glass Hepatocyte) به سلول کبدی می دهد (۲۲و۲۱و۸). مطالعه مشابهی در همین زمینه نشان داد که ممکن است شکل فضایی پروتئین های موتانت یافته HBS که در انتهای آمینی ناحیه Pres2 دچار موتاسیون های حذفی شده اند تغییر یافته و همین منجر به تجمع آنها در شبکه آندوپلاسمی و به دنبال آن منجر به استرس ER شود. استرس ER در نهایت منجر به آسیب اکسیداتیو DNA و ناپایداری ژنوم از یک سو و از سوی دیگر از طریق فعال کردن چندین مسیر signal transduction منجر به تکثیر سلول ها خواهد شد (۲۳). بنابراین می توان نتیجه گرفت که موتانت های حذفی Pres2 ممکن است در طولانی مدت در پاتوژنسیته HCC وابسته به HBV نقش داشته باشد. البته برای روشن شدن بیشتر این ارتباط به مطالعات بیشتری به صورت In vivo و In vitro نیاز است.

نتیجه گیری

در موتانت های حذفی Pres2، اپی تپ های T cell و B cell موجود بر محصول ناحیه Pres2 حذف می شود. در نتیجه شرایطی فراهم می شود که ویروس احتمالاً بتواند از سیستم ایمنی فرار کند. این پروتئین های موتانت یافته Pres2 در شبکه رتیلولوم آندوپلاسمی (ER) تجمع یافته و استرس ER را سبب می شوند. به این ترتیب علاوه بر اینکه شرایط ناپایداری در ژنوم سلول ایجاد می شود از طرق غیر مستقیم تکثیر هیاتوسیت ها تحریک می شود. در نتیجه این امکان وجود دارد که سلول ها به سمت سرطانی شدن پیش روند.

تشکر و قدردانی

نویسندگان این مقاله از همکاران محترم بخش ویروس شناسی دانشکده بهداشت دانشگاه علوم پزشکی تهران و خانم دکتر زهرا فرزادی تشکر می نمایند.

REFERENCES

1. Kao J.H. and Chen D.S. Global control of hepatitis B virus infection. *Lancet Infect Dis*; 2002; 2, 395–403.
2. Baruch S. Blumberg. The curiosities of hepatitis B Virus prevention, sex ratio, and demography. *The Proceedings of the American Thoracic Society*; 2006; 3, 14-20.
3. Michael K, Wolfram HG. Structure and molecular virology. In: Zuckerman A, Thomas H. *viral hepatitis*. 3rd ed. Philadelphia: Churchill Livingstone. 2005; 149-180.
4. Sobotta D, Sominskaya I, Jansons J, Meisel H, Schmitt S, Heermann K-H, Kaluza G, Pumpens P and Gerlich W H.. Mapping of immunodominant B-cell epitopes and the human serum albumin-binding site in natural hepatitis B virus surface antigen of defined genosubtype. *Journal of General Virology*; 2000; 81, 369-378.
5. J.-H. Park, M.-K. Lee, H.-S. Kim, K. L. Kim, E.-W. Cho. Targeted destruction of the polymerized human serum albumin binding site within the preS2 region of the HBV surface antigen while retaining full immunogenicity for this epitope. *Journal of Viral Hepatitis* ; 2003; 10 , 70 – 79.
6. Block T M, Mehta A S, Fimmel C J, Jorand R. Molecular viral oncology of hepatocellular carcinoma. *Oncology*; 2003; 22, 5093-5107.
7. Joachin L, Eberhard H. Hepatitis B virus-induced oncogenesis. *World j Gastroenterol*; 2007; 13, 74-81.
8. Hui-C W, Wenya H, Ming-D L and Ih-Jen Su. Hepatitis B virus Pre-S mutant, endoplasmic reticulum stress and hepatocarcinogenesis. *Cancer Science*; 2006; 97, 683-688.
9. Tai PC, Suk FM, Gerlich WH, Neurath AR, Shih C. Hypermodification and immune escape of an internally deleted middle-envelope (M) protein of frequent and predominant hepatitis B virus variants. *Virology*; 2002; 292, 44-58.
10. Tuan HT, Hiroshi U, Khin M W, Pairoj L, et al. High Prevalence of Hepatitis B Virus Pre-S Mutant in Countries Where It Is Endemic and Its Relationship with Genotype and Chronicity. *J Clin Microbiol*. 2003; 41, 5449 –5455.
11. Okamoto H, Tsuda F, Sakugawa H, Sastrosoewignjo R, Imia M, et al: Typing Hepatitis B virus by homology in nucleotide sequence: comparison of surface antigen subtypes. *J. Gen. Virol*; 1988; 69, 2575-2583.
12. Raimondo G, Campo S, Smedile V, Rodino G, Sardo MA, et al. Hepatitis B virus variant, with a deletion in the PreS2 and two translational stop codon in the Precore regions, in a patient with hepatocellular carcinoma. *J Hepatol*; 1991.13, 74-77.
13. Takahashi K, Akahane Y, Hino K, Ohta Y, Nishihiro S. Hepatitis B virus genomic sequence in circulation of hepatocellular carcinoma patients: comparative analysis of 40 full-length isolates. *Arch Viro*; 1998; 143, 2313-26.
14. Blackberg J, Kidd-Ljunggren K. Mutation within the hepatitis B virus genome among chronic hepatitis B patients with hepatocellular carcinoma. *Journal of medical virology*; 2003; 71, 18-23.
15. Raimondo G, Costantino L, Caccamo G, Pollicino T, Giovanni S, et al. Non-sequencing molecular approaches to identify preS2-defective hepatitis B virus variants proved to be associated with severe liver diseases. *J Hepatol*; 2004; 40, 515-519.

16. Sugauchi F, Ohno T, Orito E, Sakugawa H, et al. influence of hepatitis B virus genotypes on the development of preS deletions and advanced liver disease. *Journal of Medical Virology*; 2003; 70, 537-544.
17. Bing FC, Chun J L, Guey MJ, Pei JC, Jia HK and Ding SC. High Prevalence and Mapping of Pre-S Deletion in Hepatitis B Virus Carriers With Progressive Liver Diseases. *Gastroenterology*; 2006; 130, 1153-1168.
18. Fernholz D, Stemler M, Brunetto M, Bonino F, Will H. Replicating and virion secreting hepatitis B mutant virus unable to produce preS2 protein. *J Hepatol*; 1991; 13; S102-4.
19. Fan YF, Lu CC, Chang YC et al. Identification of a pre-S2 mutant in hepatocytes expressing a novel marginal pattern of surface antigen in advanced diseases of chronic hepatitis B virus infection. *J GastroenterolHepatol*. 2000; 15, 519–28.
20. Fan YF, Lu CC, Chen WC, Yao WJ, Wang HC, Chang TT, Lei HY, Shiau AL, Su IJ. Prevalence and significance of hepatitis B virus (HBV) pre-S mutants in serum and liver at different replicative stages of chronic HBV infection. *Hepatology*. 2001; 33, 277-86.
21. F.V. Chisari, K. Klopchin, T. Moiyama, C. Pasquinelli, H.A. Dunsford, S. Sell , et al. Molecular pathogenesis of hepatocellular carcinoma in hepatitis B virus transgenic mice. *Cell*; 1989; 59, 1145–1156.
22. Foo N.C, Ahn B.Y, X. Ma, W. Hyun and T.S.B. Yen. Cellular vacuolization and apoptosis induced by hepatitis B virus large surface protein. *Hepatology*; 2002;36, 1400–1407.
23. Hsieh YH, Su IJ, Wang HC, et al. PreS mutant surface antigens in chronic hepatitis B virus infection induce oxidative stress and DNA damage. *Carcinogenesis*; 2004; 25, 2023-2032.

Archive of SID