

بررسی جهش‌های گریز HBsAg در بیماران مبتلا به هیپاتیت B مزمن تحت درمان با آنالوگ‌های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی

سپیده مهین روستا¹، حیدر شرفی²، سید مؤید علویان³، بیتا بهنوا⁴، علی پوریاسین^{5*}

1- کارشناس ارشد، گروه میکروبی شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد تنکابن، تنکابن، ایران

2- کارشناس ارشد، گروه هماتولوژی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

3- استاد، مرکز تحقیقات گوارش و کبد دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله (ع)، تهران، ایران

4- استادیار، مرکز تحقیقات گوارش و کبد، دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله (ع)، تهران، ایران

5- استادیار، گروه ژنتیک دانشگاه آزاد اسلامی واحد ارسنجان، ارسنجان، ایران

تاریخ دریافت: 91/10/17 تاریخ پذیرش: 91/2/16

چکیده

زمینه و هدف: آنالوگ‌های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی از جمله لامیوودین و آدفویر داروهای موثر برای درمان بیماران هیپاتیت B به شمار می‌روند ولی استفاده طولانی مدت این دسته از داروها منجر به پیدایش واریته‌های مقاوم به درمان می‌شود. از آنجایی که اثر آنالوگ‌های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی بر پیدایش واریته‌های حاوی جهش‌های گریز HBsAg به خوبی مشخص نشده است، هدف از این مطالعه بررسی جهش‌های گریز HBsAg در بیماران هیپاتیت B مزمن تحت درمان با آنالوگ‌های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی بوده است.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه مقطعی، 50 بیمار مبتلا به هیپاتیت B مزمن که تحت درمان با آنالوگ‌های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی (لامیوودین و/یا آدفویر) بوده‌اند و 50 بیمار مبتلا به هیپاتیت B مزمن که هیچ داروی ضد ویروس دریافت نکرده بودند، مورد بررسی قرار گرفتند. DNA ویروس هیپاتیت B از پلاسمای بیماران استخراج و قسمتی از ژن S ویروس هیپاتیت B توسط روش Nested-PCR تکثیر گردید. محصول PCR توسط روش توالی‌یابی مستقیم از نظر وجود جهش‌های گریز HBsAg مورد ارزیابی قرار گرفت.

یافته‌ها: در کل 100 بیمار مورد مطالعه، جهش‌های گریز HBsAg دیده شده عبارتند از: sG119R، sQ101H، sY134N و sM133I، sT131I، sG130R، sG130N، sA128V، sP127S، sP120S درمان با آنالوگ‌های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی 16 درصد بیماران واجد ویروس حاوی جهش‌های گریز HBsAg بودند در حالی که در بیمارانی که تحت درمان دارویی قرار نگرفته بودند 6 درصد بیماران واجد ویروس حاوی جهش‌های گریز HBsAg بودند ($p=0.2$ ، $OR=2.98$).

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج به دست آمده در این مطالعه به نظر می‌رسد بین مصرف آنالوگ‌های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی و پیدایش جهش‌های گریز HBsAg رابطه‌ای وجود ندارد.

واژگان کلیدی: آدفویر دیپی وکسیل، هیپاتیت B مزمن، جهش گریز HBsAg، لامیوودین

* نویسنده مسئول: تهران، خیابان قائم مقام فراهانی، پلاک 155، ساختمان پزشکان 183

Email: Pouryasini@iaua.ac.ir

مقدمه

مودولاتورها شامل اینترفرون و پگک اینترفرون و دسته دوم آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی که شامل لامیوودین، آدفویر، تنفویر، انتکاویر و تلبیوودین می باشد (11). بعد از لامیوودین، آدفویر به عنوان داروی موثر برای درمان هپاتیت B رواج پیدا کرد. آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی با مهار فعالیت آنزیم پلی مرز و ویروس، تکثیر ویروس را مهار می کنند. استفاده از آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی به دلیل وجود پاسخ مناسب ضد ویروسی گام بزرگی در درمان بیماران مبتلا به هپاتیت B مزمن محسوب می شود اما اعمال فشار و تنش داروهای نامبرده روی ژنوم ویروس منجر به تنوع ژنتیکی و در پی آن پدیدار شدن جهش های مقاومت دارویی می شود (12). از آنجائی که اثر آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی بر روی انتخاب سویه های حاوی جهش های گریز HBsAg به خوبی مشخص نشده است، هدف این مطالعه بررسی اثر آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی بر انتخاب سویه های حاوی جهش های گریز HBsAg می باشد.

مواد و روش ها

در این مطالعه مقطعی که از پاییز سال 1389 تا پاییز 1390 به طول انجامید، 50 بیمار مبتلا به هپاتیت B مزمن که حداقل 6 ماه و حداکثر 7 سال تحت درمان با آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی بوده اند و همچنین 50 بیمار هپاتیت B مزمن که هیچ درمانی برای هپاتیت B مزمن دریافت نکرده بوده اند، مورد بررسی قرار گرفتند. DNA ویروسی از 200 میکرولیتر نمونه پلاسمای بیماران با استفاده از کیت (Qiagen, Hilden, Germany) QIAamp[®] DNA Blood Mini Kit استخراج گردید. به منظور بررسی جهش های گریز HBsAg، ناحیه ای از ژن S به وسیله روش Nested-PCR تکثیر گردید. ابتدا پرایمرهای اختصاصی بیرونی از ژن مورد نظر و سپس پرایمرهای اختصاصی درونی طراحی شده و توسط شرکت سیناکلون ساخته شد. توالی پرایمرهای طراحی شده عبارت بودند از:

عفونت هپاتیت B مزمن به عنوان یک مشکل بزرگ پزشکی مطرح می باشد. آمارهای جهانی نشان داده که 360 میلیون نفر از عفونت مزمن ویروس هپاتیت B رنج می برند و بیش از 520/000 نفر هر ساله به خاطر درگیری با این ویروس جان خود را از دست می دهند (470/000 نفر به خاطر سرطان کبد و 50/000 نفر به خاطر هپاتیت B حاد) (1). با وجود این که واکسن موثر برای ویروس هپاتیت B وجود دارد، هنوز درمان قطعی برای بیماران مبتلا به این ویروس مطرح نگردیده است. ژنوم این ویروس از زنجیره مضاعف (ds DNA) حلقوی تشکیل شده که دارای 4 ژن C, S, X و P می باشد که هفت پلی پپتید را کد می کنند. ژن S ویروس هپاتیت B مسئول بیان آنتی ژن سطحی ویروس (HBsAg) بوده و دربرگیرنده ناحیه هیدروفولیک اصلی از اسید آمینه 124 الی 147 به نام "a" determinant می باشد (2).

جهش در HBsAg به ویژه ناحیه کد کننده "a" determinant باعث تنوع ژنتیکی در ویروس هپاتیت B می شود و با توجه به این که این منطقه هدف اولیه و اصلی برای سیستم ایمنی به حساب می آید، پدیدار شدن این جهش ها موجب فرار ویروس از سیستم ایمنی میزبان می شود که تحت نام جهش های گریز HBsAg مطرح می باشد (3). جهش های گریز HBsAg قابل اهمیت و بررسی می باشند، زیرا حضور این جهش ها منجر به فرار ویروس از سیستم ایمنی (Immune-escape)، فرار ویروس از واکسن (Vaccine-escape) و HBsAg منفی کاذب (Detection-escape) می شوند (3). گزارش هایی مبنی بر وجود بعضی بیماران با HBsAg منفی ولی (HBV-PCR DNA مثبت ارائه شده که علت اصلی آن جهش و تنوعی است که منجر به تغییرات در سطح ژن S و متعاقب آن تنوع در HBsAg می شود و ردیابی ویروس را در نمونه سرم بیماران مختل می نماید (8-4) و برای پزشکان یک جواب منفی کاذب به همراه دارد (9، 10). درمان بیماران هپاتیت B مزمن در دو دسته قرار می گیرد، دسته اول ایمنو

	30 ثانیه	94	واسرشت
35	40 ثانیه	60	اتصال
	1 دقیقه	72	بازآرایی
1	5 دقیقه	72	بازآرایی نهایی

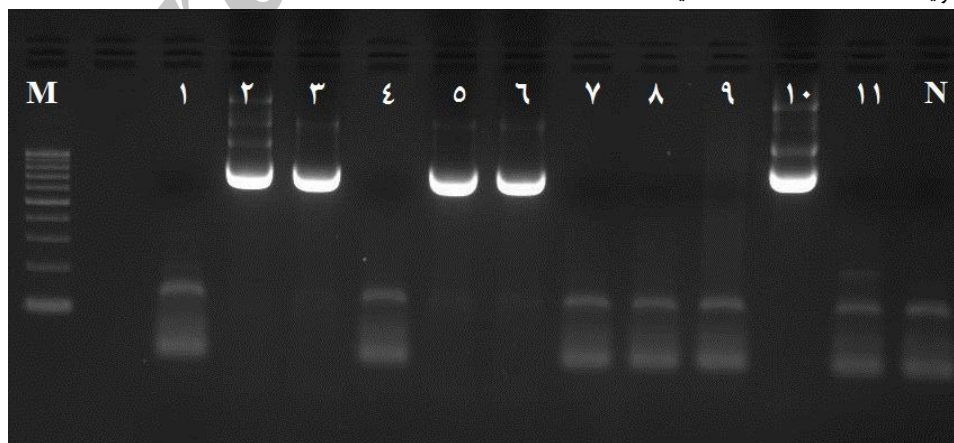
حضور قطعه 836 جفت بازی نشان دهنده صحت انجام PCR بوده است (شکل 1). سپس قطعه تکثیر شده از ژن S ویروس توسط پرایمر HBR-I-R مستقیماً توالی یابی گردید. توالی یابی محصول PCR توسط کیت و دستگاه توالی یابی ABI (Foster City, CA, USA) صورت گرفت. نتایج توالی نوکلئوتیدی توسط نرم افزار تحت شبکه geno2pheno (13) و هم چنین به صورت دستی توسط نرم افزار CLC Sequence viewer مورد بررسی قرار گرفت. در روش دستی بعد از ترجمه توالی نوکلئوتیدی ژنوم HBV هر بیمار به توالی آمینو اسیدی، حضور جهش های گریز HBsAg (جهش های HBsAg از اسید آمینه 100 تا 147 که توسط نرم افزار geno2pheno از نظر بالینی ارزشمند تلقی می شوند) مورد ارزیابی قرار گرفت. پس از اتمام پژوهش کلیه اطلاعات توسط نرم افزار SPSS نسخه 15 بررسی گردید. به منظور یافتن ارتباط بین گروه ها از آزمون کای اسکوئر استفاده شد.

HBR-O-F:
5`GGATTGGGGACCTTGCCTGA3`
HBR-O-R:
5`AGAAGGGTCGTCCGCGGGATT3`
HBR-I-F:
5`TGCTCGTGTACAGGCGGGG3`
HBR-I-R:
5`GGGCAGCAAACCCAAAAGACC3`

برای انجام PCR از تیوب های لیوفلیزه PCR[®] AccuPower (Bioneer, Korea) با حجم واکنش 50 میکرولیتری استفاده شد. برای انجام مرحله اول PCR 10 میکرولیتر از DNA ویروسی توسط 20 پیکومول از هر کدام از پرایمرهای HBR-O-F و HBR-O-R تکثیر گردید. برای انجام PCR مرحله دوم (Nested-PCR) 5 میکرولیتر از محصول PCR مرحله اول توسط 20 پیکومول از هر کدام از پرایمرهای HBR-I-F و HBR-I-R تکثیر گردید. برنامه حرارتی مورد استفاده برای انجام هر دو مرحله PCR در جدول 1 آمده است. در ادامه 10 میکرولیتر محصول مرحله دوم PCR بر روی ژل آگارز 2 درصد الکتروفورز شد (شکل 1).

جدول 1. برنامه حرارتی مورد استفاده به منظور تکثیر قطعه ژن S ویروس هیپاتیت B

مراحل	درجه حرارت (سانتی گراد)	زمان	تعداد چرخه
واسرشت اولیه	94	5 دقیقه	1



شکل 1. الکتروفورز محصول PCR بر روی ژل آگارز 2 درصد. نمونه های 2، 3، 5، 6 و 10 از نظر HBV-DNA مثبت و قابل تعیین توالی می باشند. M: مارکر 100 جفت بازی، N: کنترل بدون الگو

یافته ها

از 100 بیمار شرکت کننده در مطالعه 36 نفر زن (36 درصد) و 64 نفر (64 درصد) مرد بوده اند. بررسی اطلاعات بیماران در دو گروه صورت گرفت. گروه اول شامل 50 نفر از بیماران هپاتیت B مزمن که هیچ داروی ضد ویروسی استفاده نکرده بوده اند و گروه دوم شامل 50 بیمار هپاتیت B مزمن که حداقل 6 ماه تحت درمان با آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی بوده اند. اطلاعات کلی بیماران در جدول 2 آورده شده است.

جدول 2. توزیع فراوانی اطلاعات کلی بیماران هپاتیت B

اطلاعات بیماران	بیماران درمان نشده	بیماران تحت درمان
مرد (درصد)	33 (66)	31 (62)
میانگین سن	41,72±12,87	42,76±14,93
تعداد بیماران تحت درمان با آدفویر	-	24
تعداد بیماران تحت درمان با ترکیب آدفویر و لامیوودین	-	26

جدول 3. مشخصات بیماران واجد ویروس حاوی جهش های گریز HBsAg

بیماران	جنس/سن (سال)	نوع و مدت مصرف دارو (ماه)	جهش گریز HBsAg
1	مرد/54	آدفویر، 60	sG119R
2	مرد/63	آدفویر، 18	sP120S
3	مرد/71	آدفویر، 24 و لامیوودین، 24	sY134N
4	زن/65	آدفویر، 24 و لامیوودین، 24	sG130R
5	مرد/21	آدفویر، 30 و لامیوودین، 42	sT131I
6	مرد/29	آدفویر، 18 و لامیوودین، 18	sT131I و sG130N
7	مرد/37	آدفویر، 24 و لامیوودین، 24	sQ101H
8	زن/33	آدفویر، 36 و لامیوودین، 36	sP127S و sA128V
9	زن/47	تحت درمان نبوده	sM133I
10	مرد/30	تحت درمان نبوده	sM133I
11	زن/44	تحت درمان نبوده	sM133I

بحث

طی مطالعه ای که در این تحقیق روی 100 بیمار هپاتیت B مزمن صورت گرفت از بین 50 بیماری که هیچ داروی ضد ویروسی استفاده نکرده اند در 6 درصد این بیماران جهش های گریز HBsAg دیده شد و در 50 بیماری که تحت درمان با آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی قرار گرفته اند، 16 درصد بیماران دارای جهش های گریز HBsAg بوده اند. بر این اساس به نظر می رسد که مصرف آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی توسط بیماران مبتلا به هپاتیت B منجر به پیدایش واریته های حاوی جهش های گریز HBsAg نمی شود. الگوی پاسخ به آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی نسبت به داروهای تزریقی (اینترفرون) بسیار سریع تر است و سطح HBV-DNA را سریع کاهش می دهند. اهمیت جهش های گریز HBsAg و ناحیه ژنی determinant "a" در تست های آزمایشگاهی که بر اساس اتصال آنتی ژن به آنتی بادی طراحی شده اند مطرح می باشد. وجود این جهش ها مانع اتصال آنتی ژن به

در بین کل بیماران مورد مطالعه 10 جهش گریز HBsAg دیده شده که عبارت بودند از جهش های sA128V، sP127S، sP120S، sG119R، sQ101H، sY134N و sM133I، sT131I، sG130R، sG130N. در گروه بیماران تحت درمان با آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی 16 درصد بیماران واجد ویروس حاوی جهش های گریز HBsAg بودند در حالی که در بیماران تحت درمان دارویی قرار نگرفته بودند 6 درصد بیماران واجد ویروس حاوی جهش های گریز HBsAg بودند. اختلاف مشاهده شده بین فراوانی جهش های گریز HBsAg در دو گروه بیماران از نظر آماری معنی دار نبود. اطلاعات (p=0/2، OR=2/98، 95%CI=0/74-11/99). بیماران واجد ویروس حاوی جهش های گریز HBsAg در جدول 3 آورده شده است.

آنتی بادی و یک جواب منفی کاذب را به همراه دارد. در سازمان انتقال خون، با این که خون های HBsAg⁺ کنار گذاشته می شود اما به نظر می رسد در کشور ما و بقیه کشورهای با آلودگی متوسط تا شدید کنار گذاشتن خون های HBsAg⁺ برای جلوگیری از انتقال هپاتیت B کافی نیست و غربالگری از نظر هپاتیت B مخفی (Occult hepatitis B) لازم است. هم چنین باید توجه کرد که این جهش ها می توانند با منفی کردن تست HBsAg، برای بیمارانی که دریافت خون به طور مستمر انجام می دهند هم چون بیماران تالاسمی یک خطر جدی به شمار روند (14). گزارشات مبنی بر انتقال هپاتیت B از اهدا کنندگان خون HBsAg⁻ وجود دارد (3). به این واسطه یکی از پیشنهادات مطرح، انجام anti-HBc antibody در سیستم های انتقال خون (به خصوص در سیستم های انتقال خونی که بررسی مولکولی انجام نمی شود) می باشد (3). هم چنین اهمیت دیگر این جهش ها فرار ویروس از واکنش می باشد. گزارشی مبنی بر انتقال هپاتیت B به یک دریافت کننده پیوند کلیه واکسینه شده علیه هپاتیت B وجود دارد که ویروس جدا شده از این بیمار حاوی جهش های HBsAg در موقعیت های 101، 117، 118، 120 و 143 بوده است (15).

سایان و همکاران در مطالعه خود فراوانی جهش های HBsAg را در بیماران هپاتیت B مزمن تحت درمان با آنالوگ نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی، 8/3 درصد و در بیمارانی که تحت درمان با داروهای ضد ویروسی قرار نگرفته بودند، 8/5 درصد به دست آوردند. نتایج بررسی آماری داده ها در این مطالعه به عنوان سطح غیرمعنی دار اختلاف تلقی گردید و ثابت کردند که مصرف آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی با جهش HBsAg ارتباط ندارد (16) که با نتایج مطالعه ما هم خوانی داشت. بررسی شیوع جهش های HBsAg در کشورهای مختلف در بین بیماران هپاتیت B مزمن صورت گرفته است. در مطالعه دیگری که آولون و همکاران در اسپانیا انجام داده اند (17)، شیوع جهش های HBsAg، 39 درصد گزارش شده است.

فراوانی جهش های HBsAg در مطالعه حاضر کمتر از فراوانی جهش هایی است که در مطالعه اخیر گزارش شده، که علت اصلی آن گزارش تمام تغییرات اسید آمینه ای در محدوده 112 تا 157 پروتئین HBsAg توسط آولون و همکاران می باشد، در حالی که در مطالعه ما تنها برخی از تغییرات اسید آمینه ای در محدوده 100 تا 147 که تحت عنوان جهش های گریز HbsAg شناخته می شوند مورد بررسی قرار گرفته اند. مطالعه حاضر تاثیر آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی را بر ایجاد جهش های گریز HBsAg رد می کند ولی جهت تأیید این مطالعه پیشنهاد می شود که مطالعه ای با تعداد نمونه بیشتر انجام شود. در چنین مطالعه ای می توان بیماران را بر اساس نوع درمان با آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی دسته بندی کرد (درمان با لامیوودین به تنهایی، درمان با آدفویر به تنهایی و درمان هم زمان با آدفویر و لامیوودین). هم چنین پیشنهاد می شود که گروه بیماران تحت درمان به مدت بیش از 1 سال با آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی درمان شده باشند. در نهایت پیشنهاد می شود که گروه بیماران تحت درمان از نظر جهش های مقاومت دارویی نیز مورد بررسی قرار گیرند و این بیماران از نظر حضور هم زمان هر دو دسته جهش (جهش های مقاومت دارویی و جهش های گریز HBsAg) ارزیابی شوند.

نتیجه گیری

با توجه به نتایج به دست آمده از مطالعه حاضر به نظر می رسد که جهش های گریز HBsAg در بیماران هپاتیت B الزاماً تحت اثر دارو ایجاد نمی شوند و مصرف آنالوگ های نوکلئوزیدی/نوکلئوتیدی در ایجاد جهش ها گریز HBsAg تأثیر ندارد.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از شرکت کاوش فن آور کوثر به دلیل تعیین توالی تقدیر می گردد. این مقاله خلاصه ای از پایان نامه خانم سپیده مهین روستا جهت دریافت درجه

10. Jongerius J, Wester M, Cuypers H, Oostendorp WR, Lelie P, Poel CL, et al. New hepatitis B virus mutant form in a blood donor that is undetectable in several hepatitis B surface antigen screening assays. *Transfusion*. 1998; 38(1):56-9.

11. Liver EAFTSOT. EASL Clinical Practice Guidelines: management of chronic hepatitis B. *J Hepatol*. 2009;50:227-42.

12. Zoulim F, Locarnini S. Hepatitis B virus resistance to nucleos (t) ide analogues. *Gastroenterology*. 2009;137(5):1593-608. e2.

13. Altmann A, Bastian B, Hoffmann D, Kaiser R, Lengauer L, Schuldenzucker U, et al. *Geno2pheno*. [updated July 2009]; Available from: <http://hbv.bioinf.mpi-inf.mpg.de/index.php>.

14. Chakravarti A, Verma V, Kumaria R, Dubey A. Anti-HCV seropositivity among multiple transfused patients with beta thalassaemia. *Journal of the Indian Medical Association*. 2005;103(2):64-6.

15. Sayiner AA, Agca H, Sengonul A, Celik A, Akarsu M. A new hepatitis B virus vaccine escape mutation in a renal transplant recipient. *Journal of clinical virology*. 2007;38(2):157-60.

16. Sayan M, Şentürk Ö, Akhan SÇ, Hülügü S, Cekmen M. Monitoring of hepatitis B virus surface antigen escape mutations and concomitantly nucleos (t) ide analog resistance mutations in Turkish patients with chronic hepatitis B. *International Journal of Infectious Diseases*. 2010;14:e136-e41.

17. Avellón A, Echevarria JM. Frequency of hepatitis B virus 'a' determinant variants in unselected Spanish chronic carriers. *Journal of medical virology*. 2006;78(1):24-36.

کارشناسی ارشد (به کد تصویب طرح 63415128822678) به راهنمایی دکتر علی پوریاسین و مشاوره دکتر سید مؤید علویان می باشد.

منابع

1. McMahon BJ, editor. *Epidemiology and natural history of hepatitis B*. 2005: New York: Thieme-Stratton, c1981.

2. Lada O, Benhamou Y, Poynard T, Thibault V. Coexistence of hepatitis B surface antigen (HBs Ag) and anti-HBs antibodies in chronic hepatitis B virus carriers: influence of "a" determinant variants. *Journal of virology*. 2006; 80(6): 2968-75.

3. Weber B. Genetic variability of the S gene of hepatitis B virus: clinical and diagnostic impact. *Journal of clinical virology*. 2005;32(2):102-12.

4. Yeh CT. Development of HBV S gene mutants in chronic hepatitis B patients receiving nucleotide/nucleoside analogue therapy. *Antiviral therapy*. 2010;15(3):471-5.

5. Carman WF, Karayiannis P, Waters J, Thomas H, Zanetti A, Manzillo G, et al. Vaccine-induced escape mutant of hepatitis B virus. *The lancet*. 1990;336(8711):325-9.

6. Carman W. The clinical significance of surface antigen variants of hepatitis B virus. *Journal of viral hepatitis*. 1997;4:11-20.

7. Gerlich W, Glebe D, Schüttler C. Deficiencies in the standardization and sensitivity of diagnostic tests for hepatitis B virus. *Journal of viral hepatitis*. 2007;14:16-21.

8. Kramvis A, Kew M, François G. Hepatitis B virus genotypes. *Vaccine*. 2005;23(19):2409-23.

9. Coleman PF, Jack Chen YC. Immunoassay detection of hepatitis B surface antigen mutants. *Journal of medical virology*. 1999;59(1):19-24.