

تحقیقی

جهش‌های شایع ژن CFTR در بیماران فیبروز کیستی استان مازندران

دکتر هاله اخوان نیایی*^۱، دکتر محمدرضا اسماعیلی دوکی^۲، دکتر علی قابلی جویباری^۳

۱- دکترای تخصصی بیولوژی سلولی و استادیار دانشگاه علوم پزشکی بابل، آزمایشگاه ژنتیک بیمارستان کودکان امیرکلا، بابل. مرکز تحقیقات بیولوژی سلولی و مولکولی دانشگاه علوم پزشکی بابل. ۲- فوق تخصص گوارش و دانشیار دانشگاه علوم پزشکی بابل، مرکز تحقیقات بیماری‌های غیرواگیر کودکان دانشگاه علوم پزشکی بابل. ۳- پزشک عمومی، دانشگاه علوم پزشکی بابل.

چکیده

زمینه و هدف: فیبروز کیستی شایع‌ترین بیماری ارثی در جمعیت سفیدپوستان می‌باشد که در اثر جهش در پروتئین تنظیم کننده عبور غشایی فیبروز کیستی (CFTR) رخ می‌دهد. نوع و توزیع جهش‌ها در بین کشورها و گروه‌های نژادی بسیار متغیر است. این مطالعه به منظور شناسایی جهش‌های دخیل در ایجاد بیماری فیبروز کیستی در استان مازندران انجام گردید.

روش بررسی: در این مطالعه توصیفی ۳۰ بیمار غیرخویشاوند مبتلا به فیبروز کیستی برای پنج جهش *Delta F508*، *G542X*، *N1303K*، *R347H* و *W1282X* در ژن CFTR که به آزمایشگاه ژنتیک بیمارستان کودکان امیرکلا ارجاع شده بودند، طی سال‌های ۸۵-۱۳۸۳ با استفاده از روش *Reverse Dot Blot* غربال شدند. در این روش از محصولات *PCR* بیوتینیل شده برای دورگه‌گیری با چندین پروب مخصوص توالی نرمال یا جهش یافته مشخص که بر روی نوارهای *Biodyne C* قرار داده شدند، استفاده شد.

یافته‌ها: جهش *Delta F508* ۲۱/۶ درصد از آلل‌های جهش یافته را تشکیل داد. چهار جهش دیگر مشاهده نشد. شش بیمار هموزیگوت و یک بیمار هتروزیگوت مرکب در جایگاه *Delta F508* بودند.

نتیجه‌گیری: یافته‌های این مطالعه نشان‌دهنده هتروژنی بالای جهش‌های ژن CFTR در استان مازندران می‌باشد. با توجه به میزان نسبتاً پایین جهش‌های قابل تشخیص، لازم است تا مطالعات گسترده‌تری برای تشخیص مولکولی فیبروز کیستی در این استان انجام گیرد.

کلید واژه‌ها: فیبروز کیستی، *Delta F508*، مازندران، جهش، CFTR

* نویسنده مسؤول: دکتر هاله اخوان نیایی، پست الکترونیکی: halehakhavan@yahoo.com

نشانی: بابل، بیمارستان کودکان امیرکلا، آزمایشگاه ژنتیک، تلفن: ۳۲۴۵۸۷۴ (۰۱۱۱)، نامبر: ۳۲۴۰۶۵۶

وصول مقاله: ۸۷/۱/۲۵، پذیرش مقاله: ۸۷/۶/۱۸

مقدمه

فیروز کیستی (Cystic Fibrosis) اختلالی مولتی سیستمیک توارثی کودکان و بالغین است که غالباً به صورت انسداد و عفونت مجاری هوایی و سوء هضم مواد غذایی و عوارض دیگر تظاهر می کند و به عنوان شایع ترین اختلال توارثی مغلوب و محدود کننده زندگی در میان سفیدپوستان شناخته شده است (۱-۳). اختلال در سطوح اپی تلیالی به عنوان غالب ترین عارضه این بیماری است و عامل اصلی تمام مشکلات بیمار است (۴).

فیروز کیستی به عنوان مهم ترین عامل بیماری مزمن ریوی در کودکان است و عامل اکثر موارد نارسایی اگزوکرین پانکراس در اوایل زندگی است. همچنین عامل بسیاری از موارد از دست دادن نمک، پولیپ های بینی، سینوزیت، پرولاپس رکتوم، پانکراتیت، کله لیتیاژیس و هایپر گلیسمی مرتبط با انسولین است. فیروز کیستی ممکن است به صورت نارسایی رشد و به ندرت همراه با عامل سیروز و شکل های دیگر اختلالات کبدی ظاهر شود. لذا این بیماری در تشخیص افتراقی بسیاری از بیماری های کودکان مطرح می شود (۵).

میزان شیوع فیروز کیستی در نژاد سفید یک از ۳۵۰۰ تولد زنده و در نژاد سیاه یک در ۱۷۰۰۰ تولد در آمریکا می باشد. میزان شیوع جهانی از یک مورد در هر ۳۷۷ تولد در بریتانیا تا یک مورد از ۹۰۰۰۰ تولد نژاد آسیایی در هاوایی آمریکا متغیر است. فیروز کیستی در میان اروپایی های مرکزی و شمالی و همچنین در افرادی که از این مناطق مهاجرت می کنند، بسیار شایع است (۶و۵). فیروز کیستی به صورت اتوزومال مغلوب به ارث می رسد. ژن مربوطه در لوکوس واحدی بر روی بازوی بلند کروموزوم ۷ قرار دارد و از ۲۷ اگزون تشکیل شده است (۷). این ژن کد کننده پروتئینی با ۱۴۸۰ آمینواسید است که به آن تنظیم کننده ترانس ممبران (CFTR) (Cystic Fibrosis Transmembrane Regulator) گفته می شود. CFTR اساساً در سلول های اپی تلیال مجاری هوایی، دستگاه گوارش (شامل پانکراس و مجاری صفراوی)، غدد عرق و سیستم ادراری تناسلی تأثیر می گذارد. CFTR دارای کانال یونی است و فعالیت منظمی دارد که به علت جهش های مختلف دچار تغییراتی خواهد شد (۷).

بیش از ۱۰۰۰ جهش یا پلی مورفیسم به ژن CFTR نسبت داده شده است (۶). شایع ترین نوع جهش CFTR حذف سه نوکلئوتید در کدون ۵۰۸ و در نتیجه حذف یک فنیل آلانین در زنجیره آمینواسیدها است (ΔF508). این موتاسیون در جمعیت شمال اروپا شایع است و کمتر در جمعیت های دیگر مانند جنوب اروپا دیده می شود. تقریباً ۵۰ درصد افراد مبتلا به فیروز کیستی در شمال اروپا هموزیگوت برای ΔF508 هستند. در مابقی بیماران جهش های متعددی مشاهده می شود و هیچ یک از آنها شیوع بیش از چند درصد را ندارند (۸).

با استفاده از ۳۰ نوع پروب که مربوط به جهش های مختلف است، ژنوتیپ ۸۰ درصد تا ۹۰ درصد آمریکایی های مبتلا به فیروز کیستی قابل شناسایی است. با افزایش تعداد پروب ها تا ۷۰، بهبود امکان تشخیص جهش در تعداد کمی از بیماران تحقق می یابد. بنابراین در تمام کودکان مبتلا به فیروز کیستی انجام تست DNA به طور روتین امکان پذیر نیست. در بعضی از موارد خاص، تعیین توالی نوکلئوتیدی ژن CFTR برای تشخیص ژنوتیپ لازم است (۷و۹و۱۰). بیماران فیروز کیستی بسته به نوع جهش می توانند فنوتیپ های بسیار متنوعی را ظاهر سازند (۹و۷).

چندین جهش مانند ΔF508، G542X، N1303K، W1282X در نقاط مختلف دنیا گزارش شده اند. در سفیدپوستان شمال اروپا ΔF508 از فراوانی ۷۰ درصد برخوردار است، اما در جمعیت های عربی، هندی، ایرانی و ترک فراوانی آن بین ۱۳ تا ۴۴ درصد گزارش شده است (۲۱-۱۱).

گسترده ترین مطالعه ای که در ایران روی ۱۲۰ کروموزوم با استفاده از روش توالی یابی DNA (DNA sequencing) انجام گرفت، موفق به شناسایی ۵۳ درصد آلل های جهش یافته در قالب ۲۰ جهش متفاوت شد (۱۵).

علاوه بر چهار جهش اشاره شده، جهش R347H نیز که در ترکیه (۱۸) و در یک مطالعه در ایران (۱۳) گزارش شده بود، انتخاب شد.

با توجه به دو مطالعه اولیه در ایران و مطالعاتی که در کشورهای همسایه از جمله ترکیه، هند، پاکستان و امارات متحده عربی و بحرین انجام شده بود، پنچ جهش را برای

جدول ۱: توالی نوکلئوتیدی پروب‌های مورد استفاده

Probe name	Location in the CFTR gene	CFTR probe sequence
$\Delta F508$ -N	Exon10	5'-NH2-GAAACACCAAAAGATGATA-3'
$\Delta F508$ -MUT	Exon10	5'-NH2-GGAAACACCAATGATATT-3'
G542X-N	Exon11	5'-NH2-TATAGTTCCTGGAGAAGGTG-3'
G542X-MUT	Exon11	5'-NH2-TATAGTTCCTTGGAGAAGGTG-3'
W1282X-N	Exon20	5'-NH2-GCTTTCCTCCACTGTTG-3'
W1282X-MUT	Exon20	5'-NH2-CAACAGTGAAGGAAAAGC-3'
N1303K-N	Exon21	5'-NH2-AGAAAAAACTTGGATCC-3'
N1303K-MUT	Exon21	5'-NH2-GGGATCCAACITTTTTCT-3'
R347P-N	Exon7	5'-NH2-AATTGTTCTGCGCATGG-3'
R347P-MUT	Exon7	5'-NH2-CATTGTTCTGCCCATGGC-3'

تکثیر DNA به روش PCR

اگزون‌های ۷، ۱۰، ۱۱، ۲۰ و ۲۱ با استفاده از پرایمرهای اختصاصی به کمک ترموسایکلر Techgene (از کمپانی Techne انگلستان) تکثیر شدند. تکثیر هر اگزون در حجم ۵۰ μ l با حضور ۲۰۰ μ M dNTPs، ۱/۵ mM $MgCl_2$ ، ۲۰۰ nM از هر یک از پرایمرهای بیوتینیل‌شده، ۱/۵ Units Taq DNA Polymerase انجام شد. توالی پرایمرهای مورد استفاده در جدول یک آمده است. شرایط تکثیر DNA در ترموسایکلر ۹۵ درجه سانتی‌گراد ۳ دقیقه، سپس ۳۸ بار ۹۵ درجه سانتی‌گراد ۳۰ ثانیه، ۵۴ درجه سانتی‌گراد ۳۰ ثانیه، ۷۲ درجه سانتی‌گراد ۳۰ ثانیه و نهایتاً ۷۲ درجه سانتی‌گراد ۴ دقیقه بود.

تعیین نوع جهش با استفاده از روش reverse dot blot

روش Reverse dot blot (RDB) یکی از روش‌های مهم در تعیین جهش‌های شایع در انسان است. این روش ساده، سریع، قابل اطمینان، دقیق، غیررادایوکتیو و نسبتاً ارزان است. اصول و جزئیات این روش توسط Chehab و همکارانش توصیف شده است (۲۲). محصولات PCR بیوتینیل‌شده جهت دورگه‌گیری (hybridization) با پروب‌های مخصوص توالی نرمال و یا جهش‌یافته جایگاه‌های $\Delta F508$ ، R347H، G542X، W1282X و N1303K ژن CFTR که بر روی نوارهای Biodyne C قرار داده شدند، مورد استفاده قرار گرفتند. توالی پروب‌های طبیعی و جهش‌یافته در جدول ۲ نشان داده شده است. پس از افزودن پراکسیداز کنزورگه با استرپتاویدین، واکنش شیمیایی رنگ‌زا در حضور تترامیتیل بنزیدین و آب اکسیژنه اجازه رویت لکه‌های آبی رنگ و در نتیجه تشخیص چگونگی دورگه‌گیری محصول PCR با هر یک از پروب‌ها را داد.

بررسی در بیماران در نظر گرفتیم. این پنج جهش شامل $\Delta F508$ ، R347H، W1282X، G542X و N1303K بود. اکثر این جهش‌ها در سایر کشورهای جهان نیز به عنوان جهش‌های نسبتاً شایع گزارش شده‌اند (۱۱).

شناخت بهتر جهش‌های ژن CFTR علاوه بر تکمیل اطلاعات موجود در خصوص ژنتیک جمعیت، هم در تایید تشخیص بالینی بیماری و هم در تشخیص ناقلین در خانواده افراد مبتلا به این بیماری کاربرد دارد. همچنین تشخیص پیش از تولد بیماری در خانواده‌های درگیر را میسر می‌سازد.

این مطالعه به منظور تعیین فراوانی جهش‌های شایع ژن CFTR در افراد مبتلا به فیبروز کیستی در استان مازندران با استفاده از روش RDB انجام پذیرفت.

روش بررسی

در این مطالعه توصیفی ۱۷ پسر و ۱۳ دختر مبتلا به فیبروز کیستی اهل استان مازندران که بین ۱/۵ ماه تا ۱۱ سال سن داشتند و به آزمایشگاه ژنتیک بیمارستان کودکان امیرکلا بابل وابسته به دانشگاه علوم پزشکی بابل طی سال‌های ۸۵-۱۳۸۳ ارجاع شده بودند، مورد بررسی قرار گرفتند. پس از توضیح شفاهی، والدین همه بیماران فرم رضایت‌نامه کتبی شرکت در تحقیق را مطالعه و امضاء نمودند. معیارهای تشخیصی بیماران بر اساس دو تست عرق مثبت (60 mmol/l) و یافته‌های تیپیک ریوی-گوارشی مانند اختلال تنفسی حاد یا مداوم، اختلال در رشد، مدفوع غیرطبیعی و ایلئوس مکنونیوم بود. روش نمونه‌گیری به صورت غیرتصادفی آسان بود.

استخراج DNA

بعد از جمع‌آوری نمونه خون محیطی ۳۰ کودک مبتلا به فیبروز کیستی که طی دو نسل متمادی در استان مازندران متولد شده‌اند، DNA به روش Alkaline Lysis استخراج گردید.

جدول ۲: توالی نوکلئوتیدی پرایمرهای مورد استفاده

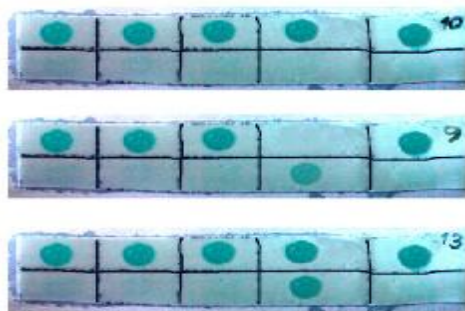
Cystic fibrosis mutations tested	Cystic fibrosis primer name	Cystic fibrosis primer sequence
R347H	CF7-F	5'-Biotin-AGACCATGCTCAGATCTTCCAT-3'
	CF7-R	5'-Biotin-GCAAAGTTCATTAGAACTGATC-3'
ΔF508	CF10-F	5'-Biotin-GCAGAGTACCTGAAACAGGA-3'
	CF10-R	5'-Biotin-CATTCACAGTAGCTTACCCA-3'
G542X	CF11-F	5'-Biotin-CAACTGTGGTTAAAGCAATAGTGT-3'
	CF11-R	5'-Biotin-GCACAGATTCTGAGTAACCATAAT-3'
W1282X	CF20-F	5'-Biotin-TGGGCTCTTGGGAAGAACT-3'
	CF20-R	5'-Biotin-CTACCTGTGGTATCACTCC-3'
N1303K	CF21-F	5'-Biotin-GGTAAGTACATGGGTGTTTC-3'
	CF21-R	5'-Biotin-CAAAGTACCTGTGCTCCA-3'

یافته‌ها

فنوتیپ بیماران

حاد یا مداوم و اختلال رشد را نشان می‌دهند. شش بیمار مدفوع غیرطبیعی و چهار بیمار ایلئوس مکنونیوم داشتند. سایر اختلالات مانند بیماری کبدی، ادم و هایپروپروتئینمی، پرولاپس رکتوم و دیابت ملیتوس با فراوانی کمتر (یک یا دو مورد) در این بیماران مشاهده شد.

W1282X-N	G542X-N	R347P-N	ΔF508-N	N1303K-N
W1282X-MUT	G542X-MUT	R347P-MUT	ΔF508-MUT	N1303K-MUT



شکل ۱: نتایج آزمایش reverse dot blot برای برخی بیماران مبتلا به فیروز کیستی

با مقایسه نوارهای بیماران فوق با دیاگرام بالای صفحه مشاهده می‌شود که برای بیمار شماره ۱۰ دورگه‌گیری تنها با پروب‌های طبیعی انجام گرفته است و در نتیجه این فرد واجد آلل‌های طبیعی و فاقد جهش در جایگاه‌های بررسی شده است. برای بیمار شماره ۹ دورگه‌گیری با پروب طبیعی ΔF508 صورت نگرفته است، اما با پروب جهش‌یافته ΔF508 و سایر پروب‌های طبیعی صورت گرفته است. این بیمار در جایگاه ΔF508 دارای دو آلل جهش یافته و در نتیجه هموزیگوت برای جهش ΔF508 است. برای بیمار شماره ۱۳ دورگه‌گیری با هر دو پروب طبیعی و جهش‌یافته در جایگاه ΔF508 صورت گرفته است و در نتیجه این بیمار هتروزیگوت مرکب برای آلل ΔF508 است.

جدول ۳: فنوتیپ هفت بیمار دارای آلل جهش‌یافته ΔF508

تعداد موارد درگیری	علائم بالینی
۷	علائم تنفسی حاد یا مداوم
۷	اختلال رشد
۶	مدفوع غیر طبیعی
۴	ایلئوس مکنونیوم
۲	بیماری کبدی
۲	ادم و هایپروپروتئینمی
۱	پرولاپس رکتوم
۱	دیابت ملیتوس

در این مطالعه ۳۰ بیمار (حامل جمعاً ۶۰ آلل جهش‌یافته) که به ۳۰ خانواده غیرخویشاوند تعلق داشت، بررسی شد. از این ۳۰ بیمار ۱۷ نفر مذکر و ۱۳ نفر مونث بودند که بین ۱/۵ ماه تا ۱۱ سال سن داشتند. همه خانواده‌ها اهل استان مازندران بودند. ۵۰ درصد از بیماران حاصل ازدواج فامیلی بودند که درجه خویشاوندی بین والدین آنها اکثراً درجه ۳ بود. همه بیماران علائم تنفسی حاد یا مداوم داشتند. اکثر آنان اختلال در رشد و سوء تغذیه (۲۶ بیمار) و مدفوع غیرطبیعی (۲۵ بیمار) داشتند.

تعیین ژنوتیپ

همه بیماران برای پنج جایگاه جهش R347H، ΔF508، W1282X، G542X و N1303K مورد مطالعه قرار گرفتند.

تنها جهش در جایگاه ΔF508 مشاهده شد و چهار جایگاه دیگر در هیچ یک از بیماران مشاهده نشد. جهش ΔF508، ۲۱/۶ درصد از آلل‌ها (۱۳ آلل) را تشکیل می‌داد. شش بیمار از نظر وجود آلل جهش‌یافته ΔF508 هموزیگوت بودند و یک بیمار هتروزیگوت مرکب (Compound Heterozygote) بود که یک آلل ΔF508 برای او یافت شد و آلل دیگر وی ناشناخته ماند. شکل یک نتیجه آزمایش reverse dot blot برای سه بیمار نشان می‌دهد. بیمار شماره ۱۰ فاقد جهش در جایگاه‌های مورد مطالعه می‌باشد. بیمار شماره ۹ در جایگاه ΔF508 دارای دو آلل جهش یافته و در نتیجه هموزیگوت برای جهش ΔF508 است. بیمار شماره ۱۳ هتروزیگوت مرکب برای جایگاه ΔF508 است.

رابطه ژنوتیپ - فنوتیپ

جدول ۳ فنوتیپ هفت بیماری که دارای جهش در جایگاه ΔF508 بودند را نشان می‌دهد. همه این بیماران علائم تنفسی

جدول ۴: مقایسه فراوانی جهش‌های $\Delta F508$ ، $W1282X$ ، $N1303K$ ، $G542X$ و $R347H$ در اروپا و شمال آفریقا با ایران و برخی کشورهای همسایه

منبع	نوع جهش					ناحیه یا کشور
	R347H	G542X	N1303K	W1282X	$\Delta F508$	
۲۳	۰/۸-۳/۶	۲/۶	۱/۶	۱	۶۶/۸	اروپا و شمال آفریقا
۲۴ و ۲۳ و ۱۸	۳-۳/۶	۲/۶-۴/۹	۲/۹-۳/۷	گزارش نشده	۲۴/۵-۲۷	ترکیه
۳۰ و ۲۹	گزارش نشده	گزارش نشده	۲	گزارش نشده	۱۳	عربستان
۲۸	گزارش نشده	گزارش نشده	گزارش نشده	گزارش نشده	۱۹	هند
۱۳-۱۶	۱/۶-۳/۶	۱/۶-۳/۶	۴/۳-۵/۵	۰-۴	۱۶-۱۷/۸	ایران
مطالعه حاضر	۰	۰	۰	۰	۲۱/۶	مازندران

بحث

(۴ درصد) را داشت (۱۳) و در مطالعه‌ای دیگر در هیچ‌یک از ۷۰ کروموزوم مورد مطالعه یافت نشد (۱۶). این جهش در کشورهای همسایه گزارش شده است (۱۱). جهش N1303K در اکثر کشورهای غربی و مدیترانه به خصوص در تونس که حدود ۱۷/۲ درصد از آلل‌های فیروز کیستی را تشکیل می‌دهد، یافت شده است (۱۱ و ۲۳ و ۲۸). این جهش در مطالعات قبلی در ایران در حدود ۴/۳ تا ۵/۵ درصد گزارش شده بود (۱۶ و ۱۴) و در ترکیه ۳/۷ درصد از آلل‌ها را تشکیل می‌داد (۱۸). جهش G542X بین ۱/۶ تا ۳/۶ درصد از آلل‌ها را در مطالعات مختلف در ایران تشکیل می‌داد (۱۶-۱۳) و در کشورهای همسایه از جمله ترکیه نیز گزارش شده است (۱۱). جهش R347H اگرچه تاکنون تنها یک‌بار در ایران گزارش شده است (۱۳)، با توجه به برخی مطالعات در منطقه که این جهش را گزارش کرده بودند، انتخاب شد (۱۸). در این مطالعه تنها جهش $\Delta F508$ در میان بیماران فیروز کیستی یافت شد که در ۲۱/۶۶ درصد از کروموزم‌های مبتلایان (۱۳ آلل) وجود داشت. این فراوانی بسیار کمتر از جمعیت‌های اروپایی (۶۰ درصد) بود، اما قابل مقایسه با چندین کشور غرب آسیا و شمال آفریقا (الجزیره ۲۰ درصد، لبنان ۳۷ درصد، تونس ۱۸ درصد، پاکستانی مقیم انگلیس ۱۹ درصد، ترکیه ۲۴ درصد، هند ۱۹ درصد و عربستان سعودی ۱۳ درصد) می‌باشد. فراوانی $\Delta F508$ در ایران و عربستان سعودی از کمترین مقادیر گزارش شده در میان کشورها است (۱۱ و ۲۳ و ۲۷-۲۵ و ۲۹ و ۳۰). با توجه به حجم نمونه مورد مطالعه، عدم حضور چهار جهش دیگر در صورتی که فراوانی این جهش‌ها نسبتاً کم باشد، توجیه‌پذیر است.

پنج جهش شایع ژن CFTR در ۳۰ بیمار فیروز کیستی غیرخویشاوند ساکن استان مازندران شامل ۱۳ پسر و ۱۷ دختر ۱/۵ ماهه تا ۱۱ سال که همگی علائم تنفسی حاد یا مداوم و اختلال در رشد را نشان می‌دادند، با استفاده از روش Reverse Dot Blot بررسی شدند. جهش $\Delta F508$ با فراوانی ۲۱/۶ درصد (۱۳ آلل) در این بیماران مشاهده شد که ۱۲ آلل به صورت هموزیگوت و یک آلل به صورت هتروزیگوت مرکب ظاهر شدند. سایر جهش‌ها شامل W1282X، N1303K، G542X و R347H در این بیماران مشاهده نشد. این جهش‌ها در اکثر کشورهای جهان (۱۱ و ۱۲) در کشورهای همسایه ایران (۱۸ و ۲۷-۲۳) و در سایر نقاط ایران (۱۶-۱۳) گزارش شده‌اند. جدول ۴ فراوانی این جهش‌ها را در اروپا و آفریقا، برخی کشورهای همسایه ایران، مطالعات قبلی در ایران و این مطالعه نشان می‌دهد.

یک مطالعه وسیع روی ۲۷۱۷۷ کروموزم فیروز کیستی از ۲۹ کشور اروپایی و سه کشور شمالی آفریقا نشان داد که شایع‌ترین جهش‌ها شامل $\Delta F508$ (۶۶/۸ درصد)، G542X (۲/۶ درصد)، N1303K (۱/۶ درصد)، G551D (۱/۵ درصد) و W1282X (یک درصد) بوده است (۲۳). $\Delta F508$ که در اولین مطالعه فیروز کیستی در ایران بیشترین فراوانی (۱۶/۲ درصد) را داشته است، در یک مطالعه در ترکیه از فراوانی ۲۷ درصدی برخوردار بوده است (۲۴). این جهش در همه نژادها حاضر اما با فراوانی‌های متفاوت گزارش شده است. جهش W1282X که در کشورهای مدیترانه‌ای و شمال آفریقا گزارش گردید (۲۳)، در یک مطالعه در ایران دومین فراوانی

نماید. این مطالعه اولین مطالعه در ایران است که در آن از روش Reverse Dot Blot برای غربالگری هم‌زمان چندین جهش در بیماران فیروز کیستی استفاده شد. با توجه به گستردگی طیف جهش‌ها در ایران، این روش می‌تواند در مرحله بعدی برای غربالگری تعداد بیشتری جهش در استان مازندران مورد استفاده قرار گیرد.

نتیجه‌گیری

یافته‌های این مطالعه و سایر مطالعات در ایران می‌تواند گویای ناهمگونی بالای جهش‌های ژن CFTR در ایران و استان مازندران باشد. با توجه به میزان نسبتاً پایین جهش‌های قابل تشخیص در این استان و نیز تنوع علایم بیماری، لازم است تا مطالعات گسترده‌تری برای تشخیص مولکولی و ثبت فنوتیپ‌های مرتبط با آن انجام گیرد.

تشکر و قدردانی

این مقاله حاصل پایان‌نامه دوره پزشکی عمومی آقای علی قابلی جویباری بود. نویسندگان از کلیه بیماران و والدین آنها که امکان انجام این مطالعه بدون رضایت و همکاری آنها مقدور نبود، کمال تشکر را دارند.

References

- 1) Welsh MJ, Tsui L, Boat TF, Beaudet AL. Cystic fibrosis. In: Scriver CR, Beaudet AL, Sly WS, Valle D. (eds). *The Metabolic and Molecular Bases of Inherited Disease*. 7th. New York. McGraw-Hill. 1995; pp:3799-3876.
- 2) Cutting GR. Cystic fibrosis. In: Rimoin DL, Connor JM, Pyeritz RD. (eds). *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*. London. Churchill-Livingston. 1997; pp: 2685-2717.
- 3) Scotet V, Gillet D, Duguéproux I, Audrézet MP, Bellis G, Garnier B, et al. Spatial and temporal distribution of cystic fibrosis and of its mutations in Brittany, France: a retrospective study from 1960. *Hum Genet*. 2002;111(3):247-54.
- 4) Welsh MJ, Fick RB. Cystic fibrosis. *J Clin Invest*. 1987; 80(6): 1523-1526.
- 5) Rowe SM, Miller S, Sorscher EJ. Mechanisms of disease cystic fibrosis. *N Engl J Med*. 2005; 352(19): 1992-2001.
- 6) Cystic Fibrosis Foundation. Patient registry annual data report 2003. Bethesda MD: Cystic Fibrosis Foundation; 2003.
- 7) Kerem B, Rommens JM, Buchanan JA, Markiewicz D, Cox TK, Chakravarti A, et al. Identification of the cystic fibrosis gene: genetic analysis. *Science*. 1989;245(4922):1073-80.
- 8) [No authors listed]. Gradient of distribution in Europe of the major CF mutation and of its associated haplotype. *European*

همه بیماران علایم تنفسی حاد یا مداوم و بیش از ۸۰ درصد آنان اختلال در رشد، سوء تغذیه و مدفوع غیرطبیعی داشتند. تنها ۲۳/۳ درصد بیماران (۷ نفر) ایلئوس مکنونیوم و انسداد گوارشی داشتند که اکثر آنان (۴ نفر) دارای جهش ΔF508 به صورت هموزیگوت بودند. خطر بالای ابتلا به ایلئوس مکنونیوم در افراد دارای جهش ΔF508 در چندین مطالعه دیگر گزارش شده است (۳۲-۳۰). بیماری کبدی واضح که حدود ۲ تا ۳ درصد از کودکان و ۵ درصد از بالغین را درگیر می‌کند، در ۲۵ درصد از بیماران فیروز کیستی رخ می‌دهد (۳۳). در این مطالعه ۴ کودک (۱۳/۳ درصد) دچار بیماری کبدی بودند که دو نفر از آنها برای جهش ΔF508 هموزیگوت بودند.

بررسی‌های اخیر جهش‌های ژن CFTR در ایران حاکی از تنوع زیاد جهش‌ها در ایران است. به طوری که در یک مطالعه برای ۶۴ کروموزوم، در مجموع ۲۰ جهش متفاوت مشاهده شد (۱۶). با توجه به ناهمگونی جمعیت در شهرستان‌های استان مازندران و نیز تنوع علایم بیماری، شناخت اپیدمیولوژی ملکولی بیماری فیروز کیستی در این استان می‌تواند، کمک شایانی به تشخیص بالینی، مشاوره و تشخیص پیش از تولد

- Working Group on CF Genetics (EWGCFG). *Hum Genet*. 1990; 85(4):436-45.
- 9) Gibson RL, Burns JL, Ramsey BW. Pathophysiology and management of pulmonary infections in cystic fibrosis. *Am J Respir Crit Care Med*. 2003;168(8):918-51.
 - 10) Ratjen F, Döring G. Cystic fibrosis. *Lancet*. 2003; 61(9358):681-9.
 - 11) Bobadilla JL, Macek M Jr, Fine JP, Farrell PM. Cystic fibrosis: a worldwide analysis of CFTR mutations--correlation with incidence data and application to screening. *Hum Mutat*. 2002; 19(6):575-606.
 - 12) Lao O, Andrés AM, Mateu E, Bertranpetit J, Calafell F. Spatial patterns of cystic fibrosis mutation spectra in European populations. *Eur J Hum Genet*. 2003;11(5):385-94.
 - 13) Jalalirad M, Houshmand M, Mirfakhraie R, Goharbari MH, Mirzajani F. First study of CF mutations in the CFTR gene of Iranian patients: detection of DeltaF508, G542X, W1282X, A120T, R117H, and R347H mutations. *J Trop Pediatr*. 2004; 50(6):359-61.
 - 14) Naghizadeh R, Elahi E. Determination of the frequency of the ΔF508 mutation amongst Iranian cystic fibrosis patients and the detection of carriers of this mutation using the ARMS-PCR protocol. *Med J Islam Repub Iran*. 1999; 16:278-286.

- 15) Elahi E, Khodadad A, Kupershmidt I, Ghasemi F, Alinasab B, Naghizadeh R, et al. A haplotype framework for cystic fibrosis mutations in Iran. *J Mol Diagn*. 2006;8(1):119-27.
- 16) Alibakhshi R, Zamani M. Mutation analysis of CFTR gene in 70 Iranian cystic fibrosis patients. *Iran J Allergy Asthma Immunol*. 2006;5(1):3-8.
- 17) Ashavaid TF, Kondkar AA, Dherai AJ, Raghavan R, Udani SV, Udwardia ZF, et al. Application of multiplex ARMS and SSCP/HD analysis in molecular diagnosis of cystic fibrosis in Indian patients. *Mol Diagn*. 2005;9(2):59-66.
- 18) Yilmaz E, Erdem H, Ozgüç M, Coşkun T, Özçelik U, Göçmen A, Ozalp I. Study of 12 mutations in Turkish cystic fibrosis patients. *Hum Hered*. 1995;45(3):175-7.
- 19) Kanavakis E, Tzetzis M, Antoniadis T, Traeger-Synodinos J, Doudounakis S, Adam G, et al. Mutation analysis of ten exons of the CFTR gene in Greek cystic fibrosis patients: characterization of 74.5% of CF alleles including one novel mutation. *Hum Genet*. 1995;96(3):364-6.
- 20) Kambouris M, Banjar H, Moghari I, Nazer H, Al-Hamed M, Meyer BF. Identification of novel mutations in Arabs with cystic fibrosis and their impact on the cystic fibrosis transmembrane regulator mutation detection rate in Arab populations. *Eur J Pediatr*. 2000;159(5):303-9.
- 21) Eskandarani HA. Cystic fibrosis transmembrane regulator gene mutations in Bahrain. *J Trop Pediatr*. 2002;48(6):348-50.
- 22) Chehab FF, Wall J. Detection of multiple cystic fibrosis mutations by reverse dot blot hybridization: a technology for carrier screening. *Hum Genet*. 1992;89(2):163-8.
- 23) Estivill X, Bancells C, Ramos C. Geographic distribution and regional origin of 272 cystic fibrosis mutations in European populations. The Biomed CF Mutation Analysis Consortium. *Hum Mutat*. 1997;10(2):135-54.
- 24) Hundrieser J, Bremer S, Peinemann F, Stuhmann M, Hoffknecht N, Wulf B, et al. Frequency of the F508 deletion in the CFTR gene in Turkish cystic fibrosis patients. *Hum Genet*. 1990; 85(4):409-10.
- 25) Kabra SK, Kabra M, Lodha R, Shastri S, Ghosh M, Pandey RM, et al. Clinical profile and frequency of delta f508 mutation in Indian children with cystic fibrosis. *Indian Pediatr*. 2003; 40(7):612-9.
- 26) Banjar H, Kambouris M, Meyer BF, al-Mehaidib A, Moghari I. Geographic distribution of cystic fibrosis transmembrane regulator gene mutations in Saudi Arabia. *Ann Trop Paediatr*. 1999; 19(1):69-73.
- 27) Banjar H. Geographic distribution of cystic fibrosis transmembrane regulator gene mutations in Saudi Arabia. *East Mediterr Health J*. 1999; 5(6):1230-5.
- 28) Messaoud T, Bel Haj Fredj S, Bibi A, Elion J, Férec C, Fattoum S. [Molecular epidemiology of cystic fibrosis in Tunisia.] *Ann Biol Clin (Paris)*. 2005;63(6):627-30. [Article in French]
- 29) Kilinç MO, Ninis VN, Dağlı E, Demirkol M, Ozkinay F, Arıkan Z, et al. Highest heterogeneity for cystic fibrosis: 36 mutations account for 75% of all CF chromosomes in Turkish patients. *Am J Med Genet*. 2002;113(3):250-7.
- 30) Desgeorges M, Mégarbané A, Guittard C, Carles S, Loiselet J, Demaille J, et al. Cystic fibrosis in Lebanon: distribution of CFTR mutations among Arab communities. *Hum Genet*. 1997; 100(2):279-83.
- 31) Navarro H, Kolbach M, Repetto G, Guiraldes E, Harris P, Foradori A, et al. [Correlation between phenotype and genotype in a group of patients with cystic fibrosis.] *Rev Med Chil*. 2002; 130(5):475-81. [Article in Spanish]
- 32) Feingold J, Guillaud-Bataille M. Genetic comparisons of patients with cystic fibrosis with or without meconium ileus. Clinical Centers of the French CF Registry. *Ann Genet*. 1999; 42(3):147-50.
- 33) Akata D, Akhan O. Liver manifestations of cystic fibrosis. *Eur J Radiol*. 2007;61(1):11-7.