

تعیین توالی ژن و پروتئین سطحی (Surface) ویروس هپاتیت B قبل و بعد از درمان با واکسن در بیماران مبتلا به هپاتیت B مزمن

مریم دارم^۱، دکتر رضا ملک‌زاده^۲، دکتر قدرت‌اله منتظری^۲، دکتر سید مؤید علویان^۳، دکتر شهرام میرمؤمن^۴، زهرا گودرزی^۵، هادی کریم‌زاده^۱، دکتر سید محمد جزایری^۶

^۱ پژوهشگر، بخش ویروس‌شناسی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران

^۲ استاد، مرکز تحقیقات بیماریهای گوارش و کبد بیمارستان شریعتی

^۳ استاد، دانشگاه علوم پزشکی بقیه‌الله (عج)

^۴ پژوهشگر، دانشگاه علوم پزشکی تهران

^۵ پژوهشگر، مرکز تحقیقات بیماریهای کبد و گوارش، دانشگاه علوم پزشکی بقیه‌الله (عج)

^۶ استادیار، بخش ویروس‌شناسی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران

چکیده

زمینه و هدف

عفونت HBV یک مشکل بزرگ بهداشت جهانی در حال حاضر است و علی‌رغم وجود یک واکسن مؤثر، بیش از ۳۷۰ میلیون انسان در دنیا به عفونت مزمن با هپاتیت B مبتلا می‌باشند. اگرچه در برخی افراد ناقل مزمن، روش واکسن درمانی کاربرد دارد، غالباً این گونه بیماران نمی‌توانند به تحریک ایمنی ناشی از این واکسن پاسخ دهند و بعضاً موتاسیونهای ایجادشده در سوشهای مقاوم به واکسن در اپی‌توپ‌های ایمنی پروتئین سطحی ویروس (HBsAg) رخ می‌دهد.

روش بررسی

برای ۱۹ بیمار ناقل مزمن غیرفعال HBsAg، که در سرم آنها HBV DNA قابل تشخیص بود، ۳ تزریق استاندارد واکسن هپاتیت B به فاصله ۱ ماه انجام شد. روی ۲ نمونه از هر بیمار، یکی قبل از تزریق واکسن نوبت اول و دیگری پس از تزریق واکسن سوم (جمعاً ۳۸ نمونه)، Nested-PCR برای ژن سطحی با پرایمرهای اختصاصی انجام شد و بعد از تعیین توالی محصولات PCR، موتاسیون‌های موجود در این قطعه در مقایسه با سوشهای ایرانی و Database مشخص شد.

یافته‌ها

تعیین توالی نمونه‌ها نشان‌دهنده تعدادی موتاسیون تغییردهنده اسید آمینه و تعدادی mutation silent در خارج از ناحیه "a" determinant است و بیشتر موتاسیون‌ها در اسیدهای آمینه نواحی ۲۱۵-۲۰۵ تجمع داشتند. از تعداد کل موتاسیون‌های منجر به تغییر اسید آمینه (۹۲ عدد)، تعداد ۵۱ عدد (۵۵/۴٪) در اپی‌توپ‌های ایمنی به وقوع پیوسته بود، که شامل: ۵ عدد در اپی‌توپ B (۵/۴٪)، ۲۱ عدد در اپی‌توپ Th (۲۲/۸٪) و ۲۵ عدد در اپی‌توپ CTL (۲۷/۲٪) بودند. توزیع موتاسیونی به سه دسته بود: در ۳ نمونه تعداد موتاسیون‌ها بعد از درمان افزایش یافت، در ۶ نمونه کاهش پیدا کرد و در ۷ نمونه تفاوتی بین قبل و بعد از درمان دیده نشد.

نتیجه‌گیری

با توجه به نتایج به‌دست‌آمده، موتاسیون‌های بررسی‌شده در این پژوهش، خارج از ناحیه "a" determinant قرار گرفته‌اند. موتاسیون‌های ناحیه اپی‌توپ‌های ایمنی سلول‌های Th و CTL می‌توانند از نوع فرار ایمنی باشند و دلیلی بر عدم پاسخ دریافت‌کنندگان واکسن به آن در نظر گرفته شوند.

کلید واژه: هپاتیت B، HBsAg، واکسن HBV، اپی‌توپ‌های ایمنی

گوارش / دوره ۱۲، شماره ۴، زمستان ۱۳۸۶، ۲۲۹-۲۳۴

زمینه و هدف

ویروس هپاتیت B یک ویروس DNA دار است که یک سوم مردم دنیا به آن آلوده شده‌اند. سازمان بهداشت جهانی ۱ تا ۲ میلیون مرگ در سال را بر اثر هپاتیت برآورد کرده است. حدود ۳۷۰ میلیون نفر در دنیا ناقل

نویسنده مسئول: تهران، دانشگاه علوم پزشکی تهران، دانشکده

بهداشت، بخش ویروس‌شناسی

تلفن: ۸۸۹۶۲۳۴۳۳، شماره: ۸۸۹۵۴۹۱۳

E-mail: jazayerism@tums.ac.ir

تعبین توالی ژن و پروتئین سطحی HBV

کتبی دریافت شد. به ۳ بیمار واکسن پلاسبو به عنوان کنترل تزریق شد. واکسن پلاسبو حاوی تمام مواد موجود در واکسن به جز آنتی ژن ویروس است و از سوی کمپانی سازنده تأمین شده است. در نمونه های M واکسن نو ترکیب Engrix-B ساخت شرکت GSK بلژیک و در نمونه های S واکسن Heberbiovac ساخت شرکت Heberbiotec کوبا مورد استفاده قرار گرفت.

روی نمونه خونی که قبل از تزریق واکسن و ۱ و ۶ ماه پس از تزریق اولین دوز آن گرفته شد، آزمایشهای سرولوژی مارکهای هپاتیت با کیت DIAPLUS و به وسیله دستگاه الایزایدر STAT FAX مدل ۲۱۰۰ انجام شد. در ۸ نفر از بیماران (۳ نفر آنها واکسن پلاسبو گرفته بودند) مرحله قبل از شروع درمان (نوبت اول) از بیوپسی کبد که توسط پزشک انجام شده بود، استفاده گردید، از ۲۸ بیمار، ۹ نفر به علت اینکه در PCR آنها ژنوم ویروس به دست نیامد، از تحقیق کنار گذاشته شدند. سپس در کل، روی ۲ نمونه (قبل و بعد از درمان) از هر ۱۹ بیمار مراحل بعدی تحقیق انجام شد. در ۸ نمونه به علت عدم دسترسی به نمونه سرم قبل از درمان، از بیوپسی کبد برای استخراج DNA ویروس استفاده شد. در این تحقیق معیار پاسخ به درمان محو شدن HBs Ag در سرم بیمار و تولید anti HBs و یا عدم یافتن HBV DNA در سرم در نظر گرفته شد.

استخراج DNA از نمونه خون و بافت

استخراج DNA از نمونه های خونی بر اساس پروتکل شرکت Germany-Hilden Qiagen GmbH توسط کیت blood Mini kit انجام شد. برای نمونه های بافت قبل از انجام استخراج، برشهای نازک از بافت تهیه شد. سپس پارافین آن توسط xylene و الکل طی مراحل خاصی حذف شد و در نهایت هضم بافت با بافر با ترکیبات زیر صورت پذیرفت: Tris 1.25gr; EDTA 0.0075 gr; Tween 20 (0.5%) 1 ml, DW 200ml). سپس از محصول حاصل از هضم بافت، مانند روش به کاررفته برای سرم توسط کیت کبازن (در بالا اشاره شد)، DNA استخراج شد. برای اطمینان از استخراج DNA از بافت، β -Globin PCR با پرایمرهای PCO_3/PCO_4 که قطعه با توالی ۱۱۰bp را تکثیر می کرد، گذاشته شد.

PCO3 : 5'-ACACAACCTGTGTTCACTAGC-3
PCO4 : 5'-CAACTTCATCCACGTTCCACC-3'

نمونه های مثبت برای β -Globin برای انجام Nested-PCR انتخاب شدند.

انجام Nested-PCR

برای تمامی نمونه ها Nested-PCR با پرایمرهای ناحیه آنتی ژنی سطحی شامل: (S_1, S_2) External و (S_6, S_7) Internal توسط کیت

مزمین این ویروس می باشند. تکثیر طولانی مدت ویروس منجر به بیماری کبدی و سیروز در ۲۵٪ ناقلین و سرانجام کارسینوم هپاتوسلولر می شود. (۱)

درمانهای ضد ویروسی، مثل اینترفرون α و آنالوگهای نوکلئوزیدی، مثل لامیوودین اثرات ضد ویروسی بالایی را نشان می دهند؛ اما موتاسیونهایی با بازگشت مجدد تکثیر HBV در ژنوم ویروس، به دنبال مصرف داروهای گروه اخیر، دیده شده است. (۲)

به همین دلیل روشهای خاصی نیز برای درمان HBV مدنظر قرار گرفته اند که شامل ایمونوتراپی با استفاده از واکسن های نو ترکیب پروتئین غشایی می باشند و با تحریک ایمنی میزبان در طول این نوع درمان، باعث ایجاد فشار مضاعف روی ویروس می شوند. (۳)، در موفقیت این استراتژی، وجود موتانت های جدید از ویروس هپاتیت B، که در اسیدهای آمینه پروتئین سطحی (HBsAg) تغییراتی را ایجاد کرده اند، چالشی به وجود آورده است که ممکن است منجر به کاهش یا حتی مانع از اتصال آنتی بادی القاشده توسط واکسن به آنتی ژن شود؛ از این موارد به عنوان فرار ایمنی (escape mutant) یاد می شود.

آنتی ژن سطحی HBV (HBsAg)، هدف اصلی پاسخ ایمنی همورال و سلولی بر علیه HBV است و ناحیه "a" determinant که در منطقه MHR هدف مهمی برای پاسخ ایمنی همورال است، شکل ساختمانی خاص دارد که از دو لوپ توسط باندهای دی سولفیدی بین اسیدهای آمینه سیستئین ایجاد شده به وجود می آید و بر سطح ویروس قرار می گیرد. (۴)

مطالعات اخیر نشان داده است که تغییر پذیری آنتی ژن سطحی ویروس بسیار بیشتر از حد تصور است و تغییرات اسیدهای آمینه در تمام طول مولکول پراکنده می باشند. پس، امروزه بررسی دقیقتر آنتی ژن S در بیماران مبتلا به عفونت مزمن که تحت درمان با واکسن قرار گرفته اند، ضروری است تا وقوع هرگونه تغییر و جهش در این ویروسها و نقش آن در پیامد بالینی درمان شناسایی شود.

روش بررسی

بیماران

۲۸ نفر از کسانی که ناقل هپاتیت B مزمن غیرفعال و از نظر HDV و HBeAg منفی بودند، انتخاب شدند. آزمونهای کبدی در تمامی بیماران نرمال بود.

آزمون کلینیکی اثر واکسن در درمان هپاتیت مزمن (واکسن حاوی قطعه S) با در نظر گرفتن کلیه موارد اخلاقی، در بخش کبد و گوارش بیمارستان شریعتی (گروه M) و بیمارستان امام خمینی تهران (گروه S)، بر روی آنها در حال انجام بود. توالی آنتی ژن سطحی ویروس هپاتیت B، قبل و بعد از درمان بیماران تعیین شد و از ایشان رضایت نامه

دکتر دارم و همکاران

سال ۱۹۸۸ بوده که با شماره AB033559 در بانک اطلاعاتی موجود است.

یافته‌ها

پیگیریهایی به عمل آمده شامل آزمونهای بیوشیمی کبدی، سرولوژی و سطح ویروسی سرم، نشان دهنده عدم پاسخگویی بیماران به درمان بوده است. در این پژوهش، برای تمام ۳۸ ویروس هپاتیت B به دست آمده از بیماران، با مقایسه توالی‌ها بر اساس جداول مربوط جهت یافتن ژنوتیپ و ساب‌تیپ ویروس هپاتیت B در پروتئین سطحی (Norder 1992)، تعیین ساب‌تیپ d/y، r/w در موقعیت ۱۲۲ و ۱۶۰ صورت پذیرفت که ژنوتیپ و ساب‌تیپ تمامی نمونه‌های ویروس از نوع D و ayw2 تشخیص داده شد.

توالی ژن S با ژنوتیپ‌های D مرجع (Wild type) که شامل ژنوتیپ D جدا شده توسط Okamoto در سال ۱۹۸۸ با شماره AB033559 و ژنوتیپ D جدا شده از ایران از توالی‌های موجود در آزمایشگاه هپاتیت B - بخش ویروس‌شناسی دانشکده بهداشت بود، مقایسه گردید. در نتیجه مقایسه ناحیه S با ژنوتیپ D Okamoto، ۳۱۰ موتاسیون نقطه‌ای (Point mutation) در قبل و بعد از درمان با واکسن مشاهده گردید و در گروه کنترل نیز ۴۶ موتاسیون نقطه‌ای دیده شد. نتایج به دست آمده در سطح اسید آمینه شامل ۹۲ موتاسیون Missense (۲۹/۶٪) و ۲۱۸ موتاسیون Silent (۷۰/۳٪) در بیمارانی بود که واکسن درمانی شده بودند. در گروه کنترل ۹ موتاسیون Missense (۱۹/۵٪) و ۳۷ موتاسیون Silent (۸۰/۴٪) دیده شد. این نتایج در جدول ۲ نمایش داده شده‌اند.

پس از بررسی توزیع موتاسیون‌ها در سطح نوکلئوتید و اسید آمینه، مشخص شد که این موتاسیون‌ها در اپی‌توپ‌های مختلف ایمنی شامل B، Th، CTL در سراسر پروتئین سطحی تجمع یافته‌اند و توزیع تغییرات اسید آمینه در ناحیه بین ۲۰۹-۱۸۳ در ۱۲ نمونه، بیانگر بروز موتاسیون به صورت Hot Spot در اپی‌توپ در بیماران گروه M بوده است که در جدول ۳ نمایش داده شده است. تغییرات Missense در کل اپی‌توپ‌های ایمنی در ۶ مورد کاهش و در ۳ مورد افزایش یافته است و در ۷ مورد بدون تغییر بوده است. در نمونه‌های کنترل، به دلیل استفاده از واکسن پلاسبو در صورت داشتن موتاسیون، نمی‌توان آن را به واکسن مورد استفاده در درمان نسبت داد. همچنین نمونه S18 فاقد هرگونه موتاسیون در ناحیه اپی‌توپ‌های ایمنی بود و در نمونه‌های کنترل (3 و Con-2) نیز موتاسیونی دیده نشد و در نمونه Con-1 تعداد موتاسیون‌ها کاهش پیدا کرده بود.

Germany-Hilden Qiagen GmbH شرکت Taq DNA Polymerase انجام شد، همچنین از کیت Hot star Taq همان شرکت به دلیل حساسیت بالا برای مواد استخراجی از بافت استفاده گردید. برای نمونه‌های خون، ۹۵µl از Master mix همراه ۵µl از DNA استخراج شده ترکیب و مرحله اول PCR انجام شد. سپس ۱µl محصول راند اول همراه ۹۹µl از Master mix برای مرحله دوم استفاده گردید. برای نمونه‌های بافت ۴۵µl از Master mix به ۵µl از DNA استخراج شده از بافت برای مرحله اول PCR استفاده شد و سپس ۱µl محصول راند اول همراه ۴۹µl از Master mix برای مرحله دوم استفاده شد. آغاز PCR با Initiation denaturation در دمای ۹۴°C به مدت ۲ دقیقه انجام شد و سپس در ۵ سیکل اول دمای denaturation، ۹۴°C به مدت ۱ دقیقه و دمای annealing، ۵۰°C به مدت ۱ دقیقه و دمای extension، ۷۲°C به مدت ۱ دقیقه و ۳۰ ثانیه و در ۳۵ سیکل بعدی دمای denaturation، ۹۰°C به کار گرفته شد و سایر موارد مانند سیکل قبل بود و در پایان مرحله Final extension دمای ۷۲°C به مدت ۱۰ دقیقه استفاده شد. راند دوم PCR ۵ سیکل اول مشابه بالا و سیکل دوم ۲۵ دور با دماهای مشابه انجام شد. PCR با کیت Hot star Taq دمای Initiation activation، ۹۵°C و به مدت ۱۴ دقیقه استفاده شد و بقیه موارد مشابه بالا انجام گردید. توالی و اندازه پرایمرها در جدول ۱ نمایش داده شده است.

جدول ۱: توالی و اندازه پرایمرهای ژن سطحی هپاتیت B

Primer	Gene	Seq 5' to 3'	Base
S1	Surface	5'-CCTGCTGGTGGCTCCAGTTC-3'	20
S2	Surface	5'-CCACAATTCKTTGACATACTTTCCA-3'	25
S6	Surface	5'-GCACACGGAATCCGAGGACTGGGGACCCCTG-3'	31
S7	Surface	5'-GACACCAAGCTTGGTTAGGGTTAAATGTATACC-3'	34

محصول راند دوم PCR بر روی ژل الکتروفورز ۱٪ منتقل گردید و نمونه‌های مثبت برای تعیین توالی به آزمایشگاه مولکولی بخش کبد و گوارش بیمارستان طالقانی تهران ارسال شد و توسط دستگاه ABI Sequencer مدل 3130XL، به صورت دوطرفه توالی نوکلئوتیدی آنها مشخص شد. دو نمودار Forward و Reverse توالی‌های به دست آمده توسط نرم‌افزار Chromas با هم مقایسه شدند و توالی S به طول ۶۷۸ نوکلئوتید به نرم‌افزار BioEdit مدل 7.0.5.3 منتقل و تجزیه و تحلیل شد. موتاسیون‌های موجود در این قطعه در مقایسه با سوش ایرانی و International Database مشخص شدند. رفرانس سوش‌های ایرانی در آزمایشگاه هپاتیت B دانشکده بهداشت دانشگاه تهران بر اساس بیشترین تشابه بین ژنوم تمام سوش‌های موجود در بانک اطلاعاتی انتخاب شد. نمونه رفرانس database، نمونه هپاتیت B Okamoto در

جدول ۲: تغییرات اسیدهای آمینه قبل و بعد از درمان با واکسن در بیماران مبتلا به هیپاتیت B مزمن

Strain name	4	20	21	26	36	40	42	44	45	49	54	70	78	87	101	109	110	143	183	186	187	188	189	190	193	196	200	204	206	207	208	209	216		
Wild type	I	F	L	L	W	N	L	G	F	L	Q	A	R	L	Q	L	I	S	F	L	S	P	T	V	S	W	Y	S	Y	S	I	L	L		
M1a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
M1b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
M2a	-	-	-	-	R	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
M2b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
M3a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
M3b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
M4a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
M4b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	L	-	-	-	F	-	-	-	-	-	
M5a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	C	-	-	-	-	-	-	F	-	-	-	-	-	-	-	V	
M5b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	C	-	-	-	-	-	-	F	-	-	-	-	-	-	-	V	
M6a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	N	-	-	-	-	
M6b	-	-	-	-	SC	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
M7a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
M7b	V	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	K	C	T	-	-	-	-	-	
M8a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	R	-	-	-	-	
M8b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	R	-	-	-	-	
M19a	-	-	-	-	-	-	R	E	-	-	-	P	-	-	R	-	L	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N	-	N	T	W	-	-	
M19b	-	-	-	-	-	-	R	E	P	-	-	P	-	-	-	L	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N	-	N	T	-	-	-	
M20a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	L	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M20b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M21a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M21b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S14a	-	-	-	E	-	-	-	-	-	-	-	P	Q	P	-	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
S14b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S15a	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	P	F	L	-	-	A	L	-	-	-	N	-	-	-	-	-
S15b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	R	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	I	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S16a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	SC
S16b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S17a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S17b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S18a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S18b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Com-1a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	E
Com-1b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	L	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Com-2a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Com-2b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Com-3a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Com-3b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

سلول T است. (۶)

بحث

گزارشهای بسیاری از عدم توانایی سلولهای T در دادن پاسخ مناسب به آنتی ژن سطحی بعد از واکسیناسیون در افراد Non-Responder منتشر گردیده است. (۷-۹)

در مطالعه حاضر، در بیماران مزمن، در ناحیه سلولهای T جانشینی نوکلئوتیدی منجر به تغییر ۴۶ اسید آمینه در ناحیه اپی توپهای سلول T گردید که ۵۰٪ کل موتاسیونها را تشکیل می دهد. در جایگاه Th جانشینی نوکلئوتید منجر به تغییر ۲۱ اسید آمینه در این ناحیه (۴۵/۶٪) گردیده و همچنین جانشینی نوکلئوتید در ناحیه CTL منجر به تغییر ۲۵ اسید آمینه در اپی توپهای این ناحیه (۵۴/۳٪) شده است. با توجه به اینکه تغییر در توالی های آنتی ژنی، یکی از قویترین مکانیزمهای فرار ویروس از شناسایی به وسیله سیستم ایمنی به واسطه سلولهای T و B میزبان است و هر دو پاسخ ایمنی سلولی و همورال برای حذف ویروس نیز ضروریند، موتانت های فرار از پاسخ ایمنی همورال به دنبال تزریق واکسن یا ایمنو پروفیلاکسی توجیه پذیرند و ویروسی که حاوی موتانت های اپی توپ سلول T است، به وسیله سلولهای Th اختصاصی در گیرندگان واکسن شناخته نمی شود (۱۰) و نمی تواند تولید آنتی بادی را

در سال ۱۹۸۹ موتاسیونهای HBsAg ناشی از واکسن در ناحیه "a determinant" شناسایی شد. (۴)، در سال ۱۹۹۹ عامل انتخاب ویروس فرار، فشار ایمنی همورال در بیماران مزمن تشخیص داده شد. شایعترین موتاسیون G145R بود که بیشتر در لوپ دوم "a determinant" دیده می شود. (۵)

در این مطالعه، مطابق جدول ۲، تعداد ۹۲ اسید آمینه دچار تغییر شد که تغییر اسید آمینه A70P در تمام بیماران مشاهده می شود (اما از نظر آنتی ژنیک برای ویروس مهم نمی باشد). از این تعداد، ۵۱ عدد (۵۵/۴٪) از اسیدهای آمینه تغییر یافته در اپی توپهای ایمنی به شرح ذیل قرار گرفتند: ۲۱ عدد در Th، ۲۵ عدد در CTL، ۵ عدد در B cell و مابقی موتاسیونها در نواحی غیر اپی توپ ایمنی اتفاق افتادند.

مطالعه پاسخ به واکسیناسیون هیپاتیت B در کشف مکانیزمهای مولکولی پیچیده ای که در پاسخ به پروتئین سطحی شرکت دارند، کمک می کند. ایجاد ایمنی محافظت کننده از این آنتی ژن، همراه با تولید آنتی بادی های خنثی کننده اختصاصی و فرآیند تولید آنتی بادی به این آنتی ژن گلیکو پروتئینی وابسته به سلول T و نیازمند به فعال شدن

جدول ۳: تغییرات اسیدهای آمینه در اپی توپهای ایمنی

Mutant virus	Th epitope																CTL epitope					B epitope						
	20	21	26	36	40	42	44	45	49	54	87	186	187	188	189	190	193	196	216	183	206	207	208	209	101	109	110	143
Wildtype	F	L	L	W	N	L	G	T	L	Q	L	L	S	P	T	V	S	W	Stop	F	Y	S	I	L	Q	L	I	S
M1a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M1b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M2a	-	-	-	R	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M2b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M3a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M3b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M4a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M4b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	L	-	-	-	F	-	-	-	-	-	-	-
M5a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	-	-	-	V	-	-	-
M5b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	-	-	-	V	-	-	-
M6a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	N	-	-	-	-	-	-
M6b	-	-	SC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N	-	-	-	-	-	-
M7a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	I	-	-	-	-	-	-
M7b	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	T	-	-	-	-	-	-
M8a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	R	-	-	-	-	-	-
M8b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	R	-	-	-	-	-	-
M19a	-	-	-	-	-	R	E	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N	T	W	R	-	L	-
M19b	-	-	-	-	-	R	E	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N	T	-	-	-	L	-
M20a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	V	-	-	-	L
M20b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M21a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
M21b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S14a	-	-	-	R	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-
S14b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N	-	-	-	-	-	-
S15a	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	F	L	-	A	L	-	SC	-	N	-	-	-	-	-	-	-
S13b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	R	-	-	-	-	-	I	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S16a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S16b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S17a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S17b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
S18a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-
S18b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Con-1a	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	R	-	-	-	-	-	-
Con-1b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Con-2a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	L
Con-2b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Con-3a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Con-3b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

جمع‌آوری اطلاعات کافی و همه‌جانبه در مورد هیپاتیت مزمن کمک شایانی نمایند، استمرار می‌بخشد تا در آینده توانایی پیشگیری از ابتلا به این ویروس و حتی درمان آن را داشته باشیم. این پژوهش می‌تواند برای درک بهتر از اساس ایمنو تراپی فعال، در درمان بیماران مزمن مبتلا به HBV به کار رود.

همچنین پیشنهاد می‌شود برای ایمنوتراپی بیماران دچار عفونت مزمن هیپاتیت B، از واکسنهای نسل سوم هیپاتیت حاوی قطعات DNA نو ترکیب حاوی آنتی ژن Core، استفاده شود. (۱۱ و ۱۲)، در مورد اخیر به بررسی بیشتر در آزمونهای بالینی نیاز است. (۱۳)

نتیجه‌گیری

با توجه به نتایج به دست آمده، موتاسیونهای بررسی شده در این پژوهش، خارج از ناحیه "a" determinant قرار گرفته‌اند. موتاسیونهای ناحیه اپی توپهای ایمنی سلولهای Th و CTL می‌توانند از نوع فرار ایمنی باشند و دلیلی بر عدم پاسخ دریافت‌کنندگان واکسن به آن در نظر گرفته شوند.

افزایش دهد. این ایزوله‌ها خطر بزرگی برای برنامه واکسیناسیون آینده محسوب می‌شوند. در مطالعه حاضر، اطلاعات به دست آمده دو نکته مهم را روشن کرده‌اند:

- ۱- واکسن درمانی صرف موتانت‌های فرار را در ناحیه determinant "a" ایجاد نمی‌کند، اما وجود موتانت‌ها از قبل در این ناحیه ممکن است نقشی را در پاسخ به واکسن داشته باشد که نتوان آن را نادیده گرفت.
- ۲- الگوی جانمایی اسیدهای آمینه مشاهده شده در ضمن یک دوره کوتاه (۶ ماهه)، می‌تواند تلاش ویروس برای فرار از فشار ناشی از واکسن باشد.

اساس مولکولی و سلولی در افراد Non-responder به HBsAg شناخته شده نیست. (۸)، در این پژوهش تلاش بر آن بوده است تا برای نخستین بار در کشور، اثر واکسن درمانی و فراوانی موتانت‌های فرار، در بیمارانی که پیامد بالینی ناشی از آلودگی با این موتانت‌ها را دارند، شناسایی شود. آشکار شدن نقش فرار ایمنی در فرار از سیستم ایمنی رفته رفته اهمیت بیشتری پیدا می‌کند؛ بنابراین توسعه روشهایی که امکان شناسایی بیشتر و دقیقتر این ویروسها را فراهم کند، ضروری است و باید با جدیت به آن پرداخته شود. پژوهش حاضر نخستین گام در نیل به این هدف است و به انجام مطالعاتی از این دست، که می‌توانند به

References

1. Mancini-Bourgine M, Fontaine H, Bréchet C, Pol S, Michel ML. Immunogenicity of a hepatitis B DNA vaccine administered to chronic HBV carriers. *Vaccine* 2006; 24: 4482-9.
2. Soussan P, Pol S, Garreau F, Bréchet C, Kremsdorf D. Vaccination of chronic hepatitis B virus carriers with preS2/S envelope protein is not associated with the emergence of envelope escape mutants. *J Gen Virol* 2001; 82: 367-71.
3. Akbar SM, Furukawa S, Horiike N, Onji M. Vaccine therapy for hepatitis B virus carrier. *Curr Drug Targets Infect Disord* 2004; 4: 93-101.
4. Carman WF, Zanetti AR, Karayiannis P, Waters J, Manzillo G, Tanzi E, et al. Vaccine-induced escape mutant of hepatitis B virus. *Lancet* 1990; 336: 325-9.
5. Ogura Y, Kurosaki M, Asahina Y, Enomoto N, Marumo F, Sato C. Prevalence and significance of naturally occurring mutations in the surface and polymerase genes of hepatitis B virus. *J Infect Dis* 1999; 180: 1444-51.
6. Chisari FV, Ferrari C. Hepatitis B virus immunopathogenesis. *Annu Rev Immunol* 1995; 13: 29-60.
7. Kardar GA, Jeddi-Tehrani M, Shokri F. Diminished Th1 and Th2 cytokine production in healthy adult nonresponders to recombinant hepatitis B vaccine. *Scand J Immunol* 2002; 55: 311-4.
8. Goncalves L, Albarran B, Salmen S, Borges L, Fields H, Montes H, et al. The nonresponse to hepatitis B vaccination is associated with impaired lymphocyte activation. *Virology* 2004; 326: 20-8.
9. Avanzini MA, Belloni C, De Silvestri A, Castellazzi AM, Marconi M, Moretta A, et al. Antigen-specific T cell response in infants after recombinant hepatitis B virus vaccination at birth: evaluation of T helper lymphocyte diversity. *Clin Immunol* 2003; 107: 122-8.
10. Bauer T, Weinberger K, Jilg W. Variants of two major T cell epitopes within the hepatitis B surface antigen are not recognized by specific T helper cells of vaccinated individuals. *Hepatology* 2002; 35: 455-65.
11. Zuckerman JN. Protective efficacy, immunotherapeutic potential, and safety of hepatitis B vaccines. *J Med Virol* 2006; 78: 169-77.
12. Inchauspé G, Michel ML. Vaccines and immunotherapies against hepatitis B and hepatitis C viruses. *J Viral Hepat* 2007; 14 (Suppl 1): 97-103.
13. Mancini-Bourgine M, Michel ML. Therapeutic vaccination against chronic hepatitis B virus infection. *Therapie* 2005; 60: 257-65.

Identification of HBV Surface Ag Variants in Patients with Hepatitis before and after Immunization

Daram M

Department of Virology,
School of Public Health,
Medical Sciences University of
Tehran

Malekzadeh R

Digestive Disease Research
Center, Shariati Hospital

Montazeri Gh

Digestive Disease Research
Center, Shariati Hospital

Alavian SM

Baghiatollah University of
Medical Sciences

Mirmomen Sh

Imam Khomeini Hospital

Goodarzi Z

Department of Virology,
School of Public Health,
Medical Sciences University of
Tehran

Karimzadeh H

Department of Virology,
School of Public Health,
Medical Sciences University of
Tehran

Jazayeri SM

Department of Virology,
School of Public Health,
Medical Sciences University of
Tehran

Corresponding Author:

Seyed Mohammad Jazayeri,
Virology Department, Health
Faculty, Medical Sciences
University of Tehran.

Tel: 88962343

Fax: 88954913

E-mail: jazayerism@tums.ac.ir

ABSTRACT

Background: Chronic hepatitis B virus (HBV) infection represents a major global public health problem. Though there is an effective prophylactic vaccine, more than 370 million people round the globe are chronically infected with HBV.

In spite of vaccination, as a therapeutic approach in chronic carriers, some patients are unable to induce an immune response. Such failure is often caused by emergence of mutations in immune epitope of the surface gene.

Materials and Methods: 19 consecutive chronic HBsAg carriers with chronic hepatitis and detectable level of serum HBV DNA were given 3 standard injections of the B vaccine at one month interval. Blood samples were collected from each patient before each dose of the vaccine. Nested-PCR was performed on each specimen using specific primers which amplified the S-Ag region. Direct sequencing and alignment of sequences with Iranian species and databases were used for detecting probable mutations.

Results: Direct sequencing revealed substitutions in these sequences which were silent and/or amino-acid-changing mutations outside the "a" determinant of surface genes. Most mutations were occurred in the 205-215 regions. The changes included 92 amino acids: 51 in the immune epitope (25 in the CTL epitopes, 21 in the Th cell epitopes and 5 amino acid in the B cell epitopes) and other changes were observed in other regions. The distribution of the mutations could be categorized in 3 groups: The mutation was increased in 3 samples after treatment, was decreased in 6 samples after treatment, and was not different with pretreatment in 7 samples.

Conclusion: Mutations occurred outside the "a" determinant. Mutations of the immune epitopes Th and CTL cell could be a type of escape immune response and are responsible for failure in response to immunotherapy. *Govaresh/ Vol. 12, No. 4, Winter 2008; 229-234*

Keywords: Hepatitis B, HBsAg, HBV Vaccine immune epitope