

Mycobacterium Tuberculosis Genotyping Using MIRU-VNTR Typing

Taher Azimi¹,
Aref Shariati¹,
Fatemeh Fallah²,
Abbas Ali Imani Fooladi³,
Ali Hashemi⁴,
Hossein Goudarzi²,
Mohammad Javad Nasiri⁵

¹ MSc Student in Microbiology, School of Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

² Professor, Department of Microbiology, School of Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

³ Professor, Applied Microbiology Research Center, Baqiyatallah University of Medical Sciences, Tehran, Iran

⁴ Assistant Professor, Department of Microbiology, School of Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

⁵ Assistant Professor, Infectious Diseases and Tropical Medicine Research Center, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

(Received Jan 11, 2016 Accepted April 23, 2017)

Abstract

Background and purpose: Tuberculosis is among the leading causes of death from infectious diseases in the world. According to World Health Organization (WHO), the estimated rate of TB in Iran was 21 per 100,000 populations in 2015. The present study was designed to evaluate the genetic diversity and transmission dynamics of *Mycobacterium tuberculosis* in Tehran, Iran.

Materials and methods: A total of 80 isolates of *Mycobacterium tuberculosis* was cultured from TB patients attending a teaching hospital in Tehran, Iran from January 2015 to December 2016. Standard 15-locus Mycobacterial Interspersed Repeat Units/Variable Numbers of Tandem Repeat (MIRU-VNTR) typing was applied to genotype clinical isolates.

Results: There were 78 different VNTR profiles comprising 2 clusters and 76 unique patterns. The Hunter – Gaston discriminatory index (HGDI) was 0.990, indicating a high power of discrimination for MIRU-VNTR typing. The QUB26 and MTUB21 loci were designated as highly discriminative.

Conclusion: The high genetic diversity among *Mycobacterium tuberculosis* isolates suggests that transmission may have been caused by different sources.

Keywords: *Mycobacterium tuberculosis*, genotyping, MIRU-VNTR, Tehran, Iran

J Mazandaran Univ Med Sci 2017; 27 (149): 40-48 (Persian).

تعیین ساختار ژنتیکی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس به روش MIRU- VNTR 15 loci

طاهر عظیمی¹

عارف شریعتی¹

فاطمه فلاح²

عباسعلی ایمانی فولادی³

علی هاشمی⁴

حسین گودرزی²

محمد جواد نصیری⁵

چکیده

سابقه و هدف: سل یکی از علل اصلی مرگ و میر ناشی از بیماری‌های عفونی در جهان است. در ایران، بر اساس آمار سازمان بهداشت جهانی (WHO)، میزان بروز سل 21 نفر در هر یکصد هزار نفر در سال 2015 گزارش شده است. مطالعه حاضر به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و نحوی انتقال مایکوباکتریوم توبرکلوزیس در شهر تهران، طراحی گردید.

مواد و روش‌ها: تعداد 80 ایزوله مایکوباکتریوم توبرکلوزیس از بیماران مبتلا به سل مراجعه کننده به یکی بیمارستان‌های آموزشی شهر تهران، از بهمن 1393 تا دی 1395 جدا شد. از روش استاندارد MIRU-VNTR برای ژنوتایپینگ ایزوله‌های جدا شده استفاده شد.

یافته‌ها: تعداد 78 پروفایل مختلف VNTR شامل 2 کلاستر و 76 الگوی منحصر به فرد به دست آمد. میزان شاخص HGDI برابر با 0/990 و نشان دهنده قدرت بالای افتراق روش MIRU-VNTR بود. لوکوس‌های QUB26 و MTUB21 به عنوان لوکوس‌های با قدرت افتراق بالا شناخته شدند.

استنتاج: تنوع ژنتیکی بالا در میان ایزوله‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس بیانگر آن است که انتقال این ایزوله‌ها ممکن است از منابع مختلف رخ داده باشد.

واژه‌های کلیدی: مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، ژنوتایپینگ، MIRU-VNTR، تهران، ایران

مقدمه

بیماری سل توسط مایکوباکتریوم توبرکلوزیس ایجاد می‌شود و به عنوان یکی از عوامل اصلی مرگ و میر ناشی از بیماری‌های عفونی در سراسر جهان شناخته شده است (1). علی‌رغم وجود داروهای ضد سلی موثر، این بیماری به عنوان یک چالش بزرگ جهانی است و تخمین زده می‌شود که سالانه بیش از 9 میلیون نفر در جهان به فرم فعال این بیماری مبتلا می‌شوند و 1/5

میلیون نفر نیز به دلیل ابتلا به این بیماری جان خود را از دست می‌دهند (2، 3). طبق گزارش سازمان بهداشت جهانی (WHO)، میزان بروز بیماری سل در سال 2015 در ایران، 21 نفر در هر 100000 نفر گزارش شده است (4). شیوع بیماری سل در بعضی از کشورهای که هم مرز با ایران هستند، 2 الی 3 برابر بیش تراز این مقدار می‌باشد (5). در شهر تهران نیز به عنوان پایتخت ایران و

Email: mj.nasiri@hotmail.com

مؤلف مسئول: محمدجواد نصیری - تهران، خیابان کودکیار، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی

1. دانشجوی کارشناسی ارشد میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران

2. استاد، گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران

3. استاد، مرکز تحقیقات میکروب شناسی کاربردی، دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله، تهران، ایران

4. استادیار گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران

5. استادیار، مرکز تحقیقات بیماری‌های عفونی و گرمسیری، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران

تاریخ دریافت: 1395/10/22 تاریخ ارجاع جهت اصلاحات: 1395/10/27 تاریخ تصویب: 1396/2/3

RFLP دارای قدرت افتراق کمتری در بین ایزوله‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس با تعداد کمی های کمتری از IS6110 می‌باشد (20-17). روش تایپینگ -MIRU (VNTR) mycobacterial interspersed repetitive (units- variable number of tandem repeats) دارای قدرت افتراق بیش‌تری بوده و تمایل کم‌تری به هم‌نوپلازی دارد و همراه با روش اسپولیگوتایپینگ، به عنوان ابزارهای مناسبی جهت ارزیابی پیشرفت بیماری سل در بین افراد آلوده به کار می‌رود (21، 22). بنابراین هدف از انجام این مطالعه مشخص کردن الگوهای ژنتیکی سویه‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس جدا شده از بیماران بستری شده در یک مرکز آموزشی شهر تهران و هم‌چنین مشخص کردن ژنوتایپ‌های غالب در این منطقه می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در مجموع 80 ایزوله‌ی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس از بیماران بستری شده در یک مرکز آموزشی در شهر تهران از سال 1394-1395 جمع‌آوری گردید. هر یک از سویه‌های مورد بررسی در این مطالعه متعلق به یک بیمار مشخص بودند و همه ایزوله‌ها از طریق کشت نمونه‌های خلط و بال گرفته شده از بیماران به دست آمدند. بیماران مورد بررسی دارای محدوده سنی گسترده‌ای بودند و علائم و نشانه‌های بالینی بیماری سل را داشتند و اسمیر گرفته شده نیز جهت تشخیص باسیل اسید فست مثبت بود. ایزوله‌ها توسط تست‌های استاندارد بیوشیمیایی نظیر تولید نیاسین، تست کاتالاز، و تولید نیتراش مشخص گردیدند. استخراج DNA نیز از کلونی‌ها به روش جوشانیدن (Boiling) انجام شد. برای تایید نهایی نمونه‌های استخراج شده DNA، روش اختصاصی IS6110 با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراس (PCR) انجام یافته و همه‌ی DNA‌ی استخراج شده از کلونی‌ها به عنوان مایکوباکتریوم توبرکلوزیس تایید گردیدند. برای

پرجمعیت‌ترین شهر کشور، تخمین زده می‌شود که میزان ابتلا به بیماری سل، 21 مورد در هر 100000 نفر باشد. در طول سال‌های گذشته، افراد زیادی از شهرهای دیگر و هم‌چنین بعضی از کشورهای هم‌مرز و مجاور به شهر تهران مهاجرت کرده‌اند و بیش از 450000 نفر از مهاجران افغانی هم‌اکنون در این شهر زندگی می‌کنند (6). عواملی نظیر نقص سیستم ایمنی، شیوع سویه‌های مقاوم به چند دارو (MDR) مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، سالخوردگی افراد، به عنوان ریسک فاکتورهایی برای بیماری سل مطرح می‌باشند (7، 8). هم‌چنین همسایگی با کشورهای مثل افغانستان، پاکستان، ترکمنستان و عراق که شیوع بیماری سل در این کشورها بسیار بیشتر از ایران می‌باشد، باعث شده است که بیماری سل به عنوان یک مشکل مهم و اساسی در ایران باقی بماند (9، 10). در دهه‌های اخیر، ژنوتایپ بندی سویه‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، با تشخیص شیوع بیماری و به وسیله ردیابی عفونت، به طور چشمگیری اطلاعات ما را از اپیدمیولوژی بیماری سل افزایش داده است و معرفی روش‌های تایپینگ مولکولی نیز اطلاعات مورد نیاز جهت نشان دادن روش‌های انتقال و شیوع مایکوباکتریوم توبرکلوزیس را افزایش داده و باعث تغییر سیاست‌های کنترل ملی و محلی گردیده است (11-15). روش‌های مولکولی مانند اسپولیگوتایپینگ، MIRU-VNTR، IS6110-RFLP و ETR typing نیز که توالی کاملی از ژنوم را آنالیز می‌کنند، جهت مشخص کردن ایزوله‌های بالینی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس در کشور ایران مورد استفاده قرار می‌گیرند (16). روش IS6110-RFLP به عنوان روش مرسوم و Gold Standard در ژنوتایپ‌بندی سویه‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس مطرح می‌باشد ولی از آن‌جایی که انجام این روش سخت بوده و نیازمند مقدار زمان زیادی برای کشت نمونه‌ها بوده و مقدار DNA بیش‌تری لازم می‌باشد، استفاده از این روش محدود شده است. علاوه بر این، روش IS6110

ترسیم گردید. کلاسترها بر اساس فاصله مشخص از 0 و الگوهای مشابه در 15 لوکوس تعیین گردیدند. ضریب قطعی 1 و فاصله مشخص 0/3 که مربوط به 7 لوکوس مختلف بودند، جهت مشخص کردن سویه‌های مرتبط استفاده شد. الگوهای MIRU-VNTR-15 locus به دست آمده از مطالعه، با الگوهای موجود در پایگاه داده های جهانی، جهت مشخص کردن دودمان و ارتباط سویه‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس مورد بررسی، مقایسه گردید و شاخص تنوع آلی (VNTR، h)، برای ارزیابی تنوع آلی لوکوس‌های مختلف تکرارهای تصادفی با تعداد متغیر (VNTR) مورد استفاده قرار گرفت.

جدول شماره 1: شرایط دمایی PCR و پرایمرهای مورد استفاده در مطالعه

MIRU Locus	Primer sequences (5' to 3')	Annealing Temp C
MIRU 26	TAGTCTACCGTCGAAATCTGTGAC AGGCGAATAG	58
MIRU 40	GGGTTGCTGGATGACAACGTGGGT GATCTCGGCAAAATCAGATA	59
MIRU 10	GTTCTTGACCAACTGCAGTCGCC GCCACCTTGGTATCAGTACCT	62
MIRU 16	TCGGTGATCGGGTCCAGTCAAGTA CCCGTGTGACGCCCTGTGAC	59
MIRU 4; ETR D	GCCGAGAGCCGCAACTGC GCCGAGCAGAAACGCCAGC	60
MIRU 31; ETR E	ACTGATTGGCTTCATACGGCTTA GTGCCAGCTGGTCTGTGAT	60
Mtub04	CTTGGCCGGATCAAGCGCAATTA GGCAGCAGAGCCCGGATTTCTC	60
ETR C	CGAGAGTGGCAGTGGCGTTATCT AATGACTTGAACCGCAAAATGTGA	63
ETR A	AAATCGGTCCATCACCTTCTTAT CGAAGCCTGGGGTGCCCGGATTT CTTGAAGCCCGGTCTCATCTGT	58/5
Mtub30	ACTTGAACCCACGCCATTAGTA CGGTGGAGCGATGAACGCTTCTAG	60
Mtub39	AGCGCACGGGGGAAAGCTTAG TGACCAACGGATTGCTCTAGT	61
QUB-4156	GCCGGCTCCATGTT CGTAAGGGGATGCGGAAATAGG	59
QUB-11b	CGAAGTGAATGGTGGCAT AGATCCAGTGTGCTGTCCACAT	60
Mtub21	CGCCTGGTCTGTA AACGCTCAGCTGCGGAT	63
QUB-26	CGGCCGTGCCGGCAGTCTTCCG AT	58

یافته ها

با استفاده از روش تایپینگ MIRU-VNTR 15 loci، 78 الگوی مختلف در میان 80 ایزوله مایکوباکتریوم توبرکلوزیس تعیین گردید. این 78 الگو در 2 کلاستر که از 4 سویه تشکیل شده اند و 76 الگوی غیر مشابه توزیع شدند (جدول شماره 2).

انجام MIRU-VNTR پرایمرهای اختصاصی جهت اتصال به نواحی متغیر تکراری مایکوباکتریوم توبرکلوزیس (VNTR)، برای تکثیر نواحی VNTR مختلف از 15 لوکوس طبق پروتوکل بیان شده توسط Supply و همکاران استفاده گردید (جدول شماره 1) (23). تعداد کپی های VNTR توسط اندازه هریک از نواحی تکثیر یافته مشخص گردید. واکنش زنجیره‌ای پلی مرز (PCR) در یک حجم 25 میکرو لیتر که محتوی 2/5 میکرو لیتر بافر PCR، 1 میلی مولار MgCl₂، 0/01 پیکومولار از هریک از پرایمرهای F و R، 200 میکرومولار dNTP، 1 واحد از آنزیم Taq DNA polymerase (mi Taq, Metabion, Martinsried, Germany) و 2 میکرو لیتر از DNA الگو می باشد، انجام شد. برنامه تکثیر واکنش زنجیره‌ای پلی مرز نیز در دستگاه بدین ترتیب بود: دناتوراسیون اولیه دردمای 94 درجه سانتی گراد برای 5 دقیقه، سپس 94 درجه برای 45 ثانیه، (دمای اتصال پرایمرها بر اساس هر یک از لوکوس‌های ارزیابی شده متغیر بوده و در جدول شماره 1 آمده است)، 72 درجه به مدت 90 ثانیه و در نهایت 72 درجه به مدت 10 دقیقه جهت تکثیر نهایی بوده است. برای کنترل آلودگی مواد و واکنش‌ها، آب مقطر تزریقی به عنوان کنترل منفی استفاده گردید و در نهایت محصول PCR در ژل آگارز 1/5 درصد الکتروفورز شده و نتایج آنالیز گردید.

جهت آنالیز تنوع آلی VNTR و ارتباطات ژنتیکی، همه نتایج وارد یک فایل اکسل گردیده و سپس تنوع آلی هریک از لوکوس‌های VNTR توسط شاخص افتراقی Hunter Gaston ارزیابی گردید. ارتباطات ژنتیکی که بین ایزوله وجود داشت نیز با استفاده روش unweighted pair group و همراه با نرم افزار MIRU-VNTR Plus software که فاصله‌های موجود در بین سویه ها را با توجه به تعداد کپی‌های VNTR محاسبه می کند، نشان داده شد. درخت فیلوژنتیکی UPGMA نیز توسط نرم افزار عنوان شده

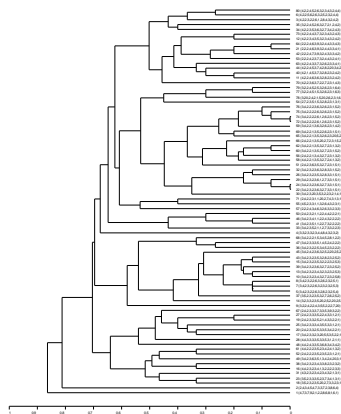
جدول شماره 2: الگوی 78 نوع پروفایل مختلف در بین سویه های مورد بررسی

فرادیس	MIRU الگو	Frequency	MIRU الگو
1	4.2.1.4.5.3.7.3.2.8.2.3.2.4.2	2	3.4.2.3.2.3.6.3.2.7.3.3.1.5.1
1	3.4.2.3.5.1.1.2.2.7.3.2.2.2.2	2	3.4.2.2.2.6.1.2.6.2.3.1.5.2
1	2.2.2.4.7.3.9.3.2.4.3.3.3.4.2	1	4.7.3.7.9.2.1.2.2.8.6.8.1.6.1
1	3.4.2.3.2.3.5.3.2.8.2.3.2.5.2	1	2.4.3.4.5.4.7.3.3.7.2.3.8.6.4
1	4.2.2.4.5.3.7.4.2.8.2.0.3.4.2	1	4.2.2.3.2.2.6.1.2.8.4.3.2.4.2
1	3.4.2.4.2.3.6.3.2.5.2.0.2.5.2	1	3.3.2.3.3.2.3.4.4.8.4.3.2.3.2
1	3.4.2.3.4.1.1.2.2.4.3.2.2.2.2	1	3.4.2.3.2.2.6.3.2.8.2.3.2.5.4
1	3.4.2.3.3.3.5.1.4.5.2.4.2.2.2	1	4.2.2.5.6.2.6.3.2.5.2.3.2.4.4
1	4.4.2.4.3.3.5.3.6.8.3.4.3.4.2	1	3.4.2.3.2.2.6.3.2.3.2.3.2.5.3
1	3.4.2.3.6.3.5.1.3.4.2.4.0.3.1	1	3.4.2.3.2.2.6.3.2.6.2.3.2.5.1
1	2.4.2.3.2.1.1.2.2.4.4.2.2.2.1	1	3.2.2.4.2.2.4.3.5.5.2.2.2.7.0
1	2.4.2.3.6.3.5.3.2.7.2.3.1.5.1	1	3.4.2.3.2.3.4.3.2.7.2.3.2.5.8
1	2.4.2.2.2.3.5.2.3.5.2.3.1.2.1	1	4.2.2.4.6.3.6.3.2.8.2.3.2.4.2
1	2.2.2.4.2.3.7.3.2.4.4.3.2.4.1	1	4.2.2.3.4.3.5.3.2.3.4.3.2.4.2
1	2.7.2.3.5.1.5.3.2.8.2.3.1.3.1	1	3.4.2.3.2.3.4.3.2.3.2.3.2.5.3
1	4.5.2.3.3.1.1.3.2.6.4.3.2.3.1	1	3.2.3.3.2.3.5.0.2.5.2.0.2.5.3
1	2.4.2.2.1.3.4.3.2.7.2.3.1.3.2	1	3.4.2.3.2.3.5.3.2.2.2.3.2.5.3
1	2.2.2.4.3.4.6.3.2.6.3.2.3.2.3.3	1	4.4.2.3.2.3.4.1.3.2.2.2.2.3.3
1	4.4.2.2.1.3.5.3.2.7.2.4.1.3.2	1	3.4.2.3.2.3.3.0.5.5.3.5.2.2.1
1	3.4.2.2.1.3.6.3.2.6.2.3.1.4.2	1	3.5.2.3.2.3.5.0.2.7.3.3.2.3.1
1	3.4.2.2.1.3.5.3.2.7.2.3.1.5.2	1	2.4.2.3.3.2.5.2.1.4.3.3.2.2.1
1	4.4.2.2.2.3.5.2.3.4.2.4.1.3.2	1	2.4.2.3.3.2.5.3.3.5.3.4.2.2.1
1	3.4.2.2.1.3.5.3.2.7.2.3.1.3.2	1	2.2.2.4.6.3.9.3.2.4.4.3.3.4.1
1	4.2.2.4.3.3.7.3.2.6.2.3.3.4.1	1	3.5.2.3.3.3.5.2.3.7.3.4.1.3.1
1	2.2.2.4.6.3.9.3.2.4.4.3.3.4.3	1	3.4.2.3.3.4.3.5.5.3.3.1.2.1
1	3.4.2.2.1.3.5.3.2.6.2.3.0.5.2	1	3.4.2.3.2.3.5.3.2.8.3.3.1.5.1
1	2.4.2.2.1.3.5.0.2.7.2.3.1.5.2	1	2.4.2.3.3.3.5.2.2.4.3.3.1.2.1
1	2.4.2.3.3.3.7.3.3.5.3.9.3.2.2	1	4.4.3.3.3.3.5.3.3.5.3.1.2.1.1
1	3.4.2.2.2.1.5.3.4.5.2.8.1.2.2	1	3.4.2.3.2.3.6.1.2.7.3.3.1.5.1
1	3.4.2.2.1.3.5.2.2.6.2.3.1.5.1	1	3.4.2.3.0.3.5.3.2.2.3.2.1.4.1
1	4.2.2.3.6.3.7.2.2.7.2.3.1.4.3	1	4.3.2.3.2.3.4.2.3.4.3.2.1.3.1
1	2.4.2.2.3.1.1.0.2.7.4.3.1.3.1	1	3.4.2.3.2.3.6.3.2.8.3.3.1.5.2
1	4.2.2.4.4.3.7.3.2.3.4.3.2.4.3	1	3.4.2.3.5.2.1.1.2.7.3.3.2.2.3
1	3.4.2.2.2.2.6.3.2.6.2.3.1.5.2	1	4.2.2.3.5.3.6.3.2.7.3.4.2.4.3
1	3.4.2.2.2.3.6.3.2.6.2.3.1.5.2	1	3.2.2.4.5.2.6.3.2.7.2.1.2.4.2
1	3.2.2.4.5.1.5.3.2.6.2.3.1.6.3	1	3.4.2.3.2.2.5.3.4.5.2.3.2.2.2
1	3.0.2.4.5.2.1.5.0.2.6.2.3.1.6.1	1	3.5.2.3.2.3.5.3.2.7.2.6.2.5.2
1	3.2.2.4.5.2.5.3.2.6.2.3.1.6.4	1	3.4.2.3.2.3.4.3.3.8.2.3.2.3.2
1	4.2.2.4.5.2.6.3.2.3.4.3.2.4.4	1	3.4.2.3.2.3.6.3.2.7.2.3.2.5.2

MIRU Pattern : ETR A, ETR C, MIRU 04, ETR E, MIRU 10, MIRU 16, MIRU 26, MIRU 40, QUB11b, QUB 26, MTUB 30, MTUB 39, MTUB 04, MTUB 21, QUB4156

جهانی (http://www.miru-vntr.org) انجام یافت نشان داد که 3 مورد از سویه ها با 186 سویه ای که در پایگاه دیتا بیس جهانی وجود دارد مشابهت دارند. هم چنین قدرت افتراق روش MIRU-VNTR برای همه ایزوله ها بسیار بالا بود (HGDI=0/99). بزرگ ترین کلاستر از دو سویه تشکیل شده بود و 76 ایزوله نیز دارای الگوهای غیر مشابه بودند. بر مبنای شاخص تمایز و افتراق، 4 لوکوس MIRU در این مطالعه دارای قدرت افتراقی بالایی بودند (h > 0/6) که شامل MIRU10, MIRU26, QUB26, MTUB21 می باشد. هم چنین 9 لوکوس نیز قدرت افتراقی متوسطی (0/3 ≤ h ≤ 0/6) داشتند که به ترتیب شامل MIRU40, MIRU16, QUB11b, MTUB30, MTUB39, MTUB04, QUB4156, ETRC, ETRA بوده و در میان 15 لوکوس، لوکوس های ETRC و MIRU04 پایین ترین تنوع آلی و لوکوس QUB26 بیشترین تنوع آلی را با استفاده از روش MIRU نشان داده اند. نتایج توزیع آلل های MIRU در جدول شماره 3 نشان داده شده است.

درخت فیلوژنتیکی توسط نرم افزار MIRU-VNTR plus و MVSP ترسیم گردید و با استفاده از این دندروگرام ایزوله هایی را با الگوهای ژنتیکی مشابه تشخیص داده و با همدیگر گروه بندی شد که در نمودار شماره 1 نشان داده شده است.



نمودار شماره 1: دندروگرام ترسیم شده برای 80 ایزوله مورد بررسی توسط نرم افزار MIRU-VNTR plus و MVSP

مقایسه ای که بین الگوهای به دست آمده از 15 لوکوس با پایگاه داده ای MIRU-VNTR سازمان

جدول شماره 3: تنوع آلی لوکوس های مورد مطالعه به روش MIRU-VNTR

تنوع آلی ها	ETRA A	ETRA C	MIRU 04	ETRE	MIRU 10	MIRU 16	MIRU 26	MIRU 40	QUB11b	QUB 26	MTUB 30	MTUB 39	MTUB 04	MTUB 21	QUB4156
0	-	1	-	-	1	-	-	6	-	-	-	3	2	-	1
1	-	-	1	-	8	9	7	8	1	-	-	2	32	1	28
2	17	21	75	16	33	19	-	12	60	3	45	7	38	14	33
3	44	2	4	43	15	50	2	52	11	5	23	55	7	15	12
4	19	50	-	19	3	2	8	2	4	11	11	8	-	19	5
5	-	4	-	1	11	-	31	-	3	13	-	1	-	25	-
6	-	-	-	-	7	-	21	-	1	14	1	1	-	5	-
7	-	2	-	1	1	-	8	-	-	21	-	-	-	11	-
8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	13	-	2	1	-	1
9	-	-	-	-	1	-	3	-	-	-	-	1	-	-	-
HGDI	0/6	0/5	0/1	0/2	0/7	0/5	0/7	0/5	0/4	0/8	0/5	0/5	0/6	0/7	0/6
کل	3	6	3	5	9	4	7	5	6	7	4	9	5	7	6

HGDI total: 0.99 (HGDI, Hunter-Gaston discriminatory index.)

بحث

در ایران بلکه در جهان می باشد. روش تایپینگ MIRU-VNTR که در این مطالعه مورد استفاده قرار گرفت، قدرت افتراقی بسیار بالایی را برای همه ایزوله نشان داد و میزان HGDI برابر با 0/99 بود. قدرت افتراقی که در مطالعه ما به دست آمد، با میزان قدرت افتراقی که در مطالعه ای که توسط زمانی و همکاران انجام یافته بود تقریباً مشابه بود. در مطالعه ما 76 ایزوله دارای الگوهای غیر مشابه بودند و این نتایج عکس نتایجی بود که در مطالعه زمانی و همکارانش گزارش شده بوده است (13).

در مطالعه ای که توسط محمد عسگرزاده و همکاران انجام یافته بود، 95 مورد از ایزوله های مورد بررسی دارای الگوهای ژنتیکی غیر مشابهی بودند و این گزارش تقریباً مشابه نتیجه ای است که در مطالعه ما به دست آمد. اما در این مطالعه بزرگ ترین کلاستر شامل 9 ایزوله بوده است و از این نظر مشابهتی با نتیجه مطالعه ما نداشته است (24). در مطالعه ما، لوکوس QUB26 بیشترین قدرت افتراقی را همراه با 7 آلل نشان داد (HGDI: 0/833) و بعد از این لوکس نیز، لوکوس های MIRU10 (HGDI: 0/765) و MTUB21 (HGDI: 0/785) و MIRU26 (HGDI: 0/760) قرار داشتند، اما در

مایکوباکتریوم توبرکلوزیس عامل اصلی بیماری سل بوده و به عنوان اولین عامل مرگ و میر ناشی از بیماری های عفونی مطرح می باشد (1). براساس گزارش سازمان بهداشت جهانی (WHO)، هر ساله به طور متوسط در کشور ایران از هر 100 هزار نفر، بیش از 20 نفر به بیماری سل مبتلا می شوند (2). کشور ایران به دلیل ورود مهاجران زیادی از کشورهای مرزی و تجمع این مهاجران در شهرهای بزرگ مثل تهران و ریسک فاکتورهای دیگری مثل تراکم جمعیتی بالا و کمبود امکانات بهداشتی و مراقبتی، یک ناحیه استراتژیک برای جلوگیری و کنترل انتقال بیماری سل در این منطقه محسوب می شود (6). در مطالعه حاضر، 80 سویه مایکوباکتریوم توبرکلوزیس از بیماران بستری در یکی از مراکز آموزشی شهر تهران جدا گردیده و با استفاده از روش های IS6110 و MIRU-VNTR 15-locus الگوهای ژنتیکی شان را مورد بررسی قرار دادیم. مشخص کردن دودمان ژنتیکی ایزوله های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس در شهر تهران، می تواند در مطالعات بعدی جهت مشخص کردن زنجیره انتقال مایکوباکتریوم توبرکلوزیس مورد استفاده قرار گیرد که این امر یک فاکتور کلیدی در کنترل بیماری سل نه تنها

درمان عفونت‌های پنهان و مخفی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس به عنوان یک استراتژی کنترلی در نواحی که بیماری به صورت اندمیک وجود دارد در نظر گرفته شود (26). علاوه بر این، از آن جایی که اغلب بیمارانی که به شهر تهران مراجعه می‌کنند از مناطق و شهرهای مختلف کشور هستند، قابل پیش‌بینی بود که الگوهای ژنتیکی متفاوت باشد و همان‌طور که قبلاً بیان شده اغلب سویه‌ها در این مطالعه دارای الگوهای غیر مشابه بودند. با فرض این که مقاومت دارویی در سویه‌های مختلف دارای الگوهای مشابه نیست، زمانی که چنین الگوی ژنتیکی از ژنوتایپ بندی ایزوله‌ها به دست می‌آید، می‌توان عنوان کرد که خطر مقاومت دارویی گسترده در جامعه وجود دارد. با توجه به نتایج مطالعه ما و بررسی‌هایی که توسط افراد مختلف در مناطق مختلفی انجام یافته است، می‌توان پیشنهاد داد که یک پایگاه داده‌ای واحد، مشابه پایگاه داده‌ای جهانی در کشور ایران به خصوص شهر تهران، جهت پایش و ارزیابی بیماران و سویه‌های در حال گردش در جامعه ایجاد گردد.

سپاسگزاری

این مقاله برگرفته از پایان‌نامه دوره کارشناسی ارشد دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی به شماره ثبت 110 می‌باشد.

مطالعه‌ای که توسط Wei Lu و همکاران در کشور چین انجام یافت، نتایج هیچ مشابهتی با نتایج بررسی ما نداشته و بیان شده که لوکوس (HGDI:0/734) QUB11b بیش‌ترین قدرت تمایز را در بین سایر لوکوس‌ها دارد (25). نکته جالب در نتایج بررسی‌های ما این بود که اغلب سویه‌هایی که ما مورد مطالعه قرار دادیم دارای الگوهای غیر مشابهی بودند و احتمالاً این موضوع بیانگر این است که این ایزوله به تازگی در بین بیماران انتشار یافته است، اما میزان قرارگیری سویه‌ها در کلاسترهای مشخص در مطالعه ما 5 درصد و 4 ایزوله بوده و این موضوع تاکید می‌کند که شیوع بیماری در اغلب موارد ناشی از عود مجدد این سویه‌ها بوده است. مواردی مانند تراکم جمعیت بالا، بیماری‌های اندمیک، شیوع بیماری ایدز در شهر تهران که به عنوان ریسک فاکتور مطرح می‌باشند می‌توانند در انتشار و انتقال بیماری سل نقش داشته باشند. مشابه نتایج مطالعه‌ای که توسط Loubna Tazi انجام یافته بود، اغلب بیماری در جامعه می‌تواند ناشی از فعالیت مجدد و عود عفونت‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس نسبت به انتقال اخیر بیماری باشد. اگر این نتایج صحیح باشند و بیش‌تر بیماری‌های ایجاد شده به دلیل عود عفونت باشد، تاثیر احتمالی و کم انتقال بیماری و عنوان کردن این مطلب که شیوع بیش‌تر بیماری در جامعه به دلیل فعالیت مجدد می‌باشد می‌تواند توسط برنامه‌های کنترلی و مدیریت بیماری به میزان زیادی تحت تاثیر قرار بگیرد. شاید در آینده

References

- Mbugi EV, Katale BZ, Siame KK, Keyyu JD, Kendall SL, Dockrell HM, et al. Genetic diversity of Mycobacterium tuberculosis isolated from tuberculosis patients in the Serengeti ecosystem in Tanzania. *Tuberculosis*. 2015; 95(2): 170-178.
- World Health Organization (WHO). *Global Tuberculosis Report. 20th ed*. 2015. 2015.
- World Health Organization: Western Pacific Region. Regional Strategy to stop tuberculosis in the western pacific (2011–2015). 2010.
- Organization, W.H., *Global tuberculosis report 2015*. 2015. 2.
- Zamani S, Haeili M, Nasiri MJ, Imani Fooladi AA, Javadpour S, Feizabadi MM.

- Genotyping of *Mycobacterium tuberculosis* isolates from Hormozgan province of Iran based on 15 locus MIRU-VNTR and spoligotyping. *International Journal of Bacteriology*. 2016; (2016). (persian).
6. Feyisa SG, Haeili M, Zahednamazi F, Mosavari N, Taheri MM, Hamzehloo G, et al. Molecular characterization of *Mycobacterium tuberculosis* isolates from Tehran, Iran by restriction fragment length polymorphism analysis and spoligotyping. *Rev Soc Bras Med Trop*. 2016; 49(2):204-410.
 7. Singh M, Mynak M, Kumar L, Mathew JL, Jindal SK. Prevalence and risk factors for transmission of infection among children in household contact with adults having pulmonary tuberculosis. *Arch Dis Child*. 2005; 90(6): 624-628.
 8. Farnia P, Mohammadi F, Masjedi MR, Varnerot A, Zarifi AZ, Tabatabaee J, et al. Evaluation of tuberculosis transmission in Tehran: using RFLP and spoligotyping methods. *Journal of Infection*. 2004; 49(2): 94-101.(persian).
 9. Mozafari M, Farnia P, Afraei M, Derakhshani-Nezhad Z, Masjedi MR, Velayati AA. Molecular diversity of *Mycobacterium tuberculosis* strains indifferent provinces of Iran. *Iran J Microbiol*. 2013;5(4):366-373.(persian).
 10. Haeili M, Darban Sarokhalil D, Fooladi AAI, Javadpour S, Hashemi A, Siavoshi F, et al. Spoligotyping and drug resistance patterns of *Mycobacterium tuberculosis* isolates from five provinces of Iran. *Microbiologyopen*. 2013;2(6):988-996.
 11. Barnes PF, Cave MD. Molecular epidemiology of tuberculosis. *New Engl J Med*. 2003; 349(12): 1149-1156.
 12. Van Soolingen D, Kremer K, Vynnycky E. New perspectives in the molecular epidemiology of tuberculosis. *Mycobacteria and TB*. Vol 2: Karger Publishers; 2004. pp. 17-45.
 13. Zamani S, Haeili M, Nasiri MJ, Imani Fooladi AA, Javadpour S, Feizabadi MM. Genotyping of *Mycobacterium tuberculosis* Isolates from Hormozgan Province of Iran Based on 15-Locus MIRU-VNTR and Spoligotyping. *Inte J Bacteriol*. 2016; 2016: 7146470.
 14. Kato-Maeda M, Small PM. How molecular epidemiology has changed what we know about tuberculosis. *West J Med*. 2000; 172(4):256-259.
 15. Easterbrook PJ, Gibson A, Murad S, Lamprecht D, Ives N, Ferguson A, et al. High rates of clustering of strains causing tuberculosis in Harare, Zimbabwe: a molecular epidemiological study. *J Clin Microbiol*. 2004;42(10): 4536-4544.
 16. Pourostadi M, Rashedi J, Poor BM, Kafil HS, Shirazi S, Asgharzadeh M. Molecular Diversity of *Mycobacterium tuberculosis* Strains in Northwestern Iran. *Jundishapur J Microbiol*. 2016;9(9): e35520. (persian).
 17. Sougakoff W. Molecular epidemiology of multidrug resistant strains of *Mycobacterium tuberculosis*. *Clin Microbiol Infect*. 2011; 17(6):800-805.
 18. McEvoy CR, van Pittius NCG, Victor TC, van Helden PD, Warren RM. The role of IS6110 in the evolution of *Mycobacterium tuberculosis*. *Tuberculosis (Edinb)*. 2007; 87(5): 393-404.
 19. Sun Y-J, Bellamy R, Lee AS, Ng ST, Ravindran S, Wong S-Y, et al. Use of mycobacterial interspersed repetitive unit-

- variable-number tandem repeat typing to examine genetic diversity of *Mycobacterium tuberculosis* in Singapore. *J Clin Microbiol.* 2004; 42(5): 1986-1993.
20. Teixeira Dantas NG, Suffys PN, Carvalho WS, Gomes HM, de Almeida IN, de Assis LJ, et al. Genetic diversity and molecular epidemiology of multidrug-resistant *Mycobacterium tuberculosis* in Minas Gerais State, Brazil. *BMC Infectious Diseases.* 2015; 15(1):306.
 21. Skuce RA, McCorry TP, McCarroll JF, Roring SM, Scott AN, Brittain D, et al. Discrimination of *Mycobacterium tuberculosis* complex bacteria using novel VNTR-PCR targets. *Microbiology.* 2002; 148(pt 2): 519-528.
 22. Mazars E, Lesjean S, Banuls AL, Gilbert M, Vincent V, Gicquel B, et al. High-resolution minisatellite-based typing as a portable approach to global analysis of *Mycobacterium tuberculosis* molecular epidemiology. *Proc Natl Acad Sciences USA.* 2001; 98(4): 1901-1906.
 23. Supply P. Multilocus variable number tandem repeat genotyping of *Mycobacterium tuberculosis*: Technical Guide. *Institut de Biologie,* 2005.
 24. Asgharzadeh M, Kafil HS, Roudsary AA, Hanifi GR. Tuberculosis transmission in Northwest of Iran: using MIRU-VNTR, ETR-VNTR and IS6110-RFLP methods. *Infect Genet Evol.* 2011; 11(1):124-131.
 25. Lu W, Lu B, Liu Q, Dong H, Shao Y, Jiang Y, et al. Genotypes of *Mycobacterium tuberculosis* isolates in rural China: using MIRU-VNTR and spoligotyping methods. *Scand J Infect Dis.* 2014;46(2):98-106.
 26. Tazi L, El Baghdadi J, Lesjean S, Loch C, Supply P, Tibayrenc M, et al. Genetic diversity and population structure of *Mycobacterium tuberculosis* in Casablanca, a Moroccan city with high incidence of tuberculosis. *J Clin Microbiol.* 2004; 42(1): 461-466.