

تعیین سویه‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس جدا شده از بیماران در ایران با Double Repitive Element - Polymerase Chain Reaction روش

غلامرضا ایراجیان^{۱*}(Ph.D)، محمد حسین کیوان امینه^۲(Ph.D)، سید علی فاضلی^۳(Ph.D)، محمد رضا مسجدی^۴(M.D)، علی اکبر ولایتی^۴(M.D)

۱- دانشگاه علوم پزشکی سمنان، دانشکده پزشکی، بخش میکروبیولوژی
۲- دانشگاه علوم پزشکی تهران، دانشکده دامپزشکی

۳- دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، دانشکده پزشکی

۴- مرکز تحقیقات سل و بیماری‌های ریوی، تهران

خلاصه

سابقه و هدف: بیماری سل هر سال عامل مرگ ۳ میلیون نفر در جهان می‌باشد و در حال حاضر ۴ میلیون مورد فعال بیماری سل در دنیا وجود دارد. با توجه به ماهیت بیماری سل و مدت زمان مورد نیاز برای تشخیص مایکوباکتریوم توبرکلوزیس (عامل بیماری سل)، اصلی ترین استراتژی برای محدود کردن انتشار این باکتری ردیابی افراد آلوده می‌باشد. تعیین سویه‌های جدا شده از افراد آلوده می‌تواند نقش مهمی در ردیابی منبع عفونت ایفا نماید.

مواد و روش‌ها: ۷۰ نمونه مایکوباکتریوم توبرکلوزیس که از مرکز تحقیقات سل و بیماری‌های ریوی دریافت گردیده بود با روش Double repetitive element - polymerase chain reaction (DRE-PCR) تعیین سویه شد. ابتدا DNA باکتری استخراج و سپس با روش PCR آطعمه مورد نظر تکثیر شد و محصولات PCR الکتروفورز و باندهای حاصل مورد بررسی قرار گرفت.

یافته‌ها: ۷۰ نمونه مایکوباکتریوم توبرکلوزیس که مربوط به ۱۳ استان کشور و ۹ نفر مهاجر بود به ۱۴ گروه تقسیم شدند. در ۷۰ نمونه ۴۲ سویه تشخیص داده شد و میزان تنوع ۶۰ درصد می‌باشد که نزدیک یا مشابه سایر مطالعات است. ۳۱ عدد از الگوها (سویه‌ها) منحصر به فرد بوده و ۳۹ عدد از آنها در ۱۱ کلامستر قرار گرفته‌اند که تتابع تقریباً مشابه با سایر مطالعات می‌باشد. ارتباط معنی داری بین الگوی خاص و محل سکونت، مهاجر بودن و مقاومت به ترکیبات ضد سلی مشاهده نشد.

نتیجه‌گیری: روش DRE-PCR به علت ساده بودن، کم هزینه بودن و سرعت زیاد یک روش مناسب برای تعیین سویه‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس در ایران می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، PCR، DRE-PCR

مقدمه

مؤثر نبوده است [۱۸]. سازمان بهداشت جهانی بیماری سل را یک اورژانس جهانی اعلام کرده است [۲۹]. تخمین زده می‌شود که ۱/۷ میلیارد نفر توسط مایکوباکتریوم توبرکلوزیس (Mycobacterium

بیماری سل هنوز به عنوان یک مشکل جهانی باقی مانده است و محاسبات اخیر نشان می‌دهد که در بسیاری از کشورها برنامه‌های کنترلی در محدود کردن انتشار آن