مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی کردستان/ دوره نوزدهم /تابستان ۳۹/۱۳۹۳-۳۱

بررسی شیوع مایکوباکتریوم های غیرتوبرکلوزیس در بیماران مراجعه کننده به آزمایشگاه رفرانس سل کشوری

زهرا درخشانی نژاد[۱]، پریسا فرنیا[۲]، فاطمه مریم شیخ الاسلامی[۳]، مونا افرایی کرهرودی[۱]، محدثه مظفری[۱]، شیما سیف[۱]،کیمیا تقوی[۱]،رشید رمضان زاده[۴]، محمد رضا مسجدی[۵]، علی اکبر ولایتی[۶]

۱.کارشناس ارشد میکروبیولوژی، پژوهشگر مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی، پژوهشکده سل و بیماریهای ریوی، مرکز آموزشی، پژوهشی و درمانی سل و بیماریهای ریوی بیمارستان دکترمسیح دانشوری، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی- درمانی شهید بهشتی (مولف مسئول) تلفن: ۲۷۱۲۲۲۵۹-۰۲۱ sh_derakhshani@yahoo.com

۲.دانشیار گروه میکروبیولوژی، مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات درمانی شهید بهشتی ، تهران، ایران

۳.دکترای انگل شناسی، پژوهشگر مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات درمانی شهید بهشتی ، تهران، ایران

۴.دانشیار مرکز تحقیقات سلولی- مولکولی و گروه میکروبیولوژی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات درمانی کردستان، سنندج، ایران

۵.استاد گروه داخلی، پژوهشکده سل وبیماری های ریوی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات درمانی شهید بهشتی ، تهران، ایران

۶.استاد گروه اطفال، پژوهشکده سل و بیماری های ریوی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات درمانی شهید بهشتی ، تهران، ایران

چکیده

زمینه و هدف: باتوجه به اهمیت افزایش بیماری های ناشی از مایکوباکتریوم های غیر سلی در سرتاسر جهان ، ما مطالعه ای را به منظور ارزیابی بسامد این بیماری ها در منطقه خود انجام داده ایم. هدف از مطالعه حاضر شناسایی و بررسی میزان شیوع مایکوباکتریوم های غیر سلی در ایران از نمونه های مختلف بالینی، طی یک دوره ۸ ساله در بیمارستان مسیح دانشوری بوده است.

روش بررسی: این مطالعه به صورت توصیفی بر روی ۸۳۲۲ نمونه جدا شده از بیماران با علایم سل ریوی طی سال های ۹۰-۸۳ در مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی انجام گردید. برای شناسایی گونه های مایکوباکتریوم ابتدا یک قطعه ۱۹۰bp از ژن IS6110 با استفاده از پرایمرهای Tb2 و Tb1 تکثیر گردید. نمونه هایی که دارای نتیجه PCR بر مبنای IS6110 منفی بودند به منظور بررسی مایکوباکتریوم های غیر سلی با استفاده از ژن hsp65 با روش PCR-RFLP مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند.

یافته ها: از کل ۸۳۲۲ نمونه، (۱/۵٪) ۱۲۴ سویه NTM مشخص گردید. میانگین سنی بیماران NTM مورد مطالعه ۱۸/۹± ۵۷ سال (با رنج سنی ۸۸-۷ سال) بود و همین طور غالب این بیماران (۵۵/۶٪) مرد بودند. . رایج ترین گونه های شناسایی شده در این مطالعه، شامل مایکو باکتریوم سیمیایی (۴۴/۳٪)، مایکوباکتریوم چلونی (۱۶/۹٪) و مایکوباکتریوم کانزاسی (۱۲/۹٪) بودند.

نتیجه گیری: در این بررسی ما شیوع بالایی از مایکوباکتریوم سیمیایی را میان بیماران مشاهده کردیم. با توجه به این که پروتکل درمانی در مورد مایکوباکتریوم های غیر سلی با مایکوباکتریوم توبرکلوزیس کمپلکس متفاوت می باشد بنابراین تشخیص این گونه ها در اسرع وقت اهمیت قابل توجهی برای پزشکان در بر خواهد داشت.

واژه های کلیدی: NTM، مایکوباکتریوم های غیر سلی، hsp65.

وصول مقاله :۹۱/۱۱/۲ اصلاحیه نهایی:۹۲/۸/۲۸ پذیرش:۹۲/۱۱/۱۳

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-06-30]

[DOI: 10.22102/19.2.31]

مقدمه

نگرانی های فزآینده ای در مورد مایکوباکتریوم های غیرسلی(NTM[1]) موجود در محیط زیست وجود دارد (۱). با توجه به پیشرفت و توسعه روش های مولکولی، گونه های فراوانی از این مایکوباکتریوم ها شناسایی شده است (۲).مایکوباکتریوم های غیر سلی (NTM)، اغلب با عناوین مایکوباکتریوم های محیطی، مایکوباکتریوم های آتیپیک و مایکوباکتریوم های غیر از توبرکلوزیس(MOTT[2]) شناخته شده اند. در میان این عناوین، عنوان NTM به نظر قابل قبول تر می رسد، که در اظهارات انجمن بیماری های ریوی آمریکا (ATS[3]) بیان شده است (۳و۴).

انتقال این مایکوباکتریوم ها از انسان به انسان به ندرت رخ می دهد با این حال در صورتی که این انتقال رخ دهد این ارگانیسم ها می توانند منجر به ایجاد عوارض جدی شوند (۵و۶). مایکو باکتریوم های آتیپیک در سال ۱۹۵۰ توسط رانیون، براساس سرعت رشد و تولید رنگدانه طبقه بندی شدند (۷و۸). بر این اساس مایکوباکتریوم های غیر سلی به ۴ گروه دسته بندی می شوند، گروهI تا III سریع الرشد و گروه IV که کند رشد هستند(۹). این ارگانیسم ها عامل ایجاد کننده ۴ بیماری بالینی مجزا هستند که شامل بیماری ریوی پیش رونده، لنفادنیت سطحی، بیماری های منتشره، عفونت پوست و بافت نرم است (۱۰). بیماری های ریوی و سایر بیماری های ناشی از این مایکوباکتریوم ها، هم اکنون در بسیاری از نقاط دنیا شناخته شده است، تقریبا ۸۰ درصد از بیماران مبتلا به عفونت های ناشی از مایکوباکتریوم های غیر سلی خانم های میانسال و یا مسن هستند (۱۱). مایکوباکتریوم های غیر سلی در ۳۰ سال گذشته به طور چشم گیری با بیماری های ریوی در انسان همراه شده اند (۱۲). این عفونت ها نیاز به درمانی دارند که در قیاس با درمان سل دو یا سه دوره زمان بیشتری را نیاز دارد (۱۳).

هزینه های درمان قابل مقایسه با دیگر بیماری های مزمن عفونی نظیر HIV/AIDS است، در حالی که سل با دارو های چند گانه در مدت ۶ ماه درمان می شود، عفونت ریوی ناشی از NTM نیاز به ۱۸ تا ۲۴ ماه درمان دارد . هزینه درمان برای هر بیمار احتمالا ۳ یا ۴ برابر درمان توبرکلوزیس است (۱۴). مطالعه ایی که اخیرا در ایران توسط بقایی و همکاران بر روی بیماران ریوی انجام گردید، نشان داد که شایع ترین مایکوباکتریوم غیر توبر کلوزیس جدا شده از بیماران، مایکوباکتریوم سیمیایی[4] بوده است (۱۵).

باتوجه به اهمیت افزایش بیماری های ناشی از مایکوباکتریوم های غیر سلی در سرتاسر جهان ، ما مطالعه ای را به منظور ارزیابی بسامد این بیماری ها در منطقه خود انجام داده ایم. هدف از مطالعه حاضر شناسایی و بررسی میزان شیوع مایکوباکتریوم های غیر سلی در ایران از نمونه های مختلف بالینی، طی یک دوره ۸ ساله در بیمارستان مسیح دانشوری است.

روش بررسی

مطالعه حاضر به صورت توصیفی بر روی ۸۳۲۲ نمونه جدا شده از بیماران با علایم سل ریوی طی سال های ۹۰-۸۳ در مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی انجام گردید. نمونه ها از اکثر استان های کشور خصوصا استان های واقع در مرکز، غرب و جنوب غرب و همچنین استان های شمالی و جنوبی جهت انجام تست های مایکوباکتریایی و تایید ابتلا آن ها به آزمایشگاه رفرانس سل کشور ارسال گردید.

جداسازی اولیه سویه های مایکوباکتریوم با روش پتروف و با استفاده از محیط لون اشتاین جانسن [5] انجام شد (۱۶) . در مرحله ی بعد DNA مایکوباکتریوم از نمونه های خلط بیماران با استفاده از کیت کیاژن (QiAamp DNA

[1] Non Tuberculosis Mycobacteria
[2] Mycobacteria other than Tuberculosis
[3] American Thoracic Society

[4] Mycobacterium simiae

[5] Lowenstein Jensen

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-06-30]

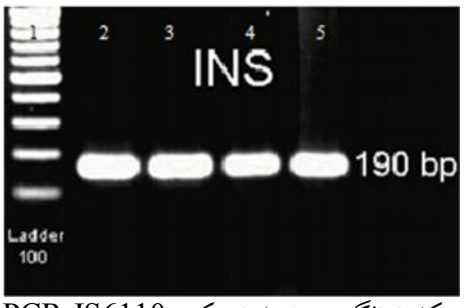
[DOI: 10.22102/19.2.31]

Mini) براساس دستور العمل شرکت سازنده استخراج گردید .

برای شناسایی گونه های مایکوباکتریوم ابتدا یک قطعه ۱۹۰bp از ژن IS6110 با استفاده از پرایمرهای Tb1: 5′- ATC CTG CGA GCG TAG GCG TCG G -3′ و Tb2: 5'- CAG GAC CAC GAT CGC TGA TCC GG -3′ تکثیر گردید. میکس PCR با حجم نهایی۵۰ میکرولیتر حاوی ۸ پیکومول از پرایمر Tb1 و پرایمر Tb2 ،۱/۵میلی مولار کلرید منیزیم، ۱ واحد از آنزیم Taq پلی مراز (شرکت سیناژن[6]،۰/۲ میلی‌مولار dNTP ، ۱/۵میلی مولار از بافر ۱۰X و ۲٪ از DMSO استفاده گردید. واکنش PCR در دستگاه ترمال سایکلر (استک[7] ژاپن) به شرح زیر می باشد:

سیکل اول ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۱۰ دقیقه جهت دناتوراسیون اولیه که توسط ۳۵ سیکل شامل ۹۳ درجه سانتی گراد بیست ثانیه، ۶۵ درجه سانتی گراد یک دقیقه و ۷۲ درجه سانتی گراد بیست ثانیه ادامه یافته و سیکل آخر به مدت ۵ دقیقه در ۷۲ درجه سانتی گراد جهت طویل سازی نهایی انجام گردید.

و محصولات واکنش PCR، بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد حاوی اتیدیوم بروماید بارگذاری و بررسی گردید (۱۷) (شکل۱).



شکل۱. الگوی حاصل از تکثیر PCR-IS6110

ستون ۱ مارکر bp ۱۰۰، ستون های ۲ تا ۴ قطعات تکثیر شده bp ۱۹۰ ، ستون ۵ سوش استاندارد H37RV

نمونه هایی که از نظر IS6110 مثبت بودند به عنوان کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکلوزیس تلقی شدند. نمونه هایی که دارای نتیجه PCR بر مبنای IS6110 منفی بودند. به منظور بررسی مایکوباکتریوم های غیر سلی با استفاده از ژن hsp65 با روش PCR-RFLP مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. تکثیر این ژن با استفاده از یک Nested-PCR انجام گردید که در مرحله اول آن جفت پرایمر Tb15: 5′-CGT AYG ACG AAG AGG CCC GT 3′ و Tb17: 5′-WAS GGR TCC TCS AGG ACS GC -3′ مورد استفاده قرار گرفت. میکس PCR با حجم نهایی ۵۰ میکرولیتر حاوی ۴ پیکو مول از پرایمر Tb15 و پرایمر Tb17، ۱/۵ میلی مولار کلرید منیزیم، ۱ واحد از آنزیم Taq پلی مراز (شرکت سیناژن)،۰/۲ میلی‌مولار dNTP ، ۱/۵میلی مولار از بافر ۱۰X و ۱٪ از DMSO استفاده گردید. واکنش PCR در دستگاه ترمال سایکلر شامل ۳۰ سیکل با دمای آنالینگ ۶۰ درجه سانتی گراد بود.

مرحله دوم با استفاده از جفت پرایمر Tb11: 5'ACCAACGATGGTGTGTCCA 3' و Tb12: 5'CTTGTCGAACCGCATACCCT 3' انجام گردید (۱۸).

واکنش PCR با حجم۵۰ میکرولیتر حاوی ۸ پیکومول از پرایمر Tb11 و Tb12 ،۱/۵میلی مولار کلرید منیزیم، ۱ واحد از آنزیم Taq پلی مراز (شرکت سیناژن)،۰/۲ میلی-مولار dNTP ، ۱/۵میلی مولار از بافر ۱۰X و ۲٪ از DMSO استفاده گردید.

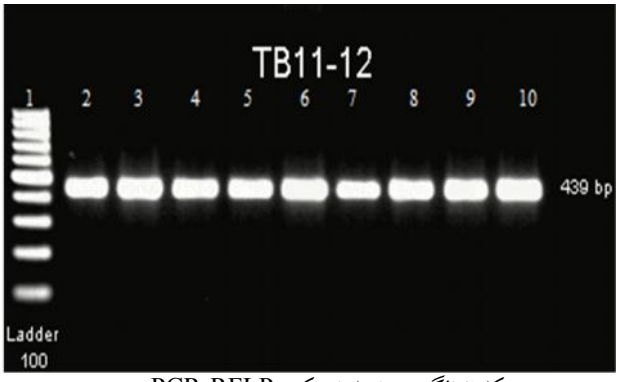
شرایط دمایی واکنش به صورت مقابل بود: سیکل اول ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۵ دقیقه جهت دناتوراسیون اولیه که توسط ۳۰ سیکل شامل ۹۴ درجه سانتی گراد سی ثانیه، ۵۶ درجه سانتی گراد ۱ دقیقه و ۷۲ درجه سانتی گراد ۴۰ ثانیه ادامه یافت و سیکل آخر ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۱۰ دقیقه انجام گردید. در نهایت قطعات تکثیر یافته حاصل از PCR بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد الکتروفورز و باند

[5] Sinagen
[7] Astec

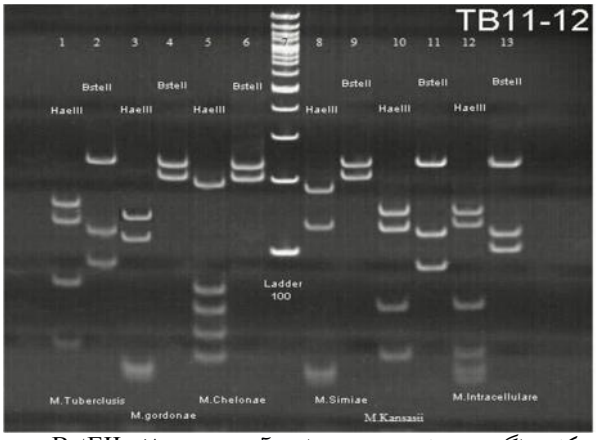
[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-06-30]

[DOI: 10.22102/19.2.31]

bp ۴۳۹ مشاهده گردید(شکل ۲). قطعات تکثیر یافته توسط دو آنزیم اندونوکلئاز BstEII و HaeIII مطابق با دستور العمل شرکت سازنده هضم گردید، محصولات هضم شده بر روی ژل آکریل آمید ۸ درصد الکتروفورز و الگوی ژنتیکی حاصل از هضم با مدل ژنتیکی سویه های استاندارد مقایسه گردید(۱۷) (شکل۳). برای تجزیه و تحلیل داده ها نیز از نرم افزار آماری SPSS استفاده گردید و فراوانی و درصد ها محاسبه شد.



شکل۲. الگوی حاصل از تکثیر PCR-RFLP
ستون ۱ مارکر bp ۱۰۰، ستون های ۲ تا ۹ قطعات تکثیر شده bp ۴۳۹
، ستون ۱۰ سوش استاندارد H37RV



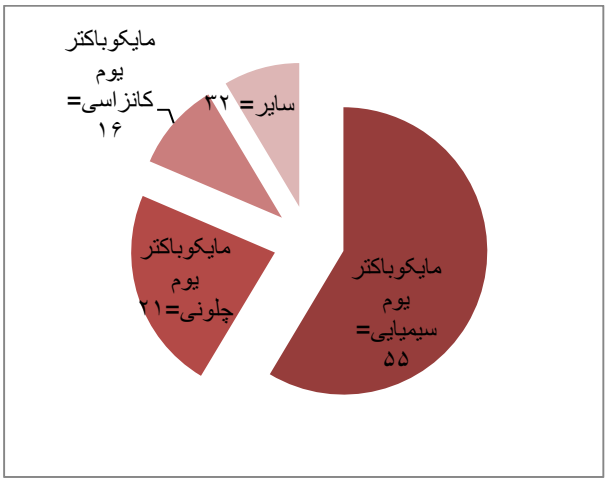
شکل۳. الگوی حاصل از هضم توسط دو آنزیم محدود الاثر BstEII و HaeIII بر روی ژل آکریل آمید ۸٪ حاوی اتیذیوم بروماید
ستون ۲و۱ مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، ستون ۳و۴ مایکوباکتریوم گردونه، ستون ۵و۶ مایکوباکتریوم چلونه، ستون ۷ مارکر bp ۱۰۰، ستون ۹و۸ مایکوباکتریوم سیمیایی، ستون ۱۰و۱۱ مایکوباکتریوم کانزاسی و ستون ۱۲و۱۳ مایکوباکتریوم اینتراسلولار.

یافته ها

از کل ۸۳۲۲ نمونه، (۱/۵٪) ۱۲۴ سویه NTM مشخص گردید. میانگین سنی بیماران NTM مورد مطالعه ۱۸/۹± ۵۷ سال (با رنج سنی ۸۸-۷ سال) بود و همین طور غالب این بیماران (۵۵/۶٪) مرد بودند. تنها (۱/۶٪)۲ بیمار NTM از افاغنه مهاجر ایران بودند.

تمامی سویه های NTM با استفاده از روش های مولکولی مقاوم به ایزونیازید و ریفامپین بودند. رایج ترین گونه های شناسایی شده در این مطالعه، شامل مایکو باکتریوم سیمیایی (۴۴/۳٪)، مایکوباکتریوم چلونی[8] (۱۶/۹٪) و مایکوباکتریوم کانزاسی[9] (۱۲/۹٪) بودند (نمودار ۱).

نمودار۱. فراوانی نمونه های بالینی NTM در میان بیماران



[8] Mycobacterium chelonae
[9] Mycobacterium kansasii

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-06-30]
[DOI: 10.22102/19.2.31]

جدول ۱ نشان دهنده گونه های جدا شده از بیماران مورد مطالعه می باشد.

پراکندگی مایکوباکتریوم سیمیایی به میزان قابل توجهی بالاتر از سایر مایکوباکتریوم های غیر سلی بود که این مایکوباکتریوم در استان خراسان نسبت به سایر استان ها شیوع بیش تری (۱۴/۵٪) داشت، همچنان که مایکوباکتریوم چلونی شایع ترین مایکوباکتریوم سریع الرشد در میان سویه ها بود که در استان گلستان نسبت به سایر استان ها شایع تر (۱۴/۲٪) بوده است.

به طور کلی شیوع مایکوباکتریوم های غیر سلی در استان خوزستان و خراسان و پس از آن در استان گلستان بیش تر از سایر استان های کشورمان بود(جدول ۲).

جدول۱. پراکندگی مایکوباکتریوم های غیر سلی در ایران، ۹۰-۸۳

گونه های NTM	تعداد
مایکوباکتریوم سیمیایی	۵۵ (٪۴۴/۴)
مایکوباکتریوم چلونی	۲۱ (٪۱۷)
مایکوباکتریوم کانزاسی	۱۶ (٪۱۲/۹)
مایکوباکتریوم اینتراسلولار	۹ (٪۷/۳)
مایکوباکتریوم آبسس	۶ (٪۴/۸)
مایکوباکتریوم فورتیتوم	۴ (٪۳/۲)
مایکوباکتریوم گردونه	۴ (٪۳/۲)
مایکوباکتریوم برندری	۱ (٪۰/۸)
مایکوباکتریوم پاراسکرو	۱ (٪۰/۸)
مایکوباکتریوم شرنیسی	۱ (٪۰/۸)
مایکوباکتریوم اسکرو فالسیوم	۱ (٪۰/۸)
مایکوباکتریوم هنتی	۱ (٪۰/۸)
مایکوباکتریوم آسترا	۱ (٪۰/۸)
مایکوباکتریوم لارینوژ	۱ (٪۰/۸)
مایکوباکتریوم زولگایی	۱ (٪۰/۸)
مایکوباکتریوم مالموئنس	۱ (٪۰/۸)
تعداد	۱۲۴

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-06-30]

[DOI: 10.22102/19.2.31]

جدول ۲. فراوانی مایکوباکتریوم های شایع در استان های کشور

مایکوباکتریوم	استان
مایکو باکتریوم سیمیایی	خراسان
مایکوباکتریوم چلونی	گلستان
مایکوباکتریوم کانزاسی	تهران

بحث

مطالعه انجام شده نشان داد که در ایران شیوع مایکوباکتریوم های غیر سلی نادیده گرفته شده است، بنابراین این احتمال وجود دارد که میزان بیماری های ناشی از این مایکوباکتریوم در ایران رو به افزایش رود.

در ایالات متحده، آسیا و همچنین اکثر قسمت های اروپا کمپلکس مایکوباکتریوم آویوم (MAC[10]) شایع ترین مایکوباکتریوم غیر سلی بوده است (۲۰و۱۹). بر اساس مطالعات انجام گرفته در ترکیه مایکوباکتریوم فورتیتوم[11] بالاترین میزان شیوع را به خود اختصاص داده است (۲۱).

مطالعات مختلف اخیر گسترش و توزیع مایکوباکتریوم های غیر سلی در ایران را نشان داده است. براساس داده هایی از اصفهان که توسط شجاعی و همکاران در طی سال های ۸۷-۸۵ انجام گرفت، نشان داده شد،مایکوباکتریوم فورتیتوم شایع ترین گونه در ایران است، در مطالعه فوق الذکر روش بررسی همانند روش بررسی مطالعه فعلی بوده یعنی بر اساس تشخیص مایکوباکتریوم با استفاده از پلی مورفیسم ژن hsp65 انجام گردید (۲۲). نتایج به دست آمده از مطالعه ما با نتایج به دست آمده از مطالعه شجاعی و همکاران کاملا متفاوت بوده به طوری که بیش ترین مایکوباکتریوم به دست آمده از این تحقیق مایکوباکتریوم سیمیایی گزارش گردید.

مطالعه دیگری که توسط قائمی و همکاران در سال ۸۵ در استان گلستان بر روی نمونه های خاک انجام شد نشان داد که مایکوباکتریوم فورتیتوم نیز رایج ترین گونه بوده است، در این بررسی پس از جداسازی نمونه ها از خاک و انتقال به آزمایشگاه جداسازی و کشت بر روی محیط LJ انجام گردید (۲۳). بدیهی است که تفاوت مشاهده شده در تحقیق کنونی و تحقیق ذکر شده به دلیل نوع نمونه مورد بررسی می باشد.

مطالعات بیشتر در آزمایشگاه رفرانس سل کشوری نشان داد که مایکوباکتریوم سیمیایی بیشترین NTM در میان مایکوباکتریوم های غیر سلی بوده است، در این مطالعه که توسط حیدری و همکاران در سال ۸۹ انجام گرفت تمامی نمونه ها از میان بیماران مبتلا به سل ریوی بوده است (۲۴). بر اساس مطالعه حاضر نتایج با یکدیگر تطبیق داشتند.

بر طبق بررسی انجام شده توسط نادری و همکاران در زاهدان که بر اساس روش های معمول بیوشیمیایی انجام گردید شایع ترین مایکوباکتریوم، مایکوباکتریوم کانزاسی گزارش گردید (۲۵). در حالی که در مطالعه حاضر مایکوباکتریوم کانزاسی سومین گونه شایع در میان بیماران بوده است.

مطالعه ما اطلاعات مهمی را در مورد شیوع مایکوباکتریوم های غیر سلی نشان داد. بر خلاف اکثر مطالعات انجام شده در ایران، داده های ما نتایج متفاوتی را در برداشت .در این بررسی ما شیوع بالایی از مایکوباکتریوم سیمیایی را میان بیماران مشاهده کردیم. می توان گفت با توجه به اینکه نمونه های مورد استفاده در این مطالعه از نمونه های ریوی بوده و اگر از قسمت های دیگری به عنوان مثال از بافت و

[10] Mycobacterium avium complex
[11] Mycobacterium fortuitum

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-06-30]

[DOI: 10.22102/19.2.31]

یا سایر قسمت ها و یا اینکه از خاک وغیره بود این احتمال بود که نتایج مشابه با سایر مطالعات دریافت شود. یکی دیگر از دلایل احتمالی تفاوت های به دست آمده از مطالعه ما با مطالعات مشابه در ایران این است که بیماران مورد بررسی در این تحقیق، بر خلاف اکثر مطالعات که به صورت استانی انجام گرفته بودند ازکل ایران به مرکز رفرانس سل کشوری ارجاع داده شده بودند، لذا مطالعه انجام گرفته در این زمینه عمومیت بیش تری داشته و نشان دهنده شیوع مایکوباکتریوم های غیر سلی در کل ایران است.

مایکوباکتریوم سیمیایی تنها NTM ای است که مانند مایکوباکتریوم توبرکلوزیس نیاسین مثبت بوده (۲۶). گزارشات حاکی از شیوع بیماری های ایجاد شده توسط مایکوباکتریوم سیمیایی در مناطق جنوب غربی امریکا، کوبا و اسرائیل بوده است (۲۷). باید توجه داشت که گونه های مختلف مایکوباکتریوم های غیر سلی که باعث ایجاد بیماری های ریوی می شوند در مناطق جغرافیایی مختلف متفاوت هستند (۲۸). با توجه به شباهت این مایکوباکتریوم به مایکوباکتریوم توبرکلوزیس روش های مولکولی برای تمایز مایکوباکتریوم سیمیایی از مایکوباکتریوم توبرکلوزیس در مقایسه با آزمون های معمول بسیار دقیق تر، سریع تر و حساس تر است (۲۷).

نتایج حاصل نشان داد که مایکوباکتریوم چلونی بیش ترین گونه یافت شده پس از مایکوباکتریوم سیمیایی بوده است، مایکوباکتریوم چلونی و همین طور سایر مایکوباکتریوم های سریع الرشد اغلب در منابع آبی و همین طور در خاک یافت می شوند، مواجهه با مایکوباکتریوم های غیر سلی به علت تغییر در رفتار(قرار گرفتن در معرض آئروسل از طریق حمام گرفتن زیاد) و به دلایل نامشخص با رشد پراکندگی و تعداد مایکوباکتریوم های غیر سلی در محیط افزایش یافته است (۲۸). جوشاندن آب قبل از مصرف یک روش ساده برای افرادی است که در آسیا زندگی می کنند که ممکن است تا حدودی آن ها را در برابر کلونیزاسیون ریوی محافظت می کند (۲۹).

با توجه به این که پروتکل درمانی در مورد مایکوباکتریوم های غیر سلی با مایکوباکتریوم توبرکلوزیس کمپلکس متفاوت می باشد بنابراین تشخیص این گونه ها در اسرع وقت اهمیت قابل توجهی برای پزشکان در بر خواهد داشت. درمان NTM بسته به نوع گونه متفاوت بوده با این حال درمان بیماری های ناشی از این مایکوباکتریوم ها هرگز ساده نبوده چرا که نیاز به استفاده از چندین دارو در مدت ۱۸ تا ۲۴ ماه است علاوه بر این، آن ها اغلب عوارض جانبی قابل توجهی دارند و برخی از آن ها اغلب قابل درمان نیستند. آزمایشگاه ها با تشخیص به موقع و دقیق موارد NTM می توانند گام موثری در درمان بیمار برداشته و راهنمای پزشک در انتخاب پروتکل درمانی صحیح باشند (۳۰).

نتیجه گیری

نتایج مایکوباکتریوم های غیر سلی نشان داد که علی رغم تصور نادرست برخی از پزشکان این مایکوباکتریوم ها خطر ساز هستند. همان گونه که در این تحقیق مشخص گردید، گسترش آن ها نیز در ایران شایع بوده و عامل بیماری زایی در بیماران مراجعه کننده به آزمایشگاه رفرانس سل کشوری بودند بنابراین لزوم تشخیص صحیح آن ها حاکی از اهمیت فراوان بوده است چرا که باعث پیشگیری از تجویز دارو های نابجا و تسریع روند درمان خواهد شد.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از تمامی همکاران در مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی، آزمایشگاه رفرانس سل کشوری تشکر وقدردانی می گردد.

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-06-30]

[DOI: 10.22102/19.2.31]

Reference

1. Lim JM, Hwan Kim J, Yang HJ. Management of infections with rapidly growing mycobacteria after unexpected complications of skin and subcutaneous surgical procedures. Arch PlastSurg 2012;39(1):18-24.
2. Tortoli E. Impact of genotypic studies on mycobacterial taxonomy: the new mycobacteria of the 1990's. ClinMicrobiol Rev 2003; 2:313–54.
3. Wallace RJ Jr, O'Brein R, Glassroth J, Raleigh J, Dutta A. Diagnosis and treatment of disease caused by nontuberculous mycobacteria. Am Rev Respir Dis1990;142(4):940-53.
4. Katoch VM, Mohan Kumar T . Atypical mycobacterial infections. In: Sharma SK, editor. Tuberculosis, 1st ed. New Delhi: Jaypee Brothers Medical Publishers (P) Ltd.2001.p. 439-51.
5. Wallace RJ, Glassroth J, Griffith DE, Olover KN, Cook JL, Gordin F. Diagnosis and treatment of disease caused by nontuberculous mycobacteria. Am J RespirCrit Care Med 1997;156(2):S1– 25.
6. Hale YM, Pfyffer GE, Salfinger M. Laboratory diagnosis of mycobacterial infections: new tools and lessons learned. Clin Infect Dis 2001;33:834– 46.
7. Dailloux M, Laurain C, Weber M, Hartemann PH. Water and nontuberculous mycobacteria. Water Res 1999; 33(10):2219-28.
8. Muthusami JC, Vyas FL, Mukundan U, Jesudason MR, Govil S, Jesudason SR. Mycobacterium fortuitum: an iatrogenic cause of soft tissue infection in surgery. ANZ J Surg 2004; 74(8):662-6.
9. Jarzembowski JA, Young MB. Nontuberculous mycobacterial infections. Arch Pathol Lab Med 2008; 132(8):1333-41.
10. Hanak V, Kalra S, Aksamit TR, Hartman TE, Tazelaar HD, Ryu JH. Hot tub lung: presenting features and clinical course of 21 patients. Respir Med 2006; 100(4):610-5.
11.CookJL. Nontuberculous mycobacteria: opportunistic environmental pathogens for predisposed hosts. British Medical Bulletin 2010;96:45–59.
12.GopinathK, Singh S. Non-tuberculous mycobacteria in TB-endemic countries: are we neglecting the danger?PlosNegl Trop Dis2010; 4(4):e615.
13.Iseman MD, Marras TK. The importance of nontuberculous mycobacterial lung disease. Am J RespirCrit Care Med2008;178:999–1000.
14. Holland SM, Prevots DR. Pulmonary nontuberculous mycobacterial infections: antibiotic treatment and associated costs. Respir Med 2009;103(10):1448–1455.
15. Baghaei P, Tabarsi P, Farnia P, Marjani M, Sheikholeslami FM, Chitsaz M, et al. Pulmonary disease caused by Mycobacterium simiaein Iran's national referral center for tuberculosis.
J Infect Dev Ctries2012;6(1):23-28.
16. Costa AR, Lopes ML, Furlaneto IP, Sousa MS, Lima KV. Molecular identification of nontuberculous mycobacteria isolates in a Brazilian mycobacteria reference laboratory.DiagnMicrobiol Infect Dis *2010*;68(4):390-4.
17. Telenti A, Marchesi F, Balz M, Bally F, Bottger EC, Bodmer T. Rapid identification of mycobacteria to the species level by polymerasechain reaction and restriction enzyme analysis. J ClinMicrobiol 1993;31(2):175-178.
18. Farnia P, Masjedi MR, Nasiri B, Mirsaedi M, Sorooch S, Kazeampour M, Velayati AA. Instability of IS6110 patterns in multidrug-resistant strains of mycobacterium tuberculosis.Epidemiol Infect 2007; 135(2):346-52.

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-06-30]

[DOI: 10.22102/19.2.31]

19. Simons S, Ingen JV, Hsueh PR, Hung NV, Dekhuijzen R, Boeree MJ, and et al. Nontuberculousmycobacteria in respiratory tract infections, Eastern Asia. Emerging Infectious Diseases 2011;17(3):343-349.
20. Cassidy PM, Hedberg K, Saulson A, McNelly E, Winthrop KL. Nontuberculousmycobacterial disease prevalence and risk factors: A changing epidemiology.Clinical Infectious Diseases 2009;49:e124–9.
21.Martín-Casabona N, Bahrmand AR, Bennedsen J, Thomsen VO, Curcio M, Fauville-Dufaux M, and et al. Nontuberculous mycobacteria: patterns of isolation. A multi-country retrospective survey. Int J Tuberc Lung Dis2004; 8:1186-1193.
22. Heidarieh P, Shojaei H, Feizabadi MM, Havaei A, Hashemi A, Ataei B, andet al. Molecular identification and conventional susceptibility testing of Iranian clinical mycobacterium fortuitumisolates. Iran J Basic Med Sci 2009;13(1):210-215.
23. Ghaemi E, Ghazisaidi K, Koohsari H, Khodabakhshi B, Mansoorian A. Environmental mycobacteria in areas of high and low tuberculosis prevalence in the Islamic Republic of Iran. Eastern Mediterranean Health Journal 2006;12(3-4): 280-285.
24. Heidari F, Farnia P, Nowroozi J, Majd A, Masjedi MR, Velayati AK. Evaluating the sensitivity of three primers using PCR-restriction fragment length polymorphism analysis for rapid identification of mycobacterium simiaeisolated from pulmonary tuberculosis patients. Iranian Journal of Clinical Infectious Diseases 2010;5(1):30-35.
25. Naderi M, Alavi-Naini R, Sharifi Mood B, Naserfar M.Prevalence of tuberculosis and non tuberculosis mycobacterium inZahedan, Southeast of Iran. Research Journal of Microbiology 2006;1(4):375-377.
26. Cruz AT, Goytia VK, Starke JR. Mycobacterium simiaecomplex infection in an immunocompetent child. J ClinMicrobiol 2007;45(8):2745-46.
27. Sampaio JLM, Artiles N, Pereira RMG, Souza JR, Leite JPG. Mycobacterium simiaeinfection in a patient with acquired immunodeficiency syndrome. Brazil J Infect Dis 2001;5(6):352-55.
28. O'Brien DP,Currie BJ, Krause VL. Nontuberculous mycobacterial disease in northern Australia: a case series and review of the literature. Clin Infect Dis 2000;31(4):958-67.
29. Eduardo Hernández-Garduño E, Elwood K. Nontuberculousmycobacteria in tap water. Emerging Infectious Diseases 2012;18(2):353.
30. Jung Koh W, Jung Kwon O, Soo Lee K. Diagnosis and treatment of nontuberculous mycobacterial pulmonary diseases: A Korean perspective.J Korean Med Sci 2005; 20(6): 913-25.

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-06-30]

[DOI: 10.22102/19.2.31]