مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی کردستان/ دوره چهاردهم/ زمستان ۱۳۸۸/ ۹-۱

شناسایی موتاسیونهای مرتبط با مقاومت به ایزونیازید در مایکوباکتریوم توبرکلوزیس بیماران مسلول با استفاده از روش PCR-RFLP و MAS PCR

فریده دین محمدی[۱]، پریسا فرنیا[۲]، علیرضا بیگلری[۳]، مهدی کاظم‌پور[۴]، رشید رمضان‌زاده[۵]، محمد رضا مسجدی[۶]، علی‌اکبر ولایتی[۷]

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی واحد زنجان، زنجان، ایران

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

(مؤلف مسؤول) تلفن : ۰۲۱-۲۰۱۰۹۵۰۵ pfarnia@hotmail.com

۳-استادیار گروه ژنتیک انسانی، دانشگاه علوم پزشکی زنجان، ، زنجان، ایران

۴- مربی گروه آمار دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی شهید بهشتی- تهران، مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی، تهران، ایران

۵-استادیار گروه میکروبیولوژی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی کردستان، سنندج، ایران

۶-استاد گروه داخلی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی شهید بهشتی- تهران، مرکز تحقیقات سل و بیماریهای ریوی، تهران، ایران

۷-استاد گروه اطفال، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی شهید بهشتی- تهران، مرکز تحقیقات سل و بیماریهای ریوی، تهران، ایران

چکیده

زمینه و هدف: ایزونیازید یکی از داروهای مهم خط اول درمان سل می‌باشد. مقاومت به این دارو در بسیاری از نقاط جهان رو به افزایش است. جهش‌های ایجاد شده در ژن KatG و inhA در اغلب موارد عامل مقاومت به ایزونیازید می‌باشند. هدف از این مطالعه ارائه روشی مناسب و سریع برای شناسایی موتاسیونهای مرتبط با مقاومت به ایزونیازید در مایکوباکتریوم توبرکلوزیس می‌باشد.

روش بررسی: در این مطالعه وجود جهش در نواحی خاصی از ژنهای katG و inhA در۹۰ نمونه کشت مثبت بیماران مسلول ریوی پس از انجام تست‌های حساسیت داروئی بررسی شد. برای تعیین جهش‌های کدون ۳۱۵ KatG از تکنیک PCR-RFLP استفاده گردید. محصول PCR حاصل از تکثیر این قطعه ژنی (۶۲۰bp) توسط آنزیم محدودالاثر MspI برش داده شد. برای شناسائی جهش در ژن inhA نیز از تکنیک MAS-PCR استفاده شد.

یافته‌ها: ۳۴/۵٪ درصد از نمونه‌های مقاوم به ایزونیازید فنوتیپ Thr315 و ۶۵/۵٪ از نمونه‌های مقاوم فنوتیپ Ser315 را نشان دادند. اختصاصیت Thr315 برای نمونه‌های مقاوم ۱۰۰٪ می‌باشد. همچنین در این مطالعه از ۵۲ نمونه مقاوم به ایزونیازید ۳۴/۶٪ در کدون ۴۶۳ دارای اسیدآمینه Arg و ۶۵/۴٪ دارای اسیدآمینه Leu بودند. فراوانی جهش در لوکوس inhA (−15C →T) نمونه‌های MDR و غیرMDR به ترتیب ۲۰٪ و ۱۶/۷٪ درصد بود.

نتیجه‌گیری: با استفاده از روش PCR-RFLP (آنزیم MSPI) و MAS PCR جهش‌های ایجاد شده در کدون ۳۱۵ ژن KatG و ناحیه پروموتور inhA شناسایی می‌شوند. این روشها علاوه بر سادگی و ارزان بودن نسبت به روشهای دیگر در مدت زمان کمتری نتایج دقیق و مطمئنی را فراهم می‌آورند.

کلید واژه‌ها: مایکوباکتریم توبرکلوزیس، مقاومت به ایزونیازید، PCR-RFLP، KatG، inhA، MAS PCR

وصول مقاله: ۸۸/۱۰/۹ اصلاح نهایی: ۸۸/۱۰/۱۶ پذیرش مقاله: ۸۸/۱۱/۱۷

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-11-09]

مقدمه

سل مقاوم به دارو، شیمی درمانی استاندارد کوتاه مدت با داروهای ضد سل مرحله اول درمان را می‌کاهد و عامل مرگ و میر بالا و میزان درمان ناکارآمد و افزایش دوره سرایت بیماری می‌باشد (۱). طبق توصیه سازمان بهداشت جهانی قبل از تجویز آنتی‌بیوتیک باید حساسیت باکتری به انواع داروهای نامبرده مشخص گردد. در سالهای اخیر افراد مبتلا به سل مقاوم به چند دارو بالا رفته و دامنه‌ای بین ۷۷-۱۵ درصد را شامل می‌شود (۲). در ایران شیوع مقاومت در دست کم یک دارو ۵ درصد و شیوع MDR-TB[1] با موارد قبلاً درمان شده ۴۸/۲ درصد می‌باشد (۳). طبق مطالعه‌ای که در ایران در سال ۲۰۰۷ انجام گرفت میزان مقاومت چند داروئی دربیماران جدید ۲/۶٪ در مقابل ۵۶٪ بیماران قبلا درمان شده بود (۴).

انجام آزمایش‌های مرسوم تعیین حساسیت در مورد مایکوباکتریوم توبرکلوزیس علاوه بر مشکلات موجود در مسیر خالص‌سازی کلنی و غلظت‌های مختلف دارو، نیاز به حداقل ۴-۳ هفته زمان دارد. لذا بهتر است روش‌های مطمئن مولکولی جانشین روش‌های مرسوم گردد. برخی از این روش‌ها سریع، ارزان و در عین حال دقیق هستند (۳). یکی از داروهای مؤثر سل، ایزونیازید می‌باشد. ایزونیازید یک پیش دارو است و فعالیت آنتی‌بیوتیکی آن به فعال سازی باکتریایی به وسیله آنزیم کاتالاز- پراکسیداز (KatG) بستگی دارد که موجب ایجاد رادیکالهای فعالی می‌شود که نواحی بسیاری را در مایکوباکتریوم توبرکلوزیس مورد هدف قرار می‌دهند (۵). مطالعات اخیر نشان داده که احتمالاً به علت اهمیت جزء پراکسیداز برای قابلیت زیست سلول حذف کامل ژن نادر است (۶). به این دلیل بیشترین مقاومتی که از طریق تغییر در KatG ایجاد می‌شود، انتخاب جهش‌های خاصی است که باعث کاهش فعالیت کاتالاز در سطحی است که ارگانیزم‌های مقاوم به ایزونیازید قادر به زیست باشد. طبق مطالعات گذشته، جانشینی در کدون ۳۱۵ AGC→ACG (Ser→Thr) بیشترین میزان جهش را شامل می‌شود. این جهش‌های ایجاد شده، توازن بهینه بین کاهش فعالیت کاتالاز و بالاترین سطح مورد نیاز از فعالیت پراکسیداز KatG را فراهم می‌کند (۷). جهش‌های مرتبط با مقاومت به ایزونیازید نسبت به سایر عوامل ضد سلی، مانند ریفامپین بسیار پیچیده‌تر است و ژنهای متعددی (KatG , ahpC , inhA , kasA و mabA-inhA promoter) در این میان دخیل هستند (۸). inhA (انول -Acpردکتاز) که یک پروتئین دخیل در مایکولیک اسید می‌باشد و در بیوسنتز دیواره سلولی دخیل است، هدف دیگری برای ایزونیازید می‌باشد و جهش‌های مرتبط با مقاومت فنوتیپی ایزونیازید در دو لوکوس inhA در مطالعات پیشین توصیف شده است. بنابراین بیشترین موتاسیونهایی که مرتبط با مقاومت به ایزونیازید می‌باشند، KatG وinhA است. در میان روش‌های مرتبط با PCR روش RFLP به دلیل سهولت انجام و به صرفه بودن از اهمیت خاصی برخوردار است (۸). در این روش محصول PCR به وسیله آنزیم‌های محدودالاثر خاصی برش داده می‌شود، به طوری که تعداد باندها و وزن مولکولی آنها می‌تواند گویای نوع جهش روی داده در ژن مورد نظر باشد. در روش MAS PCR از ترکیبات چند پرایمری جهت تکثیر بیش از یک ناحیه خاص در ژنوم در هر واکنش استفاده می‌شود.

در ایران طی مطالعه‌ای، فراوانی جهش در کدون ۳۱۵ ژن KatG (Ser → Thr) ایزوله‌های مقاوم به

1. Multi Drus Resistance-TB

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-11-09]

ایزونیازید در مراکز سل استان‌های اصفهان و تهران به روش PCR-RFLP بررسی شده است (۹). همچنین با استفاده از این روش شناسایی موتاسیونهای مرتبط با مقاومت به ایزونیازید در چین انجام گرفته است (۱۰). در مطالعه‌ای دیگر در ایران که در مرکز تحقیقات سل در تبریز انجام گرفت، از MAS PCR برای شناسایی موتاسیونهای ایجاد شده مرتبط با مقاومت به اتامبوتول استفاده شده است (۱۱). در تحقیق دیگری که توسط Maxine Caws و همکاران انجام گرفته برای بررسی موتاسیونهای مرتبط با مقاومت به ایزونیازید از روش PCR-RFLP و MAS-PCR استفاده گردیده است (۱۲).

هدف از این مطالعه، ارائه روشی مناسب و سریع برای شناسایی موتاسیونهای مرتبط با مقاومت به ایزونیازید در مایکوباکتریوم توبرکلوزیس می‌باشد.

روش بررسی

در این مطالعه توصیفی - تحلیلی تلاش شد تا پس از تایید میکروبی سویه‌های جمع‌آوری شده از مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی پژوهشکده سل و بیماری‌های ریوی با استفاده از روش PCR–RFLP برای Kat G و MAS PCR برای inh A نوع جهش‌های مرتبط با مقاومت به ایزونیازید بررسی شود. ۳۰ سویه MDR و ۳۰ سویه غیر MDR و۳۰ سویه حساس به ایزونیازید از سالهای ۸۷-۱۳۷۸ جمع‌آوری شد. جداسازی اولیه سویه‌های مایکوباکتریوم با روش پتروف ۴٪ و با استفاده از محیط Lowenstein Jensen (L.J) انجام شد و برای شناسائی سویه‌ها از تست‌های بیوشیمیائی از قبیل: تستهای نیاسین، فعالیت کاتالاز، احیاء نیترات استفاده شد. حساسیت داروئی در برابر ایزونیازید (۰/۲μg/ml)، ریفامپین (۴۰g/ml)، استرپتومایسین (۱۰μg/ml) و اتامبوتول (۲μg/ml) به روش تناسبی انجام و سویه‌ها به سه گروه حساس، MDR و غیر MDR تقسیم بندی شدند (۱۳).

استخراج DNA برای PCR

باکتری‌های رشد کرده بر سطح محیط کشت لونشتاین جانسون جمع‌آوری و پس از غیر فعال کردن با حرارت ۸۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱ ساعت، استخراج DNA از باکتری به روش CTAB به شرح ذیل انجام گرفت: ابتدا نمونه‌های حاوی سوسپانسیون باکتری غیرفعال به کمک بافر TE1x سه بار شستشو داده شد. در مرحله بعد TE1x و لیزوزیم را به نمونه‌ها اضافه کرده و در دمای ۳۷ درجه سانتیگراد انکوبه شد. سپس با استفاده از SDS ۱۰ درصد و پروتیناز K و انکوباسیون در دمای ۵۶-۵۵ درجه سانتیگراد عمل تخریب دیواره سلولی انجام گرفت. در مرحله بعد به همه رسوب‌ها Nacl ۵ مولار و بعد CTAB/Nacl اضافه شد و در۶۰ درجه سانتیگراد انکوباسیون شد. برای جداسازی پروتئین از کلرفرم/ایزوآمیل الکل به همراه سانتریفوژ (با دور۱۲۰۰۰به مدت ۱۵دقیقه) استفاده شد. به فاز روئی ایزوپروپانل اضافه شد و در دمای۲۰- درجه سانتیگراد انکوبه شد. مرحله بعد سانتریفوژ با دور ۱۲۰۰۰ به مدت ۱۵ دقیقه و اضافه کردن الکل ۷۰ درصد به رسوب و دوباره سانتریفوژ به مدت ۲-۱ دقیقه بود. مرحله آخر حذف RNA بود که توسط آنزیم RNAase انجام شد (۱۴).

PCR- RFLP

واکنش آمپلیفیکاسیون در حجم نهائی ۵۰ میکرولیتر، حاوی ۱۰ نانوگرم DNA استخراج شده، ۲۰ پیکومول از هر پرایمر، ۰/۲ ماکرومول از dNTP و ۰/۲

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-11-09]

ماکرومول Mgcl و۲/۵U آنزیم Taq انجام شد. پرایمرهای استفاده شده در این مطالعه در جدول ۱ آمده است (۱۰).

سیکل حرارتی برای آمپلی فای ناحیه katG شامل: دمای اولیه؛ ۹۴ درجه سانتیگراد برای ۵ دقیقه، ۳۰ سیکل بصورت ۹۴ درجه سانتیگراد برای ۱ دقیقه، ۶۱/۸ درجه سانتیگراد برای ۱ دقیقه، ۷۲ درجه سانتیگراد برای ۱ دقیقه، دمای پایانی؛ ۷۲ درجه سانتیگراد برای ۷ دقیقه و ۴ درجه سانتیگراد برای ۱ دقیقه.

محصول PCR ژن katG به کمک آنزیم‌های محدودکننده MspI برش داده شد (این آنزیم امکان شناسائی جهش AGC→ACC را در KatG315 فراهم می‌آورد). محصولات حاصل از هضم آنزیم‌های محدودکننده مذکور به روی ژل پلی آکریل آمید الکتروفورز شد.

MAS PCR

تکنیک MAS PCR برای شناسائی موتاسیون در لوکوس inh A(-15C→T) بکار رفت. در این تکنیک از سه پرایمر، ۰/۲TB92 ماکرومول، پرایمرTB93 ۰/۵ ماکرومول و پرایمرRmut ۰/۲۵ ماکرومول استفاده شد. توالی پرایمرهای استفاده شده در جدول ۱ آمده است (۱۲).

واکنش آمپلیفیکاسیون در حجم نهائی ۵۰ ماکرولیتر حاوی ۱۰ نانو گرم DNA استخراج شده، ۰/۱ ماکرومول dNTP، ۰/۲ ماکرومول Mgcl، ۱/۵ U آنزیم Hot Stare انجام شد.

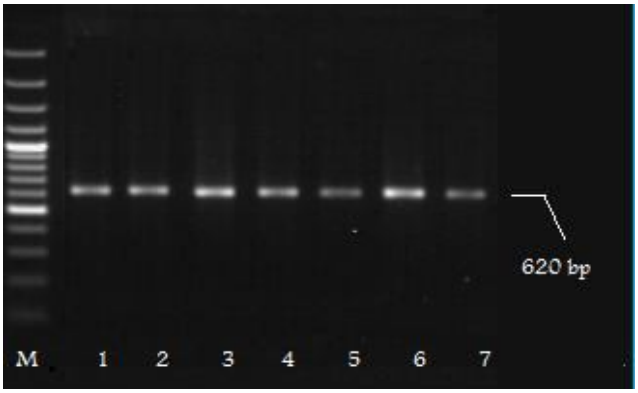
سیکل حرارتی برای انجام PCR شامل: ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه، ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۱ دقیقه، ۶۱/۸ درجه سانتیگراد به مدت ۱ دقیقه، ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۱ دقیقه، ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۷ دقیقه، ۴ درجه سانتیگراد به مدت ۱ دقیقه بود.

محصول PCR برروی ژل آگارز ۱/۵ درصد الکتروفورز شد.

تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از نرم افزار SPSS و Ness انجام گرفت.

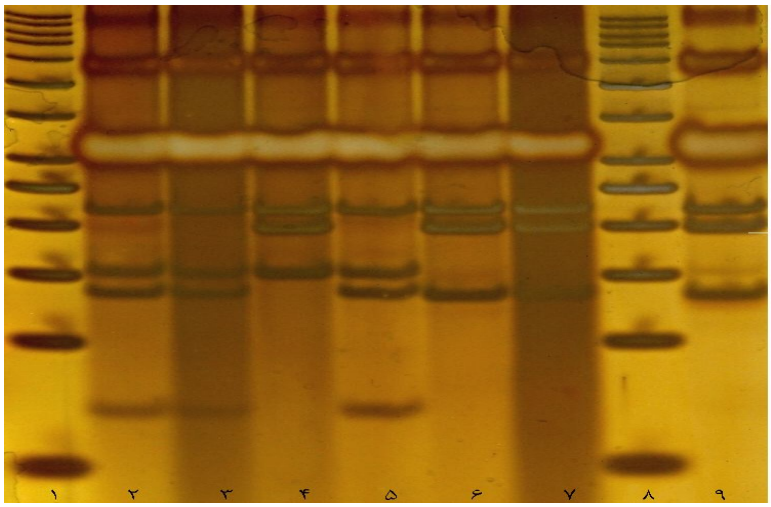
یافته‌ها

محصول PCR ژن KatG قطعه bp ۶۲۰ است که در شکل ۱ نشان داده شده است. نتیجه هضم این قطعهbp ۶۲۰ در نمونه‌های حساس و مقاوم دارای الگوهای متفاوتی می‌باشد. جزئیات این یافته‌ها در جدول ۲ و شکل ۲ آمده است.



شکل ۱ : ژل الکتروفورز قطعه bp ۶۲۰ حاصل از PCR Kat G
ستون ۱ سویه استاندارد H37Rv ، ستون ۲، ۳ و ۴ حساس و ۵، ۶ و ۷ مقاوم

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-11-09]



شکل۲ : الگوهای RFLP ژن Kat G پس از هضم آنزیمی MspI . سه ایزوله دارای موتاسیون درکدون ۳۱۵ KatG (Thr⟶Ser) (ستون های ۹ ،۷ ، ۶) و سه ایزوله فاقد موتاسیون (ستونهای۵ ، ۴ ، ۳) و ایزوله Rv (ستون ۲) و ستون ۱ و ۸ مارکر ۵۰bp.

جدول ۱: توالی پرایمرهای مورد استفاده در این مطالعه

Location Allel	Primers	Sequence
(KatG315)	Kat G 904	5′-GCTCGTATGGCACCGGAAC-3′
	katG1523	5′-TTGACCTCCCACCCGACTTG-3′
inh A(-15C→T)	TB92	3′-CCTCGCTGCCCAGAAAGGGA-5′
	TB93	3′ ATCCCCCGGTTTCCTCCGGT-5′
	Rmut	5′- AGTCACCCCGACAACCTATTA-5′

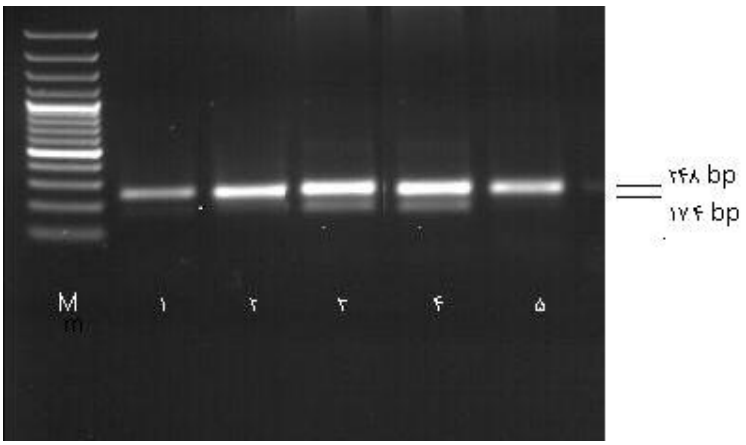
جدول ۲: الگوهای PCR-RFLP از قطعه bp ۶۲۰ برای ۹۰ نمونه MTB جداشده بعد از هضم آنزیم MspI

MSPI RFLP DNA fragment(bp)							Amino acide	Phenotype	
patern	228	202	153	137	132	65		INH-suseptible (n=38)	INH-resistant (n=52)
A	+		+	+		+	Ser315+Arg463	23(60.5%)	17(32.7%)
B	+	+	+				Ser315+Leu463	15(39.5%)	17(32.7%)
C	+			+	+	+	Thr315+Arg463	0	1(2%)
D	+	+			+		Thr315+Leu463	0	17(32.7%)

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-11-09]

از میان ۹۰ ایزوله مایکوباکتریوم توبرکلوزیس ۳۸ ایزوله حساس به ایزونیازید و۵۲ ایزوله مقاوم به ایزونیازید بود. از ۵۲ ایزوله مقاوم به ایزونیازید ۱۸(۳۴/۷٪) ایزوله فنوتیپ Thr 315 (الگوی C , D) را نشان دادند. بقیه ۳۴ (۶۵/۴٪) ایزوله مقاوم، فنوتیپ Ser 315 (الگوی A , B) را نشان دادند. فنوتیپ Thr 315 ۱۰۰٪ اختصاصیت برای مقاومت به ایزونیازید دارد. Arg 463 و Leu 463 در۶۰/۵٪ و ۳۹/۵٪ به ترتیب از ایزوله های مقاوم تشخیص داده شد.

از دیگر جهش‌های که در مقاومت به ایزونیازید نقش دارد موتاسیون ایجاد شده در ناحیه پروموتور inhA (inhA-15→T) می‌باشد. وجود دو باندbp ۱۷۴ و bp ۲۴۸ نشان دهنده الل موتانت (inhA–15C→T) است (شکل۳). از ۹۰ نمونه مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، فراوانی جهش در لوکوس (–15C→T) inhA نمونه‌های MDR و Non MDR به ترتیب ۲۰٪ و ۱۶/۷٪ بود.



شکل ۳ : الکتروفورز قطعه ۲۴۸bp و ۱۷۴ bp
ستون۱، H37RV و ستونهای ۲ و ۵ عدم موتاسیون و ستونهای ۳ و ۴ دارای موتاسیون در لوکوس
inhA(-15C → T)، M مارکر ۱۰۰ b

بحث

بعلت گسترش روز افزون سل مقاوم به دارو، فراهم نمودن روشهایی برای تعیین میزان حساسیت سویه‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس به دارو امری ضروری به نظر می‌رسد. دو داروی ریفامپین و ایزونیازید بیشترین خاصیت ضد سلی را دارا هستند و در خلال دو ماه اول درمان بیش از ۹۹٪ باسیلهای سل را نابود می‌کنند.

بنابراین ظهور سویه‌های مقاوم به هر کدام از این دو دارو شرایط دشواری را به همراه خواهد داشت زیرا تنها چند داروی معدود دیگر با عوارض جانبی زیاد و اثرات به مراتب کمتر باقی می‌ماند. همچنین عدم درمان یک بیمار مبتلا به سل مقاوم به چند دارو با انتقال عفونت به اطرافیان باعث انتشار این نوع سل می‌شود. با مقایسه هزینه، طول مدت درمان و اثر بخشی رژیم‌های درمانی

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-11-09]

موجود میان یک بیمار مبتلا به سل حساس به دارو و یک بیمار مبتلا به سل مقاوم به چند دارو می‌توان به ضرورت پیشگیری از بروز این نوع سل پی برد. ارزیابی تعداد محدودی از کدون‌های ژن در ژنوم مایکوباکتریوم توبرکلوزیس به ویژه در مناطقی در جهان با شیوع بالای سل، مقاومت اکثریت استرین‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس را بصورت قابل اطمینانی پیش‌بینی می‌کند (۱۵). بیشتر محققین شایعترین و مهمترین جهش‌های ژنتیکی را که در سویه‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس اتفاق می‌افتد، جانشینی اسید آمینه سرین با تره اونین می‌دانند که در کدون ۳۱۵ ژن KatG اتفاق می‌افتد (۱۶). روشهای توصیف شده برای شناسائی تغییرات کدون KatG315 شامل سکوانسنگ DNA (۱۶و۱۳و۸) SSCP (۱۷) و آزمونهای RFLP (۱۸) که برای همه جهش‌های KatG استفاده می‌شود و دات بلات هیبریداسیون (۱۵و ۵) می‌باشد. اما بایستی توجه کرد که استفاده از آنالیز SSCP برای غربالگری جهش‌های KatG در یک مورد شکست خورده و آن شناسائی جهش S315T به علت جایگاه نامناسب پرایمرهای PCR می‌باشد که نتیجه آن عدم شناسائی این جهش رایج است (۱۶). جفت پرایمرهای دیگری برای تکثیر ناحیه بزرگی از KatG استفاده شده‌اند که قادر به شناسائی همزمان جهش‌ها در کدون KatG ۳۱۵ و ۴۶۳ بوسیله آنالیز PCR-RFLP می‌باشد (۱۷). این تغییرات ایجاد شده در کدون ۴۶۳ که یک پلی مرفیسم طبیعی غیر وابسته به مقاومت ایزونیازید است مسئله‌ای پذیرفته شده است (۱۸). بر اساس مطالعات گذشته در مایکوباکتریوم توبر کلوزیس جدا شده در منطقه چین جنوبی، لوسین ۴۶۳ و در جهان غرب میزان آرژنین ۴۶۳ غالب است (۱۰). درمطالعه حاضر اسیدامینه لوسین (۵۴/۵٪) نسبت به اسیدامینه آرژنین (۴۵/۵٪) غالب می‌باشد.

در نتیجه جهش S315T KatG می‌تواند بعنوان یک نشانگر قابل اطمینان برای جداسازی مقاومت به ایزونیازید در ایزوله‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس در آزمون PCR-RFLP بکار رود. محدوده درصد فراوانی جهش‌های گزارش شده بسیار وسیع است: به طوری که برای KatG محدوده ۳۹/۴ تا ۹۱/۳ درصد، برای پروموتور inhA محدوده ۴/۳ تا۳۴/۴ درصد گزارش شده است (۱۹).

در مطالعه حاضر جهش در ژن KatG بیشترین مقدار را به خود اختصاص داده است که مشابه با تحقیقات انجام گرفته در این زمینه می‌باشد. در مطالعه‌ای که در سال ۱۳۸۵ در ایران انجام گرفت، فراوانی جهش در کدون ۳۱۵ ژن KatG(Ser→Thr) با استفاده از روش PCR-RFLP، ۷۱/۹ درصد گزارش شده است. اختلاف موجود با مطالعه حاضر می‌تواند به علت متفاوت بودن نمونه‌های مورد بررسی در مقاطع زمانی و مکانی خاص باشد. در تحقیق دیگری که در چین انجام گرفته ۵۱ درصد از مقاومتهای مربوط به ایزونیازید توسط این روش شناسایی شده است که مشابه نتایج مطالعه حاضر می‌باشد. در مطالعه‌ای که توسط Maxin Caws و همکاران انجام شد، ۸۰ درصد از مقاومتهای مربوط به کدون ۳۱۵ در KatG شناسایی شدند. درصد پایین در مطالعه حاضر نسبت به این مطالعه می‌تواند به این علت باشد که در مطالعه ما، تنها جانشینی Ser → Thr بررسی شده است. بعد از ژن KatG ژن پروموتور inhA دومین ناحیه از نظر موتاسیون در این مطالعه بود، همه جهش‌هایی که در ناحیه تنظیمی از اپرون mab-inhA با یک تغییر از C به T در ناحیه تنظیمی ۱۵ اتفاق می‌افتد،

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-11-09]

منجر به مقاومت به ایزونیازید می‌شوند (۲۰). در مطالعه حاضر موتاسیون در این ناحیه ۱۸/۳٪ بود که مشابه نتایج بدست آمده در تحقیق خانم دوستدار و همکاران می‌باشد (۲۱). دو ژن دیگر که در مقاومت ایزونیازید تأثیر دارد شامل: ژن KasA که کدکننده بتا کتو اسیل – Acp- سنتتاز و ناحیه تنظیمی ژن ahpC، که کدکننده الکیل هیدرو پراکسیداز است. جهش در این ژنها به نظر می‌رسد یک مکانیسم تکمیلی در مقاومت هستند و نیاز به تحقیقات بیشتری دارند (۲۲).

نتیجه‌گیری

با توجه به موارد مذکور معرفی آزمایش غربالگری مناسب برای بررسی سویه‌های مقاوم ایزونیازید ضروری به نظر می‌رسد. با استفاده از روش PCR-RFLP (آنزیم MSPI) و MAS PCR جهش‌های ایجاد شده در ناحیه ۳۱۵ ژن KatG و ناحیه پروموتور inhA شناسایی می‌شوند. این روش‌ها علاوه بر سادگی و ارزان بودن نسبت به روش‌های دیگر در مدت زمان کمتری نتایج دقیق و مطمئنی را فراهم می‌آورند. بدین ترتیب ارائه روشی مناسب و سریع برای شناسایی چنین مقاومت‌هایی، باعث کاهش تولید و انتشار سویه‌های مقاوم به دارو می‌شود.

تشکر و قدردانی

بدینوسیله از همکاری مرکز تحقیقات مایکوباکتریولوژی آزمایشگاه رفرانس سل کشوری واقع در بیمارستان مسیح دانشوری جهت فراهم نمودن منابع مالی و همچنین از پرسنل این مرکز به خاطر کمک‌های آزمایشگاهی روتین تشکر و قدردانی می‌گردد.

References

1. Cheng X, Zhang J, Yang L, Xu X, Liu J, Yu W, and et al. A new multi-PCR-SSCP assay for simultaneous detection of isoniazid and rifampin resistance in mycobacterium tuberculosis. Journal of Microbiological Methods 2007; 70: 301-305.
2. Soo-Young K, Yeon-Joon P, Eunsil S, Hyunjung J, Cheolmin K. Evaluation of the CombiChip mycobacteriakl drug-resistance detection DNA chip for identifying mutations associated with resistance to isoniazid and rifampin in mycobacterium tuberculosis. Diagnostic Microbiology and Infectious Disease 2006; 54: 203-210.
3. Doustdar F. High frequency of mutations in the rpoB gene in rifampicin-resistant clinical isolates of mycobacterium tuberculosis from Iran. International Journal of Antimicrobial Agents 2007; 2542: 2.
4. Mirsaeidi MS, Tabarsi P, Farnia P, Ebrahimi G. Trends of drug resistant mycobacterium tuberculosis in a tertiary tuberculosis center in Iran. Saudi Med. J, 2007; 28: 544-50.
5. Limeschenko E, Tsalaki X, Jian M, Qian G. 2008. Hand book of TB, New York City, Wiley. 2008. p. 610-616.
6. Telenti A, Imboden P, Marchesi F, Lowrie D, Cole S, Colston MJ, and et al. Detection of rifampicin-resistance mutations in Mycobacterium tuberculosis. Lancet 1993; 341: 647-650.
7. Piatek AS, Telenti A, Murray MR, El-Hajj H, Jacobs WR Jr, Kramer FR and et al. Genotypic analysis of mycobacterium tuberculosis in two distinct populations using molecular beacons: implication for rapid susceptibility testing. Antimicrob Agents Chemother 2000; 44: 103-110.
8. Tavakoli A, Safaee HG, Navvabakbar F, Salehi M, Bahremand A, Isfahani BN. Mutations in the rpoB gene of rifampin resistant mycobacterium tuberculosis isolated from Isfahan by PCR-SSCP. J Sci 2005; 16: 131-8.

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-11-09]

9. Tavakoki A, Mohajeri P, Shojai H, Yazdani R, Moghim Sh, Nasr Isfahani B. Study of mutation associated with isiniazid-resistance in clinical mycobacterium tuberculosis strains, Tehran and Isfahan province tuberculosis centers by PCR and RFLP-based technique. Journal of Kerman University of medical science, 2004, 11: 266-276.
10. Tung-Yiu Leung, Kai-Man Kam, Agatha Chiu, Pak-Leung Ho, Wing-Hong Seto, Kwok-Yung Yuen, and et al. Detection of katG Ser315Thr substitution in respiratory specimens from patients with isoniazid-resistant mycobacterium tuberculosis using PCR-RFLP. Journal of Medical Microbiology 2003; 52: 999-1003.
11. Asgharzadeh M, Jahantabi AR,Shahbabian K, Nahaei MR, Rafi A. Detection of ethambutol-resistant mycobacterium tuberculosis strains by MAS-PCR method and comparison with proportion. Journal of Mazandaran University of Medical Sciences 2007; 57: 50-56.
12. Caws M, Quang D, Minh Duy P, Thi Ngoc Lan N. PCR- Restriction fragment length polymorphism for rapid, low-cost identification of isoniazid-resistant mycobacterium tuberculosis. Journal of Clinical Microbiology 2007; 45: 1789-1793.
13. Ramazanzadeh R, Amirmozafari N, Farnia P, Ghazi F. Genotyping of mycobacterium tuberculosis isolates from TB patients with spoligotyping. Scientific Journal of Kurdistan University of Medical Science 2006; 11: 50-59.
14. Amaro A, Duarte E, Amado A, Ferronha H and Botelho A. Comparison of three DNA extraction methods for mycobacterium bovis, mycobacterium tuberculosis and mycobacterium avium subsp avium. Letters in Applied Microbiology 2008; 8-11.
15. Pretorius GS, van Helden PD, Sirgel F, Eisenach KD, Victor TC. Mutations in katG gene sequences in isoniazid-resistant clinical isolates of mycobacterium tuberculosis are rare. Antimicrob Agents Chemother 1995; 39: 2276-2281.
16. Temesgen Z, Satoh K, Uhl JR, Kline BC, Cockerill III FR. Use of polymerase chain reaction single strand conformation polymorphism (PCR-SSCP) analysis to detect a point mutation in the catalase-peroxidase gene (katG) of mycobacterium tuberculosis. Mol Cell Probes 1997; 11: 59-63.
17. Haas WH, Schilke K, Brand J, Amthor B, Weyer K, Fourie RB, and et al. Molecular analysis of katG gene mutations in strains of mycobacterium tuberculosis complex from Africa. Antimicrob Agents Chemother 1997; 41:1601-1603.
18. Centers for Disease Control and Prevention. Estimates of future global tuberculosis. MMWR Morb WKIY REP 1993. p. 42-49.
19. Torres MJ, Criado A, Gonzalez N, Palomares JC, Aznar J. Rifampin and isoniazid resistance associated Mutation in mycobacterium tuberculosis clinical isolates in Seville, Spain. Int J Tuber Lung Dis 2002; 6: 160-3.
20. Raviglione MC, Smith IM. XDR Tuberculosis-implications for global public health. New Engl J Med 2007; 356: 356-359.
21. Doustdar F, Dokht Khosravi A, Farnia F, Masjedi M, Velayati A. Molecular analysis of isoniazid resistance in different genotypes of mycobacterium tuberculosis isolates from Iran. Microbial Drug Resistance 2008; 14: 273-277.
22. Escalante P, Ramaswamy S, Sanabria H, Soini H, Pan X, Valiente-Castillo O, and et al. Genotypic characterization of drug-resistant mycobacterium tuberculosis isolates from Peru. Tuber Lung Dis 1998; 79: 111-113.

[Downloaded from sjku.muk.ac.ir on 2026-11-09]