مجله دانشکده پزشکی اصفهان
سال سی و یکم/شماره ۲۳۹/هفته اول مرداد ماه ۱۳۹۲

تاریخ دریافت: ۱۳۹۱/۱۰/۲۴
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۲/۳/۲۷

بررسی فراوانی مایکوباکتریوم بویس در بیماران مبتلا به سل ریوی در استان مرکزی با استفاده از روش‌های مولکولی

دکتر علی‌اصغر فرازی[۱]، دکتر معصومه صوفیان[۲]، دکتر منصوره جباری اصل[۳]، دکتر کیوان تدین[۴]، دکتر نادر مصوری[۴]، دکتر روح‌اله کشاورز[۵]

مقاله پژوهشی

چکیده

مقدمه: بیماری سل گاوی از نقطه نظر بهداشت عمومی در جوامع انسانی حائز اهمیت است. در این مطالعه فراوانی سل ریوی اسمیر مثبت ناشی از مایکوباکتریوم بویس در بیماران مبتلا به سل در استان مرکزی بررسی شد.

روش‌ها: این مطالعه یک بررسی توصیفی و مقطعی بود. طی ۱۸ ماه از کلیه‌ی افراد مشکوک به ابتلا به سل با خلط مثبت، کشت تهیه شد. در مرحله‌ی جداسازی از محیط کشت پیرووات دار و همچنین انجام تست‌های شیمیایی و بررسی مولکولی برای شناسایی میکوباکتریوم بویس (Mycobacterium bovis یا M. bovis) استفاده شد. برای تجزیه و تحلیل داده‌ها از نرم افزار SPSS نسخه‌ی ۱۶ استفاده شد.

یافته‌ها: در مرحله‌ی جداسازی از کشت دو جدایه‌ی M. bovis مشاهده گردید. همچنین مشخص شد الگوی M. bovis بیمار اول با روش VNTR (Variable number tandem repeat) و Spoligotyping با الگوی اکثر M. bovisهای در گردش موجود در بین جمعیت گاوی ایران مشابهت داشت ولی در مورد بیمار دوم اگر چه شباهتی در روش VNTR با یک الگوی کمیاب وجود داشت ولی با روش Spoligotyping متفاوت با آن بود. در نهایت مشخص شد که یکی از جدایه‌های M. bovis از نظر الگوی ژنتیکی تشابهی با ژنوتیپ‌های پیشین گزارش‌شده از ایران را نداشت.

نتیجه‌گیری: تنها راه مبارزه با سل گاوی برنامه‌ریزی صحیح کنترل و ریشه‌کنی آن می‌باشد. این کار به طور عمده بر اساس تست مکرر توبرکولین، خارج ساختن تمامی حیوانات آلوده از گله، کشتار گاوهای آلوده، پاستوریزاسیون شیر و واکسینلسیون افراد با واکسن BCG می‌باشد.

واژگان کلیدی: مایکوباکتریوم بویس، سل ریوی

ارجاع: فرازی علی‌اصغر، صوفیان معصومه، جباری اصل منصوره، تدین کیوان، مصوری نادر، کشاورز روح‌اله. **بررسی فراوانی مایکوباکتریوم بویس در بیماران مبتلا به سل ریوی در استان مرکزی با استفاده از روش‌های مولکولی.** مجله دانشکده پزشکی اصفهان ۱۳۹۲؛ ۳۱ (۲۳۹): ۷۹۹-۷۹۲.

۱- استادیار، گروه عفونی، دانشکده‌ی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اراک، اراک، ایران
۲- دانشیار، گروه عفونی، دانشکده‌ی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اراک، اراک، ایران
۳- پژوهشگر، گروه پیشگیری و کنترل بیماری‌ها، مرکز بهداشت استان مرکزی، اراک، ایران
۴- دانشیار، مؤسسه‌ی تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی کرج، کرج، ایران
۵- پژوهشگر، مؤسسه‌ی تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی کرج، کرج، ایران
نویسنده‌ی مسؤول: دکتر علی اصغر فرازی
Email: dr.farazi@arakmu.ac.ir

مقدمه

کمپلکس مایکوباکتریوم توبرکلوزیس (M. tuberculosis یا Mycobacterium tuberculosis)شامل گروه‌های Mycobacterium bovis (M. bovis)، Mycobacterium africanum (M. africanum)، Mycobacterium pinnipedii (M. pinnipedii)، Mycobacterium microti (M. microti)، Mycobacterium caprae (M. caprae)، Mycobacterium canettii (M. canettii) می‌باشد (۱). این مایکوباکتریم‌ها کند رشد هستند و کلنی آن‌ها فاقد پیگمان می‌باشند. سه گونه باسیل سل انسانی، گاوی و مرغی به عنوان عامل بیماری در حیوانات خون‌گرم شناخته شده‌اند. گونه‌های سل پستانداران (انسانی و گاوی) خیلی به یکدیگر شباهت دارند. گونه‌ی مرغی از جهات مختلف با دو گونه‌ی دیگر (انسانی و گاوی) تفاوت دارد (۲). M. bovis در برابر حرارت مقاومت زیادی نمی‌کند و در اثر پاستوریزاسیون از بین می‌رود. همچنین مقاومت میکروب در برابر خشک شدن محیط به نسبت زیاد است. باسیل سل در زمین‌های مرطوب، فضولات و بستر حیوانات ممکن است مدت زیادی زنده بماند. در گل و لای و در باغ وحش بیش از ۷ ماه مقاومت می‌کند. نسبت به سرما مقاوم است و در گوشت‌های یخزده به مدت یک سال در دمای ۵۰- درجه‌ی سانتی‌گراد بدون تغییر باقی می‌ماند (۳). این باسیل از طریق ادرار، مدفوع، اخلاط، هوای بازدم، شیر، ترشحات مهبل و رحم و ترشحات مربوط به جراحات باز لنفاوی سطحی به خارج دفع می‌شود و از طریق دستگاه تنفس، دستگاه گوارش و یا از خراش‌های پوستی انسان را آلوده می‌کند (۴). بیماری سل گاوی از نقطه نظر بهداشت عمومی در جوامع انسانی حائز اهمیت است. راحتی و فراوانی انتشار عامل آن، به خصوص در محیط‌هایی که بیماری سل گاوی تحت کنترل نمی‌باشد، می‌تواند این بیماری را به یک بیماری مشترک مهم تبدیل نماید (۵). این بیماری در گذشته در جوامع مختلف به نسبت شایع بود، اما امروزه با پاستوریزاسیون مواد لبنی این عفونت در انسان کمتر دیده می‌شود (۶). از آن جا که انتقال بیماری بیشتر از طریق خوردن و آشامیدن فراورده‌های دامی انتقال می‌یابد، تظاهرات آن بیشتر به صورت تظاهرات خارج ریوی می‌باشد، ولی درگیری ریه در اثر استنشاق ذرات آلوده به M. bovis مشابه آن چه در M. tuberculosis دیده می‌شود روی می‌دهد. این موضوع بیشتر در افرادی که در دامداری‌ها مشغول به کار هستند اتفاق می‌افتد (۷). البته مواردی از انتقال فرد به فرد (۸) و به ندرت از انسان به حیوان نیز گزارش شده است. از آن جا که M. bovis به پیرازینامید مقاومت ذاتی دارد، در درمان آن نمی‌توان از پیرازینامید استفاده نمود (۹).

با توجه به اهمیت شیوع بیماری سل گاوی در جوامع انسانی، در این مطالعه فراوانی سل ریوی اسمیر مثبت ناشی از M. bovis در بیماران مبتلا به سل در استان مرکزی بررسی شد.

روش‌ها

در یک مطالعه‌ی توصیفی و مقطعی از مرداد ۱۳۸۸ تا دی ماه ۱۳۸۹ از کلیه‌ی افراد مشکوک به سل معرفی‌شده به مراکز بهداشت شهرستان‌های استان مرکزی نمونه‌ی اسمیر تهیه شد. پس از اخذ رضایت آگاهانه اطلاعات فردی بیماران مشتمل بر سن، جنس، تابعیت و محل

زندگی از طریق پرسشنامه جمع‌آوری شد. سپس کلیه‌ی نمونه‌های خلط مثبت به مؤسسه‌ی تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی ارسال گردید. نمونه‌ی خلط افراد مورد مطالعه در محیط کشت گلیسیرینه‌ی LI (Lowenstein Jensen) کشت داده شد. در مرحله‌ی جداسازی از محیط کشت پیرووات دار و همچنین انجام تست احیای نیترات و فعالیت آنزیم PZNase و تجمع نیاسین و رشد در محیط تیوفن دی کربوکسیلیک اسید هیدرازید برای شناسایی M. bovis استفاده شد. برای بررسی الگوی ژنتیکی جدایه‌ها از روش‌های RFLP (Restriction fragment length polymorphisms) با پروب DR (Direct repeat sequences) و PGRS (Polymophic GC-rich repeatative sequences) روی ژن اکسیداز رداکتاز (Oxy-R) و اولیگونوکلئوتید نشان‌دار شده با دیگوکسیژنین (Digoxigenin 3'end labeling) ساخت شرکت DNA Technology A/S دانمارک با توالی 5' CGG CCG TTG CCG CCG TTG CCG CCG TTG CCG CCG3' در این تحقیق استفاده گردید.

در نهایت از (Variable number tandem repeat) VNTR و Spoligotyping هم استفاده شد.

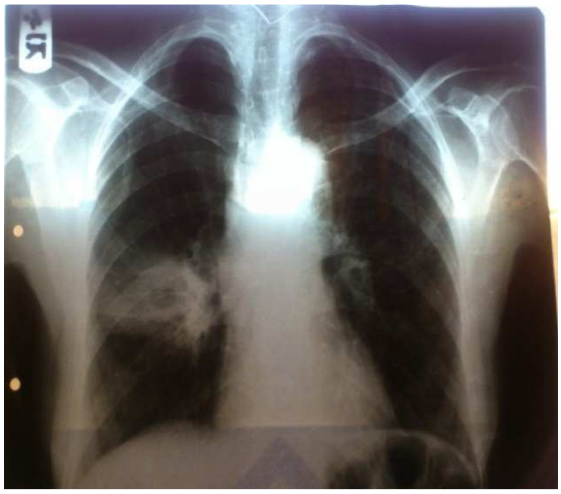
برای تجزیه و تحلیل داده‌ها از نرم‌افزار SPSS نسخه‌ی ۱۶ (version 16, SPSS Inc., Chicago, IL) و محاسبه‌ی فراوانی و میانگین و انحراف معیار و آزمون χ^2 در فاصله‌ی اطمینان ۹۵ درصد استفاده شد و $P < ۰/۰۵$ معنی‌دار در نظر گرفته شد.

یافته‌ها

در جریان این تحقیق در مجموع نمونه‌های خلط مربوط به ۱۰۳ بیمار اسمیر مثبت بررسی گردید. ۵۱ نفر افراد مورد مطالعه مرد و ۵۲ نفر زن بودند. میانگین سنی ۲۰/۷ ± ۶۴/۵ سال بود. همچنین ۷/۵ درصد بیماران افغانی و ۹۲/۵ درصد ایرانی بودند. همه‌ی نمونه‌ها بر روی محیط کشت گلیسیرینه‌ی LI کشت داده شدند. در مرحله‌ی جداسازی از کشت در محیط کشت پیرووات دار و همچنین انجام تست احیای نیترات، فعالیت آنزیم PZNase و تجمع نیاسین و رشد در محیط تیوفن دی کربوکسیلیک اسید هیدرازید برای شناسایی M. bovis استفاده شد. در مورد DNA جدایه‌های الکتروفورز محصولات به دست‌آمده از هضم قطعه‌ی ۵۴۸ جفت باز از ژن Oxy-R منجر به تولید ۴ باند هضمی به اندازه‌های ۳۰، ۵۵، ۲۲۷ و ۲۳۶ زوج باز گردید. بدین ترتیب هویت آن‌ها به عنوان M. tuberculosis تأیید شد. در حالی که در این آزمون تعداد ۳ باند مشخص الکتروفورز با اندازه‌ی ۷۹، ۱۴۸ و ۲۳۶ زوج باز در مورد دو جدایه‌ی M. bovis مشاهده گردید که با خصوصیات ثبت‌شده در مورد M. bovis سازگار بود.

بیمار اول خانمی خانه‌دار و ۶۸ساله، ساکن شهرستان اراک استان مرکزی بود که از حدود ۲/۵ ماه قبل از تشخیص به طورمداوم سرفه داشت. بررسی سابقه‌ی بیمار نشان داد که در گذشته (تا ۲۰ سال قبل) نام‌برده در محیط روستا زندگی می‌کرده است و در محل منزل مسکونی روستایی خود دام نگه‌داری می‌کرده است. در مدت سکونت در روستا نام‌برده با دام‌ها تماس مستقیم داشته است ولی بعد از ساکن شدن در شهر تماسی با دام نداشت. نام‌برده علاوه بر سرفه‌ی پایدار و مداوم همراه خلط دچار کاهش اشتها بود و تب و تعریق شبانه نیز داشت. در بررسی آزمایشگاهی تعداد گلوبول‌های سفید وی ۱۰۵۰۰

عـدد، هموگلـوبین ۱۱ گـرم در دسـی‌لیتـر و CRP (C reactive protein) ۳+ بود. در بررسی خلـط سـه نوبت اسمیر از نظر باسـیل اسـید فاسـت مثبـت شـد. تصویر رادیوگرافی قفسه‌ی سینه‌ی بیمـار در شـکل ۱ ارائه شده است.



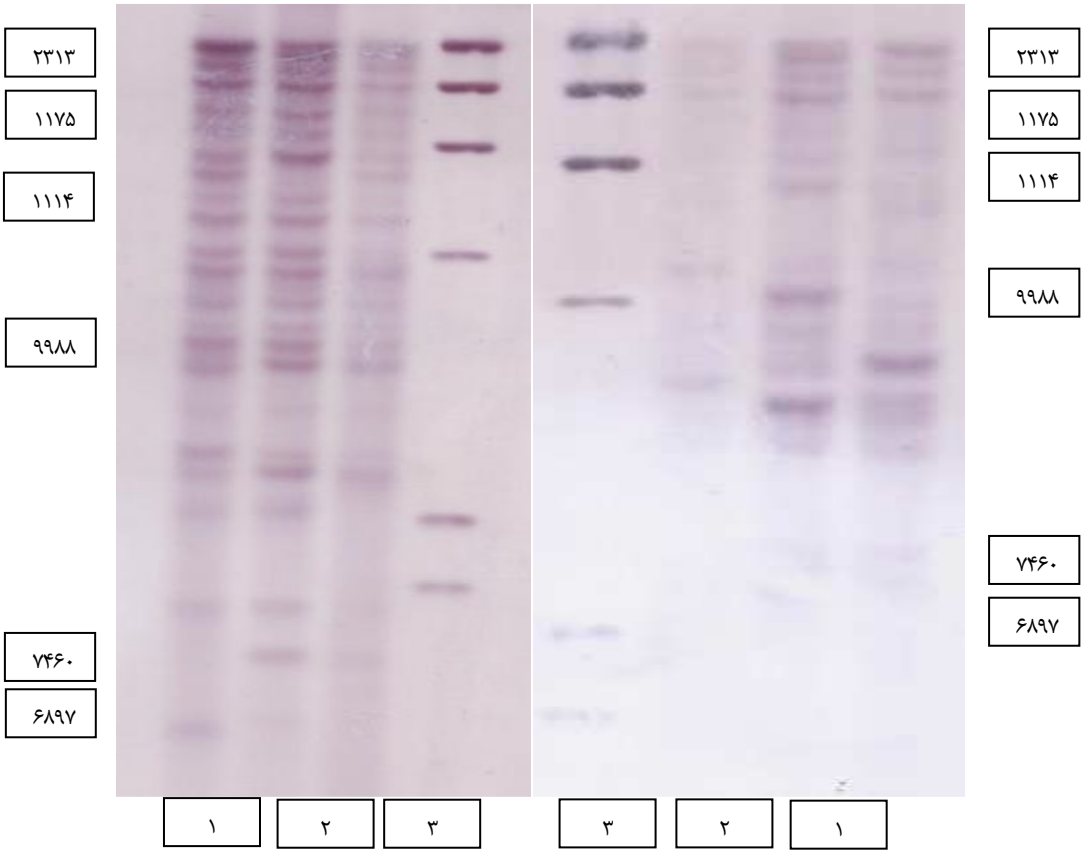
شکل ۱. رادیوگرافی قفسه‌ی سینه‌ی بیمار اول. کدورت غیر یکنواخت همراه با حفره در ریه‌ی راست

بیمـار دوم خـانمی خانـه‌دار و ۷۵ سـاله، اهـل و ساکن روستای خشکرود شهرستان زرندیـه در اسـتان مرکزی بود که از حدود ۴ مـاه قبـل از تشـخیص بـه طور مداوم سرفه می‌کرده است. بررسـی بیمـار نشـان داد که علاوه بر سرفه‌ی پایدار و مداوم همـراه خلـط، به مدت یک ماه دچـار کـاهش اشـتها و کـاهش وزن بوده است و تب مختصر و تعریـق شـبانه هـم داشـته است. در بررسی آزمایشگاهی تعداد گلوبول‌های سـفید وی ۸۰۵۰۰ عدد، هموگلوبین ۱۰ گـرم در دسـی‌لیتـر و CRP ۳+ بود. در بررسی خلط، سه نوبت اسمیر از نظر باسیل اسید فاست مثبت شـد. در تصـویر رادیـوگرافی ریـه‌ی بیمـار نمـای Patchy consolidation در لـوب فوقانی ریه‌ی چـپ مشـهود بـود. در بررسـی سـابقه‌ی بیمار، وی سال‌ها در منزل خود گاو نگه‌داری مـی‌کـرده است و به طور مستقی با دام‌ها تماس داشته است.

در این بررسی مشخص شد الگوی M. bovis بیمـار اول با روش VNTR و Spoligotyping با الگـوی اکثـر M. bovisهای در گردش موجود در بین جمعیت گاوی ایران مشابهت داشت؛ ولی در مورد بیمـار دوم اگـر چـه شباهتی در روش VNTR با یک الگوی کمیـاب وجـود داشت، ولی با روش Spoligotyping متفاوت با آن بـود. در نهایت مشخص شد که یکی از جدایه‌های M. bovis از نظر الگوی ژنتیکی تشـابهی بـا ژنوتیـپ‌هـای پیشـین گزارش‌شده از ایران نداشت (شکل ۲).

بحث

در مطالعـه‌ی de Kantor و همکـاران میـزان شـیوع M. bovis در ۱۰ کشور امریکای جنوبی بین ۰۷/۴۷ تـا ۱ درصد گزارش نمـود (۱۰). همچنـین ایـن میـزان در هلند ۱/۴ درصد (۱۱) و در چند کشور اروپـای شـرقی به طـور متوسـط ۰/۲۵ درصـد گـزارش شـد (۱۲). در آفریقا بعضی گزارشات مثبت شدن اسمیر خلط از نظـر M. bovis از ۰/۴ تا ۱۰ درصد عنوان شده اسـت (۱۳). در مطالعه‌ی الهیار ترکمن و همکاران در استان اصفهان شیوع M. bovis در نمونه‌های خلط بیماران سل اسمیر مثبت ۳/۱ درصد گزارش شد. همچنین در بررسی فوق از روش PCR-RFLP (Polymerase chain reaction-Restriction fragment length polymorphism) و Allele-specific PCR بـرای شناسـایی و افتـراق M. bovis از M. tuberculosis استفاده شـد (۱۴). در مطالعه‌ی Singh و همکاران در هند تحت عنوان نشـان داده شـد کـه ۸ کپـی IS6110 در بیشـتر سـویه‌هـای M. tuberculosis وجـود دارد، در حـالی کـه تمـامی



شکل ۲. الگوی ژنومی حاصل از هیبریداسیون با دو پروب PGRS و DR در جدایه‌ی انسانی M. bovis استان مرکزی ۱- سویه‌ی استاندارد مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، ۲- جدایه‌ی انسانی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، ۳-جدایه‌ی انسانی مایکوباکتریوم بویس (جدا شده از بیمار دوم)

جدایه‌های M. bovis تحقیق فوق تنها دارای یک کپی از IS6110 در ۱/۹ کیلوباز می‌باشند (۱۵).

در مطالعه‌ی مصوری و همکاران، جهت تشخیص ملکولی جدایه‌های گاوی M. bovis از جدایه‌های انسانی م.ا توبرکلوزیس در ایران به روش PCR-RFLP و مقایسه با ۵ سویه‌ی استاندارد در تمامی موارد مربوط به M. bovis سه قطعه ناشی از برش وجود داشت، در حالی که در تمامی موارد مربوط به سایر مایکوباکتریوم‌ها یک قطعه ناشی از برش مشاهده گردید. در نتیجه مشخص شد این روش بر روی ژن Oxy-R روشی سریع و دقیق جهت افتراق M. bovis از سایر مایکوباکتریوم‌های کمپلکس توبرکلوزیس می‌باشد (۱۶).

در مطالعه‌ی حاضر نیز از روش RFLP و هیبریدیزاسیون با پروب DR و PGRS روی ژن Oxy-R و همچنین از روش‌های VNTR و Spoligotyping استفاده شد و مشخص گردید بین نتایج آزمایشات بیوشیمیایی و تست‌های ملکولی ۱۰۰ درصد مطابقت وجود دارد. استفاده از آنالیز نوکلئوتید ۲۸۵ مربوط به ژن Oxy-R می‌تواند مقیاس خوبی برای تعیین میزان شیوع و بروز عفونت‌های انسانی توسط M. bovis باشد. این استراتژی به خصوص در مناطق آفریقا، آمریکای جنوبی و مرکزی، جنوب شرق آسیا و سایر مناطق که انتقال M. bovis

از حیوانات به انسان (و بالعکس) می‌تواند رخ دهد، بسیار مفید خواهدبود. بررسی مقایسه‌ای دو جدایه‌ی M. bovis در تحقیق موجود با اطلاعات مربوط به سایر M. bovisهای شناسایی‌شده در کشور که از سال ۱۳۸۲ به بعد در مؤسسه‌ی رازی گرداوری شده‌اند، نشان‌دهنده‌ی عدم ثبت ژنوتیپ یکی از این دو سویه در این بانک می‌باشد. به علاوه این جدایه با هیچ کدام از نمونه‌های دیگر موجود در این مطالعه مشابه نبود. بنابراین دو احتمال قابل فرض است: اول این که این سویه، یک سویه‌ی جدید می‌باشد و در این بانک وجود ندارد. احتمال دوم این است که با در نظر گرفتن سن بالا (۷۵ سال) و ملیت بیمار (ایرانی) و ماهیت زئونوز بیماری توبرکولوزیس ناشی از M. bovis در انسان می‌توان احتمال داد که پیشینه‌ی آلودگی بیمار به این سویه به زمان پیش از تأسیس بانک اطلاعات مذکور باز می‌گردد. فراوانی M. bovis در این بررسی در بیماران مبتلا به سل ریوی اسمیر مثبت ۱/۹ درصد بود.

نتیجه‌گیری

اگر چه عدم تشخیص سل ریوی ناشی از M. bovis و ارائه‌ی درمان متناسب آن تاکنون مشکلی را در بیماران مبتلا به سل اسمیر مثبت ایجاد نکرده است، اما بروز آن در جمعیت انسانی از جنبه‌ی بهداشت عمومی قابل توجه است. این موضوع به خصوص در مناطقی که سایر بیماری‌های مشترک (زئونوز) شیوع دارد از اهمیت بیشتری برخوردار است. متاسفانه استان مرکزی از این جنبه چندان وضعیت مناسبی ندارد و شاید یکی از علل مهم آن رشد دامداری‌های سنتی در سطح روستاها و حتی حاشیه‌ی شهرها می‌باشد. در این راستا بهترین راه مبارزه برنامه‌ریزی صحیح کنترل و ریشه‌کنی بیماری‌های مشترک از جمله سل گاوی می‌باشد که به طور عمده بر اساس انجام تست مکرر توبرکولین، خارج ساختن تمامی حیوانات آلوده از گله، و کشتار گاوهای آلوده می‌باشد. در این راستا اجرای کامل مقررات بهداشتی و قرنطینه‌ای، ضد عفونی گاوداری‌ها برای برنامه‌ی ریشه‌کنی، آموزش مداوم و لازم و کافی به گاوداران در این ارتباط که باسیل سل از طریق شیر و فرآورده‌های آلوده انتقال می‌یابد و اگر شیر به صورت غیر پاستوریزه مصرف شود یکی از منابع آلودگی محسوب می‌گردد، ضروری است. همچنین اجرای مقررات ریشه‌کنی باید اجباری باشد، زیرا برنامه‌های اختیاری هیچ گاه توفیق بیشتری از یک پیشگیری محدود ندارند و همواره کانون‌هایی از بیماری را باقی می‌گذارند. پیشگیری و مبارزه‌ی انسانی که شامل پاستوریزاسیون شیر، واکسیناسیون افراد با واکسن BCG و ارائه‌ی گزارش‌های مراکز بهداشت (موارد آلودگی انسانی) به ادارات دامپزشکی و بلعکس جهت پیگیری مفید می‌باشد.

تشکر و قدردانی

در انجام این پژوهش معاونت آموزش و تحقیقات و مدیریت تحقیقات دانشگاه، معاونت بهداشتی، مدیر و کارشناسان محترم گروه بیماری‌های مراکز بهداشت استان و شهرستان‌های تابعه‌ی دانشگاه علوم پزشکی اراک و نیز معاونت پژوهشی مؤسسه‌ی تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی کرج همکاری ومساعدت و همراهی زیادی داشتند که صمیمانه از آن‌ها تشکر و قدردانی می‌گردد.

References

1. Ayele WY, Neill SD, Zinsstag J, Weiss MG, Pavlik I. Bovine tuberculosis: an old disease but a new threat to Africa. Int J Tuberc Lung Dis 2004; 8(8): 924-37.
2. Bovine TB: EFRACom calls for a multifaceted approach using all available methods. Vet Rec 2008; 162(9): 258-9.
3. Torgerson PR, Torgerson DJ. Public health and bovine tuberculosis: what's all the fuss about? Trends Microbiol 2010; 18(2): 67-72.
4. Phillips CJ, Foster CR, Morris PA, Teverson R. The transmission of Mycobacterium bovis infection to cattle. Res Vet Sci 2003; 74(1): 1-15.
5. Hlavsa MC, Moonan PK, Cowan LS, Navin TR, Kammerer JS, Morlock GP, et al. Human tuberculosis due to Mycobacterium bovis in the United States, 1995-2005. Clin Infect Dis 2008; 47(2): 168-75.
6. Esteban J, Robles P, Soledad JM, Fernandez Guerrero ML. Pleuropulmonary infections caused by Mycobacterium bovis: a re-emerging disease. Clin Microbiol Infect 2005; 11(10): 840-3.
7. Wilkins MJ, Meyerson J, Bartlett PC, Spieldenner SL, Berry DE, Mosher LB, et al. Human Mycobacterium bovis infection and bovine tuberculosis outbreak, Michigan, 1994-2007. Emerg Infect Dis 2008; 14(4): 657-60.
8. Velayati AA, Farnia P, Boloorsaze MR, Sheikholslami MF, Khalilzadeh S, Hakeeme SS, et al. Mycobacterium bovis infection in children in the same family: transmission through inhalation. Monaldi Arch Chest Dis 2007; 67(3): 169-72.
9. Lobue PA, Moser KS. Treatment of Mycobacterium bovis infected tuberculosis patients: San Diego County, California, United States, 1994-2003. Int J Tuberc Lung Dis 2005; 9(3): 333-8.
10. de Kantor IN, Ambroggi M, Poggi S, Morcillo N, Da Silva Telles MA, Osorio RM, et al. Human Mycobacterium bovis infection in ten Latin American countries. Tuberculosis (Edinb) 2008; 88(4): 358-65.
11. Majoor CJ, Magis-Escurra C, van Ingen J, Boeree MJ, van Soolingen D. Epidemiology of Mycobacterium bovis disease in humans, The Netherlands, 1993-2007. Emerg Infect Dis 2011; 17(3): 457-63.
12. Pavlik I, YayoAyele W, Havelkova M, Svejnochova M, Katalinic-Jankovi V, Zolnir-Dovc M. Mycobacterium bovis in human population in four Central European countries during 1990–1999. Vet Med Czech 2003; 48(4): 90-8.
13. Byarugaba F, Charles-Etter EM, Godreuil S, Grimaud P. Pulmonary tuberculosis and Mycobacterium bovis, Uganda. Emerg Infect Dis 2009; 15(1): 124-5.
14. Allahyar Torkaman M, Sheikhollslami F, Farnia P, Shahhosseiny M, Mozafari M, Shamsi M, et al. The study of PncA gene using PCR-RFLP and allele-specific PCR methods in distinguishing Mycobacterium bovis from Mycobacterium tuberculosis. J Isfahan Med Sch 2011; 29 (157): 1350-9. [In Persian].
15. Singh SK, Verma R, Shah DH. Molecular fingerprinting of clinical isolates of Mycobacterium bovis and Mycobacterium tuberculosis from India by restriction fragment length polymorphism (RFLP). J Vet Sci 2004; 5(4): 331-5.
16. Mosavari N, Salehi M, Tadayon K, Mohammad Taheri M, Soleymani K, Aref-Pazhouhi R, et al. Molecular differentiation between bovine Mycobacterium bovis isolates and human Mycobacterium tuberculosis isolates in Iran through PCR-RFLP method and comparison with 5 standard strains. Iran J Med Microbiol 2008; 2(1): 1-7. [In Persian].

Journal of Isfahan Medical School
Received: 13.01.2013
Vol. 31, No. 239, 1st Week, August 2013
Accepted: 17.06.2013

The Prevalence of Mycobacterium Bovis in Patients with Pulmonary Tuberculosis in the Central Province, Iran

Aliasghar Farazi MD[1], Masoomeh Sofian MD[2], Mansoureh Jabbariasl MD[3], Keyvan Tadayon PhD[4], Nader Mosavari PhD[4], Roohallah Keshavarz PhD[5]

Original Article

Abstract

Background: Bovine tuberculosis, from the point of view of public health, is important in human societies. In this study, the prevalence of pulmonary tuberculosis caused by Mycobacterium bovis (M. bovis) in the central province, Iran, was reviewed.

Methods: In this cross-sectional study, sputum cultures were prepared from all smear-positive patients during 18 months. A culture medium containing pyruvate, as well as, chemical and molecular tests for the detection of M. bovis was used. Data analysis was performed using $SPSS_{16}$ software.

Findings: During study, two strains of M. bovis were isolated. The molecular pattern of M. Bovis of the first patient by variable-number tandem repeat (VNTR) and spoligotyping methods was similar with most of M. bovis circulating in the population of cattle in Iran. But in the second case, despite being like a rare detected strain in the VNTR method, a different spoligotyping pattern was found. Eventually, it became clear that one of the isolates had not genotype similarity with the previously reported patterns.

Conclusion: The curriculum of bovine tuberculosis combatting consists of proper planning in control and eradication, mainly on the basis of repeated tuberculin testing, removing infected animals from the herd and slaughter them, pasteurization of milk, and human vaccination with Bacillus Calmette-Guérin (BCG) vaccine.

Keywords: Frequency, Mycobacterium bovis, Pulmonary tuberculosis

Citation: Farazi A, Sofian M, Jabbariasl M, Tadayon K, Mosavari N, Keshavarz R. **The prevalence of Mycobacterium Bovis in Patients with Pulmonary Tuberculosis in the Central Province, Iran.** J Isfahan Med Sch 2013; 31(239): 792-9.

1- Assistant Professor, Department of Infectious Diseases, School of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran
2- Associate Professor, Department of Infectious Diseases, School of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran
3- Researcher, Department of Disease Control and Prevention, Health Center of Markazi Province, Arak, Iran
4- Associate Professor, Razi Vaccine and Serum Research Institute, Karaj, Iran
5- Researcher, Razi Vaccine and Serum Research Institute, Karaj, Iran
Corresponding Author: Aliasghar Farazi MD, Email: dr.farazi@arakmu.ac.ir