ارزیابی رخداد احتمالی موثرسازی در زن‌های سیستم ترمیم MMR

کلینیکی مقاوم و حساس ماکروکاترون توبرکلوئز با استفاده از روش توالی‌یابی

ایمریوان افاضل، محمد ارجنین‌زادگان، اعظم احمدی، مبدع حسینی، منیژه کهباری، مجتبی توشی

1 گروه میکروبیولوژی، دانشگاه علوم پزشکی، تهران؛ دانشگاه علوم پزشکی اراک، اراک، ایران

2 گروه میکروکاترون، دانشگاه علوم پزشکی، تهران؛ دانشگاه علوم پزشکی اراک، اراک، ایران

3 مرکز تحقیقات بیماری‌های عفونی، گروه میکروبیولوژی و اپیدمیولوژی، دانشگاه علوم پزشکی اراک، اراک، ایران

چکیده

زمینه: سال‌های اخیر بررسی گزارش‌هایی از مواردی در ایران و جهان، جزئیاتی درباره همبستگی مصرف مواد موادروزی و همبستگی قطعات اجزای دیگر از دنیای جنگلی و تلاقی آنها با آزمایشگاه‌های بیماری‌های عفونی نشان داده شده است. بررسی می‌تواند نشان دهد بررسی دنو، نواحی گروه‌های مختلف مصرف مواد موادروزی و با بسته بندی این موضوع از اهداف بسیاری است.

یافته‌ها: با بررسی دنو و تولید سیستم T4 و T2 در کنترل گروه ماکروکاترون، افزایش میزان DNA T4 و T2 و افزایش میزان DNA T2 در موارد سیستم ترمیم و موارد است. با توجه به اینکه افزایش میزان DNA ترمیم در موارد است و افزایش میزان سیستم T2 و T4 در موارد است، ممکن است این موضوع باعث افزایش میزان DNA در موارد است.

واژگان کلیدی: ماکروکاترون، سیستم T4 و T2، تولید تراری، میکروکاترون، ترمیم

Email: azam.ahmadi@modares.ac.ir
معقده
طبق گزارش سازمان بهداشت جهانی حدود یک سوم جمعیت جهان آلوده به باترژ مولد سل، ماکروپاکتیروزوم توتورکلاروزیس، و در هر ابتلا به این بیماری هستند. بیشترین موارد ابتلا و حدود 90 درصد موارد بیماری و مرگ در کشورهای در حال توسعه رخ می‌دهد. برخی از بیماران توانسته‌های زیادی را در بستر درمانی داشته باشند. در صورت درمان موفقیت‌مند، این بیماری ممکن است به خانواده‌ها و دوستانشان رفتارگری در این مورد باشد.

به عنوان مثال وقوع پرخی از موتاسیون‌های مشخص mut در سویه‌های missense Beijing و mut T4 توسط کشف دارو موجب شده که این زنوتیپ به دارو مقاوم شود و در برخی از کشورها این سویه جزو باکتری‌های مبتنی XDR و MDR باعث شده که داروها بر آنها نیز نیاز به داروها جدید احساس شود.(1)

یکی از مهم‌ترین عوامل که بر روی سویه‌های مقاوم به دارو منجر شده، وقوع جهش در باکتری ماکروپاکتیروزوم توتورکلاروزیس است. وجود جهش در باکتری‌ها در اثر عوامل مختلف رخ می‌دهد این عوامل با دارو وجود مورد مکرر خارج باکتری سبب القای جهش می‌شود و یا به صورت خود به خودی و هنگام همراه شدن باکتری در اثر اشتباهات رایج هنگام همراه شدن با بطور مبتدی. در باکتری‌ها بارای مقابله با جهش‌ها سیستم‌های متعددی وجود دارد. ماکروپاکتیروزوم توتورکلاروزیس نیز از این باکتری‌ها مجع نتیجگزاری در سال 1395 می‌باشد.
ارزیابی وقوع ویروس اچ‌تی‌ای در سویه‌های مايکروبیوتئوم توبیکولوزیس / 353

افتئی و همکاران

مواد و روش‌ها

انتخاب نمونه‌ها

در این تحقیق از بین 60 نمونه موجود در بانک مرکز تحقیقات سل و عفونی کودکان دانشگاه علم پرستی اراک تعداد 29 نمونه کلینیکی مايکروبیوتئوم توبیکولوزیس شامل 21 نمونه مثبت و 8 نمونه ناپیموده به دارو پرای mut T2 و mut T4 ارزیابی وقوع اچ‌تی‌ای در زنهای

انتخاب نمونه‌ها. سویه‌ها با نمونه‌های بیماران مصلول جداسازی شدند. استخراج DNA انتخاب شده به

جدول ۱: ویروس‌های درج شده از 60 نمونه به‌منظور تولید فعالیت 815 و 1136 جفت‌بانی

mut T4 و mut T2

<table>
<thead>
<tr>
<th>انتخاب محلول (جفت باز)</th>
<th>تعداد محصول</th>
<th>نام پرایمر</th>
</tr>
</thead>
<tbody>
<tr>
<td>815</td>
<td>(5'-TCCGAGATGATGATTTACCTCC-3')</td>
<td>Mut T2 F</td>
</tr>
<tr>
<td></td>
<td>(5'-TCCGCGGCGTCCGGGAG-3')</td>
<td>Mut T2 R</td>
</tr>
<tr>
<td>1136</td>
<td>(5'-TCGAAGGCTGGCA- ATCGTG-3')</td>
<td>Mut T4 F</td>
</tr>
<tr>
<td></td>
<td>(5'-TGGGGTTCGCTGGAAGTGG-3')</td>
<td>Mut T4 R</td>
</tr>
</tbody>
</table>

mut T4 و mut T2

جدول ۲: ویروس‌های اوکتام PCR برای دو زن 39 و 3

| ردیف | زمان (دقیقه) | دما (°C) | مرحله | میری
<table>
<thead>
<tr>
<th></th>
<th></th>
<th></th>
<th></th>
<th></th>
</tr>
</thead>
<tbody>
<tr>
<td>1</td>
<td>5</td>
<td>95</td>
<td>1</td>
<td>1 دانشراسون اولیه</td>
</tr>
<tr>
<td>2</td>
<td>3</td>
<td>95</td>
<td>2</td>
<td>2 دانشراسون</td>
</tr>
<tr>
<td>3</td>
<td>1</td>
<td>55</td>
<td>3</td>
<td>3 انتخاب پرایمر</td>
</tr>
<tr>
<td>4</td>
<td>0</td>
<td>44</td>
<td>4</td>
<td>4 طول شدن</td>
</tr>
<tr>
<td>5</td>
<td>0</td>
<td>44</td>
<td>5</td>
<td>5 طول شدن نهایی</td>
</tr>
</tbody>
</table>

انگلستان فرستاده شد. تجزیه و Source BioScience تحلیل داده‌ها توسط نرم‌افزار Chromas MEGA4 و MEGA4 Blast و Bioedit

پس از PCR انگلستان فرستاده شد. تجزیه و Source BioScience Tحلیل داده‌ها توسط نرم‌افزار

Blast و Bioedit

با فتوپت سویه‌ها بررسی گردید.

یافته‌ها

PCR

نتایج

مطلق جدول ۱ اندازه 815bp برای زن 2 و mut T2 1136 bp برای زن 4 انتخابه

انجیم الکتروفورز

آمپلیکونهای بدست آمده از واکنش PCR از 1 درصد، لود و با استفاده از دستگاه ترانس لومیناتور

رویت و ثبت شدند.

توالی باپی

قطعات تکثیر شده پس از تخلیص برای تغییر توالی با

دستگاه Applied Biosystem

http://bpums.ac.ir
نتایج توالی‌بایی

آنتی‌بایز برخی از نمونه‌های مورد بررسی در شکل 3 و نتایج حاصل از توالی‌بایی در جدول 3 بیان شده است.

شکل 1: زل الکتروفورز محتوی فلزه‌های 815-bp، نمونه‌های 1 تا 6 به عنوان نمونه اصل، نمونه‌های mut T2 و مربوط به BP-1 uy با هم تشکیل می‌شوند، که ازاد باید آن را می‌توانست. نمونه‌های 7 کنترل می‌باشند.

شکل 2: زل الکتروفورز محتوی فلزه‌های 136-bp مربوط به mut T4، نمونه‌های 4 و 6 کنترل می‌باشند.

شکل 3: نتایج سکوستژنگ با نرم‌افزار Chromas (شکل A) و MEGA (شکل B) نشان‌دهنده موضع جهش‌پذیرهای جهش‌پذیرهای جهش‌پذیرهای جهش‌پذیرهای جهش‌پذیرهای mut T2 و mut T4 در نمونه‌های 48 و 58 زنده است.

http://bpums.ac.ir
باکتری احساس می‌شود. برکاتی جهش‌های مختلف در این باکتری منجر به ایجاد سطح مختلف مقاومت به داروهای اخت تولید ترمیم DNA فاقد سیستم کامل ترمیم در این باکتری برای ترمیم می‌شود. این باکتری تاکید ماریا (MMR) در مورد مطالعه

| طبقه‌بندی | شماره تکنولوژی | کد تغییر یافته | شماره تکنولوژی | رفیق | تغییر مقاومت | حساس
<table>
<thead>
<tr>
<th></th>
<th></th>
<th></th>
<th></th>
<th></th>
<th></th>
<th></th>
</tr>
</thead>
<tbody>
<tr>
<td>-</td>
<td>4n</td>
<td>-</td>
<td>123</td>
<td>CGG</td>
<td>S</td>
<td>1</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>111x</td>
<td>-</td>
<td>124</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>2</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>27n</td>
<td>89</td>
<td>125</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>3</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>370x</td>
<td>89</td>
<td>126</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>4</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>690x</td>
<td>-</td>
<td>127</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>5</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>7211</td>
<td>89</td>
<td>128</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>6</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>2e</td>
<td>-</td>
<td>129</td>
<td>CGG</td>
<td>S</td>
<td>7</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>10e</td>
<td>-</td>
<td>130</td>
<td>CGG</td>
<td>S</td>
<td>8</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>5n</td>
<td>-</td>
<td>131</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>9</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>14T</td>
<td>-</td>
<td>132</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>10</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>17</td>
<td>-</td>
<td>133</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>11</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>30</td>
<td>-</td>
<td>134</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>12</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>90</td>
<td>-</td>
<td>135</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>13</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>16</td>
<td>-</td>
<td>136</td>
<td>CGG</td>
<td>R</td>
<td>14</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>690X</td>
<td>-</td>
<td>137</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>15</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>3369</td>
<td>-</td>
<td>138</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>16</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>27n</td>
<td>89</td>
<td>139</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>17</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>22e</td>
<td>-</td>
<td>140</td>
<td>GGA</td>
<td>S</td>
<td>18</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>10e</td>
<td>-</td>
<td>141</td>
<td>GGA</td>
<td>S</td>
<td>19</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>370X</td>
<td>-</td>
<td>142</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>20</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>4n</td>
<td>-</td>
<td>143</td>
<td>GGA</td>
<td>S</td>
<td>21</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>7211x</td>
<td>-</td>
<td>144</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>22</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>5n</td>
<td>-</td>
<td>145</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>23</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>8p</td>
<td>58</td>
<td>146</td>
<td>GGA</td>
<td>S</td>
<td>24</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>15</td>
<td>58</td>
<td>147</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>25</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>26n</td>
<td>-</td>
<td>148</td>
<td>GGA</td>
<td>S</td>
<td>26</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>75n</td>
<td>-</td>
<td>149</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>27</td>
</tr>
<tr>
<td>-</td>
<td>7</td>
<td>58</td>
<td>150</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>28</td>
</tr>
<tr>
<td>+</td>
<td>112</td>
<td>-</td>
<td>151</td>
<td>GGA</td>
<td>R</td>
<td>29</td>
</tr>
</tbody>
</table>

بحث

سلامی در جهان افراد زیادی به ماریا سل مبتلا می‌شوند. این ماریا در جزئیات می‌تواند توجه به این باکتری در این باکتری تاکید ماریا (MMR) در مورد مطالعه

http://bpums.ac.ir
را کد می‌کنند وظیفه ترمیم جهش‌ها را بر عهده دارند. آنزیم‌ها یا کد می‌کنند می‌توانند موتاسیون‌های ایجاد شده در زنوم را ترمیم کنند (14) و

ارابانت‌های مختلفی دارند. هرگونه تغییر در این زن‌ها

باعث افزایش رخداد موتاسیون می‌شود و علت آن

 عدم تصحیح جهش است. نتایج این طبقه‌بندی می‌تواند می‌شود که سیوی‌های مقاوم به دارو فاقد موتاسیون در

mut T2 این زن‌ها هستند. در این تحقیق زن‌های

ماکوکاترونوم تورکلوزیس هستند. آزمایش‌های ترمیم کننده

روکدم می‌کنند در سیوی‌های کلینیکی مقاوم و DNA

حساس مورد بررسی قرار گرفتند. با توجه به اهمیت

مطالعه سیوی‌های مقاوم در این مطالعه تعادل سیوی‌های

مقاوم بیشتر از سیوی‌های حساس بود. به منبع

جداسازی سیوی و تغییرات زنوم و مقاومت نیز

ارتباطی وجود ندارد.

مطالعات در زمینه زن mut عمدها مربوط به 10 سال

اخر بوده است و تحقیق در این زمینه سابقه زیادی

ندارد. ابراهیمی در استنبول پژوهش در سال

2003 استخلاف‌هایی در زن عامل ترمیم بیدا

کرد. این موتاسیون‌ها در زن‌های گروه

Beijing شدند و اکثراً منحصر به سیوی فیلوزنی

بوده‌اند. ابراهیمی 55 سیوی به بررسی و نمونه

مونتاسیون در این زن را انتخاب نمود و نتیجه گرفت که

احتمالاً رخداد موتاسیون در این زن باعث

سازش‌پذیری سریع به محلی اطراف نیکول

Beijing (Lari) در 2006 موتاسیون‌های ژن‌های

زنوم را بررسی و mut T4 و mut T2 موتاسیون‌های مختلفی در کدونهای Zn

mut B ایجاد کرد در سال 2007 انواع موتاسیون

(10). اولانو (Olanow)
جدول 4-چکیده‌ای از بررسی نتایج این مطالعه

<table>
<thead>
<tr>
<th>دسته</th>
<th>سویه‌های کلیپکی</th>
<th>کل سویه‌ها</th>
<th>زن مورد مطالعه</th>
<th>تعلیق تولی نمای</th>
</tr>
</thead>
<tbody>
<tr>
<td>mut T4</td>
<td>14</td>
<td>29</td>
<td>12</td>
<td>3</td>
</tr>
<tr>
<td>mut T2</td>
<td>15</td>
<td>29</td>
<td>12</td>
<td>3</td>
</tr>
</tbody>
</table>

بر روی مدل SPSS استفاده گردیده است (USA.II.Chicago.SPSSInc) و برای این مطالعه از نظر عرضه و سیاست‌های این سایت مورد استفاده قرار گرفته است. در این مطالعه مانند انسان خاصیت ایجاد صدا و حساسیت به دارو در سویه‌های مورد مطالعه مشاهده نشد. اما در تقریباً 20 درصد سویه‌های مقام و وجود موتاسیون در این زن‌ها این تأثیر گردید. این تأثیر را می‌توان این‌طور تفسیر کرد که باعث گردیده است که سویه‌های متراسیم در DNA تغییر در طیاری تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های متراسیم تغییر در DNA به صورت انتخابی یافته شود. به سویه‌های MMR در سویه‌های ماکوبیکاترویوم تیوپروتئز / افافلی و همکاران 357

![Molegro virtual docker](https://example.com/diagram)

NCBI در mut

![Shaf 4 پرخو باخت پروتئینی ان mut](https://example.com/diagram)

http://bpums.ac.ir

[DOI: 10.18869/acadpub.ismj.19.3.351]
References:

Evaluation of possible occurrence of mutation in MMR repair system genes in resistant and sensitive clinical strains of Mycobacterium tuberculosis by using sequencing method

AP. Afzali 1, M. Arjomndzadegan 2, A. Ahmadi 3*, SH. Hosseini 1, M. Kahbazi 4, M. Tousheh 5

1 Department of Microbiology, Faculty of Science, Islamic Azad University of Tehran Research
2 Infectious Diseases Research center (IDRC) and Department of Microbiology and Immunology, School of medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran
3 Department of molecular genetics, Tarbiat Modares University, Tehran and Infectious Diseases Research center (IDRC), Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran
4 Infectious Diseases Research center (IDRC), Department of Pediatric Infectious, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran
5 Department of Cellular and Molecular Biology, Faculty of Science, University of Isfahan

(Received 26 Dec, 2014; Accepted 22 Jun, 2015)

Abstract

Background: during recent years, the incidence and spread of drug resistance in Mycobacterium tuberculosis, the bacterium causing tuberculosis, has set this disease in World Health Organization priorities alignment of diseases like AIDS and hepatitis. Study of close examination of resistant and susceptible clinical strains genotypes is necessary to overcome drug resistance. Among the numerous repair systems, only there are limited number of encoding genes of DNA repair enzymes in Mycobacterium tuberculosis. Commonly these genes have been conserved and any changes among them likely increased the mutation occurrence due to the impossibility of correction of spontaneous mutations insensitive strains of this bacteria. mut genes encode DNA repairable enzymes. This study investigated the mutations in these genes and the effect of these mutations on tuberculosis drug resistance.

Materials & Methods: In this study, of 29 available specimens, we were selected 8 susceptible strains and 21 resistant strains and after ordering appropriate primers and performing the proliferation reaction two types of amplicons produced which including fragments of genes mut T2 and mut T4 and they were sent in order to sequencing.

Results: The results of chain reaction primer represents an appropriate choice of primers which were investigated. Sequencing results showed that overall 73% of resistant strains that had been selected for study of mut T4 gene, have no mutations in codons 480f mut T4 gene, and 70% of resistant strains have no GGA >>> CGA mutation at codon 58 of mut T2 gene.

Conclusion: One of the strategies to overcome tuberculosis drug resistance is a close examination of genotypes of resistant and susceptible clinical strains. Results of this study was performed by examining changes in mut T2 and mut T4 gene sequence. The mutation in mut T2 always associated with mutation in mut T4, in this way, the first mutation may occurs in mut T4 and after that, the second mutation may occurs in mut T2. Importance of this is determined by study of encoded proteins by these two genes and position of mut T4 than mut T2 in the MUT HLS spatial structure of protein complex. Results of comparison of drug resistance and occurrence of mutations in hot spots of mut T2 and mut T4 genes illustrated that these genes are conserved in resistant strains. However, there is no significant relation in susceptible strains.

Key words: Mycobacterium tuberculosis, mut T2, PCR, sequencing

Cite this article as: Afzali AP, Arjomndzadegan M, Ahmadi A, Hosseini H, Kahbazi M, Tousheh M. Evaluation of possible occurrence of mutation in MMR repair system genes in resistant and sensitive clinical strains of Mycobacterium tuberculosis by using sequencing method. Iran South Med J 2016; 19(3): 351-360