

فاطمه رحیمی باغی^۱، ناصر هرزندی^۱، افشین منیری^۲، سید علیرضا ناجی^۲

^۱ گروه میکروبیولوژی، واحد کرج، دانشگاه آزاد اسلامی، کرج، ایران.

^۲ مرکز تحقیقات ویروس شناسی، پژوهشکده سل و بیماریهای ریوی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران.

* نشانی نویسنده مسئول:

مرکز تحقیقات ویروس شناسی، پژوهشکده سل و بیماریهای ریوی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران.

نشانی الکترونیک:

s.a.nadji@sbmu.ac.ir

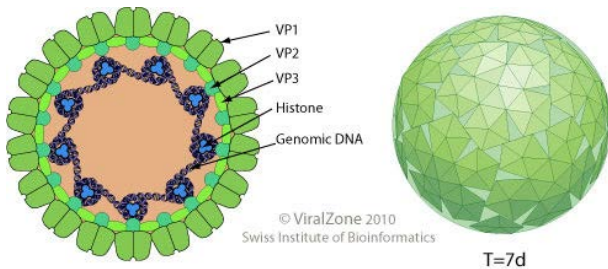
بیولوژی و گوناگونی ژنتیکی ویروس BK

چکیده

ویروس BK (BKV) یکی از پولیوما ویروس‌های عمده انسانی است که معمولاً اشخاص در طی دوران کودکی با آن آلوده می‌شوند. این ویروسها می‌توانند در اشخاص با ضعف یا نقص سیستم ایمنی اعم از اولیه و یا ثانویه (اشخاص مبتلا به HIV، مبتلایان به انواع سرطان، گیرندگان پیوند عضو بخصوص پیوند کلیه) دوباره فعال شده و موجب رد پیوند در گیرندگان عضو گردند. عمده ترین علائم آلودگی به این ویروس بصورت نفروپاتی مرتبط به BKV در گیرندگان پیوند کلیه، مغز استخوان و همینطور بصورت سیستمیت هموراژیک باشد. ویروس BKV براساس ترادف ژنومی نواحی مختلف، به ۴ الی ۶ ژنوتیپ و زیر تیپ های مختلف تقسیم میشود.

واژگان کلیدی: پولیوما ویروس، ویروس BK، پیوند کلیه، ژنوتایپینگ

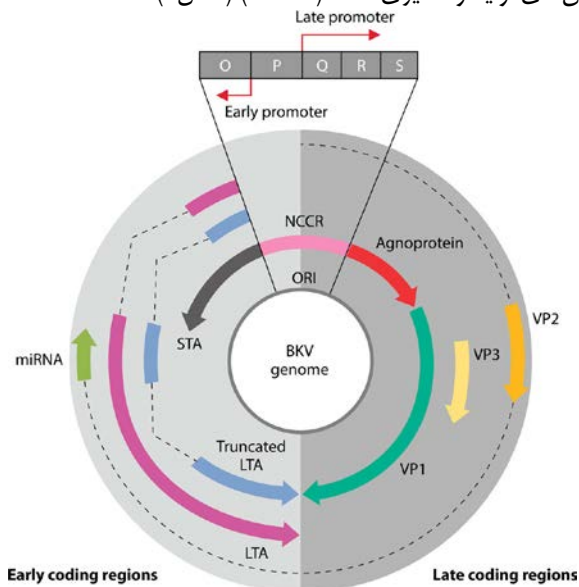
که هر کدام شامل ۵ مولکول VP1 و ۱ مولکول VP2 یا VP3 است که تنها مولکول VP1 بر روی سطح کپسید قرار دارد (شکل ۱).



شکل ۱- ساختار شماتیک ویروس BKV

ساختار ژنوم

ژنوم ویروس، DNA دو رشته‌ای حلقوی شامل یک منطقه تکثیر و پروموتور دو طرفه است که رونویسی mRNA را پیش برده و آن را رمزگذاری می‌کند و ۵ تا ۹ پروتئین را بیان می‌کند. توالی ژنوم را می‌توان به سه منطقه عملکردی تقسیم کرد؛ ناحیه کنترل اولیه، تاخیری و غیرکدکننده (NCCR). در ناحیه کنترل اولیه، T آنتی‌ژن های کوچک و بزرگ (T-Ag) و (t-Ag) که برای تنظیم تکثیر DNA ویروس و بیان ویروسی ضروری هستند، رمزگذاری می‌شوند. T-antigen دارای پتانسیل آنکوژنیسیته است. محصولات ناحیه تاخیری، پروتئین ساختاری VP1، VP2 و VP3 و همچنین آنکوپروتئین است. ناحیه (NCCR) حاوی عناصر برای کنترل بیان ژن‌های اولیه و تاخیری است (۴-۶، ۱) (شکل ۲).



شکل ۲- ساختار ژنوم BKV (۱)

ناحیه اولیه ژنوم

کدهای ناحیه اولیه برای Tag (Small t و Large T antigen) و همچنین یک T - آنتی ژن کوتاه (truncT antigen) است. آنتی‌ژن

مقدمه

ویروس پولیوماویروس انسانی (BKV) Human Polyomavirus BK اولین بار توسط گاردنر در سال ۱۹۷۱ از یک بیمار سودانی که پیوند کلیه دریافت کرده بود جدا سازی و نام ویروس از نام بیمار گرفته شد. این ویروس به همراه دیگر پولیوماویروسهای شناخته شده مانند JC Virus، پولیوماویروس های ۹-۷-۶ و MCV عضو خانواده پولیوماویروسه هستند. BK نسبت نزدیکی به JCV با تشابه ترادف ژنومی تقریباً ۷۵٪ دارد، ولی با سایر پولیوماویروس های جدید دارای تشابه کمتری در سطح ژنومی هستند (۱).

عفونت ویروسی ناشی از ویروس BK معمولاً بدون علامت است. از نظر سرولوژیکی بیش از ۸۰٪ از بزرگسالان در سراسر جهان، آنتی‌بادی بر علیه این ویروس را در سرم خود دارند. این ویروس بعد از ایجاد عفونت اولیه می‌تواند در سلول‌های اپی‌تلیال دستگاه ادراری بخصوص کلیه‌ها به حالت پایدار باقی بماند و می‌تواند در افرادی که ایمنی سلولی آنها تغییر کرده، مانند زنان باردار، بیماران سرطانی تحت شیمی درمانی و افرادی که پیوند اعضا بخصوص کلیه دریافت کرده‌اند، مجدداً فعال شده و ایجاد عفونت ویروسی نماید. تکثیر مجدد ویروس BK، یکی از دلایل مهم اختلال در عملکرد کلیه پیوند شده و حتی رد پیوند در بین بیمارانی است که پیوند کلیه دریافت می‌کنند، و این فعالیت مجدد ویروس در پی درمان این افراد با داروهای سرکوب گر ایمنی اتفاق می‌افتد. در این گونه بیماران آزمایشات بافت‌شناسی از نمونه بیوپسی، مشخص نموده که تکثیر مجدد ویروس BK باعث ایجاد نکروز در لوله ها و مجاری جمع‌آوری کننده ادرار و علائم نفروپاتی در آنها می‌گردد (۲).

استفاده از روش PCR در تشخیص ویروس فعال شده BK در نمونه (پلازما، ادرار) بیمارانی که پیوند کلیه دریافت کرده‌اند، با توجه به حساسیت بالا و غیرتهاجمی بودن تست، بهترین روش تشخیص در این گونه بیماران است. بهترین نشانگر در پیگیری بیماران، میزان ویروس در نمونه‌های پلازما و ادرار با آزمون‌های کمی (Real time PCR) است، که یک ابزار مفید برای نظارت بر بروز فعالیت مجدد BKV و پیشگیری از عوارض بالینی آن است (۱).

ساختار ویروس

BKV یک پولیوماویروس کوچک و بدون غشا با قطر ۴۵-۵۰ نانومتر است. ژنوم ویروسی، DNA دایره‌ای دو رشته‌ای سوپرکویل است که به همراه پروتئین‌های هیستونی سلول میزبان مینی کروموزوم را تشکیل می‌دهد. این سازماندهی انجام شده، تا حداکثر ظرفیت کدگذاری را در حداقل فضا (۵ کیلوبایت)، با استفاده از پردازش متناوب و کدون‌های شروع ترجمه متناوب برای بیان شش پروتئین ویروسی مجزا از دو رونوشت اولیه به حداکثر برساند (۳). کپسید بیست وجهی (icosahedral) آن شامل ۷۲ کپسومر است. کپسید شامل ۳۶۰ مولکول VP1 در ۷۲ پنتامر یا کپسومر

پنتامر VP1 برای تشکیل یک کپسومر، که ۷۲ عدد از آن‌ها کپسید بیست وجهی BKV را تشکیل می‌دهند، لازم است. توالی بیش از حد متغیر در ناحیه N ترمینال پروتئین، بین اسیدهای آمینه ۶۱-۸۲ که مربوط به حلقه BC در قسمت بیرونی کپسید است مستقیماً در تعامل با گیرنده گانگلیوزید BKV است. پلی مورفیسم در ژن VP1 برای طبقه بندی BKV به ژنوتیپ‌ها (I-IV) و برای ژنوتیپ‌های خاص، به زیر گروه‌ها استفاده می‌شود. ناحیه تاخیری همچنین آگنوپروتئین غیر ساختاری را کد می‌کند، که مقادیر زیادی از آن در مراحل بعدی چرخه تکثیر تولید می‌شود (۳).

ناحیه آگنوپروتئین در فعالیت‌های چندگانه‌ای همانند افزایش تجمع هسته‌ای در VP1، سر هم بندی کپسید ویروس، آزادسازی ویرون و تعمیر DNA دخالت دارد (۸، ۴ و ۱).

ناحیه کنترل غیر کدکننده (non-coding control region)

NCCR به عنوان توالی بین کدون شروع از T آنتی‌ژن بزرگ (TAG) در ناحیه اولیه و کدون شروع از آگنوپروتئین در ناحیه تاخیری، تعریف شده است. NCCR از منشا همانندسازی و منطقه کنترل رونویسی تشکیل شده است (۹) (شکل ۳).

طول ژنوم به دلیل تغییرات در NCCR در انواع BKV متفاوت است. NCCR ناحیه‌ای بسیار متغیر است که دارای سایت‌های مختلف اتصال دهنده‌ای برای فاکتورهای تنظیم کننده سلولی میزبان است و از این رو به آن منطقه نظارتی پتانسیل متغیر hypervariable regulatory region نیز گفته می‌شود. قالب خواندن باز در مرکز ژنوم قرار دارد به طوری که تکثیر می‌تواند به صورت دو طرفه انجام شود (۷).

این ناحیه یکی از بیشترین نواحی متغیر در ژنوم ویروس است که در الحاق‌ها، حذفیات، مضاعف‌سازی و همچنین در بازآرایی‌های پیچیده که شامل تقویت کننده و یا توالی‌های پرموتور است دخالت می‌کند.

این بخش بسیار متغیر در ژنوم BKV به دو فرم دیده می‌شود: یک فرم پایدار که archetype نامیده می‌شود BKPvY "archetype" (NCCRww) که قابل انتقال از ادراک است و فرم بازآرایی شده (NCCRrr) از archetype، که بوسیله موتاسیون‌ها، حذفیات، مضاعف‌سازی‌ها و الحاقات مشتق شده است (۱۰ و ۱۱).

های T، به ویژه TAg، پروتئین‌های چند منظوره هستند که نقش مهمی در چرخه تکثیر ویروس دارند. آنها در تکثیر ژنوم ویروس، رونویسی ژن تاخیری نقش داشته و با بسیاری از فاکتورهای سلولی که چرخه سلولی و آپوپتوز را تنظیم می‌کنند، تعامل دارند. نواحی رمزگذاری اولیه قبل از شروع تکثیر رونویسی می‌شوند، و بیان پروتئین‌های LTA و STA را باعث می‌شوند. این آنتی‌ژن‌ها در هسته جمع می‌شوند و به تکثیر DNA ویروس کمک می‌کنند. در طی فرآیند تکثیر DNA ویروس، LTA یک مجموعه چندتایی را تشکیل می‌دهد که به منشاء همانندسازی متصل می‌شود و مانند یک هلیکاز عمل می‌کند تا رونویسی کدهای ناحیه تاخیری را تسهیل کند. Large T antigen (LTA) همچنین یک مولکول مهم تنظیم کننده است که با اتصال به پروتئین‌های سرکوبگر تومور، p107، Rb، p130 و p53 سلول میزبان را به مرحله S چرخه سلول منتقل می‌کند (۳).

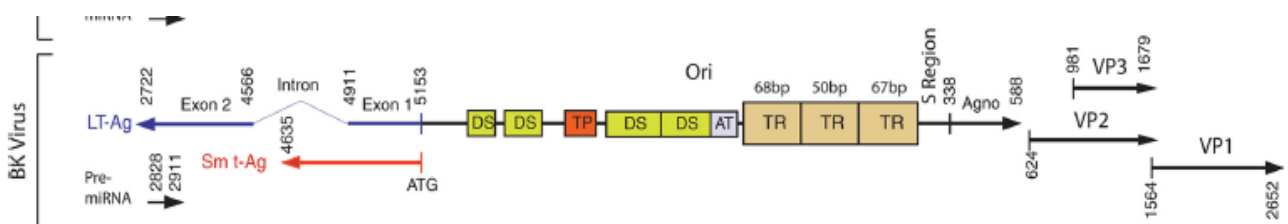
از طرفی small T antigen (STA) در تکثیر ویروس، پیشرفت چرخه سلولی و تحول آن دخالت دارد (۷).

ناحیه تاخیری ژنوم

نواحی کدگذاری تاخیری فقط پس از شروع تکثیر DNA ویروس بیان می‌شود، زیرا پروتئین‌های ساختاری درگیر در بسته‌بندی ویروس و همچنین آگنوپروتئین را کد می‌کنند. پروتئین‌های ترجمه شده از دو کلاس RNA تاخیری S16 و S19 به وسیله پیرایش متناوب از pre-mRNA مشترک تولید می‌شوند. 19S RNA به هر دو محصولات VP2 و VP3 و 16S RNA به محصولات VP1 و آگنوپروتئین ترجمه می‌شوند (۶).

کدهای ناحیه تاخیری برای محصولات پردازش رونوشت اولیه که پروتئین‌های کپسیدی VP2، VP1 و VP3 می‌باشند که در سیتوپلاسم تولید می‌شوند و با استفاده از سیگنال‌های محلی‌سازی هسته‌ای متصل به پروتئین‌ها، وارد هسته می‌شوند. هنگامی که پروتئین‌های کپسید وارد هسته شوند، مونتاژ ویروس رخ می‌دهد و ویرون‌ها در هسته جمع می‌شوند (۷).

VP1 پروتئین اصلی کپسید است، که چهره خارجی کپسید BKV را تشکیل می‌دهد، در حالی که پروتئین‌های جزئی کپسید VP2 و VP3 در قسمت داخلی کپسید قرار دارند. VP1 پنتامرها را تشکیل می‌دهد، و یک کپی از VP2 یا VP3 با



شکل ۳- محدود NCCR-BKV

ای گردش خون محیطی، مثانه، پروستات، دهانه رحم، واژن، و کارسینومای زبان و لب نشان دهد (۲۱-۱۶).

تشخیص بالینی و آزمایشگاهی عفونت BKV

تشخیص پولیوماویروس ها با استفاده از شناسایی میکروسکوپی سلول های اپیتلیال کلیوی حاوی انکلوژیون های ویروسی Decoy cell از نمونه های ادراری یا تغییرات پاتولوژیک بیوپسی بافت کلیه روشی روتین است، اگرچه ارزش تشخیصی این روش به دلیل افتراق ندادن نوع JCV از BKV کاهش یافته است (۱).

از دیگر روش ها برای تشخیص پولیوماویروس انسانی BKV، تشخیص آنتی بادی ویروس، شناسایی DNA ویروس در ادرار، خون، و پلازما است. در جمعیت های سالم، شناسایی DNA ویروس به روش PCR در ادرار راه بسیار مفیدی برای پیدا کردن میزان شیوع ویروس ها می باشد (۲۲).

اگر چه PCR کیفی برای تشخیص تکثیر ویروس فعال بسیار حساس است، اما ارزش پیش بینی مثبت (PPV) (۳۰-۵۰٪) برای BKV associated nephropathy (BKVAN) دارد (۲۳ و ۷). اندازه گیری بار ویروسی (viral load) مبتنی بر PCR در پلازما، ادرار یا مایع مغزی نخاعی برای عفونت CNS یک ابزار بالینی استاندارد برای نظارت بر فعال سازی مجدد BKV است. تعیین مقدار RNA ویروسی توسط Real time PCR جایگزینی برای تعیین DNA ویروسی است (۲۳).

بیماری زایی

BKV ممکن است در دامنه وسیعی از ارگان ها و بافت ها یافت شود. انتقال BKV در مایعات بدن رخ می دهد (۲۴). هنگامی که یک فرد فقط یک بار در معرض یک پولیوماویروس قرار می گیرد، عفونت پایدار مادام العمر در انواع بافت باقی می ماند. بنابراین تشخیص مکان ورود اولیه از یک مکان دیگر دشوار است و به عنوان یک مخزن برای عفونت مادام العمر عمل می کند (۴). نفروپاتی مرتبط با BKV سبب نارسایی کلیوی پس از پیوند می شود. آلودگی اولیه در حدود ۹۰٪ اشخاص رخ می دهد و در سلول های اپیتلیال لوله ای دستگاه ادراری باقی می ماند. فعالیت علامت دار BKV در افراد با کفایت ایمنی رخ نمی دهد. سرکوب سیستم ایمنی درمانی، که تعادل بین تکثیر ویروس و پاسخ ایمنی میزبان را مختل می کند، عامل اصلی حامی پاتوژن ویروسی است. افزایش وجود ویروس در ادرار viruria از لیز در سلول های لوله ای و نشد ویروس در لومن می باشد و ریسک تکثیر BKV، بیشتر در ۲-۶ ماه بعد از پیوند است. تخریب دستگاه ادراری در سلول های پایه ای در سطح وسیعی با BKV رخ می دهد (ویراویا) که اجازه گسترش به خون را می دهد به صورتیکه ویرمی با BKV بروز می کند.

در نوع (ww) NCCR یک پروموتور دو طرفه بسیار محافظت شده وجود دارد که از پنج بلوک تشکیل شده است که به ترتیب حروف الفبا به عنوان O(142bp)، P(68 pb)، Q (39 pb)، R(63 pb) و S(63 pb) نام گذاری شده اند (۱۰ و ۳).

اپیدمیولوژی

ویروس BK یک پولیوماویروس است که اغلب در اوایل دوران کودکی کسب می شود و مطالعات نشان داده که در ۷۰٪ از کودکان تا سن ۱۰ سالگی آلودگی به این ویروس و ابتلاء به عفونت یا بیماری صورت می گیرد، حالت اولیه انتقال از طریق مسیر تنفسی پیش بینی می شود، شواهد مربوط به عفونت BKV در دستگاه تنفسی و لوزه های کودکان این گفته را تایید می کند. با این حال، سایر مسیرهای انتقال نیز پیشنهاد شده است، تکثیر BKV در لنفوسیت های بافت لنفونیدی حلقه والدیر (Waldeyer's ring) لوزه ها باعث عفونت اولیه BKV می شود. لنفوسیت های آلوده می توانند BKV را به گردش خون حمل کنند و این اجازه می دهد که ویروس به بافت های دیگری مثل کلیه منتقل شود. عفونت اولیه معمولاً بدون علامت است یا به ندرت باعث بیماری خفیف تنفسی می شود (۷).

ویروس در دستگاه ادراری تناسلی پنهان می شود، اما می تواند در شرایط ضعف سیستم ایمنی دوباره فعال شود که نتیجه تعامل بین ویژگی های ویروسی و سیستم ایمنی تغییر یافته یا ضعیف میزبان، می تواند بصورت التهاب و یا آسیب کلیوی باشد. تکثیر BKV پس از پیوند کلیه نیز مشاهده می شود و می تواند منجر به از دست رفتن آلوگرافت کلیه در نیمی از موارد شود. تکثیر BKV همچنین در سایر گیرندگان پیوند عضو، گیرنده های پیوند مغز استخوان، مبتلایان به عفونت (HIV)، زنان باردار، مولتیپل اسکلروزیس و دیگر بیماران مبتلا به ضعف ایمنی وجود دارد. استفاده از داروهای سرکوب کننده ایمنی به شدت بر سیستم ایمنی میزبان تاثیر می گذارد که خطر عفونت های باکتریایی، ویروسی و قارچی خاص را افزایش می دهد (۱۲، ۱۳).

فراوانی این ویروس در عموم مردم حدود ۸۰٪-۶۰٪ است. این ویروس در بیماران پیوند کلیه میتواند موجب نارسایی کلیه، تنگی حالب و التهاب مثانه خونریزی دهنده (haemorrhagic cystitis) شود. ظهور نفروپاتی وابسته به ویروس BKV به عنوان یک عامل اصلی اختلال عملکرد پیوند و از دست رفتن کلیه در گیرنده های پیوند کلیه است که ناشی از استفاده از داروهای بسیار قوی سرکوب کننده سیستم ایمنی است. با افزایش جمعیت گیرندگان پیوند، این مشکل پزشکی همچنان در حال افزایش است (۱۴، ۱۵).

تکنولوژی PCR می تواند ویروس BKV را علاوه بر کلیه در مکان های دیگری مانند سیستم اعصاب مرکزی، سلول های تک هسته

می‌گیرد و استروئیدها به طور معمول برای مدت زمان طولانی‌تری در گیرندگان کلیه در مقایسه با گیرندگان کبد تجویز می‌شوند. Cidofovir (CDV) یک آنالوگ حلقوی مونوفسفات deoxycytidine است و استفاده از آن به دلیل سمیت کلیوی در زمینه پیوند کلیه محدود است (۲۸).

اخیراً از فلونومید که یک عامل سرکوب‌کننده سیستم ایمنی در درمان آرتريت روماتوئید می‌باشد به عنوان یک عامل سرکوب‌کننده سیستم ایمنی پس از پیوند کلیه استفاده می‌شود.

فلونوروکینولون‌ها آنتی‌بیوتیکی هستند، که توپوایزومرازهای باکتریایی را هدف قرار داده و همچنین تکثیر BKV را در گیرندگان پیوند کلیه مهار می‌کنند. اثر ضد ویروسی ممکن است ناشی از تداخل در فعالیت هلیکاز TAG باشد که با توپوایزومراز سلولی در تعامل است (۲۹).

ایمونوگلوبولین‌های داخل وریدی (IVIg) بارها به عنوان یک درمان کمکی برای PVAN مورد آزمایش قرار گرفته‌اند. IVIg حاوی آنتی‌بادی‌های خنثی‌کننده در برابر تمام ژنوتیپ‌های BKV می‌باشند، اگرچه سطح بالای آنتی‌بادی‌های اختصاصی BKV در بیماران PVAN، نشان می‌دهد که آنتی‌بادی‌ها برای کنترل تکثیر ویروسی کافی نیستند (۳۰).

ژنوتایپینگ BKV

توالی‌یابی پولیوماویروس‌ها نشان‌دهنده تنوع در همه مناطق ژنوم ویروسی، به ویژه NCCR و توالی کدگذاری C-ترمینال از T آنتی ژن بزرگ و VP1 است (۴).

VP1 پروتئین اصلی کپسید است، که چهره خارجی کپسید BKV را تشکیل می‌دهد، پلی مورفیسم در ژن VP1 برای طبقه‌بندی BKV به ژنوتیپ‌ها (I-IV) و برای ژنوتیپ‌های خاص، به زیر گروه‌ها استفاده می‌شود (۳).

ژنوتیپ (BKV) به لحاظ تاریخی بر پایه نوکلئوتیدهای ۱۷۴۴ تا ۱۸۱۲ در ژن VP1 پایه‌ریزی شده است. که این توالی با دنباله آمینواسیدی ۶۱-۸۳ مطابقت دارد (۳۱). موتاسیون در توالی VP1 باعث ایجاد زیرتایپ‌های I-IV می‌شود (۳۳-۳۱).

مطالعات سرولوژیکی نشان می‌دهد که ژنوتیپ BKV-I بالاترین میزان شیوع را در جمعیت انسانی به خود اختصاص می‌دهد و به دنبال آن ژنوتیپ IV قرار دارد. ژنوتیپ‌های II و III فقط اقلیتی از بزرگسالان را مبتلا می‌سازند. ژنوتیپ BKV-I به چهار زیر گروه طبقه‌بندی می‌شود: زیر گروه Ia، Ib1، Ib2 و Ic. همچنین

ویرومی طولانی مدت BKV با آسیب لوله‌های نفرون و نکروز همراه است که نتیجه اش نفروپاتی وابسته به BKV است که در ۱ تا ۱۰ درصد از بیماران پیوند کلیه پیشرفت می‌کند (۲۵، ۱۳ و ۳).

عدم مراقبت از گیرندگان پیوند کلیه که در معرض فعال شدن مجدد این عفونت‌ها قرار دارند می‌تواند منجر به نفروپاتی مرتبط با پولیوماویروس BK شود. از طرفی افزایش دوز رژیم‌های سرکوب‌کننده سیستم ایمنی مسئول افزایش شیوع نفروپاتی مرتبط با پولیوماویروس BK در بیماران گیرنده پیوند کلیه است (۲۶).

شناسایی اولیه و تشخیص زودرس گیرندگان پیوند کلیه در معرض ابتلا به نفروپاتی ویروس (BKVN)، ارزیابی مناسب و شروع درمان را تضمین می‌کند (۲۷).

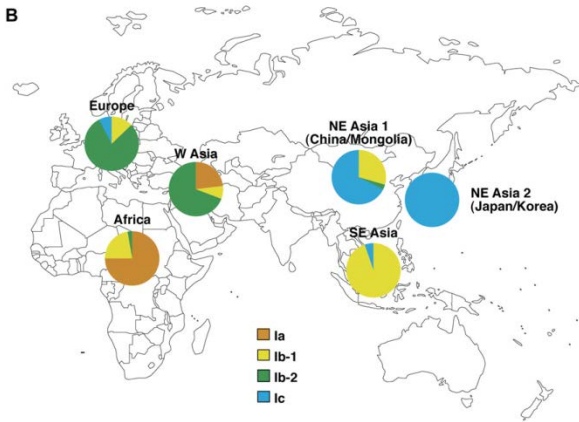
بیماری‌های مرتبط با BKV

علاوه بر نفروپاتی و سیستیت هموراژیک، بین BKV و التهاب حاد بافت مغزی (Encephalitis)، التهاب شبکیه (Retinitis)، عفونت دستگاه تنفسی و بیماری‌های دیواره عروق (Vasculopathy) ارتباط وجود دارد. نقش BKV در نئوپلازی هنوز مورد بررسی است. بعضی از محققان، فراوانی بالایی از BKV را در گردن رحم قبل از زایمان نشان داده‌اند و دیگر مطالعات نیز ارتباط BKV با این نوع ضایعات را تایید می‌کنند. همچنین ممکن است که BKV یک عامل مشترک و کمکی با HPV در سرطان گردن رحم باشد. برخی از محققان، ویروس BK را عامل اصلی تومورهای مغزی، کارسینومای مثانه، لگن و کلیه، مننژیوما و مدولوبلاستوما می‌دانند. BKV-IR (نوعی واریانت از DNA BKV) در انسولینوم انسانی تشخیص داده شده است. در مطالعه دیگری، DNA BKV در ۴۶٪ تومورهای مغزی و نوروبلاستوما، در ۲۰٪ موارد سارکوم کاپوزی و در ۶۰٪ تومورهای دستگاه ادراری تشخیص داده شده است. علاوه بر این، DNA BKV با استفاده از PCR در رحم، واژن و کارسینومای لب‌ها و زبان نیز مورد شناسایی قرار گرفته است (۱).

درمان

چون هیچ درمان دارویی ضدویروسی برای درمان بیماری‌های ناشی از پولیوماویروس‌های انسانی وجود ندارد، درمان آن وابسته به بهبود عملکرد ایمنی بدن و کنترل بر تکثیر مجدد ویروسها می‌باشد. با توجه به اینکه شیوع بیماری‌های اتوایمیون و سرطان‌ها در حال گسترش می‌باشد از این رو بدست آوردن مقدار واقعی شیوع ویروس‌ها در جمعیت طبیعی بسیار مهم و ضروری می‌باشد (۲۲).

رژیم‌های سرکوب‌کننده سیستم ایمنی نیز نقش اصلی را ایفا می‌کنند. اگرچه درمان سرکوب‌کننده سیستم ایمنی برای همه بیماران پیوند اعضا یا solid organ transplantation انجام می‌شود، اما این درمان بیشتر در پیوند کلیه مورد استفاده قرار



شکل ۵- توزیع زیرتایپ‌های BKV (I) در نواحی جغرافیایی مختلف (۳۷)

زیرتایپ‌های BKV که در نقاط مختلف جغرافیایی دنیا گزارش شده اند نوع Ia در افریقا، Ib-1 در جنوب شرقی آسیا، Ic در شمال شرقی آسیا بودند ولی در جمعیت اروپا و آمریکا غالب Ib-2 است. همچنین نوع IVc2 در بخشهایی از شرق آسیا و اروپا شیوع دارد (۳۹، ۳۸، ۳۷، ۳۱، ۳۰ و ۱۲) (شکل ۵).

بحث

شناخت بیشتر رابطه بین BKV و جمعیت انسانی به اطلاعات بیشتری در مورد BKV، از جمله نحوه انتقال آن نیاز دارد. BKV تنها پولیوماویروسی است که دارای زیرگروه‌های متمایز از نظر سرولوژی بوده و تشخیص شاخه‌های بیشتری در زیرگروه‌های BKV بسیار با اهمیت است (۳۷).

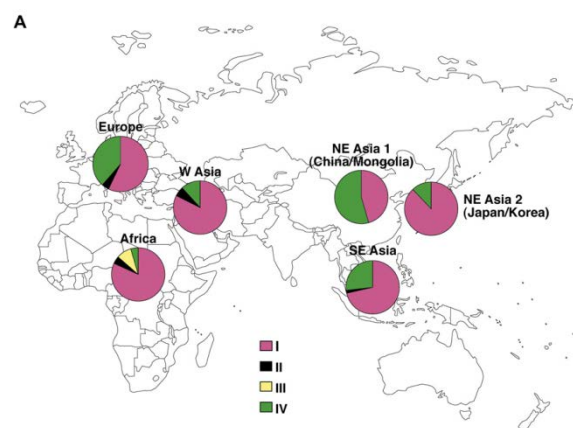
چگونگی توزیع جغرافیایی ناهموار زیرگروه IV مشخص نیست، اما این زیرتایپ ممکن است ابتدا اجداد آفریقایی از نوع بشر را آلوده کرده باشد و سپس در هماهنگی با مهاجرت‌های انسانی به خارج از آفریقا در سراسر جهان گسترش یافته باشد. به دلیل تغییر احتمالی حساسیت میزبان به ویروس، ممکن است متعاقباً زیرتایپ IV در بعضی مناطق (آفریقا و مناطقی از اروپا و آسیا) کاهش یابد، متناوباً، ممکن است زیرتایپ IV از یک پستاندار به آسیایی‌های اجدادی منتقل شده و پس از آن عمدتاً در قاره اوراسیا گسترش یابد. این توضیح مبتنی بر این یافته است که ویروس‌های پولیوماویریده در طی تکامل خود گاهی میزبان را تغییر می‌دهند (۳۷). زیرتایپ V و IV که براساس داده‌های مختصر پیش از آن، به ترتیب به عنوان زیرگروه‌های Ib1 و Ib2 طبقه‌بندی شده بودند نیز شناسایی شدند (۴۰).

بررسی‌های خویشاوندشناسی توزیع جهانی BKV، زیرتایپ‌های ویروس را از لحاظ جغرافیایی توصیف کرده است، و برخی از محققان نشان داده‌اند که آنها الگوهای مهاجرت جمعیت انسانی را هم نشان می‌دهند (فرضیه جابجایی) (۴، ۱).

ژنوتیپ IV BKV را می‌توان در زیر گروه‌های IVc1، IVb2، IVa1، IVa2، IVb1 و IVc2 قرار داد (۳۶-۳۴).

برای پرداختن به این موضوع، از مدل‌های پیچیده‌تری از جمله مدل‌هایی که ساختار کدون را در نظر می‌گیرند، استفاده شده است. با این حال، با استفاده از این روش، ترتیب انشعاب پایه تکامل BKV حل نمی‌شود. یک روش جایگزین مقایسه تنوع نوکلئوتیدی در هر یک از چهار زیرگروه BKV است و چنین تحلیلی باید اطلاعات مربوط به سن نسبی هر زیرگروه را فراهم کند (هرچه تنوع نوکلئوتیدی درون یک زیرگروه بالاتر باشد، زیر گروه باستانی تر است). برای انجام این تجزیه و تحلیل، تعداد قابل توجهی از توالی‌های کامل BKV متعلق به هر زیرگروه مورد نیاز است. مجموعه بزرگی از این توالی‌ها برای زیر تایپ I در دسترس است، اما برای زیرگروه‌های دیگر فقط چند توالی کدگذاری کامل بدست آمده است (۳۷).

برای روشن شدن اینکه آیا ارتباطی بین تبار ویروس BK و جمعیت انسانی وجود دارد یا خیر، Zheng و همکاران (۳۷) نمونه‌های ادرار BKV مثبت جمع‌آوری شده از افراد دارای نقص سیستم ایمنی در مکان‌های مختلف در اروپا، آفریقا و آسیا را بررسی کردند. طبقه بندی توالی DNA BKV (۲۹۹) در سراسر جهان تحت تجزیه و تحلیل پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی و فیلوژنتیک قرار گرفت. اعتبار آن توسط تجزیه و تحلیل بر اساس توالی DNA BKV کامل تایید شد. زیرگروه I زیرگروه اصلی در تمام مناطق مورد مطالعه بود و زیرگروه IV فقط در آسیا و اروپا شیوع داشت. زیرگروه‌های زیرتایپ I روابط نزدیک با مناطق عمده جغرافیایی را نشان دادند (جدول ۲ و ۱) (شکل ۵۴).



شکل ۴- توزیع زیرتایپ‌های BKV (IV-I) در نواحی جغرافیایی مختلف (۳۷)

جدول ۱: زیر تایپ‌های BKV در نواحی جغرافیایی مختلف

تعداد ایزوله‌های طبقه‌بندی شده در زیر تایپ‌ها				مجموع ایزوله‌ها	ناحیه جغرافیایی
I	II	III	IV		
اروپا					
۰	۰	۱	۱۱	۱۲	انگلستان
۰	۰	۱	۲	۳	اسپانیا
۲	۰	۰	۳	۵	ایتالیا
۲	۰	۰	۲	۴	آلمان
۲	۰	۰	۲	۴	سوئد
۲	۰	۰	۳	۵	جمهوری چک
۶	۰	۰	۳	۹	مجارستان
۱۰	۰	۱	۱۱	۲۲	فنلاند
۳	۰	۰	۳	۶	یونان
۲۷ (۳۹)	۰ (۰)	۳ (۴)	۴۰ (۵۷)	۷۰ (۱۰۰)	مجموع
افریقا					
۱	۰	۰	۶	۷	موریتانی
۰	۰	۰	۳	۳	غنا
۰	۰	۰	۱۵	۱۵	افریقای مرکزی جمهوری افریقا
۰	۴	۰	۲	۶	نیجریه
۰	۰	۰	۲	۲	افریقای جنوبی
۰	۰	۰	۵	۵	کنیا
۱	۰	۲	۱	۴	اتیوپی
۰	۰	۰	۲	۲	کامرون
۲ (۵)	۴ (۹)	۲ (۵)	۳۶ (۸۲)	۴۴ (۱۰۰)	مجموع
آسیای غربی					
۰	۰	۰	۶	۶	ترکیه
۲	۰	۱	۸	۱۱	عربستان سعودی
۲ (۱۲)	۰ (۰)	۱ (۶)	۱۴ (۸۲)	۱۷ (۱۰۰)	مجموع
آسیای شمال شرقی (۱)					
۹	۰	۰	۰	۹	مغولستان
۱۱	۰	۰	۱۳	۲۴	چین
۱۱	۰	۰	۶	۱۷	چین
۵	۰	۰	۱۶	۲۱	چین
۷	۰	۰	۱	۸	چین
۴۳ (۵۴)	۰	۰	۳۶ (۴۶)	۷۹ (۱۰۰)	مجموع
آسیای شمال شرقی (۲)					
۲	۰	۰	۷	۹	کره جنوبی
۲	۰	۰	۲۲	۲۴	ژاپن
۴ (۱۲)	۰	۰	۲۹ (۸۸)	۳۳ (۱۰۰)	مجموع
آسیای شمال غربی					
۸	۰	۰	۷	۱۵	ویتنام
۶	۰	۰	۱۸	۲۴	میانمار
۱	۰	۱	۱۵	۱۷	فیلیپین
۱۵ (۲۷)	۰	۱ (۲)	۴۰ (۷۱)	۵۶ (۱۰۰)	مجموع

جدول ۲: زیرگروه‌های زیرتایپ I BKV ۱۰ در نواحی جغرافیایی مختلف

تعداد ایزوله‌های طبقه‌بندی شده در زیرگروه‌ها					مجموع ایزوله‌ها	ناحیه جغرافیایی
I a	I b-1	I b2	I c	uca		
اروپا						
۰	۳	۸	۰	۱۱	۱۱	انگلستان
۰	۰	۱	۱	۲	۲	اسپانیا
۰	۰	۳	۰	۳	۳	ایتالیا
۰	۰	۱	۰	۲	۲	آلمان
۰	۰	۲	۰	۲	۲	سوئد
۰	۰	۳	۰	۳	۳	جمهوری چک
۰	۰	۳	۰	۳	۳	مجارستان
۰	۰	۱۰	۱	۱۱	۱۱	فنلاند
۰	۲	۰	۱	۳	۳	یونان
۰ (۰)	۵ (۱۲.۵)	۳۱ (۷۷.۵)	۳ (۷.۵)	۱ (۲.۵)	۴۰ (۱۰۰)	مجموع
آفریقا						
۶	۰	۶	۰	۰	۶	موریتانی
۳	۰	۰	۰	۰	۳	غنا
۰	۰	۰	۰	۱۵	۱۵	آفریقای مرکزی
۰	۰	۰	۱	۱	۲	جمهوری آفریقا
۲	۰	۰	۰	۰	۲	نیجریه
۴	۱	۰	۰	۰	۵	آفریقای جنوبی
۰	۰	۱	۰	۰	۱	کنیا
۲	۰	۰	۰	۰	۲	اتیوپی
۲۷ (۷۵)	۸ (۲۲)	۱ (۳)	۰ (۰)	۰ (۰)	۳۶ (۱۰۰)	مجموع
آسیای غربی						
۱	۰	۵	۰	۰	۶	ترکیه
۲	۱	۴	۰	۱	۸	عربستان سعودی
(۲۱)۳	(۷)۱	(۶۴)۹	(۷)۱	۰ (۰)	۱۴ (۱۰۰)	مجموع
آسیای شمال شرقی (۱)						
۰	۰	۱	۱۱	۱	۱۳	مغولستان
۰	۱	۰	۴	۱	۶	چین
۰	۹	۰	۷	۰	۱۶	چین
۰	۰	۰	۱	۰	۱	چین
۰ (۰)	۱۰ (۲۸)	۱ (۳)	۲۳ (۶۴)	۲ (۶)	۳۶ (۱۰۰)	مجموع
آسیای شمال شرقی (۲)						
۰	۰	۰	۷	۰	۷	کره جنوبی
۰	۰	۰	۲۲	۰	۲۲	ژاپن
۰ (۰)	۰ (۰)	۰ (۰)	۲۹ (۱۰۰)	۰	۲۹ (۱۰۰)	مجموع
آسیای شمال غربی						
۰	۰	۰	۷	۰	۷	ویتنام
۰	۱۶	۰	۲	۰	۱۸	میانمار
۰	۱۳	۰	۰	۲	۱۵	فیلیپین
۰ (۰)	۳۶ (۹۰)	۰ (۰)	۲ (۵)	۲ (۵)	۴۰ (۱۰۰)	مجموع

1. Polz D, Stec A, Polz-Dacewicz M. BK-virus (BKV)—structure, epidemiology and pathogenesis. *Journal of Pre-Clinical and Clinical Research* 2013;7(2).
2. Chung BH, Hong YA, Kim HG, Sun IO, Choi SR, Park HS, et al. Clinical usefulness of BK virus plasma quantitative PCR to prevent BK virus associated nephropathy. *Transpl Int* 2012;25(6):687-95.
3. Mazalrey S, Mc Ilroy D, Bressollette-Bodin C. BK polyomavirus: virus-cell interactions, host immune response, and viral pathogenesis. *Virologie (Montrouge)* 2015;19(5):207-224.
4. Knipe DM, Howley PM. *Fields virology*. In: *Fields virology 2013* (pp. 2-v).
5. Dekeyser M, François H, Beaudreuil S, Durrbach A. Polyomavirus-Specific Cellular Immunity: From BK-Virus-Specific Cellular Immunity to BK-Virus-Associated Nephropathy? *Front Immunol* 2015;6:307.
6. Helle F, Brochot E, Handala L, Martin E, Castelain S, Francois C, et al. Biology of the BKPyV: An Update. *Viruses* 2017;9(11):327.
7. Ambalathingal GR, Francis RS, Smyth MJ, Smith C, Khanna R. BK Polyomavirus: Clinical Aspects, Immune Regulation, and Emerging Therapies. *Clin Microbiol Rev* 2017;30(2):503-528.
8. Sharma PM, Gupta G, Vats A, Shapiro R, Randhawa P. Phylogenetic analysis of polyomavirus BK sequences. *J Virol* 2006;80(18):8869-79.
9. Memon IA, Parikh BA, Gaudreault-Keener M, Skelton R, Storch GA, et al. Progression from Sustained BK Viremia to Sustained BK Viremia with Immunosuppression Reduction Is Not Associated with Changes in the Noncoding Control Region of the BK Virus Genome. *J Transplant* 2012;2012:761283.
10. Jordan JA, Manley K, Dugan AS, O'Hara BA, Atwood WJ. Transcriptional regulation of BK virus by nuclear factor of activated T cells. *J Virol* 2010;84(4):1722-30.
11. Karalic D, Lazarevic I, Banko A, Cupic M, Jevtovic D, Jovanovic T. Molecular characterization of BK virus in patients infected with human immunodeficiency virus. *Med Microbiol Immunol* 2016;205(2):185-93.
12. Gupta N, Lawrence RM, Nguyen C, Modica RF. Review article: BK virus in systemic lupus erythematosus. *Pediatr Rheumatol Online J* 2015;13:34.
13. Jozpanahi M, Ramezani A, Ossareh S, Banifazl M, Bavand A, Mamishi S, et al. BK Viremia among Iranian Renal Transplant Candidates. *Iran J Pathol* 2016;11(3):210-215.
14. Elsner C, Dörries K. Evidence of human polyomavirus BK and JC infection in normal brain tissue. *Virology* 1992;191(1):72-80.
15. Solis M, Meddeb M, Sueur C, Domingo-Calap P, Soulier E, Chabaud A, et al. Sequence Variation in Amplification Target Genes and Standards Influences Interlaboratory Comparison of BK Virus DNA Load Measurement. *J Clin Microbiol* 2015;53(12):3842-52.
16. Chen Y, Sharp PM, Fowkes M, Kocher O, Joseph JT, Koralnik IJ. Analysis of 15 novel full-length BK virus sequences from three individuals: evidence of a high intra-strain genetic diversity. *J Gen Virol* 2004;85(Pt 9):2651-2663.
17. Lopes da Silva R. Polyoma BK virus: an emerging opportunistic infectious agent of the human central nervous system. *Braz J Infect Dis* 2011;15(3):276-84.
18. Replogle MD, Storch GA, Clifford DB. Bk virus: a clinical review. *Clin Infect Dis* 2001;33(2):191-202.
19. Slavov S, Kalvatchev Z, Simeonov P, Mladenov D, Tsvetkov M, Hristova L, et al. Human polyomavirus BK (BKV) reactivation among Bulgarian renal-allograft patients. *Laboratory Medicine* 2008;39(8):470-5.
20. Tajedin N, Shanehsazzadeh M, Ghandehari F. Monitoring subtypes of the human polyomavirus BK in Iranian adult kidney transplant patients. *International Journal of Molecular and Clinical Microbiology* 2013; 3(2); 315-9.
21. Tognon M, Corallini A, Martini F, Negrini M, Barbanti-Brodano G. Oncogenic transformation by BK virus and association with human tumors. *Oncogene* 2003;22(33):5192-200.
۲۲. کریمی ده چشمه لیلیا. بررسی میزان شیوع پولیوماویروس های انسانی BK و JC در جمعیت نرمال در شهر اهواز، دانشکده پزشکی، گروه ویروس شناسی. ۱۳۹۵
23. Hoffman NG, Cook L, Atienza EE, Limaye AP, Jerome KR. Marked variability of BK virus load measurement using quantitative real-time PCR among commonly used assays. *J Clin Microbiol* 2008;46(8):2671-80.
24. Konietzny R, Fischer R, Ternette N, Wright CA, Turney BW, Chakera A, et al. Detection of BK virus in urine from renal transplant subjects by mass spectrometry. *Clin Proteomics* 2012;9(1):4.
25. Saundh BK, Baker R, Harris M, Welberry Smith MP, Cherukuri A, Hale A. Early BK polyomavirus (BKV) reactivation in donor kidney is a risk factor for development of BKV-associated nephropathy. *J Infect Dis* 2013;207(1):137-41.
۲۶. زارعی ندا. بررسی میزان بیان ژن ایتترفرون گاما در بیماران گیرنده پیوند ک لیه مبت لابه عفونت ویروس BK، وزارت علوم تحقیقات و فناوری - دانشگاه زابل - دانشکده علوم پایه. ۱۳۹۳
27. Chon WJ, Aggarwal N, Kocherginsky M, Kane B, Sutor J, Josephson MA. High-level viremia as a screening tool for BK virus nephropathy in renal transplant recipients. *Kidney Res Clin Pract* 2016;35(3):176-81.
28. Bernhoff E, Gutteberg TJ, Sandvik K, Hirsch HH, Rinaldo CH. Cidofovir inhibits polyomavirus BK replication in human renal tubular cells downstream of viral early gene expression. *Am J Transplant* 2008;8(7):1413-22.
29. Sharma BN, Li R, Bernhoff E, Gutteberg TJ, Rinaldo CH. Fluoroquinolones inhibit human polyomavirus BK (BKV) replication in primary human kidney cells. *Antiviral Res* 2011;92(1):115-23.
30. Randhawa P, Pastrana DV, Zeng G, Huang Y, Shapiro R, Sood P, et al. Commercially available immunoglobulins contain virus neutralizing antibodies against all major genotypes of polyomavirus BK. *Am J Transplant* 2015;15(4):1014-20.
31. Zhong S, Yogo Y, Ogawa Y, Oshiro Y, Fujimoto K, Kunitake T, et al. Even distribution of BK polyomavirus subtypes and subgroups in the Japanese Archipelago. *Arch Virol* 2007;152(9):1613-21.
32. Cobos M, Aquilia L, Garay E, Ochiuzzi S, Alvarez S, Flores D, et al. Epidemiologic Study and Genotyping of BK Virus in Renal Transplant Recipients. *Transplant Proc* 2018;50(2):458-460.
33. Sawinski D, Goral S. BK virus infection: an update on diagnosis and treatment. *Nephrol Dial Transplant* 2015;30(2):209-17.

34. Rani A, Ranjan R, McGee HS, Metwally A, Hajjiri Z, Brennan DC, et al. A diverse virome in kidney transplant patients contains multiple viral subtypes with distinct polymorphisms. *Sci Rep* 2016;6:33327.
35. Lopes da Silva R. Polyoma BK virus: an emerging opportunistic infectious agent of the human central nervous system. *Braz J Infect Dis* 2011;15(3):276-84.
36. Wunderink HF, De Brouwer CS, Gard L, De Fijter JW, Kroes AC, Rotmans JI, et al. Source and relevance of the BK polyomavirus genotype for infection after kidney transplantation. *InOpen forum infectious diseases* 2019; 6(3): ofz078.
37. Zheng HY, Nishimoto Y, Chen Q, Hasegawa M, Zhong S, Ikegaya H, et al. Relationships between BK virus lineages and human populations. *Microbes Infect* 2007;9(2):204-13.
38. Chen Q, Zheng HY, Zhong S, Ikegaya H, He HX, Wei W, et al. Subtype IV of the BK polyomavirus is prevalent in East Asia. *Arch Virol* 2006;151(12):2419-29.
39. Kaydani GA, Makvandi M, Samarbafzadeh A, Shahbazian H, Hamidi Fard M. Prevalence and Distribution of BK virus Subtypes in Renal Transplant Recipients Referred to Golestan Hospital in Ahvaz, Iran. *Jundishapur J Microbiol* 2015;8(3):e16738.
40. Luo C, Bueno M, Kant J, Martinson J, Randhawa P. Genotyping schemes for polyomavirus BK, using gene-specific phylogenetic trees and single nucleotide polymorphism analysis. *J Virol* 2009;83(5):2285-97.