

Determination of frequency of Extended Spectrum Beta Lactamase (ESBL) of *Klebsiella* isolated from raw and school milk samples using phenotypic and genotypic Methods

Mohammad Mehdi Soltan Dallal¹, Mohammad Kazem Sharifi Yazdi², Zahra Rajabi³, Gholamreza Hassanpour⁴, Saeid Vahedi⁵, Seyedeh Masoomeh Abrichamchian langaroodi⁶, Shabnam Haghight Khajavi⁷, Sara Sharifi Yazdi⁸, Mahdieh pourmoradian⁹, Hedroosha Molla Agha Mirzaei¹⁰

*1*Professor, Food Microbiology Research Center/Division of Food Microbiology, Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran. *2*Professor of Zoonosis Research Centre/Department of Medical Laboratory Sciences, Faculty of Allied Medical Sciences, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran. *3* Ph.D, Food Microbiology Research Center, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran. *4*Associated Professor of Parasitology, Center for Research of Endemic Parasites of Iran, Tehran University of Medical Sciences Tehran, Iran. *5*Academic Instructor, Operating Room Department, School of Allied Medicine, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran. *6*MSc Pathobiology Laboratory Center, No17, Gharani Alley, Valiasr Ave, Tehran, Iran. *7*Assistant Professor, Department of Food Science and Technology, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran. *8*Student of School of Medicine, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran. *9*BSc, Division of Food Microbiology, Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran. *10*MSc, Food Microbiology Research Center, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

(Received: 2021/05/26

Accepted: 2021/12/05)

Abstract

Background and Aim: Resistance to a wide range of beta-lactam family antibiotics is due to the emergence of new beta-lactamases among bacterial strains. The aim of the present study was to determine the prevalence of ESBLs in *Klebsiella* species isolated from raw and pasteurized school milk using phenotypic and genotypic methods.

Materials and Methods: In a descriptive cross-sectional study, 200 samples of raw and pasteurized school milk were analyzed for the presence of *Klebsiella* spp. Samples were grown on Hektoen enteric agar medium. Suspected colonies of *Klebsiella* spp. were confirmed running differential tests. For the initial screening of ESBL producing organisms, the Disk Diffusion Agar method (DDA) was used. Final confirmation was done using PCR.

Results: Out of 200 samples tested, 44 isolates were identified as *Klebsiella*, 32 isolates (72.7%) from raw and 12 (27.3%) from pasteurized school milk. In general, 14 (31.8%) isolates that were resistant to at least ceftazidime or cefotaxime antibiotics were selected for confirmatory testing. In Multiplex PCR assay, 6 (3%) isolates were screened for the confirmatory test (5 raw and 1 pasteurized school milk). Out of 6 isolates, 4 (2%) and 1 (0.5%) isolates contained TEM and DHA genes, and 2 (1%) and 1 (0.5%) isolates contained SHV and CITM genes, respectively.

Conclusion: It is difficult to identify the enzymes producing strains through the phenotypic tests; therefore, the inclusion of molecular probes using universal primers along with phenotypic tests can be used for the detection of these types of resistance, which play a major role in infection control.

Keywords: Antibiotic Resistance Pattern; Wide Range of ESBLs; *Klebsiella*; Milk

*Corresponding author: Mohammad Mehdi Soltan Dallal

Email: msoltandallal@gmail.com

تعیین میزان فراوانی بتالاکتامازهای طیف گسترده (ESBLs) در جدایه‌های کلبسیلا از نمونه‌های شیر خام و شیر مدرسه به روش‌های فنوتیپی و ژنوتیپی

محمد مهدی سلطان دلال^{۱*}، محمد کاظم شریفی یزدی^۲، زهرا رجبی^۳، غلامرضا حسن پور^۴، سعید واحدی^۵، سیده معصومه ابریشم‌چیان لنگرودی^۶، شبنم حقیقت خواجوی^۷، سارا شریفی یزدی^۸، مهدیه پور مرادیان^۹، هدروشا ملا آقا میرزایی^{۱۰}

۱ استاد مرکز تحقیقات میکروبیولوژی مواد غذایی، بخش میکروب‌شناسی غذایی، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران
 ۲ استاد مرکز تحقیقات بیماری‌های مشترک دام و انسان، گروه علوم آزمایشگاهی، دانشکده پیراپزشکی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران
 ۳ دکتر، مرکز تحقیقات میکروبیولوژی مواد غذایی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران
 ۴ دانشیار مرکز تحقیقات انگل‌های بومی ایران، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران
 ۵ مربی گروه هوشبری، دانشکده پیراپزشکی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران
 ۶ کارشناس ارشد آزمایشگاه پاتوبیولوژی مرکزی، خیابان ولیعصر، کوچه قرنی، پلاک ۷۱، تهران، ایران
 ۷ استادیار گروه علوم و صنایع غذایی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران
 ۸ دانشجوی دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران
 ۹ کارشناس بخش میکروب‌شناسی غذایی، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران
 ۱۰ کارشناس ارشد، مرکز تحقیقات میکروبیولوژی مواد غذایی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۹/۱۴

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۲/۰۵

چکیده:

سابقه و هدف: مقاومت در برابر طیف وسیعی از آنتی‌بیوتیک‌های خانواده بتالاکتام، ناشی از ظهور بتالاکتامازهای جدیدی در میان سویه‌های باکتریایی است. هدف از این مطالعه تعیین میزان فراوانی بتالاکتامازهای طیف گسترده (ESBLs) در جدایه‌های کلبسیلا از نمونه‌های شیر خام و شیر مدرسه به روش‌های فنوتیپی و ژنوتیپی بوده است.

مواد و روش‌ها: در یک مطالعه توصیفی مقطعی، ۲۰۰ نمونه شیر خام و شیر مدرسه از نظر وجود کلبسیلا روی محیط هکتون آگار بررسی شدند. کلنی‌های مشکوک به کلبسیلا پس از تایید با آزمون‌های افتراقی، برای غربالگری اولیه ارگانسیم‌های تولیدکننده ESBL، از آزمون روش انتشار در آگار استفاده شد. تایید نهایی با PCR انجام شد.

یافته‌ها: در این مطالعه از ۰۰۲ نمونه، مجموع ۴۴ کلبسیلا، ۲۳ جدایه (۲۷/۷ درصد) از شیر خام و ۲۱ جدایه (۷۲/۳ درصد) از شیرهای مدرسه جدا شد. بر این اساس ۴۱ (۱۳/۸ درصد) جدایه که حداقل به یکی از آنتی‌بیوتیک‌های سفنازیدیم و سفوتاکسیم مقاوم بودند، برای تست تأییدی انتخاب شدند. در آزمایش RCP xelpitluM، از میان شش (۳ درصد) جدایه غربال شده در تست تأییدی (پنج شیر خام و یک شیر مدرسه)، چهار (۲ درصد) و یک (۰/۵ درصد) جدایه به ترتیب حاوی ژن‌های MET، AHD و دو (۱ درصد) و یک (۰/۵ درصد) جدایه به ترتیب حاوی ژن‌های VHS و ژن MTIC بودند.

نتیجه گیری: شناسایی سویه‌های مولد این آنزیم‌ها از طریق تست‌های فنوتیپی به سختی امکان‌پذیر است، بنابراین لحاظ کردن بررسی‌های مولکولی با استفاده از پرایمرهای فراگیر (lasrevinU) در کنار آزمون فنوتیپی می‌تواند در تشخیص کامل این نوع مقاومت‌ها مؤثر بوده و سهم عمده‌ای را در کنترل عفونت ایفا کنند.

واژگان کلیدی: الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی، طیف گسترده ESBLs، کلبسیلا، شیر

مقدمه:

به آن اضافه نشده باشد. همچنین باید فاقد آغوز بوده و بلافاصله پس از دوشش، در شرایط مناسبی تا دمای چهار درجه سانتی‌گراد سرد شده و تا زمان تحویل به کارخانه در همین دما باقی بماند (۱).
 شیر ماده حیاتی است که در شرایط محیطی مناسب، به دلیل دارا بودن PH

طبق استاندارد ملی ایران، شیر خام همان مایع مترشحه و دست نخورده حاصل از دوشش کامل پستان گاو سالم است که با اصول صحیح تغذیه و نگهداری شده باشد. در شرایط بهداشتی دوشیده شده و تحت هیچ شرایطی، آب یا ماده دیگری

نویسنده مسئول: محمد مهدی سلطان دلال

پست الکترونیک: msoltandallal@gmail.com

مناسب و ترکیب‌های نظیر پروتئین، لاکتوز و املاح محل مناسبی برای رشد و نمو اکثر عوامل بیماری‌زاست. چنانچه در روند تولید، جمع‌آوری، نگهداری و حمل یا فرآوری آن دقت لازم نشود، به سرعت فاسد شده و در این صورت نه تنها تامین‌کننده ارزش غذایی نبوده؛ بلکه در صورت مصرف، سبب مسمومیت غذایی می‌شود(۲).

پدیده ESBLs برای نخستین بار در سال ۱۹۸۳ از اروپا گزارش شد، اما طولی نکشید که بتالاکتامازهای طیف گسترده در ایالات متحده آمریکا و آسیا نیز شناسایی شدند. امروزه کاربرد روزافزون داروهای ضد میکروبی از جمله آنتی‌بیوتیک‌های سفالوسپورینی منجر به ظهور دسته دیگری از ژن‌های بتالاکتامازی شده که در مقایسه با بتالاکتامازهای اولیه (TEM-1، TEM-2، SHV-1) طیف فعالیت بیشتری دارند که می‌توان آن‌ها را تحت عنوان کلی ESBLs (Extended Spectrum Beta-Lactamases) نامید(۳).

تحقیق‌های زیادی در خصوص باکتری‌های تولیدکننده بتالاکتامازهای طیف گسترده از نمونه‌های بالینی انجام شده است، به طور مثال: در مطالعه نهائی و همکاران در سال ۱۳۸۷ در دو شهر تهران و تبریز نیز مؤید این مطلب بوده که شیوع ارگانیزم‌های مولد ESBLs در کشور ما در حال افزایش است(۴). در مطالعه انجام شده توسط شاه چراغی و همکاران در سال ۱۳۸۶ از میان ۲۰۰ جدایه بالینی اشریشیاکلی، ۱۰۵ نمونه در تست تاییدی فنوتیپی به عنوان ESBLs گزارش شد که از این بین، ۱۲ جدایه حاوی bla-SHV بود(۵). در مطالعه دیگری که توسط سلطان دلال و همکاران به بررسی حضور ژن CTX-M-1 با استفاده از روش PCR بر روی جدایه‌هایی که در تست‌های تشخیصی Disk diffusion agar و Combined disk به دست آمده بود. از ۱۲۸ سویه بتالاکتامازهای طیف گسترده مثبت، ۹۹ جدایه (۷۷/۳۴ درصد) حاوی ژن مورد نظر بوده است(۶). سلطان دلال و همکاران در ۲۰۱۸ در مطالعه روی ۴۰۰ اسهال ناشی از طغیان غذایی، ۵۰ جدایه اشریشیاکلی نشان دادند که میزان ژنهای TEM و CTX-M1 به ترتیب ۱۸ درصد و ۳۸ درصد بود، در حالی که ژن SHV جدا نشد(۷). درمان بیماران مبتلا به عفونت‌های ناشی از ارگانیزم‌های تولیدکننده ESBLs اغلب به دلیل مقاومت متقاطع وسیعی که با سایر داروهای ضد میکروبی (از جمله آمینوگلیکوزیدها، کوتریموکسازول و فلوروکینولون‌ها) دارند، همواره با مشکلات فراوانی همراه بوده است. با توجه به مقاومت بالای سویه‌ها به آنتی‌بیوتیک‌های بتالاکتام، ضرورت شناسایی کامل آنزیم‌های بتالاکتامازی طیف گسترده (ESBLs) توسط آزمایشگاه، شناخت مکانیزم‌های مقاومتی آنزیم‌های ESBL توسط پزشکان و استفاده از آنتی‌بیوتیک‌های دارای قدرت ممانعت‌کننده بتالاکتام در کاهش ظهور مقاومت بسیار مؤثرند(۸،۹).

انتقال مقاومت آنتی‌بیوتیکی از طریق مواد غذایی بویژه شیر و فرآورده‌های لبنی می‌تواند سبب افزایش مقاومت در انسان شود. شیر هنگامی که از پستان دام سالم دوشیده شود، عاری از باکتری یا دارای تعداد بسیار کمی باکتری است. مقدار بار میکروبی کل یا شمارش کلی میکروبی در شیر ضمن اینکه به عنوان یک روش متداول و شاخص‌ترین معیار در روند ارزیابی کیفیت شیرخام است، به عنوان یکی از ملاک‌های مهم پیش‌بینی سلامت گاو و بهداشت وضعیت شیردوشی و نشانگر چگونگی حمل و نقل و نگهداری شیرخام نیز است(۱۰،۱۱). اهمیت موضوع به قدری است که همواره باید در پی تولید داروهای جدید با قدرت اثر بالاتر باشند، چراکه دیگر امروزه حتی سفالوسپورین‌های نسل سوم و چهارم نیز کارآمد نیست. همچنین امروزه با افزودن آنتی‌بیوتیک‌های فراوان و متعدد به شیرهای مدرسه بیم این می‌رود که مقاومت آنتی‌بیوتیکی در بدن کودکان وسعت پیدا کرده و روز به روز افزایش یابد(۱۲). بر این اساس برای کاهش هزینه‌های درمانی، شناسایی عوامل مهم و شایع بیماری‌زاهای بیمارستانی و تعیین الگوی دقیق مقاومت آنتی‌بیوتیکی برای کنترل شیوع این گونه عوامل مهم به نظر می‌رسد با توجه به اینکه اعضای خانواده انتروباکتریاسه عامل عمده عفونت‌های بیمارستانی و جامعه هستند و برخی از آن‌ها به عنوان اعضای فلور طبیعی سبب ایجاد عفونت‌های فرصت طلب می‌شوند(۱۳). بنابراین اتخاذ یک استراتژی نوین در درمان و تشخیص این سویه‌ها به نظر ضروری می‌رسد. درمان

آنتی‌بیوتیکی این عفونت‌ها که در سال‌های گذشته با آنتی‌بیوتیک‌های خانواده پنی‌سیلین به آسانی مسیر بوده، متأسفانه امروزه با کسب انواع مقاومت‌ها از جمله بروز مقاومت‌های بتالاکتامازی مشکل و پر هزینه شده است(۱۴). با توجه به مطالعه‌های فراوان آنزیم‌های بتالاکتامازی طیف گسترده روی باکتری اشریشیا کلی و نبود اطلاعات چندان روی باکتری کلبسیلا، هدف از این تحقیق تعیین میزان فراوانی بتالاکتامازهای طیف گسترده (ESBLs) در جدایه‌های کلبسیلا از نمونه‌های شیرخام و شیر مدرسه به روش‌های فنوتیپی و ژنوتیپی بوده است.

مواد و روش‌ها:

بررسی حاضر یک مطالعه توصیفی مقطعی است که در سال ۱۳۹۸ انجام شد. در مجموع ۲۰۰ نمونه شیر شامل ۱۰۰ نمونه شیر خام و ۱۰۰ نمونه شیر مدرسه از سطح شهر تهران جمع‌آوری شد. برای انتقال نمونه‌های شیرخام از سطح شهر تهران به آزمایشگاه میکروبی‌شناسی دانشکده بهداشت دانشگاه علوم پزشکی تهران، از محفظه سرد استفاده شد.

با توجه به شیوع ۵۰ تا ۷۰ درصد کلبسیلا در شیر خام و با دقت ۷ درصد و اطمینان آماری ۹۵ درصد تعداد ۲۰۰ نمونه انتخاب شد.

نمونه‌های شیر طبق پروتکل FDA (۱۵)، ۲۵ میلی‌لیتر از هر نمونه شیر به ۲۲۵ میلی‌لیتر به برین هارت اینفیوژن (BHI Brain-Heart Infusion broth) اضافه و خوب مخلوط شد. بعد از سه ساعت نگهداری در دمای محیط، یک میلی‌لیتر از محلول پیش‌غنی شده BHI، به ۲۲۵ میلی‌لیتر آبگوشت تریپتون سویا (Tryptone Soy Broth) اضافه و در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴ ساعت نگهداری کرده، سپس یک لوپ روی محیط کشت انتخابی هکتون انتریک آگار (Merck) آگار تلقیح داده شد.

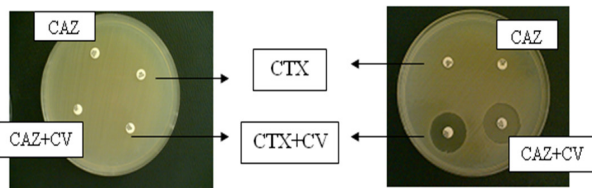
در نهایت کلی‌های مشکوک به کلبسیلا با استفاده از آزمون‌های تشخیصی مختلف شامل رنگ‌آمیزی گرم، حرکت، سیمون سبترات، TSI، اندول، متیل رد (MR)، ووژ پروکسوتر (VP)، اوره، لیزین دکربوکسیلاز (LD) و SIM برای تشخیص کلبسیلا شناسایی شد. پس از تایید اولیه، از کیت (Biomerieux API-20E برای تایید نهایی و تعیین گونه کلبسیلا استفاده شد. سپس کلی‌های مربوط به جدایه‌های مثبت کلبسیلا در ۷۰°C در محیط (Merck Skim milk) نگهداری شد. پس از تایید وجود کلبسیلا به پیشنهاد سازمان (CLSI Clinical and Laboratory Standards Institute)، برای غربالگری اولیه ارگانیزم‌های تولیدکننده (ESBL Extended Spectrum Beta-Lactamases)، از آزمون روش انتشار در آگار (Disk Diffusion Agar) (DDA) استفاده شد.

در این روش ابتدا پس از تهیه مولر هیتون آگار (MERCK) (pH=۷/۴-۷/۲)، سوسپانسیون میکروبی مطابق با غلظت استاندارد ۰/۵ مک فارلند تهیه و توسط یک سوآپ استریل به طور کامل روی محیط مذکور پخش شد. سپس دیسک‌های آنتی‌بیوتیکی تهیه شده از شرکت Mast,UK، شامل: جنتامایسین (۱۰ میکروگرم)، کوتریموکسازول (۱/۲۵ میکروگرم)، نالیدیکسیک اسید (۳۰ میکروگرم)، سیپروفلوکساسین (۵ میکروگرم)، سفوتاکسیم (۳۰ میکروگرم)، ایمی پنم (۱۰ میکروگرم)، سفنازیدیم (۳۰ میکروگرم)، آموکسی سیلین (۳۰ میکروگرم)، کلرامفنیکل (۳۰ میکروگرم) و استرپتومایسین (۱۰ میکروگرم) را به فاصله حداقل ۲/۵ سانتی‌متر از یکدیگر، روی محیط مذکور قرار داده و پس از ۲۴ ساعت انکوباسیون در دمای ۳۷°C، با استفاده از خط کش، هاله عدم رشد اطراف هر دیسک اندازه‌گیری و با استانداردهای جهانی CLSI مقایسه شد. طبق دستورالعمل (CLSI)، نمونه‌های مورد نظر به صورت مقاوم (R)، نیمه حساس (I) و حساس (S) گزارش شدند. هر گونه کاهش حساسیت در این سویه‌ها می‌تواند گواهی بر وجود این نوع مقاومت باشد(۱۶).

باکتری‌های مقاوم به خانواده سفالوسپورین‌ها برای بررسی بتالاکتامازهای طیف گسترده با روش Combined disk، با استفاده از دیسک‌های سفنازیدیم (۳۰ میکروگرم)، سفنازیدیم + کلاوونیک اسید (۳۰-۱۰ میکروگرم) و سفوتاکسیم (۳۰ میکروگرم)، سفوتاکسیم + کلاوونیک اسید (۳۰-۱۰ میکروگرم) تهیه شده از شرکت Mast مطالعه شد(جدول ۲). تولید ESBL از طریق افزایش قطر

جدول ۱. مقاومت آنتی‌بیوتیکی جدایه‌های کلبسیلا بررسی شده در این مطالعه

نام آنتی‌بیوتیک	Resistant (درصد تعداد)	Inter mediate (درصد تعداد)	Sensitive (درصد تعداد)
ایمی پنم	۱ (۲/۳)	-	۴۳ (۹۷/۷)
سیپروفلوکساسین	۲۳ (۵۲/۳)	۴ (۹/۱)	۱۷ (۳۸/۶)
جنتامایسین	۱۷ (۳۸/۶)	۲ (۴/۵)	۲۵ (۵۶/۹)
کلرا مفنیکل	۱۳ (۲۹/۵)	۸ (۱۸/۲)	۲۳ (۵۲/۳)
استریتوماکسیم	۳۴ (۷۷/۳)	۷ (۱۵/۹)	۳ (۶/۸)
سفتواکسیم	۳۰ (۶۸/۲)	۲ (۴/۵)	۱۲ (۲۷/۳)
سفتازیدیم	۲۳ (۵۲/۳)	۲ (۴/۵)	۱۹ (۴۳/۲)
کوتریموکسازول	۴۰ (۹۰/۹)	۱ (۲/۳)	۳ (۶/۸)
نالیدیکسیک اسید	۳۳ (۷۵)	۳ (۶/۸)	۸ (۱۸/۲)
آموکسی سیلین	۴۱ (۹۳/۲)	۱ (۲/۳)	۲ (۴/۵)



شکل ۱. تشخیص فنوتیپی مولدین ESBLs و AmpC. شکل سمت راست: تست فنوتیپی ESBLs مثبت، شکل سمت چپ: تست فنوتیپی AmpC مثبت، CTX: سفوتاکسیم، CAZ: سفتازیدیم و CV: کلاوونیک اسید.



شکل ۲. نتایج الکتروفورز ژل آگارز برای Multiplex PCR. ژن TEM و DHA: M: مارکر ۱۰۰ bp. ۱: کنترل مثبت (کلبسیلا پنومونیه ۱۸۱) برای TEM، ۲: جدایه شیر مثبت برای TEM، ۳: جدایه شیر مثبت برای DHA، ۴: جدایه شیر مثبت برای TEM و DHA، ۵: کنترل منفی

حاله به اندازه پنج میلی‌متر یا بیشتر در اطراف دیسک سفتازیدیم-کلاوولانیک اسید و یا سفوتاکسیم-کلاوولانیک مشخص شد. از طرفی به پیشنهاد CLSI، جدایه‌هایی که در تست فنوتیپی تأییدی اثر بتالاکتامازها در آن‌ها به وسیله مهارکننده بتالاکتامازی مهار نمی‌شود، بالقوه به عنوان مولد AmpC بتالاکتاماز محسوب می‌شوند.

واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر در ۳۵ سیکل، تحت برنامه زمانی ترموسایکلر شامل: مرحله اولیه باز شدن دو رشته DNA به مدت سه دقیقه در دمای ۹۴°C، مرحله باز شدن دو رشته به مدت یک دقیقه در دمای ۹۴°C، مرحله اتصال پرایمرها به مدت یک دقیقه در دمای ۶۳°C، مرحله طولیل شدن رشته هدف به مدت یک دقیقه در دمای ۷۳°C و مرحله طولیل شدن نهایی به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۷۳°C انجام شد.

شناسایی ژن‌های بتالاکتامازی سویه‌های غربال شده طبق دستورالعمل شرکت سازنده کیت (Bioneer) استخراج شد. برای پروسه PCR ژن‌های بتالاکتامازی CTX، SHV (764bp)، AmpC (CITM) (575bp) و TEM (618bp) انتخاب شدند. برای طراحی پرایمرها، از توالی هر یک از ژن‌های مورد نظر که در بانک ژنی ثبت شده بود، استفاده شد (۱۷-۱۹). توالی‌های هر گروه با استفاده از برنامه MEGA 4 multiple-alignment، هم تراز شده تا نواحی مشترک در زیر خانواده‌های هر گروه ژنی مشخص شود. نواحی مشترک توالی‌های هم تراز شده برای طراحی پرایمر با استفاده از برنامه GeneRunner بررسی شد و برای اطمینان از عملکرد اختصاصی این پرایمرها از برنامه BLAST در NCBI استفاده شد. از طرف دیگر برای ژن‌های DHA، SHV و TEM، CITM از پرایمرهای مربوطه به روش PCR Multiplex استفاده شد (جدول ۱).

پرایمرهای استفاده شده به شرح زیر است.

یافته‌ها:

از ۲۰۰ نمونه شامل شیر خام و مدرسه، پس از مشاهده مورفولوژی و انجام آزمون‌های بیوشیمیایی استاندارد، ۴۴ جدایه (۲۲ درصد) کلبسیلا به دست آمد. با استفاده از کیت E-API-۲۰، ۳۸ کلبسیلا پنومونیه، ۵ کلبسیلا اکسی توکا و یک کلبسیلا رینوس کلروماتیس شناسایی شد.

یافته‌های به دست آمده نشان داد که بیشترین مقاومت نسبت به آموکسی سیلین و کوتریموکسازول به ترتیب با ۹۳/۲ درصد و ۹۰/۹ درصد به دست آمد (جدول ۱). بر این اساس ۱۴ (۳۱/۸ درصد) جدایه کلبسیلا که دارای مقاومت حداقل به یکی از آنتی‌بیوتیک‌های سفتازیدیم و سفوتاکسیم بودند، برای آزمون تأییدی آنزیم‌های ESBLs از طریق آزمون Combined disk ارزیابی شدند که از این میان شش (۱۳/۶ درصد) جدایه به عنوان مولد ESBLs بتالاکتامازی شناسایی شدند (شکل ۱).

در آزمایش واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، از میان شش (۳ درصد) جدایه غربال شده در تست تأییدی Multiplex PCR (پنج عدد شیر خام و یک عدد شیر مدرسه)، چهار (۲ درصد) و یک (۵ درصد) جدایه به ترتیب حاوی ژن‌های TEM و DHA بود. تمامی جدایه‌های دارای ژن TEM از شیر خام بودند (شکل ۲).

مشخصات پرایمر ژن‌های استفاده شده

Target(s)	Primer	Sequence (5' to 3' as synthesized)	Expected Amplicon size (bp)	Reference
TEM	TEMF	AGATCAGTTGGGTGCACGAG	618	15
	TEMR	CAGTGCTG:CAATGATACCG		
SHV	SHVF	GCCTGTGTATTATCTCCCTGTTAGC	764	16
	SHVR	CAGATAAATCACCACAATGCGC		
DHA	DHAF	ATCGGCCTGTTTGGTGC	531	17
	DHA R (Group1)	AGGAAGCACGGTTATACGC		
CITM	CITMF	CAGCCTCTTTCTCCACATTTGC	575	16
	CITMR	CAGTTTAAAGTTGCAGGACG		
CTX-M-1	CTX F	CGTGGCGATGAATAAAGCTG	251	17
	CTXR (Group 1)	GGTGGTATTGCCTTTCATCC		

حضور این آنزیم‌ها اغلب در تست‌های فنوتیپی تأیید نشده و همین امر مشکلاتی را در رابطه با تفسیر این نوع مقاومت ایجاد کرده است. یکی از عواملی که منجر به نتایج منفی کاذب ESBLs می‌شود، ظهور AmpC بتالاکتامازها در میان پاتوژن‌ها و تولید این دو کلاس بتالاکتامازی به طور همزمان است. (۲۳،۲۴).

در مطالعه‌هایی که در بین سال‌های ۲۰۰۵-۲۰۰۸ در ۸ بیمارستان کره توسط Ko و دیگر همکارانش انجام گرفت، یک روند افزایش از شیوع سویه‌های انتروباکتریاسه مولد ESBLs را نشان می‌داد (۲۵).

Sudarwanto و همکاران در اندونزی در مطالعه‌ای روی ۸۰ نمونه شیر خام نشان دادند که هفت نمونه ESBL مثبت بودند، که همگی به کلسیلا پنومونیه تعلق داشتند. آنالیزهای بعدی نشان داد که همه هفت جدایه کلسیلا دارای ژن SHV bla و به علاوه دو جدایه همزمان دارای ۱-blaTEM and ۱۵-blaCTX-M بودند (۲۶).

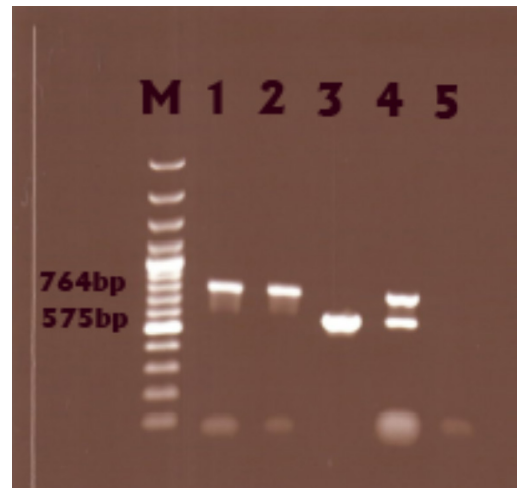
نتایج ما در مقایسه با Sudarwanto از جهاتی تفاوت دارد. اول از این نظر که ما ژن CTX را در نمونه‌های شیر بررسی و شناسایی کردیم، اگرچه در نمونه‌های اندونزی هم فقط یک مورد مشاهده شد. دوم اینکه فراوان‌ترین ژن در نمونه‌های ما TEM بود و در حالی که در نمونه‌های شیر در اندونزی SHV بود. این یافته‌ها نشان می‌دهد که پراکندگی ژن‌های مقاومت CTX، SHV، TEM، در کشورهای مختلف یکسان نبوده و نمی‌توان به عنوان یک الگوی مقاومت ثابت در همه نقاط در نظر گرفت.

سلطان دلال و همکاران از ۵۰۰ نمونه بالینی، ۲۰۰ جدایه بررسی شده (۶۴ درصد)، ۱۲۸ سویه از طریق تست‌های فنوتیپی برای PCR ژن‌های TEM و AmpC انتخاب شد، ۷۴ (۵۷/۸ درصد) و ۵ (۳/۹ درصد) جدایه به ترتیب حاوی ژن‌های TEM و DHA بودند (۱۷).

در مطالعه انجام شده توسط شاه چراغی و همکاران (۱۳۸۶) از میان ۲۰۰ جدایه بالینی اشریشیاکلی، ۱۰۵ نمونه در تست تأییدی فنوتیپی به عنوان ESBLs گزارش شد که از این بین، ۱۲ جدایه حاوی SHV bla- بود (۵). در مطالعه سلطان دلال و همکاران از طریق PCR ژن‌های SHV و AmpC بررسی شد و (۵/۵ درصد) و ۷ (۱۰/۲ درصد) ۱۳ جدایه با اطمینان ۹۵ درصد به ترتیب حاوی ژن‌های SHV و CITM بود (۱۸). در مطالعه دیگری که توسط سلطان دلال و همکاران به بررسی حضور ژن ۱-CTX-M با استفاده از روش PCR روی جدایه‌هایی که در تست‌های تشخیصی Disk diffusion agar و Combined disk به دست آمده بود، برای شناسایی ژن ۱-CTX-M انجام شد. به دست آمده از ۱۲۸ سویه بتالاکتامازهای طیف گسترده مثبت، ۹۹ جدایه (۷۷/۳۴ درصد) حاوی ژن مورد نظر بوده است (۱۹).

به طور کلی شیوع ارگانسیم‌های مولد ESBLs از نمونه‌های شیر در ایران بررسی نشده و پژوهش‌ها فقط بیشتر روی اشریشیاکلی و آن هم از نمونه‌های کلینیکی انجام شده است. بنابراین نتایج این بررسی می‌تواند در آینده به عنوان یک منبع مورد استفاده قرار گیرد. یافته‌های این پژوهش نشان داد که در میان ارگانسیم‌های تولیدکننده ESBLs کلسیلا یکی از باکتری‌هایی است که قادر به تولید این آنزیم‌ها به ویژه تیپ TEM بتالاکتامازی است. در هیچ یک از نمونه‌های شیر ژن ۱-CTX-M و CTXR از جدایه‌های کلسیلا شناسایی نشد. همچنین با توجه به جداسازی تعداد ۱۲ جدایه از ۴۴ کلسیلا (۲۷/۳ درصد) از شیرهای پاستوریزه مدارس می‌تواند توجه بیشتری را به مساله بهداشتی کودکان که قشر آسیب پذیرتری هستند، معطوف دارد. از طرفی جداسازی چهار سویه از پنج سویه کلسیلا آکسی توکا از شیر مدارس و قابلیت تولید سایتوتوکسین و ایجاد مسمومیت غذایی اهمیت رعایت اصول بهداشتی در تهیه و توزیع شیر مدارس را بیشتر نشان می‌دهد (۲۷). نکته قابل توجه اکثر تحقیق‌ها که در خصوص بررسی بتالاکتامازهای طیف گسترده یا ESBLs انجام شده یا روی جدایه‌های کلینیکی و یا روی شیر خام بوده است و تا کنون روی نمونه‌های شیر پاستوریزه مطالعه‌ای انجام نشده بود.

از طرفی یافته‌های به دست آمده در خصوص شیر خام و پاستوریزه و حضور ژن‌های مقاومت TEM و SHV از جنبه‌های مثبت این تحقیق و نشاگر انتقال ژن‌های مقاومت به انسان از طریق شیر خام و پاستوریزه است. اما نبود امکانات



شکل ۳. نتایج الکتروفورز ژل آگارز برای Multiplex PCR ژن SHV و CITM. M: مارکر ۱۰۰ bp. ۱: کنترل مثبت (کلسیلا پنومونیه ۷۸۸) ۲: جدایه شیر مثبت برای SHV، ۳: جدایه شیر مثبت برای CITM، ۴: جدایه شیر مثبت برای SHV و CITM و ۵: کنترل منفی

در آزمایش Multiplex PCR، از میان شش (۳ درصد) جدایه غربال شده در تست تأییدی، دو (۱ درصد) و یک (۵/۰ درصد) جدایه به ترتیب حاوی ژن‌های SHV و ژن CITM بود. یک جدایه حاوی ژن SHV از شیر خام و یکی هم از شیر مدرسه بوده است (شکل ۳).

فرایند PCR روی DNAهای استخراج شده برای تکثیر قطعه‌هایی به طول ۲۵۱ bp برای ژن CTX با استفاده از یک جفت پرایمر فراگیر انجام شد. لازم به ذکر است خانواده بتالاکتامازی ۱-CTX-M واجد زیر گروه‌های متعدد بوده بنابراین برای شناسایی کامل این زیر گروه‌ها در فرایند PCR از پرایمرهای فراگیر استفاده شد. ژن ۱-CTX-M و CTXR در هیچ جدایه کلسیلا شناسایی نشد.

بحث:

در مطالعه حاضر از میان ۴۴ جدایه کلسیلا که در غربالگری اولیه برای تولید بتالاکتامازهای طیف گسترده وارد فاز تأییدی شدند، تنها ۱۴ جدایه فنوتیپ ESBLs را نشان دادند و بر اساس توصیه سازمان جهانی CLSI، برای بررسی بیشتر و ثابت کردن این موضوع، از روش PCR استفاده شد. با مدنظر قرار دادن اینکه خانواده‌های بتالاکتامازی (SHV، CITM) واجد زیر گروه‌های متعدد بوده، بنابراین برای شناسایی کامل این زیر گروه‌ها در فرایند PCR از پرایمرهای فراگیر استفاده شد که با استفاده از برنامه BLAST این اطمینان حاصل شد که این پرایمرها می‌توانند طیف وسیعی از این زیر گروه‌ها را پوشش دهند. در ۲۰۰۷، Valverde و همکارانش نشان دادند که از میان ۱۱۲۷۲ نمونه اشریشیاکلی از بیمارستان سالامانسا در اسپانیا، ۱۳۰ (۱ درصد) نمونه مولد آنزیم‌های ESBLs بوده‌اند (۲۰).

در مطالعه‌های انجام شده توسط Vranes و همکاران که در سال ۲۰۰۸ در شهر Zagreb آلمان انجام شد، از میان ۲۴۵۱ سویه اشریشیاکلی، ۳۹ (۱/۵۹٪) جدایه مولد ESBLs بوده است (۲۱). بر اساس نتایج حاصل از این مطالعه در مقایسه با مطالعه‌های گفته شده بالا، شیوع ارگانسیم‌های تولیدکننده ESBLs در کشور ما بیش از نتایج به دست آمده از سایر مطالعه‌های انجام شده است. به نظر می‌رسد که استفاده گسترده از داروهای بتالاکتام طیف گسترده به ویژه نسل سوم سفالوسپورین‌ها و بهره نرفتن از راهکارها و ابزارهای مناسب کنترل عفونت، عامل عمده پیدایش و افزایش ارگانسیم‌های مولد آنزیم‌های بتالاکتامازی طیف گسترده (ESBLs) باشد. Hong Fang و همکاران در سال‌های ۲۰۰۱ الی ۲۰۰۶ در سوئد نشان دادند که از میان ۸۷ جدایه اشریشیاکلی که از لحاظ فنوتیپی به عنوان مولدین ESBLs شناخته شده بودند، ۶۳ درصد ژنوتیپ TEM بتالاکتاماز را دارند (۲۲).

امروزه شناسایی ارگانسیم‌های مولد آنزیم‌های بتالاکتامازی طیف گسترده (ESBLs) به یکی از چالش‌های اصلی در آزمایشگاه‌ها مبدل شده است. چرا که

از پرایمرهای فراگیر در کنار آزمون فنوتیپی می تواند در تشخیص کامل این نوع مقاومت ها مؤثر بوده و سهم عمده ای را در کنترل عفونت ایفا کند.

روش های مولکولی و کارشناس خبره در هر آزمایشگاه می تواند از محدودیت های شناسایی ژن های بتالاکتامازی دانست.

تشکر و قدردانی:

این مقاله نتیجه بخشی از طرح تحقیقاتی مصوب مرکز تحقیقات میکروبیولوژی مواد غذایی دانشگاه علوم پزشکی تهران با کد ۴۶۰۵۲ و دارای کد اخلاق IR.TUMS.VCR.REC.۱۳۹۸،۹۳۳ است. بدینوسیله از معاونت محترم پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی تهران که حامی مالی این طرح تحقیقاتی بودند، کمال سپاسگزاری و تشکر را داریم.

نتیجه گیری:

حضور کلبسیلا پنومونیه در شیر خام و کلبسیلا اکسی توکا در شیر پاستوریزه مدارس با توجه به قابلیت سایتو توکسین آن اهمیت پایش شیرخام و شیرمدارس را بیش از پیش نشان می دهد. از آنجا که شناسایی سویه های مولد آنزیم های بتالاکتامازهای طیف گسترده یا ESBLs، از طریق تست های فنوتیپی به سختی امکان پذیر است، بنابراین لحاظ کردن بررسی های مولکولی با استفاده

منابع:

- 1- Institute of Standards and Industrial Research of Iran. ISI-RI Number 164.2010. Milk and milk products – Raw milk – Specification and test methods. 1st. Revision [Full Text in Persian].
- 2- Godinho FMS, Krug M, Figueiredo RP, Müller A, Jank L, Tomaszewski CA et al. Microbiological and physicochemical characteristics of buffalo milk used for dairy products in southern Brazil. *J Dairy Res.* 2020;87(4):463-468.
- 3- Tooke CL, Hinchliffe P, Bragginton EC, Colenso CK, Hirvonen VHA, Takebayashi Y et al. β -Lactamases and β -Lactamase Inhibitors in the 21st Century. *J Mol Biol* 2019; 431(18): 3472–3500.
- 4- Sadeghi MR, Nahaei MR, Soltan Dallal MM. Extended-Spectrum Beta-lactamase Resistance in Clinical Isolates of *Klebsiella pneumoniae* and *Escherichia coli* in In-Patient and Out-Patient Groups. *Tabriz Univ Med Sci* 2008;30(2):79-86 [Full Text in Persian].
- 5- Shahcheraghi F, Nasiri S and Naviri H. Evaluation of presence the bla-SHV and bla-TEM β -Lactamase genes in clinical isolates resistant *Escherichia coli* to antibiotics from Tehran hospital. *Iranian J Med Microbiol* 2007;1(3):1-8 [Full Text in Persian].
- 6- Soltan Dallal MM, Mobasseri G, Fallah Mehrabadi J, Eshraghian MR, Rastegar Lari A, Molla Aghamirzaei H, Sabbaghi A, Azarsa M. Detection of CTX-M-1 beta lactamase gene in *Escherichia coli* isolated from clinical samples by Polymerase Chain Reaction (PCR). *Tehran Univ Med J* 2011; 69 (1): 16-21 [Full Text in Persian].
- 7- Soltan Dallal MM, Fani F, Rajabi Z, Karami-Talab M, Molla Agha Mirzaei H. Prevalence of blaCTX-M, blaSHV and blaTEM β -Lactamase Genes Among *Escherichia coli* Isolates in Foodborne Outbreak in Iran. *Inter J Enteric Path* 2018; 6(2):48-52.
- 8- Akpaka PE, Vaillant A, Wilson C, Jayaratne P. Extended Spectrum Beta-Lactamase (ESBL) Produced by Gram-Negative Bacteria in Trinidad and Tobago. *Int J Microbiol.* 2021; 2021: 5582755.
- 9- Wilson H, Török ME. Extended-spectrum beta-lactamase-producing and carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Microb Genom.* 2018;4(7):e000197.
- 10- Collis RM, Burgess SA, Biggs PJ, Midwinter AC, French NP, Toombs-Ruane L, Cookson AL. Extended-Spectrum Beta-Lactamase-Producing Enterobacteriaceae in Dairy Farm Environments: A New Zealand Perspective. *Foodborne Pathog Dis* 2019;16(1):5-22.
- 11- Yang Y, Peng Y, Jiang J, Gong Z, Zhu H, Wang K et al. Isolation and characterization of multidrug-resistant *Klebsiella pneumoniae* from raw cow milk in Jiangsu and Shandong provinces, China. *Transbound Emerg Dis.* 2021;68(3):1033-1039.
- 12- Nobrega DB, Calarga AP, Nascimento LC, Chande Vasconcelos CG, de Lima EM, Langoni H et al. Molecular characterization of antimicrobial resistance in *Klebsiella pneumoniae* isolated from Brazilian dairy herds. *J Dairy Sci.* 2021;104(6):7210-7224.
- 13- Cheddie P, Dziva F, Akpaka PE. Detection of a CTX-M

group 2 beta-lactamase gene in a *Klebsiella pneumoniae* isolate from a tertiary care hospital, Trinidad and Tobago. *Ann Clin Microbiol Antimicrob.* 2017;16(1):33.

14- Mazzariol A, Bazaj A, Cornaglia G. Multi-drug-resistant Gram-negative bacteria causing urinary tract infections: a review. *J Chemother.* 2017;29(sup1):2-9.

15- Food and Drug Administration of the Islamic Republic of Iran (FDA). Methods for Detection and Molecular characterization of Pathogenic *Escherichia coli* Co-Ordination Action Food-CT-2006-036256, ISO 16654. Iran: Tehran; Food Drug Administ Islamic Repub Iran. 2006.

16- Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. CLSI Supplement M100. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute. 27th ed. 2017.

17- Soltan Dallal MM, Molla Aghamirzaei H, Fallah Mehrabadi J, Rastegar Lari A, Sabbaghi A, Eshraghian MR, et al. Molecular detection of TEM and Ampe(Dha,mox)-type broad spectrum beta-lactamases in clinical isolates of *Escherichia coli*; PCR method. *Tehran Univer J Med* 2010; 68(6): 827-877 [Full Text in Persian].

18- Soltan Dallal MM, Sabbaghi A, Fallah Mehrabadi J, Molla Aghamirzaei H, Rastegar Lari A, Eshraghian MR, et al. Survey exist B-lactamase Gense bla-SHV and bla-Amps (CITM,-FOX) in clinical isolates of *Escherichia coli*. *J of Med Coun of Islamic Republic of Iran* 2010; 28(3): 269-276 [Full Text in Persian].

19- Soltan Dallal MM, Mobasseri G, Fallah Mehrabadi J, Eshraghian MR, Rastegar Lari A, Molla Aghamirzaei H, et al. Detection of CTX-M-1 beta lactamase gene in *Escherichia coli* isolated from clinical samples by Polymerase Chain Reaction (PCR). *Tehran Univ Med J.* 2011;69(1):16-21 [Full Text in Persian].

20- Valvered ED, Padilla TP and Hernandez AH. Prevalence of clinical isolates of *Escherichia coli* and *Klebsiella spp.* producing multiple extended-spectrum beta- lactamase. *Diag Microbiol Infect Dis* 2007; 56:433-437.

21- Vranes J, Bedenic B and Bauernfeind A. Emergence of clonally related SHV-5 ESBL-producing *Escherichia coli* strains in the community. 13th Inter Cong Infect Dis Abstracts 2008;12(1).

22- Fang H, Ataker F, Hedin G and Dornbusch K. Molecular epidemiology of extended-spectrum β -lactamases among *Escherichia coli* isolates collected in a Swedish hospital and its associated health care facilities from 2001 to 2006. *J Clin Microbiol* 2008;46(2): 707–712.

23- Govindaswamy A, Bajpai V, Khurana S, Aravinda A, Batra P, Malhotra R et al.

Prevalence and characterization of beta-lactamase-producing

Escherichia coli isolates from a tertiary care hospital in India. J Lab Physicians. 2019;11(2):123-127.

24- Hosuru Subramanya S, Bairy I, Nayak N, Amberpet R, Padukone S, Metok Y et al.

Detection and characterization of ESBL-producing Enterobacteriaceae from the gut of healthy chickens, Gallus gallus domesticus in rural Nepal: Dominance of CTX-M-15-non-ST131 Escherichia coli clones. PLoS One. 2020 29;15(5):e0227725.

25- Ko KS, Lee MY, Song JH, LeeH, Junge DS, JungSI and et al. Prevalence and characterization of extended-spectrum β -lactamase producing Enterobacteriaceae isolated in Korean hospitals. Diag Microbiol Infect Dis 2008; 61(4): 453-459.

26- Sudarwanto M, Akineden Ö, Odenthal S, Gross M, Usleber E. Extended-Spectrum β -Lactamase (ESBL)-Producing Klebsiella pneumoniae in Bulk Tank Milk from Dairy Farms in Indonesia. Foodborne Pathog Dis 2015 1;12(7):585-90.

27- Validi M, Soltan Dallal MM, Douraghi M Fallah Mehrabadi J, Rahimi Foroushani A, Frohesh Tehrani H. Identification of cytotoxin-producing Klebsiella oxytoca strains isolated from clinical samples with cell culture assays. Microbial Pathogenesis 2017; 113 1-4.