

ردیابی فنوتیپی و مولکولی ژن‌های مولد بتالاکتاماز وسیع‌الطیف CTX-M در جدایه‌های اشریشیاکلی از طیور مبتلا به کلی‌باسیلوز در شهرستان خرم‌آباد

احسان رشیدیان^{۱*}، سکینه نادعلی^۲، سید محمد نایب آقایی^۳، حسن نوروزیان^۴

۱- استادیار، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران.

۲- دانشجوی کارشناسی ارشد باکتری‌شناسی، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران.

۳- دانشجوی دکتری باکتری‌شناسی، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران.

۴- استادیار، گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران.

یافته / دوره نوزدهم / شماره ۵ / زمستان ۹۵ / مسلسل ۷۴

چکیده

دریافت مقاله: ۹۶/۸/۲۹ پذیرش مقاله: ۹۶/۱۰/۳۰

* مقدمه: اکثر سوبه‌های اشریشیاکلی دارای مقاومت چندگانه دارویی بوده و این باکتری عامل اصلی بیماری کلی‌باسیلوز طیور است، صدمات اقتصادی عفونت‌های حاصل از *E.coli* خصوصاً در صنعت طیور بسیار بالا بوده و سالانه هزینه‌های زیادی صرف درمان بیماری‌های ناشی از آن با آنتی‌بیوتیک‌ها می‌شود، لذا هدف از این مطالعه ارزیابی حضور ژن *bla-CTX-M* در جدایه‌های اشریشیاکلی به دست آمده از نمونه‌های مرضی طیور می‌باشد.

* مواد و روش‌ها: در این مطالعه ۱۰۰ جدایه باکتری اشریشیاکلی از اندام‌های مختلف طیور مبتلا به کلی‌باسیلوز جداسازی گردید و با استفاده از تست‌های بیوشیمیایی مورد تأیید قرار گرفت، جدایه‌ها از نظر حضور ژن‌های *CTX-M* به روش PCR بررسی شدند.

* یافته‌ها: از ۱۰۰ جدایه مورد بررسی ۴ جدایه (۴٪) به صورت ESBL مثبت بودند، از این تعداد نیز ۲۵٪ دارای ژن *CTX-M* بودند.

* بحث و نتیجه‌گیری: با توجه به اهمیت اشریشیاکلی در عفونت‌های طیور و همچنین شیوع بالای سوبه‌های تولیدکننده بتالاکتاماز وسیع‌الطیف باید از روش‌های تشخیصی سریع در تعیین این سوبه‌ها در آزمایشگاه‌ها به صورت روتین استفاده گردد. نتایج حاصل از این مطالعه نشان می‌دهند که اشریشیاکلی کومنسال دستگاه گوارش طیور به عنوان مخزنی برای بتالاکتامازهای وسیع‌الطیف بوده که این موضوع از لحاظ بهداشت عمومی و انتقال مقاومت‌های آنتی‌بیوتیکی به انسان دارای اهمیت می‌باشد.

* واژه‌های کلیدی: کلی‌باسیلوز، بتالاکتاماز، اشریشیاکلی.

*آدرس مکاتبه: خرم‌آباد، دانشگاه لرستان، دانشکده دامپزشکی، گروه پاتوبیولوژی.

پست الکترونیک: Er117kh@yahoo.co.uk

مقدمه

از زمان شناخته شدن موجوداتی تحت عنوان باکتری‌ها، بشر همواره در چالش برای یافتن داروی مؤثر بر علیه عفونت‌های ناشی از آن بوده است، با این وجود باکتری‌ها نیز به مکانیسم‌های مؤثری جهت از بین بردن خاصیت ضد میکروبی آنتی‌بیوتیک‌ها مسلح شده‌اند. مقاومت در برابر آنتی‌بیوتیک‌های بتالاکتام، حتی پیش از کشف و گسترش کاربرد آن‌ها آغاز گردیده بود (۱). مهمترین عامل مقاومت به آنتی‌بیوتیک‌های گروه بتالاکتام آنزیم‌های بتالاکتاماز وسیع‌الطیف (Extended Spectrum Beta Lactamase) می‌باشند. آنزیم‌های بتالاکتاماز وسیع‌الطیف به عنوان یکی از مهمترین مکانیسم‌های مقاومت نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های گروه بتالاکتام و همچنین بروز مشکلات جدی در زمان عفونت‌های مختلف به شمار می‌روند (۲،۳). بتالاکتامازهای وسیع‌الطیف عمدتاً توسط دو جنس *Escherichia* و *Klebsiella* تولید می‌شوند ولی سایر جنس‌های باکتری‌های روده‌ای نیز این آنزیم‌ها را تولید می‌کنند (۴). این آنزیم‌ها بر اساس ویژگی‌های ساختاری به چهار گروه A، B، C و D تقسیم شده که گروه‌های A، C و D بر اساس مکانیسم سرین عمل کرده در حالی که گروه B برای انجام عملکرد خود نیازمند عنصر روی می‌باشند و متالوبتالاکتاماز محسوب می‌شوند. از مهمترین ESBL‌هایی که مورد بررسی قرار گرفته‌اند می‌توان به *GES*، *PER*، *CTX-M*، *TEM*، *SHV* اشاره کرد (۵،۶). اولین بتالاکتاماز موجود در باکتری‌های گرم منفی یعنی *TEM-1* (ابتدای نام بیمار Temoniera) در اوایل سال ۱۹۶۰ مشخص گردید. بتالاکتاماز رایج دیگری که در کلبسیلا پنومونیه یافت می‌شود، *Solphydryl SHV-1* (Variable) است، بتالاکتاماز *SHV-1* در اکثر ایزوله‌های کلبسیلا پنومونیه به صورت کروموزومی کد می‌شود (۷،۸).

آنزیم *CTX-M* از جمله بتالاکتامازهایی است که به گروه *TEM* یا *SHV* تعلق ندارد (۹). منشأ بعضی از این آنزیم‌ها برخلاف *TEM*، *SHV* که از طریق جهش نقطه‌ای به وجود

آمده‌اند، از ژن‌های کروموزومی *Spp Kluyvera* (از باکتری‌های محیطی) می‌باشد که ژن‌های مربوطه درون پلاسمید وارد شده و سپس به باکتری‌های پاتوژن منتقل شده‌اند (۱۰). از بررسی‌های سنتتیکی مشخص می‌شود که بتالاکتامازهای نوع *CTX-M*، سفالوتین یا سفالوریدین را بهتر از بنزیل‌پنی‌سیلین هیدرولیز می‌کنند و ترجیحاً سفوتاکسیم را بیشتر از سفنازیدیم هیدرولیز می‌کنند. آنزیم‌های *CTX-M* به ۵ گروه اصلی تقسیم می‌شود. گروه ۱ شامل انواع ۲۸، ۲۳، ۲۲، ۱۵، ۱۲، ۱۳، ۱۰ و *CTX-M-1*؛ گروه ۲ شامل انواع ۲۰، ۷، ۶، ۵، ۴، *CTX-M-2*؛ گروه ۸ شامل *CTX-M-8*؛ و گروه ۹ شامل انواع ۲۷، ۴، ۲۱، ۱۹، ۱۷، ۱۶، ۱۳، ۱۴ و *CTX-M-9*؛ *M* و گروه ۲۵ شامل *CTX-M-25* می‌باشد (۱۱-۱۳). به علت استفاده گسترده از عوامل ضد باکتریایی وسیع‌الطیف، مشکل ظهور مقاومت دارویی در چند دهه‌ی اخیر، به شدت رو به وخامت است و تا زمانی که تجویز بی‌رویه آنتی‌بیوتیک‌ها ادامه داشته باشد، این موضوع یعنی شیوع ژنوتیپ ESBL در میان سویه‌ها امری عادی تلقی می‌شود (۱۴). اکثر سویه‌های /شیریشیالکی دارای مقاومت چندگانه دارویی بوده و این باکتری عامل اصلی بیماری کلی‌باسیلوز طیور است، صدمات اقتصادی عفونت‌های حاصل از *E.coli* خصوصاً در صنعت طیور بسیار بالا بوده و سالانه هزینه‌های زیادی صرف درمان بیماری‌های ناشی از آن با آنتی‌بیوتیک‌ها می‌شود؛ با این وجود امروزه افزایش مقاومت نسبت به ترکیبات آنتی‌باکتریال، درمان این بیماری را با مشکل مواجه نموده است (۱۵،۱۶). لذا بر آن شدیم که در این مطالعه به بررسی حضور ژن مقاومت *CTX-M* مولد آنزیم بتالاکتاماز در جدایه‌های /شیریشیالکی در نمونه‌های مرضی طیور مبتلا به کلی‌باسیلوز در شهرستان خرم‌آباد بپردازیم.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه طی نمونه‌گیری که در بازه زمانی ۶ ماهه انجام شده، ۱۰۰ جدایه /شیریشیالکی از آزمایشگاه‌های دامپزشکی در سطح شهرستان خرم‌آباد در سال ۱۳۹۴

استخراج DNA ایزوله‌های مقاوم از طریق پروسه جوشاندن Boiling انجام گرفت. برای بررسی وجود ژن *blaCTX-M* در جدایه‌ها از پروسه PCR بهره گرفته شد.

برای این منظور واکنش PCR را در حجم نهایی ۲۵ μl شامل: ۲ μl DNA استخراج شده، ۱۲/۵ μl از Master mix و ۸/۵ μl آب مقطر، ۹ μl پرایمر mol/μl ۵۰p از هر کدام (Bioneer, German) انجام داده شد.

برنامه زمانی ترموسایکلر در طی ۳۵ سیکل برای تولید محصول (۵۴۴ bp) شامل موارد ذیل:

First Deneturation – ۹۴ درجه سانتی‌گراد – ۲ دقیقه،

Last Deneturation – ۹۵ درجه سانتی‌گراد – ۲ دقیقه،

Anneling – ۵۱ درجه سانتی‌گراد – ۳۰ ثانیه،

Extension – ۷۲ درجه سانتی‌گراد – ۳۰ ثانیه و

Last Extension – ۷۲ درجه سانتی‌گراد – ۱۰ دقیقه

تنظیم شد.

الکتروفورز محصول PCR در آگارز ۱ درصد با مارکر ۱۰۰ bp انجام شد.

در این آزمایش از سویه استاندارد کلبسیلا پنومونیه (K. pneumoniae ATCC 1881) به عنوان کنترل مثبت و سویه‌ی *اشریشیاکلی* (*E. coli* ATCC 25922) به عنوان کنترل منفی استفاده گردید (جدول ۱).

جدول ۱. توالی پرایمرهای مورد استفاده در واکنش PCR

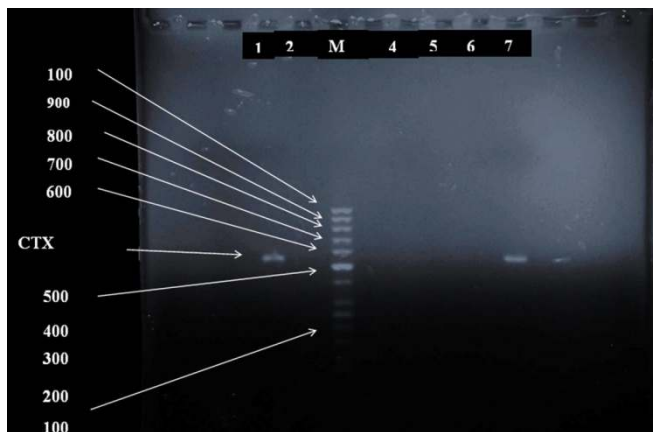
ژن	توالی پرایمر	اندازه محصول	رفرنس
<i>CTX-M</i>	5-TTTGCGATGTGCAGTACCAGTAA-3 5'-CGATATCGTTGGTGGTGCCATA-3'	۵۴۴pb	۱۹

یافته‌ها

از ۱۰۰ جدایه *اشریشیاکلی*، ۳۰ جدایه (۳۰ درصد) از پریکار، ۲۵ جدایه (۲۵ درصد) از کیسه زرده، ۱۸ جدایه (۱۸ درصد) از احشاء، ۱۵ جدایه (۱۵ درصد) از کبد، ۷ جدایه (۷ درصد) از ریه، ۴ جدایه (۴ درصد) از کیسه‌های هوایی و ۱ جدایه (۱ درصد) از مفاصل جداسازی گردید

جمع‌آوری گردید، پس از نمونه‌گیری از طیور مبتلا به کلی‌باسیلوز از جمله پریکار، کیسه زرده، کبد، کیسه‌های هوایی و ریه و احشاء و مفاصل روی محیط مک‌کانکی کشت داده شدند. تک کلنی‌ها به منظور ایجاد کشت خالص دوباره روی محیط EMB که دارای جلای فلزی بودند، کشت داده شدند. برای تأیید نهایی جدایه‌های *اشریشیاکلی* تست‌های بیوشیمیایی تکمیلی با استفاده از فرمول IMVIC، انجام گرفت. برای نگهداری طولانی‌مدت جدایه‌های *اشریشیاکلی* از محیط TSB (Trypticase Soy Broth)، با ۱۵ درصد گلیسرول استفاده شد. برای تعیین الگوی حساسیت آنتی‌بیوتیکی، سوسپانسیون معادل نیم‌مک‌فارلند از تمام جدایه‌ها تهیه و در محیط کشت مولر هینتون آگار (Merck, Germany) کشت داده شد و سپس از دیسک‌های آنتی‌بیوتیکی تهیه شده از شرکت Rosco Diagnostica (Denmark) شامل: سفنازیدیم ۳۰ μm جهت آنتی‌بیوگرام روی محیط مذکور قرار داده و نتایج بعد از ۱۸ تا ۲۴ ساعت انکوباسیون در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد با استفاده از دستورالعمل CLSI مورد بررسی قرار گرفت.

کلیه جدایه‌های مقاوم به سفنازیدیم به منظور تأیید تولید ESBL با آزمون CDT (Combined Disk Test) مورد ارزیابی قرار گرفتند. در این زمان، سوسپانسیون معادل نیم‌مک‌فارلند از جدایه‌ها تهیه و بر روی محیط مولر هینتون آگار کشت داده شد. سپس دیسک‌های سفنازیدیم و سفنازیدیم-کلانولانیک (۳۰ μg/۱۰ μg)، سفوتاکسیم و سفوتاکسیم-کلانولانیک اسید (۳۰ μg/۱۰ μg) به فاصله حداقل (۲۰ mm) از یکدیگر بر روی محیط قرار داده و پس از ۲۴ ساعت انکوباسیون در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد، اگر قطر هاله عدم رشد اطراف دیسک‌های حاوی اسیدکلانولانیک پنج یا بیشتر از پنج میلی‌متر از دیسک‌های بدون مهارکننده بزرگتر باشد، سویه مورد نظر را با در نظر گرفتن ضوابط (CLSI) می‌توان ESBL مثبت گزارش کرد (۱۴).



شکل ۲. نتایج الکتروفورز محصولات PCR ژن‌های CTX-M

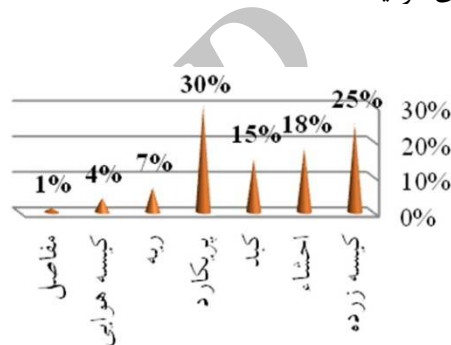
- چاهک ۱. کنترل مثبت ژن CTX-M (544 bp) (*k. pneumoniae* ATCC 7881)
- چاهک ۲. کنترل منفی ژن CTX-M (*E. coli* ATCC 25922)
- چاهک ۳. مارکر 100bp
- چاهک ۴ و ۵. نمونه‌های منفی ژن CTX-M
- چاهک ۶ و ۷. نمونه مثبت ژن CTX-M

نتایج واکنش PCR بر روی ایزوله‌های تولیدکننده ESBL حاکی از آن بود که تنها ۱ جدایه (۲۵ درصد) حاوی ژن *blaCTX-M* بودند.

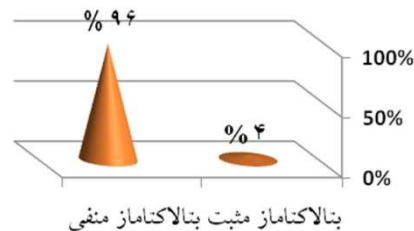
بحث و نتیجه‌گیری

در طی چند دهه گذشته آنتی‌بیوتیک‌های گروه بتالاکتام در دلیل قدرت اثر، طیف گسترده و سمیت انتخابی علیه سلول‌های پروکاریوتی، در درمان عفونت‌ها مورد استفاده قرار گرفته و همین امر باعث افزایش مقاومت نسبت به داروهای مذکور شده است (۱۷). مصرف بی‌رویه و نادرست آنتی‌بیوتیک‌ها سبب نابودی برخی از ارگانسیم‌های حساس شده و شرایط زیستی را برای بقای باکتری‌های مقاوم مساعد نموده است، به نحوی که از کارایی بعضی از آنتی‌بیوتیک‌ها در درمان عفونت‌ها کاسته شده است. بروز مقاومت در اکثر باکتری‌های مقاوم در برابر آنتی‌بیوتیک‌ها ناشی از تغییرات ژنتیکی است که این تغییرات می‌توانند از طریق پلاسمید انتقال پیدا کنند که در این صورت بیمارانی که از داروی خاصی استفاده نکرده‌اند مقاومت دارویی نشان خواهند داد (۱۸). با توجه به اینکه اعضای خانواده انتروباکتریاسه‌ها از عوامل عمده بروز عفونت در انسان و طیور می‌باشند، لذا شناسایی عوامل مزبور و تعیین الگوی دقیق مقاومت

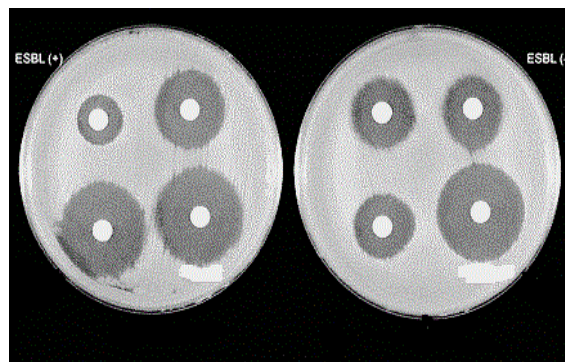
(نمودار ۱). از مجموع ۱۰۰ جدایه/شریشیالکی عامل کلی‌باسیلوز، ۷ جدایه (۷ درصد) به سفوتاکسیم و سفنازیدیم مقاوم بودند. برای این ۷ جدایه مقاوم، تست تأیید فنوتیپی با روش آزمون ترکیب دو دیسک بر اساس دستورالعمل شماره M₁₀₀-S₂₄ مؤسسه استاندارد استفاده گردید. از جدایه‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک‌های سفوتاکسیم و سفنازیدیم ۴ جدایه (۵۷/۱۴ درصد) ESBL مثبت بودند (نمودار ۲). از ۴ جدایه مذکور، ۳ جدایه از کیسه زرده و ۱ جدایه از پریکارد جداسازی گردید.



نمودار ۱. درصد جدایه‌ها از نظر تفکیک اندام‌های مبتلا به کلی‌باسیلوز



نمودار ۲. نتایج تست تأیید فنوتیپی جدایه‌های مورد مطالعه با استفاده از آزمون ترکیب دو دیسک



شکل ۱. تشخیص فنوتیپی تولیدکننده‌های ESBL (CDT).

قطر هاله عدم رشد در اطراف دیسک‌های حاوی مهارکننده اسیدکلواتیک (CV) ≥ 5 بزرگتر از دیسک‌های حاوی سفنازیدیم (CAZ) و سفوتاکسیم (CTX) بدون مهارکننده است.

گوشتی در ایلام انجام شد، ۱۰ جدایه (۱۰ درصد) و ۱ جدایه *blaTEM* و ۲ جدایه (۲ درصد) واجد ژن *blaSHV* و ۲ جدایه (۲ درصد) هم از نظر هر دو ژن *blaTEM* و *blaSHV* مثبت بودند (۲۰). لذا با توجه به بالا بودن فراوانی ژن‌های بتالاکتاماز خصوصاً *CTX-M* در ارومیه بایستی با رعایت اصول مناسب تغذیه و بهداشت نظیر استفاده از شیوه‌های مدیریتی مناسب مانند: انتخاب جوجه‌های سالم، تغذیه مناسب، بهسازی بستر، معدوم‌سازی جوجه‌های مبتلا و جلوگیری از ورود بیماری به فارم‌ها و همچنین واکسیناسیون به‌موقع بتوان از ابتلا به بیماری کلی‌باسیلوز تا حد زیادی جلوگیری کرد تا از مصرف آنتی‌بیوتیک‌های مختلف خصوصاً بتالاکتام‌ها کاسته شود. طبق مطالعه حاضر اصولاً فراوانی ژن‌های بتالاکتاماز *CTX-M* در خرم‌آباد نسبت به دیگر شهرهای ایران کمتر است، احتمالاً مصرف بیش از حد آنتی‌بیوتیک‌های بتالاکتام در این شهر می‌تواند یکی از دلایل پایین بودن فراوانی این ژن‌ها باشد.

میزان شیوع ژن *CTX-M* در کشورهای مختلف از شهری به شهر دیگر متفاوت است. در طی تحقیقی که توسط گیلریچ و همکاران در سال ۲۰۰۷ در یک دوره ۷ ماهه در ۷ ناحیه در فرانسه انجام شده از ۱۲ جدایه/شریشیاکلی، ۱۱ جدایه (۹۱/۶۶ درصد) دارای ژن ۱-*blaCTX-M* بودند (۲۱).

بلانک و همکاران در سال ۲۰۰۶ در کاتالونیا (اسپانیا) روی ۳۶۰ جدایه که شامل ۱۹۲ جدایه از پرندگان، ۱۳۱ جدایه از خوک و ۳۷ جدایه از خرگوش بودند به این نتیجه رسیدند که ۵۹/۸۶ درصد از این جدایه‌ها دارای ژن ۱-*CTX-M* و ۱۴-*CTX-M* بودند (۲۲).

در بررسی‌هایی که توسط یووان و همکاران در سال ۲۰۰۹ انجام دادند، از مجموع ۵۱ جدایه/شریشیاکلی ۳۱ جدایه از لحاظ فنوتیپی ESBL مثبت (۶۰/۷۸ درصد) بودند و ۱۵ جدایه ژن *blaCTX-M* (۴۸/۳۸ درصد) را حمل

آنتی‌بیوتیکی در راستای کنترل شیوع و نیز کاهش هزینه‌های درمانی مربوطه در شهرستان خرم‌آباد لازم به نظر می‌رسد.

در مطالعه حاضر از ۱۰۰ جدایه/شریشیاکلی اخذ شده از طیور مبتلا به کلی‌باسیلوز ۴ جدایه (۴ درصد) ESBL مثبت تشخیص داده شد. نتایج حاصل از PCR با استفاده از پرایمرهای اختصاصی نشان داد که ژن *CTX-M* در تنها ۱ جدایه (۲۵ درصد) وجود دارد و جدایه‌های دارای ژن *blaCTX-M* نسبت به سفالوسپورین‌های وسیع‌الطیف از خود مقاومت زیادی را نشان دادند. مطالعات گسترده‌ای در نقاط مختلف جهان از جمله ایران جهت تعیین میزان شیوع بتالاکتام‌ها در عفونت‌های کلی‌باسیلوز طیور صورت گرفته است. نتایج حاصل از این مطالعه می‌تواند در برنامه‌ریزی‌های بهداشتی و درمانی صنعت طیور در خرم‌آباد مفید باشد. الگوی مقاومت‌های آنتی‌بیوتیک‌های بتالاکتام در مناطق مختلف و مقاطع زمانی متفاوت و حتی در یک ناحیه ممکن است متفاوت باشد. این تفاوت، احتمالاً ناشی از تفاوت در نوع، میزان و تداوم مصرف ترکیبات آنتی‌باکتریال خصوصاً بتالاکتام‌ها می‌باشد.

طی سال‌های گذشته مطالعاتی در سراسر دنیا و از جمله ایران در این زمینه صورت گرفته است که درصد و شیوع سویه‌های تولیدکننده‌ی ESBLs و ژن‌های دخیل در این مقاومت را گزارش کرده‌اند. این آمار در شهرهای ایران به ندرت انجام شده است. به عنوان مثال می‌توان به موارد ذیل اشاره نمود:

در تحقیقی که توسط حسینی و همکاران در سال ۱۳۹۱ روی ۵۶ جدایه/شریشیاکلی از مدفوع طیور در شهر ارومیه انجام گرفت. ۲۶ جدایه (۴۶/۴ درصد) دارای ژن *blaCTX-M* و ۹ جدایه (۱۲ درصد) به‌طور هم‌زمان دارای هر دو ژن *blaTEM* و *blaCTX-M* بودند (۱۹).

طی بررسی دیگری که توسط قنبرپور و همکاران در سال ۱۳۹۱ روی ۱۰۰ جدایه/شریشیاکلی از پریکارد جوجه‌های

ممانعت کننده از عملکرد بتالاکتامازها، می‌تواند کارایی آنتی‌بیوتیک‌های بتالاکتام را تا حد امکان حفظ کند.

با توجه به اهمیت/شریشیالکی در عفونت‌های طیور و همچنین شیوع بالای سویه‌های تولیدکننده بتالاکتاماز وسیع‌الطیف باید از روش‌های تشخیصی سریع در تعیین این سویه‌ها در آزمایشگاه‌ها به صورت روتین استفاده گردد. همچنین سازمان‌های دخیل در امر بهداشت صنعت طیور در هر کشور باید هر ساله بررسی‌های گسترده‌ای را در مورد ژن‌های دخیل در مقاومت صورت دهند تا روند گسترش این ژن‌ها در نواحی جغرافیایی آشکار گردیده و با استفاده از یافته‌های مذکور، راهبردهای پیشگیرانه‌ی مناسبی جهت کاهش روند شیوع مقاومت‌های دارویی طراحی و اجرا گردد. زیرا این نتایج می‌تواند به عنوان یک راه‌کار برای دامپزشکان جهت استفاده از سفالوسپورین‌های وسیع‌الطیف در درمان عفونت‌ها باشد.

تشکر و قدردانی

از زحمات و همکاری صمیمانه ریاست محترم دانشکده دامپزشکی، اساتید و کارشناسان آزمایشگاه دامپزشکی دانشگاه لرستان تشکر می‌گردد.

می‌کردند (یک جدایه ۱۴-CTX-M، ۳ جدایه CTX-M و ۱۱ جدایه ۶۵-CTX-M) (۲۳).

در تحقیق دیگری که توسط بادرول و همکاران در سال ۲۰۱۲ در منطقه پادماچار از توابع راجشاهی در بنگلادش انجام شد، از مجموع ۹۶ پرنده از ۲۲/۷ درصد از جدایه‌های /شریشیالکی از نمونه پرنده‌گان، ۳۰ درصد آنها ESBL مثبت بودند که بیشتر ژن‌های CTX-M در پرنده‌گان اصلی وحشی دیده شدند (۲۴).

در طی مطالعه‌ای که توسط کلار و همکاران در سال ۲۰۱۰ در چکاسلوواکی انجام شد، از ۱۵۰ جدایه /شریشیالکی، تنها ۷ جدایه ESBL مثبت بودند (۲/۷۵ درصد) که بیشتر تیپ‌های ESBL از نوع CTX-M-۱ و ۱۲-SHV بودند (۲۵).

در مطالعات انجام شده توسط کوستا و همکاران در سال ۲۰۰۹ در پرتغال از مجموع ۷۶ جدایه مدفوعی بوقلمون‌ها، ۳۴ جدایه /شریشیالکی مثبت بودند. که طیف بتالاکتامازهای ESBL برای گروه‌های TEM و CTX-M در ۳۱ جدایه E.coli جدا شده (۹۱/۱۷ درصد) مثبت بودند (۲۶).

در بررسی‌هایی که توسط سامانتا و همکاران در سال ۲۰۱۴ در هندوستان انجام شد از مجموع ۳۶۰ جدایه از پرنده‌گان و محیط زندگی آن‌ها ۲۷۲ جدایه /شریشیالکی بود که بر طبق بررسی‌های مولکولی آن‌ها نشان داده شد که هیچ کدام از جدایه‌ها ESBL (blaCTX-M, TEM, SHV) نبودند (۲۷).

با توجه به اینکه الگوی مقاومت در کشورهای مختلف از جمله ایران در شهرهای مختلف متفاوت است بهتر است برنامه‌هایی اتخاذ شود که با جلوگیری از مصرف بی‌رویه و خودسرانه آنتی‌بیوتیک‌ها توسط طیور و رعایت بهداشت در مرغداری‌ها به یک الگوی مقاومتی یکسان برسیم که دامپزشکان بتوانند تجویز درستی داشته باشند. لذا شناسایی کامل ESBL‌ها توسط آزمایشگاه‌ها، محدود کردن استفاده از آنتی‌بیوتیک‌های بتالاکتام و استفاده از آنتی‌بیوتیک‌های

References

1. Abraham EP, Chain E. An enzyme from bacteria able to destroy Penicillin. *Nature*. 1940; 146: 837.
2. Khalaf NG, Eletreby MM, Hanson ND. Characterization of CTX-M ESBLs in *Enterobacter cloacae*, *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumonia* clinical isolates from Cairo, Egypt. *BMC Infect Dis*. 2009; 9: 84.
3. Cullik A, Pferifer Y, Prager R, Von Baum H, Witte W. A novel IS₂₆ structure, surrounds bla CTX-M genes in different plasmids from German clinical *Escherichia coli* isolates. *J Med Microbiol*. 2010; 59(5): 580-587.
4. Bush KA, Jacoby GA, Medeiros AA. A functional classification scheme for β -lactamases and its correlation with molecular structures. *Antimicrob Agents chemother*. 1995; 39: 1211-1233.
5. AL-Zahrani AJ, Aktar N. Susceptibility patterns of Extended spectrum β -lactamase (ESBL) producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumonia* isolated in teaching hospital. *Pakistan J Med Res*. 2005; 44(2): 64-67.
6. Howard C, van-Daal A, Kelly G, Schooneveldt J, Nimmo G, Giffard PM. Identification and minisequencing-based discrimination of SHV β -lactamases in nosocomial infection-associated *Klebsiella pneumoniae* in Brisbane, Australia. *Antimicrob Agents Chemother*. 2002; 46(3): 659-664.
7. Chanawong A, Zali FHM, Heritage J, Lulitanond A, Hawkey PM. Characterization of extended-spectrum β -lactamases of the SHV family using a combination of PCR- single strand conformational Polymorphism (PCR-SSCP) and PCR restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP). *FEMS Microbial Lett*. 2000; 184: 85-89.
8. Shaokat S, Ouellette M, Sirot D, Joly B, Cluzel R. Spread of SHV-1 β -lactamase in *Escherichia coli* isolated from fecal samples in Africa. *Antimicrob Agents Chemother*. 1987; 31: 943-945.
9. Jacoby GA, MunozPrice LS. The new β -lactamases. *New England J Med*. 2005; 352: 380-391.
10. Bonnet R, Sampaio ILM, Labia R, Champs CD, Sirot D, Chanel C, et al. A novel CTX-M beta-lactamase (CTX-M-8) in cefotaxim resistat *s* isolated in Brazil. *Antimicrob Agents Chemother*. 2000; 44: 1936-1942.
11. Bonnet R. Growing group of extended-spectrum β -lactamases. The CTX-M enzymes. *Antimicrob Agents Chemother*. 2004; 48: 130-140.
12. Bradford A, Yang Y, Sahm D, Grope I, Gardovska D, Storch G. CTX-M-5 a novel cefotaxime hydrolyzing beta - lactamase from an Outbreak of *Salmonella typhimurium* in Latvia. *Antimicrob Agents Chemother*. 1998; 44: 1936-1942.
13. Bradford PA. Extended-spectrum- β -lactamases in the 21st century. Characterization, Epidemiology, and Detection of this important resistance threat. *Clin Microb Rev*. 2001; 14(4): 933-951.
14. CLSI. Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for

- antimicrobial susceptibility testing: 24th informational supplement (M 100- S24). 2014; 32: 3.
15. Shane SM. Coliform infections are responsible for heavy losses, part one. *World Poult.* 2001; 17: 58-59.
 16. Van den Bogaard AE, London N, Driessen C, Stobberingh EE. Antibiotic resistance of faecal *Escherichia coli* in poultry, poultry farmers and poultry slaughters. *J Antimicrob Chemother.* 2001; 747-763.
 17. Poirel L, Weldhagen GF, Naas T, De Champs C, Dove MG, Nordmann P. GES-2, a class A beta-lactamase from *Pseudomonas aeruginosa* with increased hydrolysis of imipenem. *Antimicrob Agents Chemother.* 2001; 45(9): 598-603.
 18. Brock TD, Madigan MT. *Biology of Microorganisms.* 5th, Prentice Hall Englewood Cliffs, New Jersey. 1992; 93-131.
 19. Hosseini SS, Dastmalchi H, Onagh A, Kazemnia A. Identification of broad-spectrum beta-lactamase genes (ESBLs) belonging to b-laCTX-M, blaTEM and blaSHV groups in *E. coli* derived from poultry faecal specimens in Urmia region. *J Vet Lab Res, Semnan Univ.* 2012; 4(1): 205. (In Persian)
 20. Ghanbarpour R, Banavand R, Hemmati Z. Identification of broad-spectrum beta-lactamase genes (ESBLs) belonging to b-laCTX-M, blaTEM and blaSHV groups in *E. coli* derived from poultry faecal specimens in Urmia region. *J Vet Lab Res, Semnan Univ.* 2012; 4(1): 90-91. (In Persian)
 21. Girlich D, Poirel L, Carattoli A, Kempf I, Lartigue MF, Bertini A, et al. Extended-spectrum beta-lactamase *CTX-M* in *Escherichia coli* isolates from healthy poultry in France. *Am Soc Microb.* 2007; 73(14): 4681-4685.
 22. Blanc V, Mesa R, Saco M, Lavilla S, Prats G, Miró E, et al. ESBL- and plasmidic class C beta-lactamase are producing *E. coli* strains isolated from poultry. *Vet Microb.* 2006; 118: 299-304.
 23. Yuan L, Liu JH, Hu GZ. Molecular characterization of extended-spectrum-beta-lactamases producing *Escherichia coli* isolates from chickens in Henan province, China. *Am Soc Microb.* 2009; 1449-1453.
 24. Hasan B, Sandegren L, Melhus Å, Drobni M, Hernandez J, Waldenström J, et al. Antimicrobial drug-resistant *Escherichia coli* in wild birds and free-range poultry. *Bangladesh Emerging Infect Dis.* 2012; 18(12): 55-58.
 25. Kolar M, Bardon J, Chroma M, Hricova K, Stosova T, Sauer P, et al. ESBL and AmpC beta-lactamase producing *Enterobacteriaceae* in poultry in the Czech Republic. *Vet Med.* 2010; 55(3): 119-124.
 26. Costa D, Vinué L, Poeta P, Coelho AC, Matos M, Sáenz Y, et al. Prevalence of extended-spectrum-beta-lactamase producing *Escherichia coli* isolates in faecal samples of broilers. *Vet Microb.* 2009; 138: 339-344.
 27. Samanta I, Joardar SN, Das PK, Das P, Sar TK, Dutta TK, et al. Virulence repertoire, characterization, and antibiotic resistance pattern analysis of *Escherichia coli*

isolated from Backyard layers and their Environment in India. Avian Diseases. 2014; 58: 39-45.

Archive of SID

Phenotypic and molecular detection of ESBL producing CTX-M genes in isolated from *Escherichia coli* poultry with colibacillosis in Khorramabad city

Rashidian E^{*1}, Nadali S², Nayeb Aghae SM³, Noruzian H⁴

1. Assistant professor, Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Lorestan University, Khorramabad, Iran. Er117kh@yahoo.co.uk

2. MSc in Veterinary Bacteriology, Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Lorestan University, Khorramabad, Iran

3. PhD Student of Bacteriology, Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine Urima University, Urima, Iran.

4. Assistant Professor, Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Lorestan University, Khorramabad, Iran

Received: 20 Nov 2017 **Accepted:** 20 Dec 2017

Abstract

Background: Most strains of *E.coli* with multi drug resistance are major cause of colibacillosis in poultry. The economic damages caused by *E.coli* infections, especially in the poultry industry and also the costs of the disease treatment with antibiotics are very high annually. Therefore, the aim of this study was to investigate the prevalence of *bla* CTX-M genes in *E.coli* isolates obtained from poultry disease in Khorramabad city.

Materials and Methods: In this present study, 100 *E.coli* isolates were collected in variable organs of birds with colibacillosis and then confirmed with biochemical tests. All the positive samples were there after investigated for the presence of CTX-M genes by PCR.

Results: 4 (%4) out of 100 *E.coli* isolates were ESBL positive based on the results of combined disk tests. PCR analysis using the specific primers revealed that %25 contained β -lactamases genes encoding CTX-M.

Conclusion: Giving the importance of *E.coli* infections in poultry and high prevalence of ESBL-producing strains of rapid diagnostics should used routinely to determine the strains in the laboratories. The results of this study show that the *E.coli* is saprophytic gastrointestinal reservoir for ESBL. This issue is very important in terms of public health and the transfer of antibiotic resistance to humans.

Keywords: Colibacillosis, *E.coli*, ESBL, CTX-M

***Citation:** Rashidian E, Nadali S, Nayeb Aghae SM, Noruzian H. Phenotypic and molecular detection of ESBL producing CTX-M genes in isolated *Escherichia coli* from poultry with colibacillosis in Khorramabad city . Y Yafte. 2018; 19(5): 61-70.