

شناسایی ژن های کدکننده بیوفیلیم (agg) در جدایه های بالینی اشریشیاکلی انترواگریگیتو به روش Multiplex-PCR

راضیه جعفری^۱، کیومرث امینی^{۲*}، بهروز شجاعی سعدی^۳

۱) گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، واحد سیرجان، دانشگاه آزاد اسلامی، سیرجان، ایران

۲) گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، واحد ساوه، دانشگاه آزاد اسلامی، ساوه، ایران

۳) گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، واحد اراک، دانشگاه آزاد اسلامی، اراک، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۱۱/۱۷

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۱۱/۱۳

چکیده

مقدمه: بیوفیلیم مجموعه ای از سلول های میکروبی است که به طور برگشت ناپذیر به سطح وابسته و به وسیله شستشو ملایم از بین نمی روند. ژن aggR بر روی پلاسمید اصلی (pAA) که بسیاری از فاکتورهای حدت را کد می کنند، قرار دارد. سویه های پاتوژن EAEC دارای ژن aggR بوده که این ژن در شش دسته از اشریشیاکلی بیماریزای روده ای شناسایی شده است.

مواد و روش ها: در تحقیق حاضر تعداد ۶۰ نمونه مدفوع از کودکان با میانگین سنی ۴ تا ۷ سال جمع آوری گردید و پس از کشت و آزمایش های بیوشیمیایی نظیر: کاتالاز، اکسیداز، محیط TSI شناسایی شدند.

یافته های پژوهش: ژن aggA در ۷ نمونه ۱۱/۶ درصد، agg4A ۹ نمونه ۱۵ درصد، aggR ۵ نمونه ۸ درصد مثبت بودند. هم چنین مشخص شد که ۲۸ درصد سویه های جدا شده حداقل واجد یکی از فاکتورهای حدت aggA، aggR، agg4A بودند.

بحث و نتیجه گیری: سویه های تیپیکال EAEC با دارا بودن ژن aggR شیوع بالایی در سویه های ایزوله شده در این منطقه نشان داده اند و با توجه به الگوی فاکتورهای ویروالانس دارای هتروژنی هستند. از راه های محدود کردن عفونت های این باکتری، تهیه واکسن علیه سویه پاتوژن است.

واژه های کلیدی: اشریشیاکلی، Multiplex PCR، aggR، aggA، بیوفیلیم

* نویسنده مسئول: گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، واحد ساوه، دانشگاه آزاد اسلامی، ساوه، ایران

Email: dr_kumarss_amini@yahoo.com

Copyright © 2019 Journal of Ilam University of Medical Science. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution international 4.0 International License (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>) which permits copy and redistribute the material, in any medium or format, provided the original work is properly cited.

مقدمه

باکتری اشریشیاکلی توانایی کلونیزه شدن و پایداری در میزبان های حیوانی، انسانی و محیط را دارد. اشریشیاکلی باکتری گرم منفی و میله ای شکل است که معمولاً در روده موجودات خونگرم یافت شده، به عنوان بخشی از فلور طبیعی روده انسان طبیعتاً غیر بیماریزا است، لیکن برخی از سروتیپ های آن می توانند باعث مسمومیت غذایی جدی در انسان شوند. عفونت مجاری ادراری ناشی از این باکتری یکی از شایع ترین عفونت های باکتریایی و دومین عفونت شایع و از علل عمده مراجعه بیماران به بیمارستان ها است در میان همه عوامل باکتریال بیماریزای ادراری در بیماران سرپایی و بستری، اشریشیاکلی، باسیل گرم منفی و فلور طبیعی روده، شایع ترین عامل است که بین ۷۵ تا ۹۰ درصد در موارد عفونت ادراری جدا شده است (۱). در طبیعت، باکتری ها به دو شکل پلانکتونیک و بیوفیلیم یافت می شوند. بیوفیلیم باکتریایی، تجمعات پیچیده باکتری ها هستند که در یک پوشش گلیکوکالیکس محصور شده و به سطوح مخاطی می چسبند. بیوفیلیم ها مجموعه ای از سلول های میکروبی هستند که به طور برگشت ناپذیر به سطح وابسته اند و به وسیله شستشو ملایم از بین نمی روند. علاوه بر این، تمایز سلول های غیر متصل (Planctonic) به شکل بیوفیلیم بالغ، تغییرات فنوتیپی را ایجاد می کند که دارای پیامدهای عمده ای از قبیل افزایش مقاومت به عوامل ضد میکروبی و از بین نرفتن توسط دفاع میزبان است. بیش از ۵۰ درصد عفونت های باکتریایی گزارش شده شامل تشکیل بیوفیلیم اند. تشکیل بیوفیلیم در گونه های مختلف باکتری ها از جمله اشریشیاکلی و سودوموناس آئروژینوزا مشاهده شده است (۲). اشریشیاکلی انتروپاتوژنیک (Enteropathogenic Escherichia coli)، اشریشیاکلی انتروتوکسیک (Enterotoxigenic Escherichia coli)، اشریشیاکلی انتروهموراژیک (Enterohemorrhagic Escherichia coli)، اشریشیاکلی دیفیوز ادهیرنت (Diffuse-adhering Escherichia coli)، اشریشیاکلی انترواینوئوسیو (Enteroinvasive

Escherichia coli، و اشریشیاکلی انترواگرگیتیو (Enteraggregative Escherichia coli) سویه های اشریشیاکلی انترواگرگیتیو عامل ایجاد اسهال حاد و مزمن و اسهال پایدار در کودکان، می باشند. این سویه ها دارای الگوی چسبندگی اختصاصی اگرگیتیو به سلول های اپیتلیالی مانند HeLa و 2-HEP هستند (۲). استفاده از روش PCR بر اساس حضور ژن های مرتبط با حدت، تشخیص سویه های EAEC را بهبود می بخشد. پاتوژن و نحوه بیماریزایی سویه های EAEC به طور کامل مشخص نشده است و بسیاری از ژن های کدکننده فاکتورهای ویروالانس سویه های EAEC بر روی پلاسمید ۶۰-۶۵ مگادالتونی باکتری (pAA) قرار دارند. فعالیت اکثر ژن های کدکننده فاکتورهای ویروالانس در سویه های EAEC توسط یک ژن تنظیم کننده اصلی به نام aggR کنترل می شود (۳). ژن aggR بر روی پلاسمید اصلی ویروالانس باکتری (pAA) که بسیاری از فاکتورهای ویروالانس را کد می کند قرار دارد، سویه های دارای رگولون aggR به نام سویه های EAEC تیبیک (EAEC Typical) نام گذاری شده اند و اعتقاد بر این است که سویه های بالقوه پاتوژن EAEC دارای ژن aggR می باشند (۳،۴). مکانیسم های بیماریزایی هر یک از این پاتوتیپ ها به طور ژنتیکی توسط کروموزوم، پلاسمید و یا باکتریوفاژ کد می شود و هر پاتوتیپ ژن های ایجادکننده بیماریزای مخصوص به خود را دارد یا به عبارتی دیگر حضور یا عدم حضور یک یا چندین فاکتور ویروالانس باعث شناسایی این پاتوتیپ ها می شود (۵). ژن aggR شش دسته از اشریشیاکلی بیماریزای روده ای شناسایی شده که بیماریزایی پنج گونه از آن ها برای انسان به اثبات رسیده است، این سویه ها دارای الگوی چسبندگی اختصاصی اگرگیتیو به سلول های اپیتلیالی مانند HeLa و 2-HEP هستند (۸-۶). تغییرات فنوتیپی باعث تغییر سلول های اشریشیاکلی از حالت غیر متصل (Planctonic) به حالت متصل می شود. رشد بیوفیلیم باکتری های پاتوژن اغلب منجر به عفونت هایی می شود که تحمل به آنتی بیوتیک ها و پاسخ های ایمنی میزبان را افزایش می دهد. بیوفیلیم ها

مولد اسهال در نمونه های بالینی به روش Multiplex PCR بوده است.

مواد و روش ها

در این مطالعه توصیفی- تحلیلی نمونه های مدفوعی به تعداد ۶۰ مورد جمع آوری شده از کودکان با میانگین سنی ۴ تا ۷ سال مورد بررسی قرار گرفتند. نمونه های مدفوع به وسیله محیط انتقالی کری بلیر به آزمایشگاه تحقیقاتی میکروب شناسی منتقل گردید. جداسازی و تعیین هویت باکتری برای تایید وجود اشریشیاکلی و جداسازی باکتری، نمونه ها بر روی محیط های انتخابی و افتراقی مانند مک کانکی آگار (مرک، آلمان)، EMB (مرک، آلمان)، ECC (E.coli Chrome Agar) (هایمدیا، هندی)، کشت داده و ۲۴ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد انکوبه می شوند. بعد از گرمخانه گذاری جهت شناسایی حضور باکتری E.coli، آزمون های تاییدی بیوشیمیایی شامل: آزمون های TSI، IMViC (Triple Sugar Iron) آگار (مرک، آلمان)، جهت تشخیص نهایی انجام می گردد (۱۵).

آزمون های بیوشیمیایی جهت تشخیص باکتری E.coli: برای تایید نهایی پس از کشت روی محیط های بلاد آگار و مک کانکی آگار EMB آگار و ECC و E.coli chrome Agar تشخیص باکتری اشریشیاکلی با روش های میکروب شناسی شامل آزمون کاتالاز و اکسیداز و استفاده از محیط های افتراقی مانند TSI، SIM، MRVP، سیمون سیرتات، اوره آگار، نیترات آگار، و نیز آزمون های تکمیلی بیوشیمیایی مانند تخمیر قندها و استفاده از آمینواسیدها، طبق جدول تشخیص میکروب شناسی انجام گرفت. ضمناً بر روی مک کانکی پرگنه های لاکتوز مثبت و بر روی EMB نیز پرگنه های لاکتوز مثبت به همراه جلای فلزی و نیز کلنی های آبی بر روی محیط ECC و محیط اشریشیاکلی Chrome Agar بررسی شد. سپس سویه های جداسازی شده در محیط های کشت TSA در دمای ۴ درجه سانتی گراد و نیز TSB گلیسرین دار در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد تا زمان انجام آزمایش نگهداری شد (۱۵).

به طور تبیین به وسیله سلول های باکتریایی متراکم و کلاسترهای فوق العاده هیدراته از سلول باکتری مشخص می شوند. مولکول ها و ساختارهای سطحی مختلف در تشکیل بیوفیلم در اشریشیاکلی دخیل دانسته شده اند (۸،۹). بیوفیلم ها به آرامی و آهسته رشد می کنند و در مکان های مختلف رشد و پرورش آن ها صورت می گیرد و بیماری ها و عفونت های سرایت کننده بیوفیلم آن قدر آهسته پیش می رود که برای آشکارسازی، علائم کفایت نمی کند. به هر حال باکتری بیوفیلم می تواند به روش های مختلف و به راحتی به بافت های جدید، عفونت و آلودگی را سرایت دهد (۱۰). علاوه بر این، تمایز سلول های غیر متصل به شکل بیوفیلم بالغ، تغییرات فنوتایپی را ایجاد می کند که دارای پیامدهای عمده ای از قبیل افزایش مقاومت به عوامل ضد میکروبی و از بین رفتن توسط دفاع میزبان است. این تغییرات فنوتایپی باعث تغییر سلول های اشریشیاکلی از حالت پلانکتونی به شیوه زندگی بدون تحرک می شود (۱۱). پس از این که اهمیت بیوفیلم ها در ایجاد عفونت ها خصوصاً عفونت های بیمارستانی مشخص گردید، تحقیق روی مکانیسم مقاومت های دارویی بیوفیلم ها افزایش پیدا کرد. تاکنون درباره علل مقاومت باکتری های مقیم بیوفیلم چهار دلیل اصلی ارائه شده است: الف) فنوتیپ تطبیقی: فنوتیپ مقاوم در بیوفیلم تطابق پیدا نموده و باقی می ماند و توسط آنتی بیوتیک از بین نمی رود. بعد از مدتی فنوتیپ مقاوم، نوع غالب خواهد بود. حدس می زنند که حدود ۰/۱ درصد تا ۱۰ درصد باکتری های بیوفیلم مقاوم باشند. زمانی که آنتی بیوتیک قطع می گردد باکتری ها رشد مجدد کرده و فعالیت خود را آغاز نموده و یک بیوفیلم تازه تشکیل می دهند و به همین دلیل بیماری ضرورت پیدا می کنند (۱۲). دانشمندان پیشنهاد کرده اند که عواملی هم چون pH، هیدراتاسیون سطح و غلظت کاتیون های دو ظرفیتی می تواند فعالیت بیوسایدها را از محیط های اسیدی و بی هوای موجود در لایه های عمیق بیوفیلم تحت تاثیر قرار دهد (۱۳،۱۴). هدف از این مطالعه، تعیین حضور ژن های بیوفیلم در ایزوله های اشریشیاکلی

جداسازی و تایید بیوشیمیایی/اشریشیاکلی: نمونه‌ها ابتدا در محیط مک کانکی و آگار خون دار کشت داده شد و در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد به مدت یک شب انکوبه شدند. کلنی اشریشیاکلی در محیط مک کانکی به دلیل تخمیر لاکتوز صورتی رنگ است. بعد از انکوباسیون کلونی‌های لاکتوز مثبت از محیط مک کانکی به محیط EMB منتقل شد و باکتری‌ها توسط آزمون‌های بیوشیمیایی (IMViC) برای شناسایی اشریشیاکلی مورد بررسی قرار گرفت، که در صورت مثبت بودن دو آزمون اول (اندول و متیل رد) و منفی بودن تست (ووژپرسکائر و سترات) تأیید قطعی صورت گرفت (۱۶).

بررسی مقاومت آنتی بیوتیکی باکتری (EAEC): برای انجام آزمایش از روش دیسک دیفیوژن Kirby-Bauer استفاده شد. ابتدا کشت تازه ۲۴ ساعته از باکتری در محیط کشت مولر هینتون آگار تهیه و سپس از کلنی‌های ظاهر شده بر سطح محیط کشت با حل نمودن دو تا سه پرگنه در یک میلی لیتر سرم فیزیولوژی سترون سوسپانسیونی معادل استاندارد نیم مک فارلند ($10^8 \times 1/5$ cfu ml⁻¹) تهیه شد. سپس با کمک سوآپ سترون از هر باکتری بر روی محیط MHA به صورت متراکم کشت داده شد. پس از ۵ دقیقه که رطوبت ناشی از سوسپانسیون باکتری‌ها جذب محیط شد، دیسک‌های آنتی بیوتیک مورد نظر برای هر باکتری به کمک پنس استریل با رعایت فاصله هر دیسک از دیگری و نسبت به لبه پلیت بر روی محیط MHA قرار داده شد. پلیت‌های حاوی باکتری به مدت ۲۴ ساعت در ۳۷ درجه سانتی گراد گرمخانه گذاری شدند. پس از این مدت هاله‌های عدم رشد اندازه گیری و با جدول استاندارد آنتی بیوتیک‌ها بررسی شدند (۱۷، ۱۸).

بررسی تشکیل بیوفیلیم (EAEC) با روش میکروتیتر پلیت: بررسی تشکیل بیوفیلیم (EAEC) با روش میکروتیتر پلیت با استفاده از روش اتصال به کریستال ویوله (Crystal Violet; CV) انجام شد (۲۲). برای بررسی تشکیل بیوفیلیم این باکتری، نخست یک لوپ از کلنی باکتری را به یک لوله حاوی ۵ میلی لیتر لوریا برتانی (LB) تلقیح و این لوله به مدت ۱۸ تا ۲۴

ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد گرماگذاری شد. بعد از گذشت این مدت و فعال شدن باکتری‌ها، ۱ میلی لیتر از سوسپانسیون باکتری برداشته و به لوله آزمایش حاوی ۱۰ میلی لیتر محیط استریل LB تلقیح شد. سپس ۲۰۰ میکرولیتر از محیط ۱۰ میلی لیتری برداشته و داخل چاهک‌های میکروتیتر پلیت ریخته شد. در چاهک شاهد فقط محیط کشت استریل LB قرار داده شد. بعد از تلقیح درب پلیت گذاشته شد و گرماگذاری به مدت ۲۴ ساعت در ۳۷ درجه سانتی گراد صورت گرفت. بعد از گذشت این مدت، محتوی داخل چاهک‌ها خالی شد و شستشوی چاهک‌ها ۳ بار با سرم فیزیولوژی استریل انجام شد. پلیت‌ها به شدت تکان داده شدند تا سلول‌های غیر متصل حذف شوند. سپس ۲۰۰ میکرولیتر اتانول ۹۶ درصد به چاهک‌ها اضافه گردید تا سلول‌ها تثبیت گردند. بعد از گذشت ۱۵ دقیقه، محتویات چاهک‌ها تخلیه شد و در دمای آزمایشگاه سطح پلیت‌ها خشک گردید. سپس هر چاهک را با ۲۰۰ میکرولیتر از کریستال ویوله ۲ درصد (CV) به مدت ۵ دقیقه رنگ شد. بعد از ۵ دقیقه، چاهک‌ها با آب شهری به آرامی شسته شد و با ۲۰۰ میکرولیتر اسید استیک ۳۳ درصد به عنوان حلال پر شدند و بعد از ۱۵ دقیقه انکوباسیون پلیت‌ها در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد جذب نوری چاهک‌های رنگ شده با کریستال ویوله در ۴۹۲ نانومتر توسط دستگاه ELISA plate reader خوانده شد (۱۹).

استخراج DNA و Multiplex-PCR: استخراج DNA طبق دستورالعمل کیت تجاری سیناکلون (EX6011) انجام گرفت. پرایمرهای مورد استفاده در این آزمون در جدول شماره ۱ ذکر شده است. مخلوط ترکیبات مورد استفاده جهت انجام واکنش Multiplex-PCR شامل: آب مقطر ۱۲/۷ میکرولیتر، MgCl₂ 10X. PCR buffer به میزان ۲ میکرولیتر، 1.5 mM به میزان ۰/۵ میکرولیتر، (dNTP mix) 5 Mm به میزان ۰/۵ میکرولیتر، پرایمرهای ۰/۵ μM مورد استفاده هر کدام ۰/۵ میکرولیتر، آنزیم Taq polymerase 2.5 unit به میزان ۰/۳ میکرولیتر، نمونه DNA ۳ میکرولیتر در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر تهیه می‌گردد.

برنامه آزمون *Multiplex-PCR* مرحله واسرشت اولیه ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۱ دقیقه، مرحله واسرشت ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۴۰ ثانیه، مرحله چسبیدن ۵۸ درجه سانتی گراد به مدت ۱ دقیقه، مرحله بسط ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۲ دقیقه (تعداد ۴۰ چرخه)، مرحله بسط نهایی ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۱۰ دقیقه هست. بعد از انجام

آزمون *Multiplex-PCR* در دستگاه ترموسایکلر جهت بررسی محصول نمونه ها بر روی ژل آگارز ۱ درصد انتقال داده شده و با اتیودیوم بروماید رنگ آمیزی و سپس در دستگاه ژل داک مورد بررسی قرار می گیرد. جدول شماره ۱ پرایمرهای مورد استفاده در این مطالعه را نشان می دهد (۲۰).

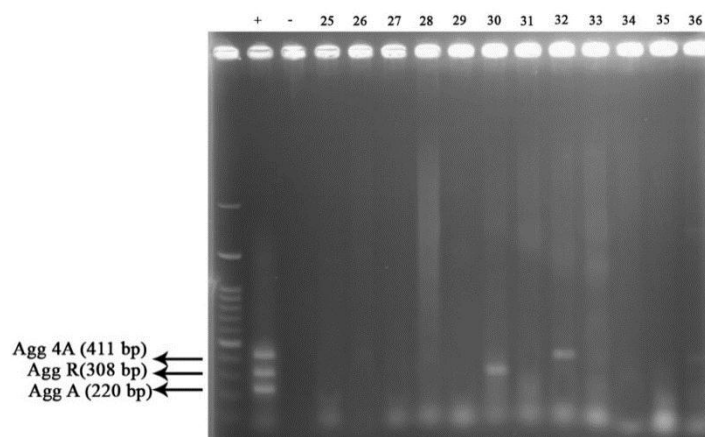
جدول شماره ۱. پرایمرهای مورد استفاده جهت آزمون *Multiplex-PCR* (۲۳).

پرایمر	توالی پرایمر (5'-3')	طول محصول (bp)
aggR-F	ACGCAGAGTTGCCTGATAAAG	۳۰۸
aggR-R	ATACAGAATCGTCAGCATCAGC	۳۰۸
agg4A-F	TCC ATT ATG TCA GGC TGC AA	۴۱۱
agg4A-R	GGC GTT AAC GTC TGA TTT CC	۴۱۱
aggA-F	TCT ATC TRG GGG GGC TAA CGC T	۲۲۰
aggA-R	ACC TGT TCC CCA TAA CCA GAC C	۲۰

یافته های پژوهش

نتایج این مطالعه نشان می دهد که در این منطقه سویه های EAEC یکی از شایع ترین پاتوژن های روده ای محسوب می گردند. در PCR ژن pCVD432 به عنوان معمول ترین هدف جهت شناسایی مولکولی این سویه ها می باشد. سویه های تیپیکال EAEC سویه های تیپیکال EAEC با دارا بودن ژن aggR شیوع بالایی در سویه های ایزوله شده

در این منطقه را نشان داده اند و با توجه به الگوی فاکتورهای ویرولانسی دارای هستروژنی هستند. ژن aggA در ۷ نمونه ۱۱/۶ درصد، agg4A ۹ نمونه ۱۵ درصد، aggR ۵ نمونه ۸ درصد مثبت بودند. هم چنین مشخص شد که ۲۸ درصد سویه های جدا شده حداقل واجد یکی از فاکتورهای حدت aggR، aggA، agg4A بودند.



تصویر شماره ۱. نتایج آزمون *Multiplex PCR* از چپ به راست: چاهک اول *Ladder 100bp*، چاهک دوم: کنترل مثبت باند ۴۱۱ (agg4A) - باند ۳۰۸ (aggR) - باند ۲۲۰ (aggA) - چاهک سوم: کنترل منفی - چاهک چهارم تا پانزدهم شامل نمونه های ۲۵-۳۶ بالینی مثبت

گرفته است فقط ۴۶/۹ درصد این سویه ها با پروب اختصاصی سویه های EAEC واکنش دادند. اگر روش هیبریدزاسیون در این مورد ملاک قرار گیرد میزان شیوع حدود ۱۲ تا ۱۵ درصد خواهد بود که نزدیک به میزان فراوانی سویه های EAEC در این مطالعه می باشد. فراوانی سویه های EAEC در مناطق مختلف جغرافیایی بسیار متفاوت است. به طوری که فراوانی آن در شیلی ۳۳ درصد، هند ۲۰ درصد، برزیل ۶۹ درصد، آلمان ۲ درصد، سوئد ۱۲ درصد، استرالیا ۶/۵ درصد، نیجریه ۳۹ درصد، ژاپن ۳۷/۳ درصد و افریقای جنوبی ۱۹/۶ درصد است که نشان دهنده شیوع کمتر در کشورهای صنعتی نسبت به کشورهای در حال توسعه، می باشد. در این مطالعه ۲۸ درصد سویه های جدا شده حداقل یکی از فاکتورهای ویروالانس *aggA*, *aggR*, *agg4A* را دارا بودند. *aggA* در ۷ نمونه ۱۱/۶ درصد، *agg4A* ۹ نمونه ۱۵ درصد، *aggR* ۵ نمونه ۸ درصد مثبت بودند. از طرفی Jiang و همکاران در بررسی بیماران آمریکایی دارای اسهال مسافرتی مشاهده کردند، در سویه های EAEC جدا شده از این بیماران پس از ژن *aggA* شیوع ژن *aggR* از سایر فاکتورهای ویروالانس بیشتر است. هم چنین مشاهده کردند که سیتوکین های اینترلوکین ۸ و اینترفرون گاما در مدفوع افراد مبتلابه سویه های EAEC دارای رگولون *aggR* بسیار بالاتر از افرادی است که مبتلابه عفونت سویه های EAEC فاقد ژن *aggR* می باشند. به همین جهت پیشنهاد کردند که سویه های EAEC دارای هر دو ژن *aggR* و *aafA* یا هر کدام از این ژن ها به تنهایی سویه های پاتوژن می باشند (۲۳). از ۱۴۰ بیمار مبتلابه اسهال ۱۵ (۱۰/۸ درصد) سویه اشیریشیاکلی دارای ژن *pcVD432* ایزوله گردید. ژن *aggR* در ۱۱ سویه (۷۳/۳ درصد) سویه شناسایی گردید. ژن های *aggA* و *aafA* به ترتیب در ۳ و ۴ ایزوله وجود داشت. ژن *aap* در ۹ سویه و ژن *astA* در ۷ سویه مثبت گزارش گردید. چندین ترکیب مختلف از شاخص های ژنتیکی در بین سویه های EAEC مشاهده شد و مشخص گردید که شایع ترین الگوهای ژنومی *aap-aggR* با ۵۳/۳ درصد و *aafA-aggR* با ۲۶/۷ درصد بودند. Lewis و

همکاران در سال ۲۰۰۵ نقش بیوفیلیم باکتری را در حفاظت از سیستم ایمنی، مورد آزمایش قرار داده و مشخص شد که بیوفیلیم باکتریایی توانایی حفظ ارگانسیم در برابر ماکروفاژ را دارد (۲۴، ۲۵). نوروزی و همکاران در سال ۲۰۱۰ با مقایسه توانایی تشکیل بیوفیلیم در سویه های تولیدکننده *ESBL* و غیر *ESBL* نشان داد که میزان تولید بیوفیلیم در سویه های *ESBL* باکتری اشیریشیاکلی بیشتر بوده که این امر سبب افزایش مقاومت باکتری و در نتیجه افزایش توان بیماریزایی آن می شود (۲۶). در سال ۲۰۰۳ Faurischou و همکاران در تحقیقی که انجام دادند گزارش نمودند که تشکیل بیوفیلیم در موتانت های اشیریشیاکلی به لحاظ دارا بودن پیلی و فلاژل در این سویه ها، این اجزا در تشکیل ابتدایی بیوفیلیم نقش نداشته ولی این ضمایم می توانند در توسعه بیوفیلیم باکتری در موضع کلونیزه شده موثر باشند (۲۷). Ponnusamy در سال ۲۰۱۲ در مطالعه ای که با همکاران انجام دادند گزارش نمودند که ۶۰ درصد نمونه های اشیریشیاکلی مورد بررسی تولید بیوفیلیم نموده و میزان بروز مقاومت آنتی بیوتیک در بین گروه های واجد بیوفیلیم به مراتب بیشتر از گروه غیر بیوفیلیمی می باشد (۲۸). در مطالعه کرمعلی و همکاران، سویه های EAEC دارای ژن *aggR* به تنهایی یا همراه با سایر ژن های کدکننده فاکتورهای ویروالانس ارتباط پیوست های با تشکیل بیوفیلیم داشتند. هم چنین سویه هایی که علاوه بر ژن *aggR* دارای ژن *irp2*، *aap*، *astA* و *pet* هستند، بیوفیلیم بیشتری تولید کردند. با توجه به این مشاهدات این محققین پیشنهاد کردند که تولید بیوفیلیم باعث کلونیزاسیون مداوم این سویه ها در روده انسان می شود. ارتباط نزدیکی با رگولون *aggR* و ژن های تحت تنظیم آن دارد. این مطالعه ژن *agg4A* بیشترین فراوانی را در میان فاکتورهای ویروالانس بررسی شده در سویه های EAEC بررسی شده داشتند. کرمعلی و همکاران با بررسی بر روی اشیریشیاکلی در سال ۲۰۰۴ گزارش نمودند که تولید بیوفیلیم با ژن های *aap*، *aatA*، *aggR*، *astA*، *irp2*، *pet*، *set1A* مرتبط بوده و در نمونه های واجد بیوفیلیم فراوانی این ژن ها بیشتر بوده

نقش دارند. سویه های تیپیکال EAEC با دارا بودن ژن aggR شیوع بالایی در سویه های ایزوله شده در این منطقه نشان داده اند و با توجه به الگوی فاکتورهای ویروالانس دارای هتروژنی هستند (۳۰). از راه های محدود کردن عفونت های این باکتری، تهیه واکسن علیه سویه پاتوژن است.

سپاسگزاری

این مقاله حاصل پایان نامه کارشناسی ارشد می باشد. نویسندگان این مقاله از کارکنان آزمایشگاه میکروبی شناسی دانشگاه آزاد اسلامی واحد سیرجان برای فراهم نمودن شرایط انجام این تحقیق کمال تشکر و قدردانی را می نمایند.

کد اخلاق: IR.IAUS.REC.1397.016

References

1. Mahon CR, Lehman DC, Manuselis G. Textbook of diagnostic microbiology e book. 1th ed. Elsevier Health Sci Publication. 2014;P:186-359.
2. Carroll KC, Butel J, Morse S. Jawetz melnick and adelbergs medical microbiology. 27th ed. Mcgraw Hill Prof Publication. 2015;P: 542-688.
3. Estrada T, Lopez C, Thompson R, Abonce M, Hernandez D, Santos JI, et al. Association of diarrheagenic Escherichia coli pathotypes with infection and diarrhea among Mexican children and association of atypical enteropathogenic E. coli with acute diarrhea. J Clin Microbiol 2009;47:93-8. doi: 10.1128/JCM.01166-08
4. Dupont HL, Garcia MT, Jiang ZD. Escherichia coli diarrhea. Bacter Infec Hum 2009;2: 299-314.
5. Aranda KR, Fabbriotti SH, Fagundes-Neto U, Scaletsky IC. Single multiplex assay to identify simultaneously enteropathogenic enteroaggregative enterotoxigenic enteroinvasive and Shiga toxin-producing Escherichia coli strains in Brazilian children. FEMS Microbiol let2007;267:145-50. doi: 10.1111/j.1574-6968.2006.00580.x
6. Sultandlal D, Sepehri S, Hosseinidahm D. [Determination of Escherichia coli gene diversity from well water in Tehran parks with method]. Pajhwedeh J 2011; 16: 226-33. (persian)

و تشکیل بیوفیلیم تحت کنترل ژن aggR می باشد (۲۹). Maule و همکاران در سال ۲۰۰۰ در بررسی بر روی اشریشیاکلی O157 جدا شده از سطوح عنوان نمود که این باکتری می تواند بر روی سطوح فلزی استیل تا ۶۰ روز زنده مانده و بهترین راه از بین بردن این باکتری ها استفاده از هیپوکلریت سدیم و مواد کاتیونی می باشد (۲۹). TSAI و همکاران در سال ۲۰۰۲ در تحقیق بر روی نمونه پودر ماهی تولید شده در کارخانه ها گزارش نمودند که ۷۰ درصد نمونه ها آلوده به باکتری اشریشیاکلی بوده که نشان دهنده عدم رعایت مسائل بهداشتی، پایین بودن سطح آموزش کارگران و عدم رعایت مسائل فنی تولید که در حفظ و بقای سویه های بیماریزا در کارخانه و سطوح تولیدی

7. Kargar E, Rezaian H, Dalini GH. [Evaluation of the prevalence of strains of E. coli strains from Shiga toxin producers in Shiraz Iran]. Quarter J World Germs2010; 3:40-7. (persian)
8. Adeli F, Zibaii F. [The prevalence of Shigotoxin and Intemin genes in Shigatoxin producing E. coli strains isolated from urinary tract infection in Lorestan province]. J Kashan Uni Med Sci 2013; 17: 188-94. (persian) doi: 10.5812/jjm.17514
9. Davies DG, Parsek MR, Pearson JP, Iglewski BH, Costerton Jt, Greenberg E. The involvement of cell to cell signals in the development of a bacterial biofilm. Science1998;280:295-8.
10. Stewart PS, Costerton JW. Antibiotic resistance of bacteria in biofilms. Lancet2001;358:135-8. doi: 10.1016/S0140-6736(01)05321-1
11. Fraser ME, Fujinaga M, Cherney MM, Melton AR, Twiddy EM, Brien AD, et al. Structure of Shigla toxin type 2 from Escherichia coli O157: H7. J Biol Chem2004;279:27511-7. doi: 10.1074/jbc.M401939200
12. Morgan E, Campbell JD, Rowe SC, Bispham J, Stevens MP, Bowen AJ, et al. Identification of host-specific colonization factors of Salmonella enterica serovar Typhimurium. Mole Microbiol2004;54:994-1010. doi: 10.1111/j.1365-2958.2004.04323.x

13. Kolodkin I, Hazan R, Gaathon A, Carmeli S, Engelberg H. A linear pentapeptide is a quorum-sensing factor required for mazEF mediated cell death in *Escherichia coli*. *Science* 2007;35850:652-5. doi: 10.1126/science.1147248
14. Rizzo PA, Bi Y, Dunn SD, Shilton BH. The second stalk of *Escherichia coli* ATP synthase structure of the isolated dimerization domain. *Biochemistry* 2002;41:6875-84.
15. Strachan NJ, Dunn GM, Ogden ID. Quantitative risk assessment of human infection from *Escherichia coli* O157 associated with recreational use of animal pasture. *Int J Food Microbiol* 2002;75:39-51.
16. Jones RN, Sader HS, Fritsche TR. Comparative activity of doripenem and three other carbapenems tested against Gram-negative bacilli with various β lactamase resistance mechanisms. *Diag Microbiol Infec Dis* 2005;52:71-4. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2004.12.008
17. Serratore P, Zavatta E, Fiocchi E, Serafini E, Serraino A, Giacometti F, et al. Preliminary study on the antimicrobial susceptibility pattern related to the genotype of *Vibrio vulnificus* strains isolated in the north western Adriatic sea coastal area. *Italian J Food Saf* 2017;6:142-7.
18. Stepanovic S, Vukovic D, Dakic I, Savic B, Svabic M. A modified microtiter plate test for quantification of staphylococcal biofilm formation. *J Microbiol Meth* 2000;40:175-9.
19. Nezarieh R, Shakibaie MR, Nave HH, Norouzi A, Salajegheh G, Hayatbakhsh M. Distribution of virulence genes, enterotoxin and biofilm formation among enteroaggregative *Escherichia coli* strains isolated from stools of children with diarrhea in south east Iran. *Arch Pediatric Infec Dis* 2015;3:54-9.
20. Saifi M, Dallal MS, Pourshafie M, Eshraghian M, Pourmand M, Salari M, et al. High level resistance of *Enterococcus faecium* and *E. faecalis* isolates from municipal sewage treatment plants to Gentamicin. *Iranian J Publ Health* 2008;37:103-7.
21. Makled AF, Salem EM, Elbrolosy AM. Biofilm formation and antimicrobial resistance pattern of uropathogenic *E. coli* comparison of phenotypic and molecular methods. *Egyptian J Med Microbiol* 2017;26:231-7. doi: 10.24171/j.phrp.2018.9.5.02
22. ALkhalide EK, Ahmed MM, Abood ZH. Original paper virulence factors genes and phylogenic groups of *Escherichia coli* isolated from high vagina and endocervix of women from Kerbala. *Karbala J Med* 2015; 8:2292-6.
23. Lewis K. Persister cells and the riddle of biofilm survival. *Biochem Moscow* 2005;70:267-74.
24. Brady RA, Leid JG, Camper AK, Costerton JW, Shirtliff ME. Identification of *Staphylococcus aureus* proteins recognized by the antibody mediated immune response to a biofilm infection. *Infec Immun* 2006;74:3415-26. doi: 10.1128/IAI.00392-06
25. Norouzi F, Mansouri S, Moradi M, Razavi M. Comparison of cell surface hydrophobicity and biofilm formation among ESBL and non ESBL producing *Pseudomonas aeruginosa* clinical isolates. *Af J Microbiol Res* 2010;4:1143-7.
26. Fauschou M, Borregaard N. Neutrophil granules and secretory vesicles in inflammation. *Microb Infec* 2003;5:1317-27. doi.org/10.1016/j.micinf.2003.09.008
27. Jiang X, Morgan J, Doyle MP. Fate of *Escherichia coli* O157: H7 in manure amended soil. *Appl Environ Microbiol* 2002;68:2605-9. doi: 10.1128/aem.68.5.2605-2609.2002
28. Ponnusamy P, Natarajan V, Sevanan M. In vitro biofilm formation by uropathogenic *Escherichia coli* and their antimicrobial susceptibility pattern. *Asian Pac J Trop Med* 2012;5:210-3 doi: 10.1016/S1995-7645(12)60026-1.
29. Karmali MA. Prospects for preventing serious systemic toxemic complications of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* infections using Shiga toxin receptor analogues. *J Infec Dis* 2004;189:355-9. doi.org/10.1086/381130
30. Maule A. Survival of verocytotoxigenic *Escherichia coli* O157 in soil water and on surfaces. *J Appl Microbiol* 2000;88:22-8. doi.org/10.1111/1574-6941.12083

Identification of Biofilm Encoding Genes (agg) in the Escherichia coli Isolates by Multiplex-PCR Method

Jafari R¹, Amini K^{2*}, Shogaeisadi B³

(Received: February 6, 2018

Accepted: February 2, 2019)

Abstract

Introduction: Biofilm is a collection of microbial cells that are irreversibly suppressed and mildly washed away. The aggR gene is located on the main plasmid (pAA), which codes for many actuator factors. The pathogen strains of EAEC have an aggR gene, the gene has been identified in six classes of pathogenic E. coli.

Materials & Methods: In the present study, 60 stool samples from children with an average age of 4 to 7 years were collected and after biochemical examinations such as catalase, oxidase, and TSI environment were identified. *Ethics code:* IR.IAUS.REC.1397.016

Finding: The aggA gene was in 7 samples 11.6%, agg4A 9 samples 15%, aggR 5 positive 8%. It was also found that 28% of isolated isolates had at least one of the factors of aggressiveness, aggR, aggA, and agg4A.

Discussion & Conclusions: The typical EAEC strains have a high prevalence of aggR genes in isolates isolated in this region and are heterozygous according to the pattern of virulence factors. By limiting the infections of this bacterium, it is a vaccine against a strain of the pathogen.

Keywords: Escherichia coli, Multiplex-PCR, AggR, AggA, Biofilm

1. Dept of Microbiology, Sirjan Branch, Islamic Azad University, Sirjan, Iran

2. Dept of Microbiology, Saveh Branch, Islamic Azad University, Saveh, Iran

3. Dept of Microbiology, Arak Branch, Islamic Azad University, Arak, Iran

*Corresponding author Email: dr_kumarss_amini@yahoo.com