



Scan online to view this article

Identification of 3 Virulence Factors *kpsMTII*, *iucD*, *usp* in Urinary Tract Infection *E. coli* by Multiplex-PCR

Elham Siasi *, Atefeh Rezaei, Jamileh Nowroozi

Department of Microbiology, Collage of science, North Tehran Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran.

Abstract

Aim and Background: *E. coli* is a normal flora in the human and animal intestinal tract. This bacteria is one of the main cause of the urinary tract infection. The aim of this study was identification and simultaneously presence of 3 virulence factors, *kpsMTII*, *iucD*, *usp* in the genome of urinary tract infection *E. coli* strains.

Materials and Methods: 60 samples of *E. coli*, which caused urinary tract infection, were collected. These bacteria were isolated by biochemical tests and gram staining. Then bacteria genome was extracted by gram-negative bacteria DNA extraction kits. Multiplex-PCR was used for identifying of 3 virulence factors.

Results: In these 60 samples of isolated *E. coli*, the prevalence of virulence genes is as follows: *kpsMTII* 71.66%, *iucD* 88.33%, and *usp* 36.66%. As also, simultaneously presence of 3 virulence factors were observed in 28.33% of samples. There was significant association between prevalence of these three genes and urinary tract infection in studied *E. coli* isolates (Pvalue<0.05).

Conclusion: According to this study results, that was similar to previous researches, could be significant related between prevalence of these three genes in studied urinary tract infection *E. coli* samples.

Key words: *E. coli*, Urinary tract infection, Virulence genes, Multiplex PCR.

Corresponding author:

Department of Microbiology, Collage of science, North Tehran Branch, Islamic Azad University, Tehran,
Email: emi_biotech2006@yahoo.ca



برای مشاهده این مقاله به صورت
آنلاین اسکن کنید

شناسایی همزمان ۳ فاکتور ویروالانس *kpsMTII* و *iucD* و در اشریشیاکلی ایجاد کننده عفونت دستگاه ادراری با روش Multiplex-PCR

الهام سیاسی*، عاطفه رضایی، جمیله نوروزی

گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد تهران شمال، تهران، ایران.

چکیده

سابقه و هدف: باکتری اشریشیاکلی (*E. coli*) فلور طبیعی در روده طبیعی انسان و حیوانات است. این باکتری یکی از عوامل اصلی عفونت ادراری است. هدف از این مطالعه شناسایی و بررسی حضور همزمان ۳ فاکتور بیماری‌زای *kpsMTII*، *iucD* و *usp* در ژنوم سویه‌های باکتری اشریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری بود.

مواد و روش‌ها: ۶۰ نمونه باکتری اشریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری جمع‌آوری گردید. باکتری‌های مورد نظر با تست‌های بیوشیمیایی و رنگ‌آمیزی گرم شناسایی شدند. ژنوم باکتری از طریق کیت‌های جداسازی DNA باکتری گرم منفی جداسازی شد. سپس برای حضور همزمان ۳ عامل بیماری‌زایی مورد نظر از روش Multiplex-PCR استفاده شد.

یافته‌ها: در این ۶۰ نمونه باکتری اشریشیاکلی جداسازی شده، حضور ژن‌های بیماری‌زا، *kpsMTII* ۷۱/۶۶ درصد، *iucD* ۸۸/۳۳ درصد، *usp* ۳۶/۶۶ درصد بود و هم‌چنین حضور همزمان ۳ فاکتور در ۲۸/۳۳ درصد نمونه‌ها مشاهده شد. بین فراوانی حضور این سه ژن با ایجاد عفونت ادراری در نمونه‌های اشریشیاکلی مورد بررسی ارتباط معنی‌داری وجود داشت ($P\text{value} < 0.05$).

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج این تحقیق، مشابه با مطالعه‌های پیشین، بین حضور این سه ژن بیماری‌زا در نمونه‌های مورد مطالعه از باکتری اشریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری می‌تواند ارتباط معنی‌دار وجود داشته باشد.

واژه‌های کلیدی: اشریشیاکلی، عفونت ادراری، ژن‌های بیماری‌زا، Multiplex PCR.

مقدمه

باکتری اشریشیاکلی (*E. coli*)، نوعی باسیل گرم منفی از خانواده انتروباکتریاسه است. باکتری اشریشیاکلی به‌صورت

طبیعی و هم‌زیست در دستگاه گوارش انسان و حیوانات زندگی می‌کند (۱). انواع گونه‌های مختلف این باکتری موجب بروز بیماری در انسان و حیوانات از طریق ایجاد عفونت یا ترشح سموم می‌شوند. کودکان، افراد مسن و افرادی که به بیماری‌های مزمن مبتلا هستند، نسبت به عفونت ناشی از این باکتری حساس‌تر بوده و علائم عفونت با شدت بیشتری در آن‌ها بروز می‌کند (۲). گاهی باکتری اشریشیاکلی از دستگاه گوارش انسان، تغییر مکان می‌دهد و به دستگاه ادراری و مجاری ادراری وارد می‌شود، باعث ایجاد عفونت ادراری می‌شود (۳). عفونت دستگاه ادراری یک عفونت باکتریایی است

نویسنده مسئول:

گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد تهران شمال، تهران، ایران.

پست الکترونیکی: emi_biotech2006@yahoo.ca

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۰۶/۱۰

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۰۹/۱۰

دارد. گاهی اوقات عفونت ادراری همراه با پروتئینوری است. عامل *usp* عامل ایجاد پروتئینوری است (۱۳، ۱۲). باکتری /شریشیاکلی که عامل عفونت مجاری ادراری و بخش عمده‌ای از عفونت ادراری بیمارستانی محسوب می‌شود به این ۳ عامل بیماری‌زا *kpsMTII*، *iucD*، *usp* برای کلونیزاسیون و شدت بیماری‌زایی نیاز دارد. بنابراین این مطالعه به شناسایی و حضور هم‌زمان این ۳ عامل بیماری‌زا در نمونه‌های /شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری، که می‌تواند در شدت و گسترش این بیماری مؤثر باشد، پرداخته است.

مواد و روش‌ها

جمع‌آوری نمونه - نمونه‌گیری و جمع‌آوری نمونه‌های ادراری، از شهر تهران طی ۵ ماه در تابستان و پائیز ۱۳۹۷ از دو آزمایشگاه تشخیص طبی ایرانا و اکسیر انجام شد. نمونه‌ها از افراد دارای عفونت ادراری که به تشخیص پزشک و مسئول آزمایشگاه دارای علائم عفونت ادراری بودند تهیه شد و پس از شناسایی باکتری ایجاد کننده عفونت ادراری در نمونه‌های مورد بررسی، ۶۰ نمونه که با باکتری /شریشیاکلی آلوده بودند، جداسازی شدند.

جداسازی و شناسایی ایزوله‌های /شریشیاکلی از نمونه‌های ادراری - جهت تأیید آلوده بودن نمونه‌های افراد مبتلا به عفونت ادراری به /شریشیاکلی نمونه‌های ادراری بر روی محیط کشت بلاد آگار (Blood Agar) (شرکت مرک آلمان) و ائوزین متیلن بلو (Eosin Methylene Blue Agar) (شرکت مرک آلمان) کشت داده شدند و به مدت ۲۴ ساعت در ۳۷ درجه سانتی‌گراد انکوبه شدند. پس از کشت ادراری، رنگ‌آمیزی گرم برای تفکیک باکتری‌های گرم منفی از باکتری‌های گرم مثبت و جداسازی نمونه باکتری گرم منفی موردنظر استفاده شد. سپس برای شناسایی باکتری /شریشیاکلی از سایر باکتری‌های گرم منفی کشت در محیط‌های کشت افتراقی (شرکت مرک آلمان) شامل: اندول، مک کانکی، ائوزین متیلین بلو، سیمون سترات، اوره‌از، MR-VP، SIM، TSI، تخمیر قند، اسکولین براث و تست ی اکسیداز و کاتالاز استفاده شد. محیط‌های کشت برای ایجاد کلنی باکتری‌ها به مدت ۲۴

که دستگاه ادراری را تحت تأثیر قرار می‌دهد. باکتری /شریشیاکلی مهم‌ترین عامل عفونت ادراری است (۴). عفونت ادراری در میان خانم‌ها به دلیل آناتومی خاص دستگاه ادراری، بسیار شایع‌تر از آقایان است و عود عفونت بسیار معمول است. شدت عفونت بستگی به باکتری عامل عفونت (مرتبط با فاکتورهای بیماری‌زای آن) و حساسیت میزبان دارد (۵، ۶). سویه‌های باکتری /شریشیاکلی انواع مختلفی از عوامل بیماری‌زایی از جمله سیستم چسبندگی (چسبنده‌ها)، توکسین‌ها، سیستم‌های اکتساب آهن، آلفا همولیزین، فاکتور نکروزدهنده سایتوتوکسیک را دارا هستند. این عوامل می‌توانند به ترویج ویرولانسی و بیماری‌زایی باکتری /شریشیاکلی کمک کنند. از سیستم چسبندگی یا همان آدهسین‌ها می‌توان به فیمبریه تیپ ۱ اشاره کرد. از سیستم‌های اکتساب آهن سیدروفورها هستند. سیدروفورها به دو گروه، انتروباکترین و آئروباکترین تقسیم می‌شوند. هم‌چنین به تولید توکسین‌هایی مانند آلفا همولیزین و سایتوتوکسیک نکروزدهنده می‌توان اشاره کرد (۹ - ۷). کپسول باکتری /شریشیاکلی در بیماری‌زایی باکتری نقش دارد. کپسول باکتری باعث چسبیدن باکتری و اتصال باکتری به بافت سلول میزبان می‌شود (۱۰). فاکتور *kpsMTII* کپسول باکتری است، که مقاومت باکتری را در برابر آنتی-بیوتیک‌ها زیاد می‌کند (۱۱). کپسول باعث چسبیدن باکتری و اتصال باکتری به سلول میزبان می‌شود و هم‌چنین باعث مقاومت باکتری در برابر استرس‌ها محیطی می‌شود. پس این عامل در ایجاد عفونت و کلونیزاسیون باکتری نقش دارد (۱۲). از دیگر خصوصیت‌های باکتری /شریشیاکلی برای ایجاد عفونت ادراری سیستم اکتساب آهن است که باکتری با کمک سیدروفورها آهن را جذب می‌کند (۱۳). فاکتور *iucD* سیدروفور یا آهن بر است که از دسته آئروباکترین‌ها است. آهن را از محیط‌های فقیر مانند مجاری ادراری جذب می‌کند و در اختیار باکتری قرار می‌دهد. این مکانیسم نوعی مکانیسم دفاعی برای باکتری محسوب می‌شود. عامل *iucD* در گروه B2، از گروه‌های ژن‌های بیماری‌زایی قرار دارد. این عامل در کلونیزاسیون باکتری نقش دارد (۱۲، ۱۳). عامل *usp* همان ژن کد کننده Uropathogenic Specific Protein است. یک نوع پروتئین اختصاصی بیماری‌زایی باکتری /شریشیاکلی است. عامل *usp* در شدت بیماری‌زایی و عفونت باکتری نقش

ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد انکوبه شدند و سپس نتایج بررسی شد.

شناسایی ژن های ویروالانس *kpsMTII* و *usp* در ایزوله های /شریشیاکلی با استفاده از تکنیک Multiplex PCR

استخراج DNA باکتری - استخراج ژنوم نمونه های باکتری اشریشیاکلی با استفاده از کیت های استخراج DNA باکتری گرم منفی (شرکت سینا کلون با نام CinnaPur-DNA CAT NO: PR881612) انجام شد. کیفیت و کمیت DNA استخراج شده با الکتروفورز بر روی آگارز و استفاده از دستگاه نانودراپ کنترل گردید. به این ترتیب که ۳ میکرولیتر از DNA بر روی ژل آگارز الکتروفورز شد. همچنین به منظور آگاهی از غلظت DNA و درجه خلوص آن، ۱ میکرولیتر از DNA استخراج شده در دستگاه نانودراپ قرار داده شد و نسبت جذب نوری آن در طول موج های ۲۶۰ به ۲۸۰ خوانده شد.

واکنش Multiplex PCR - پس از استخراج DNA از نمونه های باکتری های شناسایی شده برای بررسی حضور همزمان ژن های *kpsMTII* و *usp* از روش Multiplex-PCR استفاده شد. در این تکنیک از ۳ جفت پرایمر اختصاصی در یک محلول PCR برای تکثیر ۳ توالی هدف (۳ ژن

kpsMTII و *usp*) به طور همزمان استفاده شد. زیرا در Multiplex-PCR یا PCR چندتایی چندین جفت پرایمر همزمان مورد نیاز است. پرایمرها (تهیه شده از شرکت تکاپوزیست) و مواد (تهیه شده از شرکت ویرا ژن) و برنامه مورد نیاز برای دستگاه PCR که در این مطالعه مورد استفاده قرار گرفته اند به ترتیب در جداول ۱ و ۲ و ۳ آورده شده اند. پس از انجام واکنش PCR برای بررسی تشکیل باندهای مربوط به این ۳ عامل بیماری زا *kpsMTII* و *usp* محصول های PCR بر روی ژل آگارز الکتروفورز شدند و از نمونه فاقد DNA (دارای آب مقطر) به عنوان کنترل منفی و برای کنترل مثبت از سویه استاندارد *E. coli ATC25923*، در کنار چاهک های نمونه های مورد آزمون استفاده شد. سپس رنگ آمیزی با رنگ اتیدیوم برامید و عکس برداری با دستگاه ژل داگ انجام گرفت.

آنالیز آماری - برای تجزیه تحلیل درصد حضور ۳ فاکتور بیمارزا در ۶۰ نمونه باکتری جداسازی شده آنالیز آماری با نرم افزار SPSS ورژن ۲۴ (تست کای اسکور) انجام شد و میزان $Pvalue < 0.05$ معنی دار در نظر گرفته شد.

جدول ۱- پرایمرهای مورد استفاده در این پژوهش

نام ژن	توالی پرایمر 5'-3'	طول محصول PCR	رفرنس مورد استفاده
<i>iucD</i>	F- TACCGGATTGTCATATGCAGACCGT R- AATATCTTCCTCCAGTCCGGAGAAG	۶۰۲ bp	۱۲
<i>usP</i>	F- ATGCTACTGTTTCCGGGTAGTGTGT R- CATCATGTAGTCGGGGCGTAACAAT	۱۰۰۰ bp	۱۲
<i>kpsMTII</i>	F- GCGCATTTGCTGATACTGTTG R- CATCAGACGATAAGCATGAGCA	۲۷۲ bp	۱۲

جدول ۲- مقادیر مورد استفاده جهت واکنش Multiplex-PCR در حجم نهایی ۲۰ μl

مقدار بر حسب میکرولیتر (μl)	مواد برای واکنش PCR
۵	Master mix 2X
۴	DNA نمونه (۱۰۰ نانوگرم)
۳	پرایمر چپ (۱۰ پیکومول)
۳	پرایمر راست (۱۰ پیکومول)
۵	آب مقطر
مقدار بر حسب میکرولیتر (μl)	مواد موجود در Master mix
۰/۵	Taq polymerase
۱	dNTP (۲۰۰ μM)
۲/۵	بافر
۱	MgCl ₂ (۱ mM)

جدول ۳- برنامه تنظیم درجه حرارت و زمان برای انجام مراحل واکنش Multiplex-PCR

شماره مرحله	نام مرحله	دما (درجه سانتیگراد)	زمان
۱	واش رشت شدن اولیه	۹۵	۳ دقیقه
۲	واش رشت شدن	۹۵	۳۰ ثانیه
۳	دمای اتصال	۵۵	۳۰ ثانیه
۴	طویل شدن	۷۲	۴۰ ثانیه
۵	طویل شدن انتهایی	۷۲	۱۰ دقیقه

* مراحل ۲ تا ۴ در ۳۵ سیکل تکرار شدند.

یافته‌ها

بررسی توزیع فراوانی /شریشیاکلی در جمعیت مورد

مطالعه - نمونه‌های جداسازی شده مربوط به ۴ مرد زیر ۴۰ سال، ۵ مرد بالای ۴۰ سال، ۱۷ زن زیر ۳۰ سال، ۲۲ زن ۳۰ تا ۵۰ ساله، ۱۲ زن بالای ۵۰ سال بود. در مجموع نمونه‌های شریشیاکلی از عفونت ادراری در ۹ مرد (۱۵٪) و ۵۱ زن (۸۵٪) شناسایی شد (نمودار ۱ و ۲).

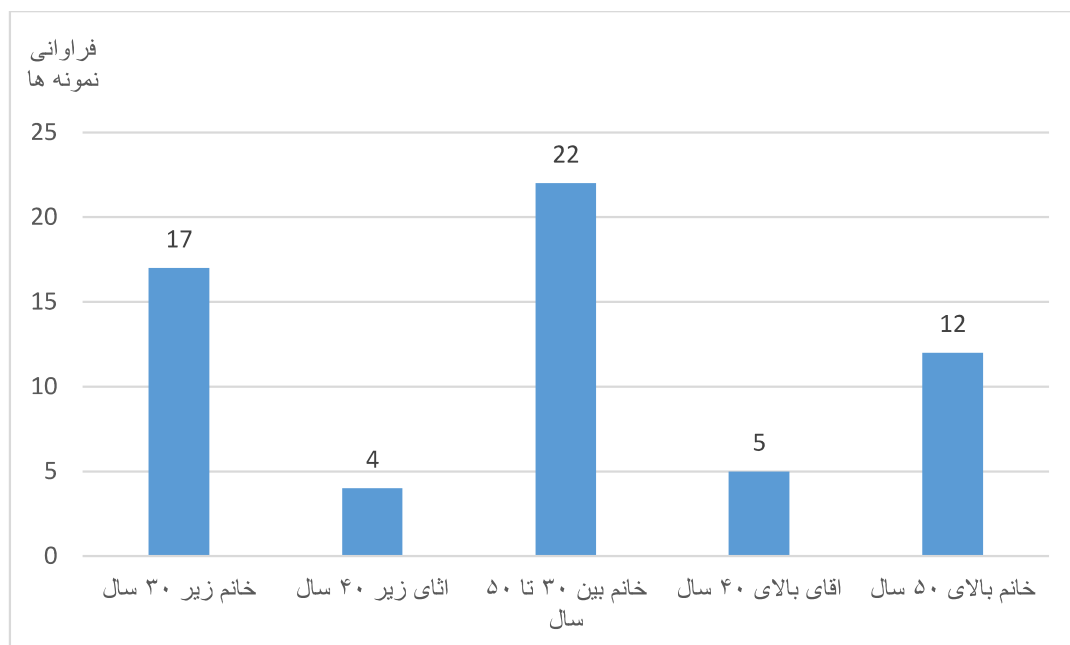
نتایج شناسایی ایزوله‌های /شریشیاکلی از نمونه‌های

ادرار با کشت و تست‌های بیوشیمیایی - با نتایج حاصل از

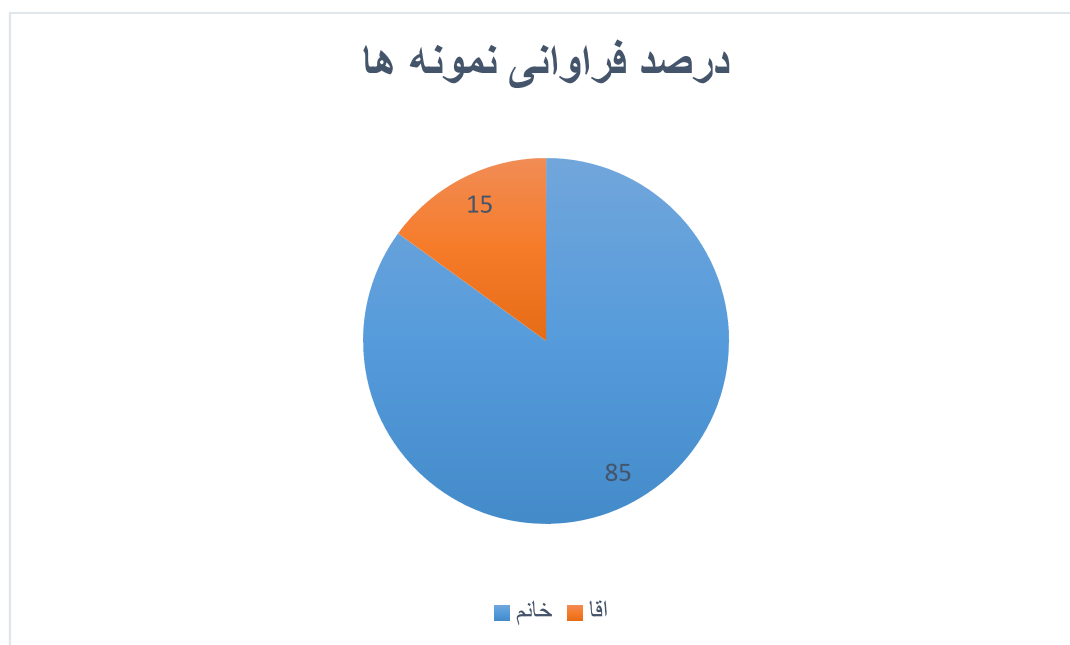
رنگ‌آمیزی گرم، کشت و تست‌های افتراقی حضور باکتری گرم منفی /شریشیاکلی در ۶۰ نمونه از نمونه‌های عفونت ادراری تأیید شد.

نتایج مشاهده باندهای محصول‌های PCR بر روی ژل

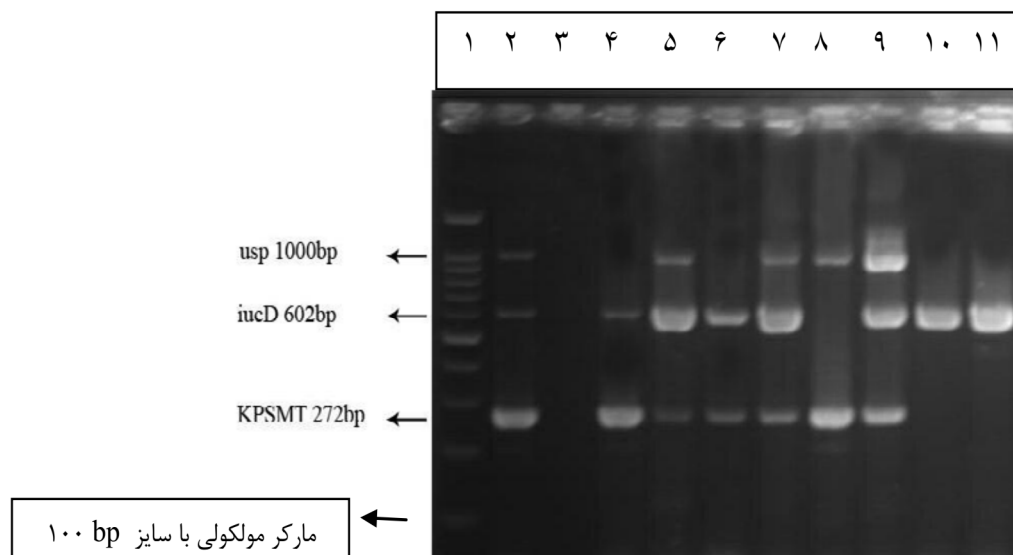
الکتروفورز- باندهای مربوط به حضور هر یک از ژن‌های *iucD*، *kpsMTH* و *usp* به ترتیب با طول ۲۷۲ bp، ۶۰۲ bp و ۱۰۰۰ bp در کنار مارکر مولکولی با سایز ۱۰۰ bp و نمونه‌های کنترل مثبت و کنترل منفی در شکل ۱ آورده شده است.



نمودار ۱- تفکیک جنسی و سنی نمونه های مورد بررسی در این پژوهش



نمودار ۲- درصد نمونه های مورد بررسی بر اساس جنسیت

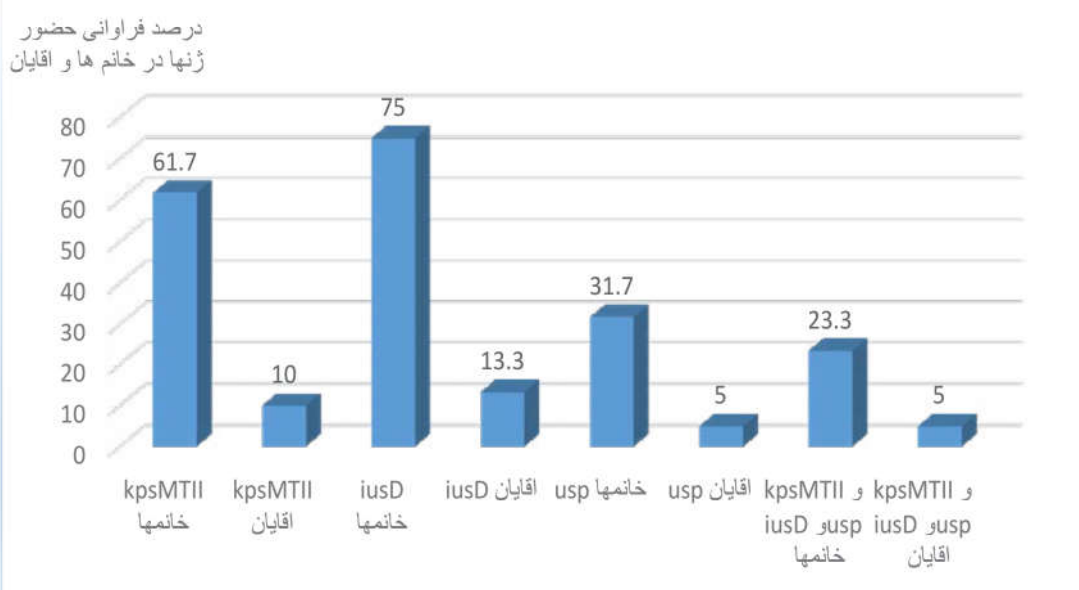


شکل ۱- نتایج Multiplex PCR برای هر یک از ژن های *kpsMTII*، *iucD* و *usp*.

شماره ۱: مارکر مولکولی (۱۰۰bp)؛ خانه شماره ۲: کنترل مثبت سویه استاندارد E. coli ATC25923؛ خانه شماره ۳: کنترل منفی آب مقطر؛ خانه های ۴ و ۶: نمونه های دارای حضور ژن *iucD* (۶۰۲bp)، *kpsMTII* (۲۷۲bp)، خانه های شماره ۵ و ۷ و ۹: نمونه های دارای حضور ژن *usp* (۱۰۰۰bp)، *iucD* (۶۰۲bp)، *kpsMTII* (۲۷۲bp)، خانه شماره ۱۰: نمونه های دارای حضور ژن *iucD* (۶۰۲bp)، *kpsMTII* (۲۷۲bp)، *usp* (۱۰۰۰bp)، خانه های شماره ۱۱ و ۱۰: نمونه های دارای حضور ژن *iucD* (۶۰۲bp).

جدول ۴- درصد فراوانی حضور هر یک از ژن و Pvalue ی آن در ۶۰ نمونه مورد مطالعه

نام ژن	حضور هر ژن	درصد فراوانی هر ژن	حضور همزمان ۳ ژن	Pvalue بین فراوانی حضور ۳ ژن
<i>kpsMTII</i>	۴۳	۷۱٫۷		P= 0.00
<i>iucD</i>	۵۳	۸۸٫۳	۲۸/۳۳	
<i>usp</i>	۲۲	۳۶٫۷		



نمودار ۳- درصد فراوانی حضور ژن های *kpsMTII*، *iucD* و *usp* در نمونه های مورد مطالعه به تفکیک جنس افراد

نتیجه تجزیه و تحلیل داده‌ها - درصد فراوانی ژن‌های *iucD kpsMTII* و *usp* و ارتباط حضور سه ژن در ۶۰ نمونه باکتری‌های مورد مطالعه در جدول ۴ و نمودار ۳ آورده شده است.

با توجه به جداول آنالیز آماری مربوطه، چنین نتیجه می‌شود که بین فراوانی حضور سه ژن *iucD kpsMTII* و *usp* در ۶۰ نمونه باکتری/شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری اختلاف معنی‌دار وجود دارد ($Pvalue < 0.05$ به دست آمده است). به عبارتی دیگر بین درصد فراوانی حضور هر یک از این سه ژن در نمونه‌های مورد مطالعه در این تحقیق تفاوت وجود داشته است و این سه ژن (در مقایسه با هم‌زمانی حضور هر سه ژن با هم) با فراوانی‌های متفاوت می‌توانند در باکتری/شریشیاکلی عامل عفونت ادراری وجود داشته باشند. هم‌چنین این سه ژن با توجه به فراوانی بیش‌تر نمونه‌ها از جنس مؤنث، در خانم‌ها با درصد بالاتری حضور داشتند که نتایج درصد فراوانی حضور آن‌ها به تفکیک جنسیت در نمودار ۳ نشان داده شده است.

بحث

باکتری/شریشیاکلی که در بیش از ۸۰ درصد موارد عفونت دستگاه ادراری به عنوان باکتری بیماری‌زا است با حضور ژن‌های پاتوژن مختلف که با توانایی بیماری‌زایی باکتری ارتباط دارد، همراه است (۱۴، ۱۵) هم‌چنین جهت افزایش سرعت و دقت تشخیص و کنترل پیشرفت عفونت در میزبان و درمان مناسب، شناخت خصوصیت‌های بیماری‌زایی ارگانیسم مهاجم، از جمله حضور ژن‌های پاتوژن در عامل عفونت، ضروری است. بنابراین در این مطالعه شناسایی هم‌زمان ۳ ژن بیماری‌زایی *iucD kpsMTII* و *usp* در باکتری/شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری با روش Multiplex-PCR انجام گرفته است و نتایج این تحقیق نشان داد این ۳ فاکتور، در ۲۸/۳۳ درصد نمونه‌ها حضور هم‌زمان داشتند. هم‌چنین بین فراوانی حضور این سه ژن در نمونه‌های/شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری مورد مطالعه، ارتباط معنی‌داری وجود داشت. لذا بر اساس نتایج این پژوهش و مطالعه‌هاب مشابه که در این خصوص انجام گرفته است بین حضور این ژن‌های بیماری‌زا در باکتری/شریشیاکلی

و کلونیزاسیون و گسترش عفونت توسط این باکتری در ایجاد عفونت ادراری می‌تواند ارتباط وجود داشته باشد (۱۴، ۱۵، ۲۰، ۲۲). برای تأیید وجود این ارتباط با حضور ژن‌های بیماری‌زا در باکتری/شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری، بررسی و مقایسه‌ای بین نتایج مطالعه‌های پیشین و نتایج تحقیق حاضر، انجام گرفته است.

Bauer و همکارانش در سال ۲۰۰۲ در مورد شناسایی و اپیدمیولوژی ۳ ژن بیماری‌زا *usp*، *iha* و *iron* در باکتری/شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری تحقیق کردند. نتایج آن‌ها نشان داد عامل *usp* پروتئین اختصاصی بیماری‌زا است و نقش مهمی در ایجاد عفونت ادراری دارد. عامل *iha* نوعی چسبنده و ادهسین است. عامل *iron* سیستم اکتساب آهن در باکتری است که سبب جذب آهن از محیط و عفونت‌زایی باکتری می‌شود. آئروباکترین‌ها و سیدروفورها نیز آهن‌بر هستند. *iron* عامل به دست آوردن سیدروفور، آئروباکترین است و به عنوان گیرنده سیدروفور کاتکولات عمل می‌کند (۱۶). در این پژوهش نیز علاوه بر عامل *usp*، عوامل *kpsMTII* و *iucD* که ژن‌های پاتوژن بوده و در کلونیزاسیون و بیماری‌زایی باکتری می‌توانند نقش داشته باشند، به طور هم‌زمان با روش Multiplex-PCR مورد شناسایی قرار گرفتند Kanamaru و همکارانش در سال ۲۰۰۳ بر روی عوامل ویروالانس *kpsMT*، *ompT*، *iha*، *iron*، *usp*، در باکتری/شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری با روش PCR تحقیق کردند. نتایج آن‌ها نشان داد *kpsMTII* نوعی کپسول باکتریایی است و سبب مقاومت باکتری می‌شود. هم‌چنین باعث کلونیزاسیون باکتری نیز می‌شود. *iron* سیستم اکتساب آهن باکتری را کنترل نموده و باعث می‌شود باکتری آهن را از محیط جذب کند و عفونت‌زا گردد. *usp* پروتئین اختصاصی بیماری‌زایی است. *ompT* پروتئین غشای خارجی است و نوعی آنزیم برای باکتری محسوب می‌شود. *Iha* نوعی چسبنده و ادهسین است و چسبنده دیگر، *fimH* نیز وجود دارد. آن‌ها بیش‌ترین فراوانی را برای ژن *ompT* و کم‌ترین فراوانی را مربوط به ژن *iron* گزارش نمودند. بنابراین تمامی این ژن‌ها می‌توانند در بیماری‌زایی باکتری مؤثر باشند (۱۷). در این تحقیق نیز حضور سه ژن مؤثر در بیماری‌زایی، شامل *kpsMTII*، *iucD* و *usp*

در نمونه‌های باکتری /شریشیاکلی مورد بررسی قرار گرفته است و در مقایسه با بررسی حضور تک تک ژن‌ها در مطالعه Kanamaru, حضور هم‌زمان این ژن‌ها با روش Multiplex PCR مطالعه شد و وجود اختلاف معنی‌دار، بین حضور این سه ژن مطالعه شده، مشاهده شد که می‌تواند گویای فراوانی مستقل از هم، این عوامل در باکتری مورد مطالعه باشد Arisoy. و همکارانش در سال ۲۰۰۶ تحقیقی را در مورد عوامل بیماری‌زایی باکتری /شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری در کودکان توسط Multiplex-PCR انجام دادند. نتایج آن‌ها مشخص نمود فاکتورهای *iroN*, *iucD*, *fimH* شایع‌ترین ژن‌های بیماری‌زای باکتری /شریشیاکلی هستند که می‌توانند هم‌زمان حضور داشته باشند (۱۴). در این تحقیق نیز که همانند تحقیق آنان با روش Multiplex PCR در خصوص هم‌زمانی حضور سه عامل بیماری‌زا *kpsMTII*, *iucD* و *usp* انجام گرفت، مشاهده شد که در نمونه‌های باکتری /شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری، عوامل بیماری‌زای، *kpsMTII*, *iucD* و *usp* با فراوانی‌های متفاوت به‌ترتیب در ۷۱/۷ درصد، ۸۸/۳ درصد و ۳۶/۷ درصد نمونه‌ها، حضور داشتند و بین حضور این ژن‌ها در نمونه‌های مورد مطالعه ارتباط معنی‌دار وجود داشت. Oliveria و همکارانش در سال ۲۰۱۱ در برزیل در مورد عوامل بیماری‌زا و مقاومت آنتی-بیوتیکی باکتری /شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری با روش مولکولی PCR تحقیقی را انجام دادند. نتایج آن‌ها مشخص نمود، هر یک از ژن‌هایی که پاتوژن هستند شامل، کپسول باکتری (*kpsMTII*)، که چسبنده یا ادهسین‌های (فیمبریه تیپ ۱) هستند، سیستم اکتساب آهن یا سیدروفورها (*iucD*)، پروتئین‌های اختصاصی بیماری‌زایی (*usp*)، آلفا همولیزین، توکسین‌ها (اندوتوکسین) و فاکتور نکروزدهنده سایتوتوکسیک، می‌توانند باعث شدت بیماری‌زایی و ایجاد عفونت در بیماران شوند (۱۸). در این تحقیق نیز که با روش مولکولی Multiplex-PCR در خصوص سه ژن بیماری‌زای *kpsMTII*, *iucD* و *usp* انجام گرفت در نمونه‌های باکتری /شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری، سه عامل ایجاد عفونت مشابه عوامل مورد بررسی در تحقیق Oliveria بررسی شدند و نتایج این پژوهش نشان داد که سه ژن مذکور می‌توانند در ۲۸/۳۳ درصد موارد هم‌زمان حضور داشته باشند و

بین حضور این عوامل در باکتری‌هایی که در ایجاد عفونت ادراری نقش داشتند ارتباط وجود دارد و در نتیجه این عوامل هم می‌توانند به‌طور هم‌زمان و هم به‌صورت جداگانه در ایجاد عفونت مؤثر باشند. Cunha و همکاران در سال ۲۰۱۷ پژوهشی را بر روی عوامل بیماری‌زای سویه‌های باکتری /شریشیاکلی خارج روده‌ای که سبب عفونت ادراری می‌شوند با روش مالتی لوکوس سکونسیینگ انجام دادند. آنان مشخص نمودند برخی عوامل بیماری‌زا با درصد بالا و برخی ژن‌ها با میزان فراوانی کمتر در نمونه‌های ایجاد کننده عفونت ادراری حضور دارند. از عواملی که فراوانی بیش‌تری داشتند می‌توان ژن‌های *pap* (۸۵٪)، *sfa* (۱۰۰٪)، *usp* (۱۰۰٪)، *cnsfl* (۲۲٪)، *kpsMTII* (۶۶٪)، *hlyA* (۵۲٪) را نام برد و از ژن‌های با حضور کمتر می‌توان به ژن‌های *tsh*, *ompT* و *hlyF* هر یک با فراوانی ۸٪ و ژن‌های *cvi/cva* با فراوانی صفر اشاره نمود (۱۹). در تحقیق حاضر نیز که با روش Multiplex PCR انجام شد، حضور دو ژن *kpsMTII* و *iucD* همانند عوامل مورد بررسی در تحقیق Cunha، با میزان فراوانی بالا به‌ترتیب در ۷۱/۷ درصد و ۸۸/۳ درصد نمونه‌ها مشاهده شد ولی ژن *usp* با فراوانی کمتر نسبت به تحقیق Cunha در ۳۶/۷ درصد نمونه‌ها گزارش شده است که می‌تواند ناشی از تفاوت در نوع و تعداد جمعیت نمونه‌های مورد مطالعه و روش کار انجام گرفته باشد. در تحقیقی که Darko و همکارانش در سال ۲۰۱۳ در خصوص عوامل ویروالانس باکتری /شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری، با روش PCR انجام دادند مشخص شد که عامل *usp* که یک پروتئین اختصاصی در عفونت ادراری و همولوگ ژن توکسین ویبریوکرا است، با بیش‌ترین فراوانی (۷۲/۴۸ درصد) در ۱۴۹ جدایه باکتریایی حضور دارد. هم‌چنین در آن تحقیق حضور عامل *papC* که یک فیمبریای چسبنده به سلول‌های اپیتلیال ادراری است، نیز شناسایی شد و بین حضور این دو عامل در نمونه‌های مورد مطالعه ارتباط معنی‌داری یافته شد (۲۰). در مطالعه حاضر که با روش متفاوت از روش آن‌ها (Multiplex PCR) انجام گرفته است، حضور ژن *usp* با میزان فراوانی ۳۶/۷ درصد در نمونه‌های مورد بررسی مشاهده شد. هم‌چنین نتایج نشان داد که بین حضور هم‌زمان سه عامل بیماری‌زا *kpsMTII*, *iucD* و *usp* در باکتری‌های /شریشیاکلی ایجاد کننده عفونت ادراری

در نمونه‌های مورد بررسی ارتباط معنی‌داری وجود دارد. Momtaz و همکاران در سال ۲۰۱۳ تحقیقی را بر روی عوامل بیماری‌زا و فاکتورهای مقاومت به دارو در سویه‌های باکتری /شریشیکلی ایجاد کننده عفونت ادراری، با روش PCR انجام دادند. نتایج تحقیق آن‌ها نشان داد که ژن بیماری‌زای *fim* با بیش‌ترین فراوانی و ژن *usp* با کم‌ترین فراوانی از بیماران با عفونت ادراری جداسازی شد. بررسی آنان بر روی ۱۲۳ نمونه باکتریایی و شناسایی چندین فاکتور بیماری‌زا و ژن‌های مقاومت به آنتی‌بیوتیک صورت گرفته است و بر روی سروتایپ‌های جدا شده از بیماران ایرانی مطالعه را انجام داده‌اند (۲۱). در تحقیق حاضر که جداسازی هم‌زمان ۳ ژن بیماری‌زای *iucD*، *kpsMTII* و *usp* با روش Multiplex PCR مشابه تحقیق Momtaz در جامعه بیماران ایرانی انجام شده، درصد حضور هم‌زمان ۳ ژن ۲۸/۳۳٪ و درصد حضور ژن *usp* با فراوانی کم‌تر نسبت به دو ژن دیگر در ۳۶/۷ درصد نمونه‌ها گزارش شد که از این نظر مشابه با نتایج مطالعه Momtaz بوده است ولی از نظر روش کار و تعداد و جمعیت نمونه‌ها دو مطالعه با هم تفاوت دارند. Mohammadi و همکاران در سال ۲۰۱۷ به منظور شناسایی ژن‌های بیماری‌زایی در سویه‌های باکتری /شریشیکلی ایجاد کننده عفونت ادراری، به روش Multiplex-PCR تحقیقی را انجام دادند. در آن مطالعه به منظور شناسایی ژن‌های *ompT* و *iroN iha* جدایه‌هایی از نمونه‌های بالینی تعداد ۲۰۰ نمونه ادرار جمع آوری گردید. نتایج آنان نشان داد ۱۰۰ درصد نمونه دارای ۱، ۲ یا هر ۳ ژن بیماری‌زایی به صورت هم‌زمان هستند. در تحقیق آنان بیش‌ترین فراوانی مربوط به ژن *iha* با ۵۶/۷ درصد و کم‌ترین فراوانی مربوط به ژن *iroN* به میزان ۲۰ درصد گزارش شد (۲۲). در این تحقیق که مشابه تحقیق Mohammadi با روش Multiplex PCR در نمونه‌های باکتری /شریشیکلی ایجاد کننده عفونت ادراری انجام شده است، حضور هم‌زمان ۳ عوامل بیماری‌زای *iucD*، *kpsMTII* و *usp* در ۲۸/۳۳ درصد مشاهده شد. هم‌چنین بین حضور این عوامل بیماری‌زا در نمونه‌های باکتری /شریشیکلی ایجاد کننده عفونت ادراری مورد بررسی، اختلاف معنی‌داری وجود داشت که می‌تواند گویای نقش مستقل هر یک از ژن‌ها در بیماری‌زایی باکتری باشد.

بنابراین با مقایسه تحقیق حاضر و تحقیقات گذشته در این زمینه، تشابهات و تفاوت‌هایی مشاهده می‌شود که در توجیه تفاوت‌های موجود می‌توان به تفاوت اقلیم و مناطق جغرافیایی و یا نژادهای ملیتی و انواع سروتایپ‌هایی که در جمعیت‌های مختلف سبب عفونت می‌شود، می‌توان اشاره نمود. هم‌چنین تفاوت در تعداد نمونه‌های ایزوله شده و نوع عوامل بیماری‌زای مورد مطالعه و روش‌های متفاوت شناسایی آن‌ها مطرح است. اما نکته اصلی حضور این عوامل بیماری‌زا در سویه‌های باکتری /شریشیکلی ایجاد کننده عفونت ادراری است که سبب شدت و گسترش عفونت شده و مانعی برای کنترل و درمان مناسب محسوب می‌شود. بنابراین با شناخت و آگاهی از حضور این ژن‌ها در سویه‌های بیماری‌زا می‌توان تمهیداتی را برای ارتقای سطح بهداشت عمومی جامعه و کنترل عفونت‌ها اندیشید، که حائز اهمیت است.

نتیجه‌گیری

در پژوهش حاضر حضور هم‌زمانی سه عوامل بیماری‌زای *iucD*، *kpsMTII* و *usp* که از ژن‌های پاتوژن در باکتری /شریشیکلی عامل عفونت ادراری هستند جهت پیش‌بینی روند پیشرفت و کنترل عفونت و در نتیجه درمان مناسب بیماری مورد بررسی قرار گرفته است و براساس نتایج حاصل از تحقیق چنین نتیجه‌گیری می‌شود که این سه ژن بیماری‌زا هم می‌توانند به‌طور هم‌زمان حضور داشته باشند و سبب تشدید عفونت‌زایی باکتری شوند و هم با توجه به معنی‌دار بودن تفاوت حضور این سه ژن در نمونه‌های مورد مطالعه، عوامل مذکور می‌توانند با فراوانی‌های متفاوت در باکتری بیماری‌زا حضور داشته باشند در نتیجه دارای اثرهای متفاوت در گسترش و کلونیزاسیون عفونت توسط این باکتری در بین بیماران باشند که این مسئله می‌تواند در تحقیقات متخصصین اپیدمیولوژی مورد توجه قرار گیرد.

سپاسگزاری

این مقاله مستخرج از پایان‌نامه کارشناسی ارشد دانشجویی در دانشکده علوم زیستی دانشگاه آزاد اسلامی واحد تهران شمال است و جا دارد از کلیه مسئولین محترم دانشگاه و دانشکده مذکور و همکاران محترم آزمایشگاه پاسارگارد که در انجام

کارهای آزمایشگاهی این پایان نامه کمال همکاری را مبذول
فرموده‌اند، تشکر و قدردانی گردد.

1. Luthje P, Brauner A. Virulence factors of uropathogenic *E. coli* and their interaction with the host. *Adv microb phys.* 2014; 65: 337-372.
2. Subashchandrabose S, Mobley HLT. Virulence and Fitness Determinants of Uropathogenic *Escherichia coli*. *Microb spec.* 2015; 3(4): 1-32.
3. Tarchouna M, Ferjani A, Ben-Selma W, Boukadida J. Distribution of uropathogenic virulence genes in *Escherichia coli* isolated from patients with urinary tract infection. *Inter J infec Dis.* 2013; 17(6): e450-453.
4. Chahales P, Thanassi DG. Structure, Function, and Assembly of Adhesive Organelles by Uropathogenic Bacteria. *Micro spec.* 2015; 3(5): 1-68.
5. Tabasi M, Karam MR, Habibi M, Mostafavi E, Bouzari S. Genotypic Characterization of Virulence Factors in *Escherichia coli* Isolated from Patients with Acute Cystitis, Pyelonephritis and Asymptomatic Bacteriuria. *J Clin Diagn Res.* 2016; 10(12): 1-7.
6. Waller TA, Pantin AL, Yenior AL, Pujalte GA. Urinary Tract Infection Antibiotic Resistance in the United States. *Prim care.* 2018; 45(3): 455-466.
7. Dan M, Yair Y, Samosav A, Gottesman T, Yossepowitch O, Harari-Schwartz O. *Escherichia coli* isolates from patients with bacteremic urinary tract infection are genetically distinct from those derived from sepsis following prostate transrectal biopsy. *Inter J Med Microb.* 2015; 305(4-5): 464-8.
8. Terlizzi ME, Gribaudo G, Maffei ME. UroPathogenic *Escherichia coli* (UPEC) Infections: Virulence Factors, Bladder Responses, Antibiotic, and Non-antibiotic Antimicrobial Strategies. *Fron Microb.* 2017; 8: 1566.
9. Kargar M, Kargar M, Zareian Jahromi M. Prevalence of Virulence Genes of *Escherichia Coli* O157:H7 Isolated from Patients with Urinary Tract Infections in Shiraz, Iran. *Med Lab J.* 2015; 9(3): 9-16.
10. Millan Y, Hernandez E, Millan B, Araque M. Distribution of phylogenetic groups and virulence factors in CTX-M-15 beta-lactamase-producing uropathogenic *Escherichia coli* strains isolated from patients in the community of Merida, Venezuela. *Rev Arg Microb.* 2014; 46(3): 175-181.
11. Kudinha T, Kong F, Johnson JR, Andrew SD, Anderson P, Gilbert GL. Multiplex PCR-based reverse line blot assay for simultaneous detection of 22 virulence genes in uropathogenic *Escherichia coli*. *Appl Env Microb.* 2012; 78(4): 1198-1202.
12. Tiba MR, Yano T, Leite Dda S. Genotypic characterization of virulence factors in *Escherichia coli* strains from patients with cystitis. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de Sao Paulo.* 2008;50(5):255-60.
13. McLellan LK, Hunstad DA. Urinary Tract Infection: Pathogenesis and Outlook. *Trend Molecul Med.* 2016; 22(11): 946-957.
14. Arisoy M, Aysev D, Ekim M, Ozel D, Kose SK, Ozsoy ED, *et al.* Detection of virulence factors of *Escherichia coli* from children by multiplex polymerase chain reaction. *I J Clin Prac.* 2006; 60(2): 170-173.

15. Alishah M, Amini K, Zahraei Salehi T. Detection of virulence genes in *Escherichia coli* strains isolated from pediatric with urinary tract infection and their antibiotic resistance profile. *J Urmia Uni Med Sci.* 2017; 27(11): 942-949. (Full Text in Persian)
16. Bauer RJ, Zhang L, Foxman B, Siitonen A, Jantunen ME, Saxen H, *et al.* Molecular epidemiology of 3 putative virulence genes for *Escherichia coli* urinary tract infection-*usp*, *iha*, and *iroN*(*E. coli*). *J Infec Dis.* 2002; 185(10): 1521-1524.
17. Kanamaru S, Kurazono H, Ishitoya S, Terai A, Habuchi T, Nakano M, *et al.* Distribution and genetic association of putative uropathogenic virulence factors *iroN*, *iha*, *kpsMT*, *ompT* and *usp* in *Escherichia coli* isolated from urinary tract infections in Japan. *J Urol.* 2003; 170(6 Pt 1): 2490-2493.
18. Oliveira FA, Paludo KS, Arend LN, Farah SM, Pedrosa FO, Souza EM, *et al.* Virulence characteristics and antimicrobial susceptibility of uropathogenic *Escherichia coli* strains. *Genetics and molecular research. Genet Mol Res.* 2011; 10(4): 4114-4125.
19. Cunha MPV, Saidenberg AB, Moreno AM, Ferreira AJP, Vieira MAM, Gomes TAT, *et al.* Pandemic extra-intestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC) clonal group O6-B2- ST73 as a cause of avian colibacillosis in Brazil. *PLOS ONE.* 2017; 12(6): e0178970.
20. Darko SN, Kwabena Nsiah K, Twumasi P. Prevalence of *papC* and *usp* Virulence Factors in Uropathogenic *Escherichia coli* Causing Asymptomatic Urinary Tract Infections in Adolescents. *British Microb Res J.* 2013; 3(3): 423-430.
21. Momtaz H, Karimian A, Madani M, Safarpour Dehkordi F, Ranjbar R, Sarshar M, *et al.* Uropathogenic *Escherichia coli* in Iran: Serogroup distributions, virulence factors and antimicrobial resistance properties. *Annal Clin Microb Antimicrob.* 2013, 12(8): 1-12.
22. Mohammadi J, Amini K. Detection of virulence genes in Uropathogenic *E. coli* (UPEC) strains by Multiplex-PCR method. *J Fasa Uni Med Sci.* 2017; 7(1): 128-133. (Full Text in Persian)



