



## جستجوی حاملین سالمونلا در نمونه‌های مدفوع گاومیش‌های استان آذربایجان غربی به روش تکثیر ژن *invA*

سید شهرام حسینی<sup>۱\*</sup>، عبدالغفار اونق<sup>۲</sup>، مهدی دیلمقانی<sup>۳</sup>، علی کاظم نیا<sup>۴</sup>

۱\_ دانشجوی کارشناسی ارشد باکتری شناسی گروه میکروب شناسی دانشکده دامپزشکی دانشگاه ارومیه ۲\_ گروه میکروب شناسی دانشکده دامپزشکی دانشگاه ارومیه

پست الکترونیکی نویسنده مسؤول: [hoseini\\_shahram@yahoo.com](mailto:hoseini_shahram@yahoo.com)

**مقدمه و هدف:** سالمونلوزیس یکی از بیماری‌های مشترک بین انسان، دام و پرندگان می‌باشد که توسط سروتیپ‌های مختلف سالمونلا ایجاد و با علائم سقط جنین، اسهال و اسهال خونی مشخص می‌گردد. این باکتری همچنین یکی از مهمترین گونه‌های باکتریایی است که از بیماری‌های با منشأ غذایی جدا می‌شود. با توجه به اهمیت بیماری در نشخوارکنندگان و همچنین اهمیت سالمونلا از لحاظ بهداشت عمومی هدف از مطالعه حاضر تعیین حاملین سالمونلا در نمونه‌های مدفوع گاومیش‌های مناطق مختلف استان آذربایجان غربی به روش تکثیر ژن *invA* و مقایسه آن با روش‌های معمول کشت میکروبی می‌باشد.

**مواد و روش کار:** در این تحقیق ۱۰۲ نمونه مدفوع از گاومیش‌های مناطق مختلف استان آذربایجان غربی (ارومیه، خوی و پیرانشهر هر کدام ۳۴ نمونه) جمع‌آوری شد. به منظور استخراج *DNA* ابتدا حدود پنج گرم از هر نمونه مدفوع در محیط غنی کننده سلنیت *F* برات کشت داده شد و با استفاده از روش فنل/کلروفورم/ایزوامیل الکل استخراج *DNA* انجام گرفت. سپس شناسایی سالمونلا با روش *PCR* و با استفاده از جفت پرایمرهای اختصاصی ژن عامل تهاجم سالمونلاها (*invA*) به نام‌های S139 و S141 انجام گرفت. همچنین به طور جداگانه ۱۰۰ میکرولیتر از هر محیط سلنیت *F* برات بر روی محیط کشت کروم آگار سالمونلا (*CAS*) کشت داده شد. **نتایج و بحث:** از مجموع ۱۰۲ نمونه مدفوع مورد مطالعه، ۱۶ نمونه (۱۵/۶۸٪) با استفاده از روش *PCR* محصول 662 bp نتیجه تکثیر ژن *invA* را نشان دادند که به تفکیک نواحی مورد مطالعه ۴ نمونه (۳/۹۲٪) از ارومیه، ۶ نمونه (۵/۷۱٪) از خوی و ۶ نمونه (۵/۷۱٪) از پیرانشهر بدست آمد، در حالیکه نتیجه کشت میکروبی برای تمامی نمونه‌ها منفی بود. نتایج حاصل از این مطالعه نشان می‌دهند که آزمون *PCR* بسیار حساس‌تر و اختصاصی‌تر از روش کشت باکتریایی جهت شناسایی سالمونلاها می‌باشد. همچنین دستگاه گوارش گاومیش مخزنی برای سالمونلا بوده و گاومیش‌ها به عنوان حاملین سالمونلا در طبیعت می‌باشند که این موضوع از لحاظ انتقال باکتری‌های بیماری‌زا به انسان و نیز بهداشت عمومی باید مورد توجه قرار گیرد.

**واژه های کلیدی:** سالمونلا، *invA*، *PCR*، گاومیش

## شناسایی ژن‌های بتالاکتاماز وسیع الطیف *blaCTX-M* و *blaSHV* در جدایه‌های اشریشیاکلی بدست آمده از مدفوع گاومیش در استان آذربایجان غربی

سید شهرام حسینی<sup>۱\*</sup>، حبیب دستمالچی ساعی<sup>۲</sup>، عبدالغفار اونق<sup>۳</sup>، علی کاظم نیا<sup>۴</sup>

۱\_ دانشجوی کارشناسی ارشد باکتری شناسی گروه میکروب شناسی دانشکده دامپزشکی دانشگاه ارومیه ۲\_ گروه میکروب شناسی دانشکده دامپزشکی دانشگاه ارومیه

پست الکترونیکی نویسنده مسؤول: [hoseini\\_shahram@yahoo.com](mailto:hoseini_shahram@yahoo.com)

**مقدمه و هدف:** آنزیم‌های بتالاکتاماز مهمترین عامل مقاومت نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های گروه بتالاکتام در میان باکتری‌های گرم منفی می‌باشند. در سال‌های اخیر، تولید آنزیم‌های بتالاکتاماز وسیع الطیف (*ESBLs*) در میان باکتری‌ها به ویژه باکتری‌های با منشأ دامی شیوع فراوانی یافته و این موضوع از لحاظ بهداشت عمومی حائز اهمیت می‌باشد. هدف از این مطالعه ارزیابی حضور ژن‌های *blaSHV* و *blaCTX-M* در جدایه‌های اشریشیاکلی بدست آمده از نمونه‌های مدفوع گاومیش‌های مناطق مختلف استان آذربایجان غربی می‌باشد.

**مواد و روش کار:** در این تحقیق ۱۰۵ جدایه اشریشیاکلی (ارومیه ۳۳ جدایه، خوی ۳۳ جدایه، پیرانشهر ۲۴ جدایه و میان‌دوآب ۱۵ جدایه) با استفاده از ویژگی‌های کشت، خصوصیات بیوشیمیایی و تکثیر ژن کد کننده *23S tRNA* اختصاصی گونه اشریشیاکلی شناسایی شد و سپس با استفاده از روش *PCR* حضور ژن‌های کد کننده بتالاکتامازهای وسیع الطیف مربوط به خانواده‌های *CTX-M* و *SHV* مورد ارزیابی قرار گرفتند.

**نتایج و بحث:** از مجموع ۱۰۵ جدایه اشریشیاکلی مورد مطالعه، ۴۷ جدایه (۴۴/۷٪) حاوی ژن *blaCTX-M* بودند که به تفکیک نواحی مورد مطالعه ۱۴ جدایه (۴۲/۴٪) از ارومیه، ۲۱ جدایه (۶۳/۶٪) از خوی، ۶ جدایه (۲۵٪) از پیرانشهر و ۶ جدایه (۴۰٪) از میان‌دوآب بدست آمد، در حالیکه ژن *blaSHV* در هیچکدام از جدایه‌ها شناسایی نگردید. تجزیه و تحلیل‌های آماری میزان شیوع ژن *blaCTX-M* در بین مناطق مختلف مورد بررسی در استان آذربایجان غربی با استفاده از نرم افزار *Minitab* نسخه ۱۵ نشان داد که اختلاف معنی‌داری در بین مناطق مورد مطالعه وجود ندارد که این امر ممکن است ناشی از الگوی درمانی یکسان در مناطق مورد مطالعه باشد. نتایج حاصل از این مطالعه نشان می‌دهند که اشریشیاکلی‌های کومنسال دستگاه گوارش گاومیش مخزنی برای بتالاکتامازهای وسیع الطیف بویژه از نوع *CTX-M* بوده که این موضوع از لحاظ بهداشت عمومی و نیز انتقال ژن‌های مقاومت به باکتری‌های بیماری‌زا باید مورد توجه قرار گیرد.

**واژه های کلیدی:** اشریشیاکلی، بتالاکتامازهای وسیع الطیف، *blaSHV*، *blaCTX-M*