

# پاتوتایپینگ و بررسی شیوع اشريشیاکلی های بیماری زای روده ای در نمونه های آب ورودی به تصفیه خانه های شهر تهران

مریم اصغری<sup>۱</sup>، عباس اخوان سپهی<sup>۲</sup>، سید رضا حسینی دوست<sup>۳</sup>

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشکده فناوری های نوین، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم دارویی، تهران

۲- دانشیار دانشگاه آزاد اسلامی، واحد تهران شمال، تهران

(نويسنده مسئول) (۰۲۱) ۲۲۹۵۰۹۵۵ akhavansepehary@gmail.com

۳- استاد، دانشکده فناوری های نوین، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم دارویی، تهران

(دریافت) ۹۳/۵/۱ پذیرش ۹۴/۳/۱۰

## چکیده

آب های آلوده و نقش آنها در انتقال پاتوژن ها که باعث عفونت های روده ای در انسان می شوند، حائز اهمیت بسیاری است. استفاده از روش های سنتی از جمله محیط کشت در تشخیص اشريشیاکلی علاوه بر این که به زمان زیادی نیاز دارد، قابلیت شناسایی برخی پاتوتایپ های آن را نیز فراهم نمی کند. این پژوهش با هدف ارائه راهکارهای مولکولی در شناسایی سریع و اختصاصی پاتوتایپ های اشريشیاکلی انجام شد. به این منظور به مدت یک سال از مهر ماه سال ۱۳۹۲ تا مهر ماه ۱۳۹۱ از بین ۹۷۸ نمونه آب، طی فرایند های غربالگری اعم از فنوتیپی و مولکولی (سه گانه ژن های اختصاصی)، ۱۰۶ سویه اشريشیاکلی جدا شد. نتایج حاصل از این پژوهش بیانگر پتانسیل بالای آب در انتقال میکرووارگانیسم های پاتوژن بود. طی این پژوهش مشخص شد ۱۰ سویه، دارای ژن های est و elt، ۶ سویه دارای ژن eaeA، ۵ سویه دارای ژن bfpA، ۴ سویه دارای ژن ipaH و pCVD و ۳ سویه دارای ژن VT1 و VT2 و ۱ سویه دارای ژن cnf1 و cnf2 می باشند. نتایج بدست آمده از روش های مولکولی بر پایه پرایمرهای طراحی شده در این پژوهش می تواند روشی مناسب، سریع و اختصاصی در شناسایی پاتوتایپ های اشريشیاکلی باشد.

**واژه های کلیدی:** اشريشیاکلی، باکتری های کلیفرم، پاتوتایپ، تهران، تصفیه خانه آب

باشد که سایر میکروارگانیسم های انتروباکتریا سه با منشأ گوارشی روده ای در غذا یا آب وجود دارد [۱ و ۲].

استفاده از روش MPN میکی از ساده ترین روش های مرسوم شمارش کلیفرم ها در آزمایشگاه های آب است. از جمله نقایص این روش صحت ۹۵ درصدی نتایج آزمون است. علاوه بر MPN، روش های دیگری نظیر فیلتراسیون غشایی و پورپلیت نیز برای شناسایی کلیفرم ها در آب مورد استفاده قرار می گیرند [۱].

بر اساس ظهور علائم کلینیکی، اشريشیاکلی های پاتوژن به گروه های مختلف تقسیم بندی می شوند:

۱- اشريشیاکلی های عامل اسهال؛ ۲- اشريشیاکلی های پاتوژن مجاری ادراری و ۳- اشريشیاکلی های عامل منژیت و سپتی سمی. اشريشیاکلی های عامل اسهال خود به شش گروه تقسیم می شوند. بر اساس خصوصیت ویرولانس، مکانیسم بیماری زایی و علائم کلینیکی، در اکثر موارد به سروگره و سروتایپ های خاصی تعلق می گیرند.

## ۱- مقدمه

از دیدگاه بیولوژیکی، ویژگی های میکروبی آب آشامیدنی مبنای قضاوت در مورد قابلیت شرب آب هاست. ارگانیسم های بیماری زایی که توسط آب منتقل می شوند، شامل باکتری ها، ویروس ها، انگل ها و بسیاری از عوامل ناشناخته دیگر هستند.

اشريشیاکلی یک باکتری میله ای گرم منفی از خانواده انتروباکتریا است که به طور شایع در روده جانوران خونگرم و برخی از پرندگان وجود دارد. این باکتری از طریق مسیر و یا از طریق آب و غذای آلوده از یک فرد به فرد دیگر منتقل می شود. با توجه به نقش غیر قابل انکار آب در شرب و بهداشت جوامع، شناسایی و ویژلولوتایپینگ این باکتری نقش مهمی در حفظ و پایش بهداشت و سلامت جوامع بشری دارد. از سوی استانداردهای ملی و بین المللی وجود این باکتری در آب و مواد غذایی منع اعلام شده است. حضور اشريشیاکلی در محصولات غذایی می تواند بیانگر آن

۱۳ و ۱۰ درصد موارد قابل شناسایی بوده است. به منظور بررسی پاتوتایپ انترواگریگیتیو، ژن های *aggR* و *astA* مورد شناسایی قرار گرفت که نتایج مؤید حضور این ژن ها به ترتیب در ۶۹ و ۲۹ درصد سویه ها بوده است. علاوه بر این ژن *bfp* به عنوان شاخص بیماری زای روده ای در ۲۴ درصد از سویه ها شناسایی شد در حالی که ژن *ipaH* به عنوان شاخص مهاجم روده ای در ۱۴ درصد از سویه ها قابل ردیابی بود.

در پژوهشی که در سال ۲۰۱۳ توسط اکتر و همکاران در بنگلادش و نروژ انجام شد، ۹ ژن ویرولانت در اشتباهی های جدا شده از نمونه های آب مورد شناسایی و بررسی قرار گرفت. در این تحقیق به منظور شناسایی ETEC از ژن های *estA* و *eltB*، EPEC از ژن های *ipbA* و *eaeA*، شناسایی EIEC از ژن *ial* و *ipaH*، شناسایی EAEC از ژن *vtI1* و *vtI2* و شناسایی pCVD استفاده شده بود. بر اساس نتایج حاصل از نظر این پژوهشگران، فراوان ترین پاتوتایپ در نمونه های مورد آزمایش، EPEC و ETEC بوده اند.

در سال ۲۰۰۱ کمبل و همکاران پروتکل شناسایی سویه پاتوژن O157:H7: H7 اشتباهی کلی را در نمونه های آب و خاک به صورت چندگانه PCR ارائه نمودند [۶]. این پژوهشگران پروتکل پیشنهادی خود را که براساس شناسایی ژن های ویرولانس و ساختاری بود، بسیار حساس و با ویژگی بالا معروفی کردند [۷].

با نگاهی به پژوهش هایی که توسط پژوهشگران داخلی و خارجی انجام شده، مشخص است که این اولین پژوهشی است که طی آن کلیه پاتوتایپ های بیماری زای/اشتباهی کلی که از آب جدا شده اند، مورد ارزیابی و شناسایی قرار گرفته اند.

هدف از انجام این پژوهش را اندازی روش های شناسایی میکروارگانیسم ها با استفاده از روش های مولکولی، پاتوتایپینگ ایزوله های اشتباهی کلی جدا شده از آب سطحی شهران و همچنین ژن و تایپینگ ایزوله های اشتباهی کلی بر اساس تشخیص عناصر تکراری ژنی بود.

## ۲- مواد و روش ها

تعداد ۱۰۶ ایزوله/اشتباهی کلی از منابع آب شهر تهران تهیه شد.

### ۲-۱- محل های نمونه برداری

- ورودی آب تصفیه خانه جلالیه (شماره ۱)

تصفیه خانه جلالیه در ضلع جنوب شرقی تقاطع خیابان دکتر فاطمی و خیابان حجاب قرار دارد. منبع تأمین آب این تصفیه خانه رودخانه کرج از ایستگاه آبگیر بیلقان و سد طالقان است. لازم به ذکر است

اشتباهی کلی انتروپاتوژنیک (EPEC): علت عدمه اسهال کودکان در کشورهای در حال توسعه است.

/اشتباهی کلی سمزدای روده ای (ETEC): عامل اسهال کودکان زیر ۵ سال و اسهال مسافران در کشورهای در حال توسعه است. سویه های سمزدای روده ای می توانند گاستروانتریت همراه با اسهال آبکی، تهوع، استفراغ و دردهای شکمی ایجاد نمایند. حدود ۲ تا ۸ درصد/اشتباهی کلی موجود در آب، سویه انتروپاتوژنیک است که عامل بیماری اسهال مسافران است. آب و غذای آلوده در انتقال این پاتوژن نقش بسزایی دارند هر چند که دز عفونی این باکتری نسبتاً بالا است و حدود  $10^6$  تا  $10^9$  ارگانیسم است.

/اشتباهی کلی مهاجم روده ای (EIEC): سویه های آن از نظر خصوصیات ظاهری و بیماری زایی شباهت زیادی به شیگلا دارند و باعث ایجاد اسهال شبه شیگلا بی می شوند.

/اشتباهی کلی انترواگریگیتیو (EAEC): این سویه یک پاتوژن نوظهور با شیوع روزافزون شناخته شده است.

/اشتباهی کلی انتروموراثیک (EHEC): یکی از عوامل اسهال های ناشی از آلودگی آب و مواد غذایی در کشورهای توسعه یافته است.

/اشتباهی کلی با چسبندگی پراکنده (DAEC): اسهال غیرخونی در کودکان ۱ تا ۵ ساله ایجاد می کند [۳].

روش های معمولی که برای شناسایی و شمارش این باکتری استفاده می شود، عموماً روش های بیوشیمیایی و استفاده از محیط های کشت است که با توجه به معایبی همچون زمانبر بودن، نیاز به محیط های کشت خاص، هزینه بالا و تغییر پذیری یا عدم بیان ژن در شرایط مختلف محیطی با عدم مقبولیت روزافزونی مواجه شده اند [۱].

با نگاهی به نتایج بدست آمده توسط سایر محققان می توان به نقش غیرقابل انکار آب در انتقال پاتوژن ها پی برد.

پینا و همکاران در سال ۲۰۱۰ توانستند با طراحی یک چندگانه PCR، عامل عفونی موجود در نمونه های آب و سایر مواد غذایی مانند شیر و کاهو را شناسایی نمایند. بر اساس نتایج این پژوهش مشخص شد که عامل عفونی اشتباهی کلی سویه O157:H7: H7 بوده است [۴]. ژن هایی که در این پژوهش مورد شناسایی قرار گرفتند عبارت بودند از *eeA* و *wzyO157Stx2* و *stx1* [۳] و [۵].

در پژوهشی که در سال ۲۰۱۳ توسط جاتیندر و همکاران در استرالیا انجام شد، ۱۱ ژن ویرولانس در ۳۰۰ ایزوله/اشتباهی کلی جدا شده از نمونه های آب سطحی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج حاصل از این بررسی نشان داد که ژن های *eeA*، *stx2*، *stx1* و *ehxA* به عنوان شاخص های پاتوتایپ انتروپاتوژنیک به ترتیب در

در صد درجه مای ۷۰- درجه سلسیوس نگهداری شدند. روش جمع آوری نمونه های محیطی مطابق با روش شماره ۹۲۲۱A از کتاب روش های استاندارد انجام شد. مطالعه روش، کلیه نمونه های آب به محیط کشت لوریل سولفات براث تلقیح شد [۸]. ترکیبات این محیط کشت به شرح جدول ۱ است. در این محیط کشت منبع کربن قند لاکتوز و مهارکننده رشد باکتری های گرم مثبت سدیم لوریل سولفات براث است. با تلقیح نمونه های آب به داخل این محیط کشت و طی ۴۸ ساعت قرار دادن آن ها در گرمخانه، وجود گاز در لوله های دوره امام و ایجاد pH اسیدی، می تواند دلیل بر حضور کلیفرم ها در نمونه باشد.

جدول ۱- ترکیبات محیط کشت لوریل سولفات براث

نام	واحد	مقدار
Pancreatic digest of casein	گرم	۲۰
Lactose	گرم	۲
NaCl	گرم	۵
K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	گرم	۲/۷۵
KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	گرم	۲/۷
Sodium lauryl sulfate	گرم	۰/۱
pH 6.8± 0.2 at 25 °C		

از کلیه نمونه هایی که در مرحله احتمالی مثبت شده اند در آزمون تأییدی، به میزان یک سی سی به محیط کشت EC براث تلقیح شد و به مدت ۲۴ ساعت در بن ماری انکوبه شد. در دمای انکوباسیون ۴۴/۵ درجه سلسیوس تنها کلیفرم های گرم پایی قابلیت رشد در این شرایط را داشته و ایجاد گاز می نمایند. برای جداسازی و افتراق کلیفرم های گرم پایی اعم از سیتروباکتر فروندی، کلیسیلا پنومونیه، انتروباکتر ائروجنز و اشیائیکی، لوله های EC مثبت بر روی محیط EMB آگار کشت خطی داد شد و سپس کلنی های تک با جلای فلزی جدا شدند. برای اطمینان در افتراق اشیائیکی از سایر باکتری های گروه انترباکتریا سه از آزمون بیوشیمیایی IMVIC استفاده شد.

با توجه به اینکه ایجاد جلای فلزی بر روی محیط EMB آگار علاوه بر اشیائیکی می تواند توسط سایر کلیفرم ها و حتی برخی سویه های شیگلا سونه ای روی دهد بنابراین لازم است که علاوه بر غربالگری اولیه و شناسایی با استفاده از محیط های کشت میکروبی، غربالگری ثانویه و شناسایی با استفاده از روش های مولکولی نیز صورت گیرد تا از اشیائیکی بودن نمونه ها اطمینان خاطر حاصل شود. در این پژوهش، غربالگری به صورت مولکولی و با استفاده از یک چندگانه PCR بر اساس ۴ ژن اختصاصی اشیائیکی و یک ژن اختصاصی شیگلا انجام شد.

که آب ورودی به این تصفیه خانه به دلیل انجام کلرزنی مقدماتی در آب گیر بیلقان، دارای کلر آزاد باقیمانده است و تنها یک نمونه از کل نمونه های برداشت شده در طی مدت نمونه برداری دارای باکتری اشیائیکی بود.

### - ورودی آب تصفیه خانه کن (شماره ۲)

تصفیه خانه کن بزرگ ترین تصفیه خانه تهران واقع در منطقه غرب تهران است و منبع تأمین آب آن، رودخانه کرج و سد طالقان است که پس از عبور از محل آب گیر بیلقان و حذف ذرات معلق درشت و پیش کلرزنی به محل تصفیه خانه وارد می شود. تنها یک نمونه از کل نمونه های برداشت شده در طی مدت نمونه برداری دارای باکتری اشیائیکی بود.

### - ورودی تصفیه خانه شماره ۳ و ۴

این تصفیه خانه در شمال شرقی تهران در بلوار شهید عباسپور، در ابتدای شهرک حکیمیه واقع شده اند. آب خام ورودی از سد لتيان تأمین می شود. تعداد ۴۸ عدد از ایزوله های جمع آوری شده از این محل بود.

### - ورودی تصفیه خانه شماره ۵

این تصفیه خانه در شمال شرق شهر تهران قرار دارد و منبع تأمین آب این تصفیه خانه، سد لار است. تعداد ۴۲ عدد از ایزوله ها از این محل جمع آوری شد.

### - آب گیر بیلقان

آب گیر بیلقان در فاصله ۲۳ کیلومتری از سد امیرکبیر کرج واقع در کیلومتر ۴ جاده چالوس، مهم ترین نقطه تأمین و انتقال آب شرب شهر تهران است. تعداد ۱ عدد از ایزوله های جمع آوری شده از این محل بود.

### - ۲-۲- روش

نمونه برداری مطابق با روش استاندارد ملی شماره ۴۲۰۸ (۱) در بطری های استریل و حاوی تیوسولفات سدیم انجام شد [۸]. در این پژوهش از مواد شیمیایی با درصد خلوص بسیار بالا و ساخته شده در کارخانه های مرک<sup>۱</sup> و سیگما<sup>۲</sup> استفاده شد. به منظور نگهداری ایزوله های اشیائیکی تا زمان نهایی انجام پژوهش، کلیه ایزوله ها در محیط کشت BHI حاوی گلیسرول ۲۵

<sup>1</sup> Merck

<sup>2</sup> Sigma

جدول ۲- مشخصات پرایمرهای طراحی شده به منظور غربالگری اشیایی‌کلی

نام باکتری	نام ژن	نام ژن	Forward (5'→3')	Reverse (5'→3')	Size (bp)
اشریشیاکلی	gadA/B		GCAACGCTCGTCAGAA	CACAGATCGGCAACCAT	163
	UspA		GCAGAACGCATCTC	GAACAATCAGCATATCAC	239
	PhoE		AGCACTCTGGCATTA	ATTGGCATCGTATTCA	711
	UidA		GTGAAGGTTATCTCTAT	GCGGTGATAACATATC	872
شیگلا	Put int		GCTGGATGAACGATGT	TGGCGGCTATGAGAT	353

جدول ۳- مشخصات توالی پرایمرهای شناسایی ژن‌های بیماری‌زای اشیایی‌کلی

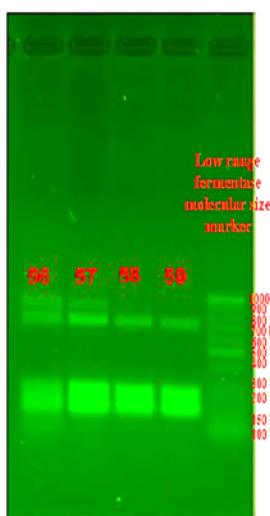
ژن	Forward	Reverse	Size
pCVD	CTCACCTGATGTTGATGCTCG	TCAGCAGCCTTAATCTGAGTTT	313
eaeA	TTCTCATTCTAACTCATTGTG	ATTGCCATTACGGTCATA	1645
BfpA	CCAGGCCAACAAATTATTTC	TTCTGGTGCTTGGCTGTCTTT	367
TpaJ	CAGAAGAGCAGAAGTATGAG	ATTGTTAGCGTTGATGGAA	1148
cnf1	CACAGAGGAAGAGGTAAAGC	GCCATACAGAACAGCATTATATC	399
Cnf2	TGATGCGAGGAACAACGTGAAG	AGCGAGGATGCGTCTGATA	655
VT2	TTGCCACAGATACAACGGATAGT	GCTCCAGCAGTACCATCTCTAAC	500
VT1	AGATACTGATGCGTGATA	ATTACTGTCGGATATTATTTCG	2558
Est	CGTAAACAAACATGACGGGAGGTA	GGAGCACAGGCAGGATTACAACAA	235
elt	GGCAGAGGATGGTTACAGATTA	TTGGTCTCGGTAGATATGTG	554

- استخراج DNA از ایزوله‌ها، با استفاده از کیت استخراج AccuPrep® Genomic DNA Extraction ساخت شرکت Pioneer کره جنوبی به شرح زیر انجام گرفته است.
- یک میلی لیتر از محیط کشت حاوی باکتری به داخل یک میکروتیوب ۱۰۰۰ میکرولیتری استریل ریخته شد و به مدت ۱۵ دقیقه در ۲۰°C سانتریفوژ شد.
  - محلول رویی دور ریخته شده و بیومس با یک میلی لیتر PBS استریل شستشو شد و مجدداً سانتریفوژ انجام گرفت.
  - محلول رویی دور ریخته شده و به بیومس ۲۰ میکرولیتر پروتئیناز K افزوده شد.
  - در مرحله بعد به این محلول تامپون اتصالات<sup>۱</sup> افزوده شده و بعد از ورتكس به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۶۰°C درجه سلسیوس انکوبه شد.
  - بعد از اتمام انکوباسیون، به محلول ۱۰۰ میکرولیتر، ایزوپروپانول افزوده شد و پیپتاژ صورت گرفت.
  - سپس محتویات لوله‌ها به تیوب‌های واحد فیلتر ستونی انتقال یافت و در دور ۸۰۰ rpm سانتریفوژ شد.
  - مرحله بعد شستشوی ستون با بافر شستشوی یک است. متعاقباً سانتریفوژ در دور ۸۰۰۰ rpm صورت گرفت، سپس شستشوی ستون با بافر شستشوی ۲ و سانتریفوژ در دور ۱۰۰۰ rpm ۱ انجام شد.

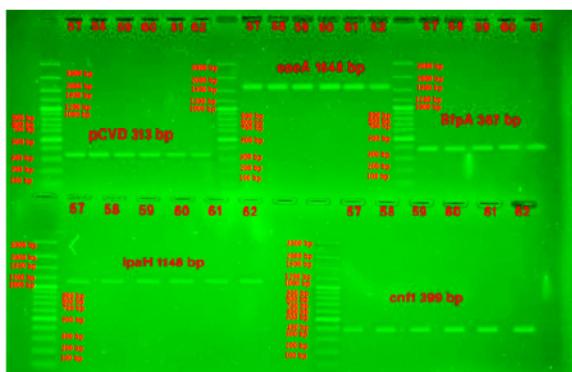
- مراحل طراحی پرایمرهای اختصاصی غربالگری به ترتیب زیر انجام شد
- شناسایی ژن‌های اختصاصی اشیایی‌کلی و شیگلا:
  - دریافت واریته‌های مختلف این ژن‌ها از طریق سایت NCBI:
  - وارد نمودن توالی‌ها به نرم‌افزار Biosoft Allele ID 7.6 به منظور تراز نمودن توالی‌ها و شناسایی توالی‌های مشترک:
  - انتخاب پرایمرهای اختصاصی:
  - بلاست نمودن و بررسی صحت و اختصاصیت پرایمرهای PCR:
  - بررسی کارایی پرایمراهای در محیط مجازی PCR:
  - بررسی بر هم‌کنش بین پرایمرهای به منظور UP چندگانه PCR با استفاده از نرم افزار Oligo Analyzer:
  - سفارش دادن سنتز توالی‌ها به شرکت Pioneer کشور کره:
  - به منظور بررسی کارایی پرایمراهای کلیه توالی‌های طراحی شده در محیط مجاز In silico PCR مورد آزمون و بررسی قرار گرفت.
  - به منظور SET UP چندگانه PCR و بررسی بر هم‌کنش بین پرایمراهای کلیه پرایمراهای طراحی شده وارد نرم افزار In silico PCR شد و برهمکنش و پایداری اتصالات بین آن‌ها مورد بررسی قرار گرفت.
- جدول ۲ مشخصات پرایمرهای طراحی شده به منظور غربالگری اشیایی‌کلی و جدول ۳ مشخصات توالی پرایمرهای ژن‌های بیماری‌زای اشیایی‌کلی را نشان می‌دهد.

<sup>1</sup> Buffer Binding

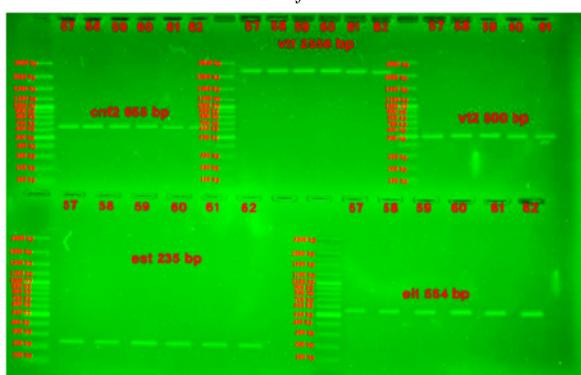
زیستی که به شدت مورد توجه میکروب‌ولوژیست‌ها و اپیدمیولوژیست‌ها قرار گرفته‌اند، می‌توان گفت این روش‌ها در تقابل با روش‌های بیوشیمیایی قرار دارند [۷].



شکل ۱- تصویر گرایان دمایی سه‌گانه PCR به منظور شناسایی هم‌زمان ژن‌های *gadA/B* و *uspA uidA phoE* در بازه دمایی ۵۶ تا ۵۹ درجه سلسیوس



شکل ۲- تصویر گرایان دمایی پرایمرهای *ipaH bfpA eaeA pcvD cnf1*



شکل ۳- تصویر گرایان دمایی پرایمرهای *el est vt2 vt1 cnf2*

- مرحله پایانی شامل انتقال ستون‌ها به میکروتیوب‌های استریل و افروden ۲۰۰ میکرولیتر بافر TE و حل شدن DNA نمونه‌ها در این بافر بود. محلول نهایی به کمک سانتریفوژ در میکروتیوب‌ها جمع آوری شد و به عنوان محلول DNA در PCR مورد استفاده قرار گرفت. محلول‌های DNA پس از استفاده، در دمای -۲۰- درجه سلسیوس نگهداری شدند.

بعد از اتمام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز و تکثیر ژن، محصولات PCR به شرح زیر مورد الکتروفورز قرار گرفتند.

در این پژوهش از ژل آگاروز یک درصد محصول شرکت بایونیر<sup>۱</sup> استفاده شد.

به منظور رنگ‌آمیزی محصولات PCR از رنگ بی‌خطر<sup>۲</sup> DNA استفاده شد.

تانک الکتروفورز و منبع انرژی<sup>۳</sup> مورد استفاده در این پژوهش محصول شرکت بایو رد<sup>۴</sup> بودند.

باfer تانک الکتروفورز، TBE با غلظت نرمال بود.

مقایسه اندازه محصولات PCR با استفاده از DNA مارکر ۱۰۰-bp محصل شرکت فرمتاز انجام گرفت.

حجم محصولات PCR که به داخل چاهک‌های آگاروز ریخته شده بود، بعد از میکس کامل با یک میکرولیتر لودینگ بافر، ۵ میکرولیتر

بود.

بعد از اتمام فرایند ژل الکتروفورز، تصویربرداری از باندهای تشکیل شده با استفاده از دستگاه ژل داک مدل BioRad XR<sup>+</sup> و نرم افزار Image lab 4.0 صورت گرفت.

شکل ۱ تصاویر حاصل از گرایان دمایی سه‌گانه PCR به منظور شناسایی هم‌زمان ژن‌های *uspA* و *phoE* در دمای ۵۶ تا ۵۹ درجه سلسیوس و همچنین شکل‌های ۲ و ۳، تصاویر حاصل از شب دمایی پرایمرهای استفاده شده در پاتوتایپینگ در همان بازه دمایی را نشان می‌دهند. با توجه به وضوح باندها دمای ۵۷ درجه سلسیوس به عنوان بهترین دما برای انجام واکنش انتخاب شد.

### ۳- نتایج و بحث

سال‌هاست که اشیایی‌کلی به عنوان شاخص آلودگی آب در نظر گرفته شده است [۹]. با توجه به سرعت، دقیق، حساسیت فوق العاده و نتایج بسیار قابل توجه، روش‌های مولکولی در رشته‌های مختلف

<sup>1</sup> Pioneer

<sup>2</sup> Safe Stain

<sup>3</sup> Power Supply

<sup>4</sup> Bio-Rad

میکرب شناختی و بسیاری از صنایع ایجاد کرده است. با کمک واکنش زنجیره‌ای پلیمراز می‌توان یک ژن را به اندازه‌ای تکثیر کرد که بتوان با استفاده از روش‌هایی مانند الکتروفورز آن را مشاهده کرد.

در این پژوهش طی یک فرایند یک ساله از مهر سال ۱۳۹۱ تا  
مهر سال ۱۳۹۲ به طور تقریبی روزانه نمونه‌ها از منابع آب سطحی  
جمع آوری شدند. در مدت نمونه برداری تعداد قابل توجهی  
میکروارگانیسم جدا شد و پس از طی مراحل غربال‌گری،  
ایزوله/شریشیاکلی به منظور بررسی کارایی روش‌های تایپینگ  
و ایسته به PCR انتخاب شد. جدول ۴ محل و تعداد سویه‌های  
asherishiaaklی جدا شده را نشان می‌دهد.

در مراحل غربالگری ایزوله های /شریشیاکلی، علاوه بر استفاده از روش های سنتی همچون IMVIC، یک سه گانه اختصاصی بر اساس زن های اختصاصی /شریشیاکلی طراحی شد. بر اساس این سه گانه زن های *gadA/B* و *auspA* و *phoE* و *hemC* نیز *int* که مختص شیگلا است، مورد ارزیابی قرار گرفت و بر اساس نتایج حاصله، ۱۰۶ ایزوله /شریشیاکلی وارد فاز اصلی پژوهش شد. نتیجه حاصل از این پژوهش بیانگر پتانسیل بالای آب در انتقال میکروارگانیسم های پاتوژن بود. طی این پژوهش مشخص

علاوه بر مواردی که در بالا ذکر شد، این نکته بسیار مهم و حائز اهمیت است که برخی از سویه‌های بیماری زای روده‌ای (شریشیاکی) با روش‌های مبتنی بر کشت قابل شناسایی نیستند، برای مثال مشخص شده است که تعدادی از سویه‌های پاتوژن به ویژه انتروموراژیک، فاقد فعالیت بتاگلوكورونیدازی بوده و قابلیت متابولیسم سوربیتول را ندارند. از این‌رو برای شناسایی آن‌ها نمی‌توان از محیط‌های کشت حاوی سوبستراɪ MUG استفاده نمود<sup>[۱]</sup>. این در حالی است که محیط‌های کشت حاوی سوبستراɪ MUG کاربردی ترین و سریع‌ترین محیط‌های کشت در شناسایی اشریشیاکلی موجود در نمونه‌های آب است<sup>[۲]</sup>.

تهران به عنوان یکی از بزرگ‌ترین کلان‌شهرهای دنیا، جمعیتی بیش از ۷ میلیون نفر را در خود جای داده است و این در حالی است که آب شرب ساکنان این کلان‌شهر عموماً از منابع آب سطحی تأمین می‌شود. اگرچه آب‌های سطحی طی چند مرحله تصفیه می‌شوند، با این حال پتانسیل آلوده شدن آن‌ها بسیار بالا است و در نتیجه هر گونه غفلت، ممکن است فجایع انسانی به بار آوردد. روش PCR مزایای بسیاری دارد که از آن جمله می‌توان به بررسی یک روزه نمونه‌ها، ارزان بودن نسبی، خصوصیات فوق العاده و سهولت انجام آن اشاره کرد. این روش، انقلابی در تشخیص‌های

#### **جدول ۴- محل جداسازی و تعداد سویه‌های اشریشیا کلی**

محل نمونه برداری	تعداد کل نمونه	تعداد نمونه کل کلیفرم گرمایی مثبت	تعداد نمونه کل کلیفرم مثبت	تعداد نمونه کلیفرم کلیفرم اشیاکالی مثبت
ورودی آب تصفیه خانه جلالیه	۲۳۲	۸	۳	۱
ورودی آب به تصفیه خانه کن	۲۱۳	۱۴	۵	۲
ورودی تصفیه خانه شماره ۳ و ۴	۲۴۰	۱۳۶	۱۲۵	۴۸
ورودی تصفیه خانه شماره ۵	۲۷۵	۱۸۳	۱۵۰	۴۲
آبگیر بیلقان	۱۷	۱۷	۱۷	۱۳
مجموع	۹۷۸	۳۵۸	۳۰۳	۳۰۰

**جدول ۵**- تعداد سویه‌های واجد ژن‌های بیماری‌زا به تفکیک محل نمونه‌برداری

آبگیر بیلقاران	تصفیه خانه جلالیه	تصفیه خانه تهران پارس	تصفیه خانه سوهانک	تصفیه خانه کن	تصفیه خانه est	واحد ژن	تعداد سویه‌های
۲	-	۴	۳	۱	est	واحد ژن	تعداد سویه‌های
۲	-	۲	۳	۱	elt	واحد	تعداد سویه‌های
۱	-	۳	۱	-	pCVD	واحد	تعداد سویه‌های
-	-	۳	۳	-	eae	واحد	تعداد سویه‌های
-	-	۳	۲	-	bfpA	واحد	تعداد سویه‌های
۱	-	-	-	-	ipaH	واحد	تعداد سویه‌های
-	-	۱	۱	-	cnf1	واحد	تعداد سویه‌های
-	-	-	-	-	cnf2	واحد	تعداد سویه‌های
۱	-	-	۲	-	VT1	واحد	تعداد سویه‌های
۱	-	-	۲	-	VT2	واحد	تعداد سویه‌های

#### ۴- نتیجه گیری

با توجه به وجود مشکلات فراوان در شناسایی پاتوتایپ های اشربیتیکی و پتانسیل بیماری زایی آن ها و احتمال ورود به منابع آب و شیوع اپیدمی، این پاتوژن ها همواره به عنوان یک عامل نگران کننده در بین مسئولان و متولیان بهداشتی مطرح بوده اند و تشخیص به موقع و سریع عوامل آلوده کننده منابع آب و مواد غذایی یکی از اصول اساسی در کنترل بحران ناشی از این گونه حوادث است. لذا شناسایی سریع این عوامل می تواند سهم بسزایی در شناسایی، کنترل و جلوگیری از اپیدمی داشته باشد. استفاده از روش های بیوشیمیایی و کشت حداقل به چهار روز زمان نیاز دارد، در حالی که با استفاده از روش های مولکولی، می توان در مدت زمان کمتر از ۲۴ ساعت به نتایج دقیق تری دست یافت.

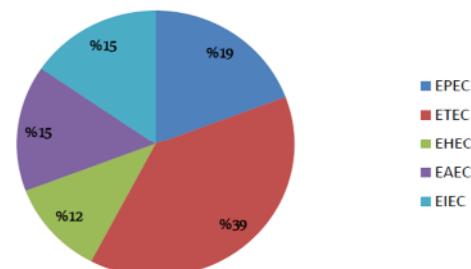
بررسی ۱۰۶ ایزو له اشربیتیکی در فاز اصلی پژوهش بیانگر پتانسیل بالای آب در انتقال میکرو اگانیسم های پاتوژن است. طی این پژوهش مشخص شد ۱۰ سویه واجد ژن *eaeA* و *est* معادل ۳۹ درصد سویه های ETEC، ۶ سویه واجد ژن *bfpA* معادل ۱۵ درصد سویه های EPEC، ۵ سویه واجد ژن *ipaH* معادل ۱۹ درصد سویه های EAEC، ۴ سویه واجد ژن *Pcvd* و *vtI* معادل ۱۵ درصد سویه های EIEC، ۳ سویه واجد ژن های *VTI* و *cfnI* معادل ۱۲ درصد سویه های EHEC و یک سویه واجد ژن *cnf2* می باشند.

۵. *eaeA* ۱۰ سویه واجد ژن های *est* و *elt* ۶ سویه واجد ژن *bfpA* ۴ سویه واجد ژن های *Pcvd* و *ipaH* سه سویه واجد ژن های *VTI* و *cfnI* و یک سویه واجد ژن *cnf2* و *VT2* می باشند. جدول ۵ سویه های واجد ژن های بیماری زا را به تفکیک محل نمونه برداری نشان می دهد.

ژن ها و پاتوتایپ های مورد شناسایی در این پژوهش به شرح زیر است:

ژن های *est* و *eaeA* مختص سویه های انترو توکسینوزن هستند [۱]؛ ژن های *bfpA* و *ipaH* مختص سویه های بیماری زای روده ای هستند [۹]؛

ژن *vtI* مختص سویه های انترو اینوسیو است [۷]؛ ژن های *vtI* و *ipAH* مختص سویه های انترو هموراژیک است [۲]؛ ژن *pcvD* مختص سویه های انترو اگرگیتو است [۵] و شکل ۴ فراوانی پاتوتایپ های اشربیتیکی جدا شده از منابع آب سطحی را نشان می دهد.



شکل ۴- فراوانی پاتوتایپ های اشربیتیکی جدا شده از منابع آب سطحی

#### ۵- مراجع

1. Bernasconi C., Volponi, Gi., Picozzi, C., and Foschino, R. (2011). “Use of the tna operon as a new molecular target for *Escherichia coli* detection.” *Applied and Environmental Microbiology*, 73 (19), 6321-6325.
2. Buchanan, R. L., and Edelson. S. G. (2008). “Culturing enterohemorrhagic *Escherichia coli* in the presence and absence of glucose as a simple means of evaluating the acid tolerance of stationary-phase cells.” *Appl. Environ. Microbiol*, 62, 4009-4013.
3. Gleeson C., and Gray, N. (1997). *The coliform index and waterborne disease*, E and FN SPON, Chapman and Hall, London.
4. Pina, M., Fratamico., and Chitrita, D., (2010). “Detection of *Escherichia coli* O157:H7 in food using real-time multiplex PCR assays targeting the *stx1*, *stx2*, *wzyO157*, and the *fliCh7* or *eae* genes.” *Food Anal. Methods*, DOI 10.1007/s12161-010-9140-x.
5. Carpentier, B., and Cerf, O. (2009). “Biofilms and their consequences, with particular reference to hygiene in the food industry.” *J. Appl. Bacteriol*, 75, 499-511.

6. Bekal, S., Brousseau, R., Masson, L., Prefontaine, G., Fairbrother, J., and Harel, J. (2007). "Rapid identification of *Escherichia coli* pathotypes by virulencegene detection with DNA microarrays." *J. Clin. Microbiol.*, 41, 2113-2125 .
8. APHA. (2012). *Standard methods for the examination of water and wastewater*, 22<sup>th</sup> Ed., American Public Health Association, USA.
9. Anderson, J. D., MacNab, A. J., Gransden, W. R., Damm, S. M., Johnson, W. M., and Lior, H. (2006). "Gastroenteritis and encephalopathy associatedwith a strain of *Escherichia coli* O55:K59:H4 that produced a cytolethal distending toxin." *Pediatr. Infect. Dis. J.*, 6, 1135-1136.
7. Eyigor, A., Dawson, K. A., Langlois, B. E., and Pickett, C. L. (2011). "Cytolethal distending toxin genes in *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* isolates: Detection and analysis by PCR." *J. Clin. Microbiol.*, 37, 1646-1650.
10. Campbell, G. R., Prosser, J., Glover, A., and Killham, A. (2011). "Detection of *Escherichia coli* O157:H7 in soil and water using multiplex PCR." *Journal of Applied Microbiology*, 91, 1004-1010.