

چکیده

مقدمه: انتروکوکوس ها ساکنان طبیعی مجرای گوارشی انسان ها و حیوانات می باشند. این باکتری ها به طور شایع در محصولات لبنی از جمله شیر خام و انواع مختلف پنیرهای سنتی یافت می شوند. عفونت های انتروکوکوی عمدتاً توسط *انتروکوکوس فکالیس* و *انتروکوکوس فیسوم* ایجاد می شوند. هدف از این مطالعه تعیین الگوی حساسیت آنتی بیوتیکی، شناسایی فاکتورهای ویروانس و بررسی ارتباط کلونال بین گونه های *انتروکوکوس فکالیس* و *انتروکوکوس فیسوم* جدا شده از نمونه های بالینی و انواع پنیر سنتی بود.

مواد و روش ها: تعداد ۱۶۰ ایزوله بالینی انتروکوکوی به دست آمده از هفت بیمارستان آموزشی دانشگاهی و تعداد ۵۰ نمونه پنیر سنتی از فروشگاه های لبنی شهرهای ارومیه و تبریز جمع آوری گردید. به دنبال شناسایی ایزوله ها، الگوی حساسیت آنتی بیوتیکی ایزوله ها با استفاده از روش های فنوتیپی تعیین شد. سپس، شناسایی ژن های ویروانس همراه با ژنوتیپ های مقاومت به روش مولکولی انجام گردید. در نهایت، ارتباط کلونال تمامی ایزوله های انتروکوکوس مقاوم به ونکومايسين (VRE) با استفاده از پالس فیلد ژل الکتروفورزیس (PFGE) مطالعه گردید.

نتایج: از ۱۶۰ ایزوله بالینی انتروکوکوی، ۱۱۲۵ ایزوله (۷۸/۱۲٪) و ۳۵ ایزوله (۲۱/۸۸٪) به ترتیب به عنوان *انتروکوکوس فکالیس* و *انتروکوکوس فیسوم* شناسایی شدند. تعداد ۳۰ ایزوله (۱۸/۷۵٪) به عنوان VRE یافت شدند. از این تعداد، ۲۷ ایزوله (۹۰٪) حامل ژن *vanA* بودند. ۸۱ ایزوله (۵۰/۶۳٪) مقاوم به جنتامیسین سطح بالا (HLGR) شناسایی گردیدند و همه ایزوله ها دارای ژن *aac(6')Ie-aph(2'')Ia* بودند. نتایج MIC با استفاده از آنتی بیوتیک های لینزولید، کوئینوپریستین / دالفوپریستین و داپتومايسين، به ترتیب ۴۶/۶۶٪، ۱۰۰٪ و ۶۶/۶۶٪ در ایزوله های VRE مقاومت نشان داد. شایع ترین الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی نسبت به ریفامپیسین (۷۶/۲٪) مشاهده شد. *geIE* (۸۷/۵٪) شایع ترین ژن ویروانس شناسایی شده بود. از ۵۰ نمونه پنیر سنتی، تعداد ۴۸ نمونه (۹۶٪) حاوی گونه های *انتروکوکوس*، شامل *انتروکوکوس فکالیس* (۸۳/۳۳٪) (تعداد=۴۰) و

انتروکوکوس فیسومیوم (۱۶/۶۷٪) (تعداد=۸) بودند. شیوع انتروکوکوس ها در نمونه های پنیر ارومیه و تبریز به ترتیب $۱/۱ \times ۱۰^۴ - ۹/۷ \times ۱۰^۵$ cfu/g و $۱/۱ \times ۱۰^۳ - ۹/۸ \times ۱۰^۳$ cfu/g بود. شایعترین الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی در نمونه های ذکر شده در بالا، نسبت به ریفامپسین (۷۹/۲٪) مشاهده شد. شایعترین ژن ویروانس شناسایی شده *cpd* (۹۳/۷٪) بود. بر اساس تایپینگ PFGE و با در نظر گرفتن تشابه بیش از ۹۰٪، ایزوله های VRE در ۱۶ گروه مختلف (A-P) طبقه بندی شدند. در نگاه کلی، بروز تنوع ژنتیکی (Diversity) در بین سویه های انتروکوکوس فیسومیوم نسبت به سویه های انتروکوکوس فکالیس بیشتر بوده و همچنین انتشار کلونال در بین هر دو گونه انتروکوکوس فکالیس و انتروکوکوس فیسومیوم مقاوم به ونکومایسین نیز مشاهده می شود.

نتیجه گیری: این نتایج شیوع بالای سویه های VRE و HLGR را در بین ایزوله های بالینی آشکار نمود. وجود تنوع ژنتیکی (Diversity)، انتشار کلونال و الگوهای ژنتیکی مشابه، از سایر تظاهرات مشاهده شده در بین سویه های VRE بودند که می تواند چالش مهمی در این منطقه باشد. استفاده از روش های استاندارد تایپینگ مولکولی برای بررسی وجود تنوع ژنتیکی و انتشار کلونال در بین سویه های VRE و همچنین بررسی احتمال انتقال این باکتری ها بین بیمارستان های مختلف و جامعه ضروری می باشد.

کلید واژه ها: انتروکوکوس فکالیس، انتروکوکوس فیسومیوم، آنتی بیوتیک، مقاومت، ویروانس، پنیر سنتی،

PFGE