



دانشکده دامپزشکی

پایان نامه برای دریافت درجه‌ی دکترای حرفه‌ای دامپزشکی

شماره ثبت: ۲۸

سال تحصیلی: ۹۵

عنوان:

ارزیابی شیوع ژن‌های حدت *papEF* و *sfa/focDE iucD hly* در گروه‌های فیلوژنی جدایه‌های /شریشیاکلی موارد عفونت ادراری در انسان و کلی‌باسیلوز طیور در شهر سمنان با استفاده از تکنیک **Multiplex PCR**

استاد راهنما :

دکتر حمید استاجی

نگارنده:

سمانه جورابلو

استادراهنما: دکتر حمید استاجی، استادیار، دانشکده دامپزشکی دانشگاه سمنان

استاد مشاور: دکتر مریم رسولی، استادیار، دانشکده دامپزشکی دانشگاه سمنان

داور: دکتر خاطره کفشدوزان، استادیار، دانشکده دامپزشکی دانشگاه سمنان

داور: دکتر سارا مهدی‌زاده مود، استادیار، دانشکده دامپزشکی دانشگاه سمنان

خلاصه فارسی:

باکتری *اشریشیاکلی* گونه پیچیده‌ای است که به طور کلی به دو گروه پاتوتیپ بیماری‌زای روده‌ای و خارج روده‌ای (ExPEC) تقسیم می‌شود. گزارش‌های اخیر در مورد شیوع عفونت‌های ادراری در انسان مشخص نموده باکتری *اشریشیاکلی* از منابع دامی به ویژه از طریق مواد غذایی می‌تواند به انسان منتقل شود و باعث ایجاد عفونت ادراری گردد.

مشخص شده *اشریشیاکلی* بیماری‌زای طیور (APEC) می‌تواند به عنوان مخزن کلون‌های *اشریشیاکلی* که در انسان عفونت ادراری ایجاد می‌کند، مطرح باشد.

در مطالعه حاضر، هدف مقایسه انتشار گروه‌های فیلوژنی *اشریشیاکلی* در میان سویه‌های جدا شده از عفونت ادراری در انسان و کلی‌باسیلوز طیور به عنوان منبع احتمالی عفونت برای انسان است. همچنین ارزیابی مقایسه‌ای شیوع برخی از ژن‌های حدت در این دو میزبان نیز هدف دیگر این مطالعه است. در مجموع ۲۶۰ جدایه باکتری *اشریشیاکلی* از عفونت ادراری در انسان (۱۶۰ سویه) و کلی‌باسیلوز طیور (۱۰۰ سویه) جمع‌آوری شدند و گروه‌های فیلوژنی بر اساس روش Clermont با استفاده از تکنیک Triplex PCR تعیین شدند. همچنین تعیین ژنوتیپ حدت سویه‌های فوق با استفاده از یک تکنیک Tetraplex-PCR اصلاح شده که در آن ژن‌های *hly*، *iucD*، *sfa/focDE* و *papEF* ردیابی شدند، انجام شد.

بررسی گروه‌های فیلوژنی سویه‌های *اشریشیاکلی* مربوط به عفونت ادراری در انسان نشان داد ۷۵ جدایه (۴۷٪) در گروه فیلوژنی B₂، ۴۸ جدایه (۳۰٪) در گروه فیلوژنی D، ۲۵ جدایه (۱۵٪/۱۵) در گروه فیلوژنی A و ۱۲ جدایه (۷٪/۱۵) در گروه فیلوژنی B₁ انتشار دارند در حالی که بررسی گروه‌های فیلوژنی سویه‌های کلی‌باسیلوز نشان داد ۳۴ جدایه (۳۴٪) در گروه فیلوژنی D، ۳۲ جدایه (۳۲٪) در گروه فیلوژنی A، ۳۱ جدایه (۳۱٪) در گروه فیلوژنی B₂ و ۳ جدایه (۳٪) در گروه فیلوژنی B₁ انتشار دارند. آنالیز آماری نتایج مشخص کرد که شیوع گروه‌های فیلوژنی B₂ و D در عفونت ادراری انسان و گروه‌های A و D در کلی‌باسیلوز طیور به طور معنی‌داری بیش‌تر از سایر گروه‌ها است. شیوع ژن‌های مذکور در سویه‌های عفونت ادراری انسان نشان داد که ژن *iucD* در ۸۳ جدایه (۴۴٪/۱۵)، ژن *sfa/focDE* در ۵۷ جدایه (۳۰٪/۳)، ژن *papEF* در ۲۹ جدایه (۱۵٪/۴۵) و ژن *hly* در ۱۹ جدایه (۱۰٪/۱۱) حضور دارند. ردیابی این ژن‌ها در کلی‌باسیلوز طیور نشان داد ژن *iucD* در ۸۹ جدایه (۶۴٪/۱۵)، ژن *papEF* در ۲۳ جدایه (۱۶٪/۱۶۷)، ژن *sfa/focDE* در ۱۹ جدایه (۱۳٪/۱۷۵) و ژن *hly* در ۷ جدایه (۵٪/۰۸) حضور دارند. نتایج مشخص کرد ژن *iucD* در سویه‌های مربوط به طیور نسبت انسان به طور معنی‌داری شیوع بیش‌تری دارد. همچنین ژن *sfa/focDE* در سویه‌های انسانی به طور معنی‌داری بیش‌تر از سویه‌های طیور است.

نتایج نشان داد که شباهت‌های ژنتیکی عمده‌ای در جدایه‌های *اشریشیا کلی* مربوط به عفونت ادراری انسان و کلی‌باسیلوز طیور وجود دارد و این دو میزبان می‌توانند به عنوان مخزن برای یکدیگر مطرح باشند.

واژگان کلیدی: *اشریشیا کلی*، گروه فیلوژنی، ژن‌های حدت، عفونت ادراری در انسان، کلی‌باسیلوز طیور.