

Diagnostic Value of Melting Curve Analysis Based on Multiplex-Real Time PCR in Identification of *Enterococci* Species

Mohammad Reza Arabestani¹,
Hamed Tahmasebi²,
Behroz Zeyni³

¹ Associate Professor, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Hamadan University of Medical Sciences, Hamadan, Iran

² MSc in Microbiology, School of Medicine, Zahedan University of Medical Sciences, Zahedan, Iran

³ MSc Student in Microbiology, Faculty of Medicine, Hamadan University of Medical Sciences, Hamadan, Iran

(Received January 18, 2016 ; Accepted December 19, 2016)

Abstract

Background and purpose: *Enterococci* as a group of bacteria infecting raw foods and dairy products can contaminate different food products. The purpose of this study was to isolate strains of enterococci based on the Real time PCR method using melting curve analysis in food samples.

Materials and methods: In this experimental study, 510 samples were collected from which 138 different samples (chicken, meat, milk, and cheese) containing different strains of enterococci were investigated. Then, identification of *Enterococcus* species was performed by targeting specific sites and specific primers were designed according to Real time PCR-based melting curve analysis.

Results: Based on melting curve analysis by Real Time PCR, the *Enterococcus* species identified were as follows: *E.faecalis* in 84 isolates (60.86%), *E.faecium* in 48 (34.78%), *E.gallinarum* in 1 (0.7%), *E.avium* in 4 (2.8%), and *E.Caselli flavus* in 1 isolate (0.7%). The most frequent isolates were detected in 29 samples of chicken meat (51.44%) and red meat (n= 21, 24.63%). Considering the results of sequencing as a Gold a standard test, the sensitivity and specificity of phenotypic methods for *E.faecalis*, *E.faecium*, *E.gallinarum*, *E.avium*, and *E.Caselli flavus* were 94.78% and 90.74%, 89.13 % and 97.77 %, 50% and 98.52%, 66.66% and 98.52%, and 50% and 98.56%, respectively. A significant relationship was observed between the sample and distribution of *Enterococcus* species ($P \leq 0.05$).

Conclusion: Due to extensive viability error in identification of *Enterococcus* species isolated from food by phenotypic methods, using a rapid and sensitive method is necessary.

Keywords: *Enterococcus*, Real-Time PCR, melting curve analysis

J Mazandaran Univ Med Sci 2017; 26 (145): 234-247 (Persian).

تعیین ارزش تشخیصی روش آنالیز منحنی ذوب مبتنی بر Multiplex Real time برای شناسایی گونه های انتروکوکوس

محمد رضا عربستانی^۱

حامد طهماسبی^۲

بهروز زینی^۳

چکیده

سابقه و هدف: انتروکوکوس ها می توانند سبب آلوده شدن فرآورده ای غذایی شوند. هدف از این پژوهش، جداسازی گونه های مختلف انتروکوکوس بر اساس روش Melting Curve Analyzing مبتنی بر Real time PCR در نمونه های مواد غذایی می باشد.

مواد و روش ها: در این مطالعه تجربی، ۱۳۸ نمونه مختلف (گوشت مرغ، گوشت قرمز، شیر، پنیر) آلوده به گونه های مختلف انتروکوکوس از مجموع ۵۱۰ نمونه مورد بررسی از سطح شهر جمع آوری شد. شناسایی گونه های مختلف انتروکوکوس با هدف قرار دادن سایت های انحصاری در گونه های مختلف و طراحی پرایمرهای اختصاصی برای این نواحی بر اساس روش Melting Curve Analyzing مبتنی بر Real time PCR صورت گرفت.

یافته ها: بر اساس آنالیز منحنی های ذوب به روش Real Time PCR، ۸۴ ایزوله (۶۰/۸۶ درصد) انتروکوکوس فکالیس، ۴۸ ایزوله (۳۴/۷۸ درصد) انتروکوکوس فاسیوم، ۱ ایزوله (۰/۷ درصد) انتروکوکوس گالیناروم، ۴ ایزوله (۲/۸ درصد) انتروکوکوس آویوم و ۱ ایزوله (۰/۷ درصد) به عنوان انتروکوکوس کاسلی فلاووس شناسایی شدند. بیشترین فراوانی ایزوله های انتروکوکوس به دست آمده مربوط به نمونه های گوشت مرغ با ۲۹ نمونه (۲۴/۶۳ درصد) و گوشت قرمز با ۲۱ نمونه (۵۱/۴۴ درصد) بود. هم چنین با قرار دادن نتایج حاصل از تعیین توالی آزمون PCR به عنوان شاخص استاندارد، حساسیت و ویژگی روش فنوتیپی برای انتروکوکوس فکالیس به ترتیب ۹۴/۷۸ درصد و ۹۰/۷۴ درصد، برای انتروکوکوس فاسیوم ۸۹/۱۳ درصد و ۹۷/۷۷ درصد، برای انتروکوکوس گالیناروم ۵۰ درصد و ۹۸/۵۲ درصد، برای انتروکوکوس آویوم ۶۶/۶۶ درصد و ۹۸/۵۲ درصد و برای انتروکوکوس کاسلی فلاووس ۵۰ درصد و ۹۸/۵۶ درصد به دست آمد. ارتباط معنی داری بین نوع نمونه و پراکنش گونه های انتروکوکوس مشاهده شد ($p \leq 0/05$).

استنتاج: باتوجه به گستردگی و خطاپذیر بودن روشهای فنوتیپی در تعیین گونه انتروکوکوس ها، و حساسیت و ویژگی پایین این روش، استفاده از یک روش حساس و سریع الزامی است.

واژه های کلیدی: انتروکوکوس، Real-Time PCR، Curve Analyzing Melting

مقدمه

غذاهای مختلف، امکان انتقال بسیاری از پاتوژن های مفید و مضر از جمله باکتری ها را به بدن انسان فراهم می سازد (۱). مصرف باقیمانده های مواد دارویی مانند آنتی بیوتیک ها توسط انسان از طریق زنجیره

E-mail: b.zeyni.umsha@gmail.com

مؤلف مسئول: بهروز زینی - همدان: دانشگاه علوم پزشکی همدان، دانشکده پزشکی، گروه میکروب شناسی

۱. دانشیار، گروه میکروب شناسی، دانشکده علوم پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی همدان، همدان، ایران

۲. کارشناس ارشد میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی زاهدان، زاهدان، ایران

۳. دانشجوی کارشناسی ارشد میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی همدان، همدان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۵/۴ تاریخ ارجاع جهت اصلاحات: ۱۳۹۵/۵/۳۱ تاریخ تصویب: ۱۳۹۵/۱۰/۲۷

غذایی (به واسطه فرآورده‌های دامی و لبنی)، باعث بروز واکنش‌های خطرناک آلرژیک، تب‌های مواج و گاه طولانی، اسهال، گرفتگی ماهیچه‌های شکمی، اثرات مخرب بر متابولیسم مواد در دستگاه گوارش می‌شود (۱). امکان انتقال ژن‌های عامل مقاومت به آنتی‌بیوتیک‌ها از محصولات دامی به انسان وجود دارد، به این صورت که به واسطه زنجیره غذایی این عوامل، مقاومت به آنتی‌بیوتیک از فلور میکروبی دام به پاتوژن‌های انسانی منتقل می‌شود (۲). انتروکوک‌ها (*Enterococcus*) از جمله مهم‌ترین باکتری‌هایی هستند که با دارا بودن خصوصیات منحصر به فرد، توانایی حضور در مواد غذایی و آلوده کردن آن‌ها را دارند (۳). این گروه از باکتری‌ها با تنوع بالای خود در کنار استفاده در صنایع غذایی، می‌توانند موجب ایجاد بیماری‌های مختلفی در انسان و حیوانات شوند (۳). انتروکوکوس‌ها به عنوان یکی از فلورهای طبیعی در دستگاه گوارش انسان و حیوان، خاک، آب و مواد غذایی وجود دارند. از ویژگی‌های این گروه از باکتری‌ها می‌توان به رشد در ۱۰ تا ۴۵ درجه سانتی‌گراد در محیط‌هایی با غلظت نمکی بالا و در گستره وسیعی از PH اشاره کرد. به علاوه انتروکوک‌ها دارای توانایی اکتساب فاکتورهای مقاومت دارویی متعددی هستند که مشکلات جدی در کنترل و مراقبت بیماران مبتلا به عفونت‌های انتروکوک‌ی ایجاد می‌نمایند (۴). این میکروارگانیسم‌ها سومین علت معمول باکتریایی کسب شده در بیمارستان‌ها هستند. از بیست گونه انتروکوک‌ی که تا امروز شناسایی شده‌اند، انتروکوکوس فکالیس (*Enterococcus faecalis*) و انتروکوکوس فاسیوم (*Enterococcus faecium*) حدود ۹۰ درصد از سویه‌های جدا شده از مواد غذایی و لبنی را به خود اختصاص داده‌اند (۵، ۶). اگرچه انتروکوکوس فاسیوم، انتروکوکوس فکالیس و انتروکوکوس دورانس (*Enterococcus durans*) از مدفوع انسان به فراوانی جدا شده است، اما این گونه‌ها در دام‌های اهلی مانند خوک، گاو و گوسفند کم‌تر دیده می‌شوند (۷). دلیل حضور این گروه از

باکتری‌ها در بیش‌تر محصولات غذایی تهیه شده از مواد خام (گوشت و شیر) و محصولات غذایی فراوری شده (مانند کالباس، سوسیس)، مقاومت انتروکوکوس‌ها به درجه حرارت پاستوریزه شدن، سازش‌پذیری آن‌ها به سویستراهای مختلف و شرایط متفاوت رشد (درجه حرارت بالا و پایین)، pH حداکثر و نمک می‌باشد (۸).

شیوع و فراوانی جنس انتروکوک و گونه‌های مرتبط با آن در کنار پراکندگی بالا، از نظر مقاومت‌های آنتی‌بیوتیکی هم دارای اهمیت ویژه‌ای می‌باشد. توانایی انتروکوکوس‌ها در انتقال عوامل مقاومت آنتی‌بیوتیکی از طریق مواد غذایی و قدرت آلوده‌کنندگی بالای آن‌ها، تشخیص به موقع و دقیق این گروه از باکتری‌ها را مهم کرده است (۵). روش‌های معمول شناسایی گونه‌های باکتریایی آلوده‌کننده مواد غذایی، به خصوص انتروکوکوس‌ها، از سرعت نامناسب و ارزش اخباری غیرقابل اطمینانی بر خوردار هستند (۹). در بسیاری از موارد، تشخیص جنس و گونه‌های انتروکوک که وابسته به روش‌های مبتنی بر کشت و بیوشیمیایی است، به دلیل وقت گیر بودن و استفاده از چندین آزمون قندی متعدد در کنار هم، خطای انسانی را به شدت بالا می‌برد که می‌تواند نتایج نهایی را تحت تاثیر قرار دهد (۱۰).

شناسایی گونه‌های انتروکوک، زمانی اهمیت ویژه‌ای پیدا می‌کند که سویه‌های مختلفی که به طیف گسترده‌ای آنتی‌بیوتیک‌ها مقاوم هستند، مد نظر باشند (۱۱). در برخی روش‌های مولکولی، با هدف قرار دادن ژن‌های اختصاصی در باکتری و طراحی پرایمر، می‌توان به تشخیص آن‌ها پرداخت. در انتروکوکوس فکالیس *divIVA* یک ژن اختصاصی می‌باشد که در تقسیمات سلولی و جداسازی کروموزوم نقش دارد (۱۲). ژن *Alanine racemase* هم در انتروکوکوس فاسیوم در بیوسنتر پپتید و گلیکان و تبادلات L و D الانین نقش مهمی دارد (۱۳). حضور *vanG-1* در انتروکوکوس گالیناروم (*Enterococcus*) مقاومت شیوع و فراوانی جنس انتروکوک و گونه‌های مرتبط با آن در کنار

پراکندگی بالا، از نظر مقاومت‌های آنتیبیوتیکی هم دارای اهمیت ویژه‌ای می‌باشد. توانایی *انتروکوکوس‌ها* در انتقال عوامل مقاومت آنتی‌بیوتیکی از طریق مواد غذایی و قدرت آلوده‌کنندگی بالای آن‌ها، تشخیص به موقع و دقیق این گروه از باکتری‌ها را مهم کرده است (۵). روش‌های معمول شناسایی گونه‌های باکتریایی آلوده‌کننده مواد غذایی، به خصوص *انتروکوکوس‌ها*، از سرعت نامناسب و ارزش اخباری غیرقابل اطمینانی بر خوردار هستند (۹). در بسیاری از موارد، تشخیص جنس و گونه‌های *انتروکوکوک* که وابسته به روش‌های مبتنی بر کشت و بیوشیمیایی است، به دلیل وقت‌گیر بودن و استفاده از چندین آزمون قندی متعدد در کنار هم، خطای انسانی را به شدت بالا می‌برد که می‌تواند نتایج نهایی را تحت تأثیر قرار دهد (۱۰). شناسایی گونه‌های *انتروکوکوک*، زمانی اهمیت ویژه‌ای پیدا می‌کند که سویه‌های مختلفی که به طیف گسترده‌ای آنتیبیوتیک‌ها مقاوم هستند، مد نظر باشند (۱۱). در برخی روش‌های مولکولی، با هدف قرار دادن ژن‌های اختصاصی در باکتری و طراحی پرایمر، می‌توان به تشخیص آن‌ها پرداخت. در *انتروکوکوکوس فکالایس* *divIVA* یک ژن اختصاصی می‌باشد که در تقسیمات سلولی و جداسازی کروموزوم نقش دارد (۱۲). ژن *Alanine racemase* هم در *انتروکوکوکوس فاسیوم* در بیوسنتز پپتید و گلیکان و تبادلات L و D الانین نقش مهمی دارد (۱۳). حضور *vanC-1* در *انتروکوکوکوس گالیناریوم* (*Enterococcus gallinarum*) مقاومت سطح پایین به ونکومايسن را سبب می‌شود. در گونه‌های *انتروکوکوکوس کاسلی فلاووس* (*Enterococcus casseliflavus*) و *آویوم* (*Enterococcus avium*) نیز ژن‌های *elongation factor Tu (tuf)* و *16S* دارای عملکردهای انحصاری در روند ترجمه می‌باشند (۱۰). برای شناسایی این ژن‌ها استفاده از روش‌های مولکولی مبتنی بر تکنیک‌های حساس، می‌تواند در امر شناسایی این گونه‌ها کمک‌کننده باشد. یکی از این روش‌ها آنالیز منحنی

ذوب یا Melting Curve Analyzing می‌باشد که در آن با استفاده از تکنیک *Real time PCR* و رنگ‌های فلورسانت، ذوب لحظه‌ای DNA را مورد ارزیابی قرار می‌دهند. در این تست، تشخیص دقیق بر مبنای رابطه بین دما و وسعت دناچوره شدن DNA، استوار شده است. دناچوره شدن DNA با افزایش دما، منحنی ذوب را که معمولاً به شکل سیگموئید است، مشخص می‌کند (۱۲). با طراحی پرایمرهای اختصاصی با حساسیت بالا در کنار استفاده از روش‌های مبتنی بر *Real-Time PCR*، می‌توان علاوه بر از بین بردن خطاهای احتمالی در تشخیص اولیه، با حذف مسیر کشت باکتری، زمان شناسایی آن را در بیمار به شدت کاهش داد (۶). دف از این مطالعه، طراحی روشی پایه ایی مبتنی بر آنالیز نمودارهای مربوط به ذوب DNA برای تشخیص سریع و دقیق *انتروکوکوکوس‌های* جدا شده از نمونه‌های مواد غذایی و گوشت می‌باشد.

مواد و روش‌ها

جمع‌آوری نمونه از مواد غذایی

در این مطالعه تجربی، تعداد ۱۳۸ نمونه مواد غذایی شامل گوشت مرغ (۳۴ نمونه)، شیر (۱۹ نمونه)، گوشت قرمز (۷۱ نمونه) و پنیر (۱۴ نمونه) مورد آزمایش قرار گرفت. نمونه‌های مواد غذایی در فاصله زمانی اسفند ماه ۱۳۹۲ لغایت مهر ۱۳۹۳ به صورت تصادفی (آسان و در دسترس)، با هماهنگی با کارشناسان مراکز بهداشت وابسته به معاونت غذا و داروی دانشگاه علوم پزشکی همدان و در بازدید از سطوح عرضه گروه‌های مختلف مواد غذایی مانند سوپرمارکت‌ها، قصابی‌ها و مراکز توزیع و عرضه شیر در مناطق تحت شهر همدان جمع‌آوری شد. معیار ورود در این مطالعه، مراکزی بودند که از وزارت بهداشت، مجوز فعالیت رسمی داشتند. معیار خروج مراکزی بودند که فاقد مجوز لازمه بودند. نمونه‌های اخذ شده با رعایت شرایط استریل به آزمایشگاه میکروبی شناسی دانشگاه علوم پزشکی همدان منتقل شد.

شناسایی و جداسازی گونه های مختلف انتروکوکوس بر اساس تست های فنوتیپی

با استفاده از روش های بیوشیمیایی، سوش های انتروکوکوس فکالین و انتروکوکوس فاسیوم، انتروکوکوس آویوم (*Enterococcus gallinarum*) و انتروکوکوس گالیناروم (*Enterococcus avium*) جداسازی و تعیین هویت شدند. برای جداسازی انتروکوکوسها از محیط کشت اختصاصی کانامایسین اسکولین آزید آگار (kanamycin aesculin agar) (شرکت مرک، آلمان) به عنوان مناسبترین محیط کشت برای شناسایی استفاده شد (۱۳). برای تعیین هویت گونه های انتروکوکوس با استفاده از روش های استاندارد میکروشناسی، مورفولوژی کلنی، با استفاده از ویژگی های بیوشیمیایی متداول از جمله هیدرولیز اسکولین در حضور صفرا، رشد در حضور ۶/۵ NaCl درصد، فعالیت پیرولیدونیل آریل آمیداز (Pyr) انجام شد. هم چنین از آزمون های مبتنی بر تخمیر قندها (آرابینوز، مانیتول، سوربیتول، سوربوز، لاکتوز) در لوله های حاوی محیط پایه قندی به نسبت ۱ درصد از قندهای ذکر شده و انکوبه کردن در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد به مدت ۲۴ ساعت استفاده شد (۱۴، ۱۵).

استخراج DNA ژنومی

جهت استخراج DNA ژنومی از روش جوشاندن استفاده شد. در این روش به طور کلی یک کلنی از هر سویه باکتری در ۱۰۰ میکرولیتر محلول PBS (Phosphate Bufferd Saline) استریل ورتکس شده به مدت ۱۵ دقیقه جوشانده شد. پس از سانتریفوژ نهایی، مایع رویی به عنوان DNA مورد استفاده قرار گرفت.

جهت کنترل کیفیت DNA به دست آمده، غلظت و چگالی نوری DNA تخلیص شده در طول موج های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر با دستگاه اسپکتروفتومتر نانودراپ ND-1000 (USA, BioRad) تعیین گردید (۱۳).

طراحی پرایمرهای اختصاصی برای گونه های مختلف انتروکوکوس

جهت طراحی پرایمرهای اختصاصی، سایت های هدف در گونه های مختلف انتروکوکوس مورد استفاده قرار گرفت. سایت های هدف انتخاب شده برای پرایمر انتروکوکوس گالیناروم ژن *vanC*، برای انتروکوکوس کاسلی فلاووس (*Enterococcus casseliflavus*) ژن *EF-TU*، برای انتروکوکوس فکالین ژن *divIVA* و برای انتروکوکوس فاسیوم ژن *Alanine racemase* تعیین شد. پس از انتخاب سایت هدف جهت طراحی پرایمر بانک های اطلاعاتی مربوط به هر باکتری از سایت NCBI جستجو و تهیه گردید. جهت ارزیابی دمای *Anneling* و *Tm* پرایمرهای طراحی شده از نرم افزار *Oligo* و *Gene Runner* استفاده شد. بعد از طراحی پرایمرهای ذکر شده به منظور اطمینان از اختصاصی بودن عملکرد آنها، در بانک اطلاعاتی NCBI عمل *Blast* کردن با نمونه های انسانی، قارچی، ویروس ها و میکروارگانیسم های دیگر صورت پذیرفت (جدول شماره ۱).

تعیین توالی محصولات پرایمرهای طراحی شده جهت تعیین آزمون استاندارد به منظور مقایسه حساسیت و ویژگی روش های کشت و مولکولی و همچنین

جدول شماره ۱: توالی پرایمرهای طراحی شده جهت شناسایی گونه های مختلف انتروکوکوس در مواد غذایی

باکتری مورد مطالعه	ژن های مورد نظر	طول توالی	اندازه (bp)	رفرنس
انتروکوکوس فکالین	<i>F.divIVA</i> <i>R.divIVA</i>	F: ACGTGTCTTCCATCAACGCT R: ACTGCTGTATGTTTGTCCTCGA	۱۲۳	این مطالعه
انتروکوکوس فاسیوم	<i>F.Alanine racemase</i> <i>R. Alanine racemase</i>	F: ATCCCTCTGGGCACGCAC R: ACATACACGCCAATCGTTTC	۲۴۸	این مطالعه
انتروکوکوس گالیناروم	<i>vanC-F</i> <i>vanC-R</i>	AGCAATAAATCTTTGTGGGTTGCT ATTTCGGGCAATGAAAGACAG	۱۵۸	این مطالعه
انتروکوکوس کاسلی فلاووس	<i>EF-tu-F</i> <i>EF-tu-R</i>	TTTTCGATCACAGGACGGGG GTTATCGCCAGCTTCTCCGA	۱۷۱	این مطالعه
انتروکوکوس آویوم	<i>16s-F</i> <i>16s-R</i>	GTTTCGGTTTGAAGGCGCT TGTCTCAGTCCCAATGTGGC	۱۳۸	این مطالعه

اطمینان از عدم همولوژی و مکمل بودن توالی پرایمرها با توالی‌های نوکلئوتیدی در بخش‌های دیگر ژنوم، آزمون PCR جهت تکثیر ژن‌های هدف در گونه‌های مورد مطالعه تایید شده از نظر فوتویی انجام گرفت. محصولات به دست آمده برای تعیین توالی به شرکت تکاپوزیست ارسال شدند. در نهایت نتایج حاصل از تعیین توالی‌های طراحی شده در قسمت BLAST پایگاه NCBI tool Search BLAST به آدرس <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Blast> بررسی شدند.

شناسایی گونه‌های مختلف اتروکوکوس به واسطه PCR جهت انجام واکنش PCR برای هر نمونه به این صورت عمل شد: ۱ میکرولیتر از DNA استخراج شده به همراه ۱۲ میکرولیتر از مستر میکس قرمز (Ampliqon، آلمان) (شامل Tris-HCl PH8.5، (NH₄)SO₄، 3mMMgcl₂، 0/2% Tween 20، MmdNTP 4/4، Insert red dye، unit Ampliqon polymeras 0/2 and stabilizer) و ۱ میکرولیت از هر پرایمر به غلظت ۱۰ پیکومولار داخل میکروتیوب‌های ۰/۲ BioFil RNAAs/DNAAs Free (کره جنوبی) ریخته شد و برای رساندن حجم نهایی به ۲۵ میکرولیتر به آن آب مقطر اضافه گردید. برای تکثیر ژن‌های مورد نظر از دستگاه ترموسایکلر Eppendorf (کشور آلمان) با تنظیمات سیکل دمایی به صورت شوک حرارتی ۹۴ درجه سانتی گراد ۶۰ ثانیه، و تعداد ۲۵ سیکل به صورت ۹۴ درجه سانتی گراد ۳۰ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی گراد ۳۰ ثانیه اعمال شد. دمای انلینگ برای ژن *Alanine racemase* ۵۷ درجه سانتی گراد، برای ژن *divIVA* ۵۹ درجه سانتی گراد و برای ژن‌های *EF-tu* و *vanC* ۵۸ 16s درجه سانتی گراد هر کدام به مدت ۶۰ ثانیه تعیین شد. طولیل شدن نهایی هم در ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۷ دقیقه در نظر گرفته شد.

الکتروفورز محصولات حاصل از PCR

محصولات PCR توسط الکتروفورز با استفاده از ژل ۵/ درصد آگارز از یکدیگر جدا شدند؛ به این صورت که ۵ میکرولیتر از محصول نهایی PCR در ژل آگارز ۱/۵ درصد در بافر ۰/۵X الکتروفورز گردید. برای رنگ دهی به ژل، به آن ۴ میکرولیتر محلول Gel Red (Biotium آمریکا) اضافه و خوب مخلوط گردید. برای تعیین اندازه محصولات از نشانگر (Marker) مولکولی فرمتاز (Thermofisher دانمارک) با توالی ۱۰۰ جفت بازی استفاده شد. در نهایت از ژل حاصل توسط دستگاه ژل داک عکسبرداری شد.

شناسایی گونه‌های مختلف اتروکوکوس به واسطه

Real time PCR

جهت انجام واکنش Real time از دستگاه ABI one plus (آمریکا) استفاده شد. تنظیمات دمایی دستگاه به صورت زیر اعمال شد. مرحله اول که منجر به دناتوره شدن DNA الگو و فعال شدن آنزیم پلیمرز می‌گردد، در دمای ۹۵ درجه سانتی گراد و به مدت ۵ دقیقه انجام گرفت. در مرحله دوم، واکنش تکثیری DNA در ۴۰ سیکل و با دمای ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۱۵ ثانیه و دمای ۵۸ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه ادامه یافت. مرحله پایانی جهت ترسیم منحنی تفکیک یا منحنی ذوب به صورت ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۱۵ ثانیه، ۵۵ درجه سانتی گراد به مدت ۱ دقیقه و ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۱۵ ثانیه انجام شد. واکنش‌های Real time PCR در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر به صورت دوتایی در پلیت‌های ۹۶ چاهکی انجام شدند. مخلوط واکنش شامل Mix Master PCR SYBR Green (TaKaRa, Japan) به میزان ۱۰ میکرولیتر، ۱ میکرولیتر (غلظت ۱۰ پیکومولار) از پرایمرهای مستقیم و معکوس، ۵ میکرولیتر DNA الگو، ۰/۴ میکرولیتر رنگ Rox و بقیه آن آب

یافته ها

در تست های اولیه فونتیپی انجام شده جهت تشخیص اولیه گونه های انتروکوکوس در مواد غذایی، از مجموع ۱۳۵ نمونه مختلف، ۴۰ ایزوله (۲۸/۵۷ درصد) انتروکوکوس از گوشت مرغ، ۱۰ ایزوله (۶/۸ درصد) از پنیر، ۲۰ ایزوله (۱۳/۷۹ درصد) از شیر و ۴۵ ایزوله (۳۱/۰۳ درصد) از گوشت قرمز جداسازی شد. فراوانی گونه های مختلف انتروکوکوس در نمونه های مواد غذایی به صورت، ۶۹ ایزوله (۴۷/۵۸ درصد) انتروکوکوس فکاليس، ۳۵ ایزوله (۲۴/۱۳ درصد) انتروکوکوس فاسیوم، ۱۳ ایزوله (۸/۹ درصد) انتروکوکوس گالیناروم، ۹ ایزوله (۶/۹ درصد) انتروکوکوس آویوم و ۱۹ ایزوله (۱۳/۱ درصد) انتروکوکوس کاسلی فلاووس بودند. در این میان بیش ترین نمونه های انتروکوکوس فکاليس از گوشت قرمز و گوشت سفید جداسازی شد (جدول شماره ۲). برای تعیین حساسیت پرایمرهای طراحی شده و مشخص کردن توانایی آن ها در شناسایی سایت های انحصاری مورد هدف در گونه های مختلف انتروکوکوس، رقت های مختلف DNA به همراه پرایمرهای مورد نظر، توسط تکنیک Real-time PCR مورد ارزیابی قرار گرفت. در نهایت تکثیر رقت های حاصل از تکثیر ژن های مورد مطالعه در باکتری های انتروکوکوس فکاليس، انتروکوکوس فاسیوم، انتروکوکوس گالیناروم، انتروکوکوس آویوم و انتروکوکوس کاسلی فلاووس به صورت منحنی های ذوب به دست آمد. نتایج حاصل از منحنی های ذوب نشان دهنده همپوشانی کامل واکنش های چندتایی در همه موارد بود. دمای به دست آمده از نتیجه Blast پرایمرها در پایگاه داده NCBI با دمای به دست آمده از دمای ذوب DNA در واکنش Real Time یکسان بودند. به طوری که منحنی حاصل از تکثیر ژن *divIVA* در انتروکوکوس فکاليس در همه رقت ها دمای ۷۶/۶ درجه سانتی گراد و منحنی های حاصل از تکثیر ژن *Alanine racemase* در انتروکوکوس فاسیوم دمای ۸۰/۹۳ درجه سانتی گراد، منحنی های

مقطر تا حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر اضافه شد. برای انجام آزمون حساسیت پرایمرهای طراحی شده با استفاده از تهیه استاندارد باکتریایی با غلظت نیم مک فارلند (1.5×10^8 CFU/ml)، اقدام به تهیه رقت سریال از 10^6 تا ۱۰۶ باکتری شد و به صورت سه تایی (Triplicate) در سه روز متوالی برای رقت های تهیه شده آزمون Real Time PCR انجام شد و با استفاده از تکرارپذیری تست انجام شده، حساسیت آزمون طراحی شده به دست آمد. هم چنین به منظور انجام آزمون اختصاصیت پرایمرهای تهیه شده از سویه DNA سویه استاندارد *Enterococcus faecalis* ATCC 29212 به عنوان کنترل مثبت و از *Escherichia coli* ATCC 25922 DNA و *Staphylococcus aureus* 29213 به عنوان کنترل منفی استفاده شد. برای جداسازی گونه های مختلف انتروکوک از یکدیگر در آنالیز Melting curve استفاده شد. در پایان واکنش، منحنی استاندارد بر اساس لگاریتم غلظت DNA محور افقی و سیکل آستانه (محور عمودی) ترسیم شد. از شیب منحنی استاندارد برای محاسبه راندمان واکنش تکثیری استفاده شد.

آنالیز و بررسی داده ها

برای آنالیز نتایج حاصل تعیین توالی محصولات پرایمرهای گونه های مختلف از نرم افزار Chromas نسخه ۲.۵۱ استفاده شد. تحلیل داده های به دست آمده با استفاده از نرم افزار SPSS (IBM آمریکا)، انجام شد. حساسیت، ویژگی، ارزش اخباری منفی و ارزش اخباری مثبت روش های فونتیپی و Real time PCR جهت تعیین گونه های مختلف انتروکوکوس با استفاده از تحلیل های آماری صورت گرفت. در این بررسی نتایج به دست آمده از تعیین توالی تست مولکولی PCR به عنوان شاخص استاندارد مورد استفاده قرار گرفت. جهت بررسی ارتباط معنی دار بودن داده های به دست آمده نیز از آزمون آماری Chi-squver با ضریب اطمینان ۹۵ درصد استفاده شد ($p < 0.05$).

حاصل از تکثیر ژن *EF-tu* در انتروکوکوس کاسلی فلاووس دمای ۸۲/۹ درجه سانتی گراد، منحنی های حاصل از تکثیر ژن *vanC* در انتروکوکوس گالیناروم دمای ۷۹/۱ درجه سانتی گراد و منحنی های حاصل از تکثیر ژن *16S* در انتروکوکوس آویوم دمای ۸۵/۱ درجه سانتی گراد را نشان داد (نمودار شماره ۱) (جدول شماره ۲). تحلیل منحنی های آستانه مربوط به ژن های گونه ای مختلف انتروکوکوس، نشان دهنده شروع موفق همانندسازی در سیکل های مختلف در همه رقت های تهیه شده بود (نمودار شماره ۱). با به دست آوردن غلظت در رقت های ۱۰^۱ تا ۱۰^۷ مشخص شد که پرایمر طراحی شده برای انتروکوکوس فاسیوم و انتروکوکوس فکالین قدرت شناسایی ۱۵CFU باکتری، پرایمر طراحی شده برای انتروکوکوس آویوم قدرت شناسایی ۲۰ باکتری، پرایمر طراحی شده برای انتروکوکوس گالیناروم قدرت شناسایی ۱۰ باکتری و پرایمرهای طراحی شده برای انتروکوکوس کاسلی فلاووس قدرت شناسایی ۲۵ باکتری را دارا می باشد (جدول شماره ۳). با استفاده از پرایمرهای اختصاصی به همراه DNA های گونه های متفاوت، اختصاصیت پرایمرهای طراحی شده تعیین شد. جهت بررسی کیفیت قطعات ژنومی تکثیر شده در واکنش Real time PCR، محصولات واکنش در ژل الکتروفورز ۱/۵ درصد بارگذاری شدند. از مارکر مولکولی با اندازه ۱۰۰ جفت بازی در واکنش فوق، استفاده شد و باندهایی به طول ۱۲۳ جفت مربوط به تکثیر موفقیت آمیز ژن *divIVA* انتروکوکوس فکالین، طول ۲۴۸ جفت باز مربوط به تکثیر موفقیت آمیز ژن *Alanine racemase* انتروکوکوس فاسیوم، طول ۱۵۸

جفت باز مربوط به تکثیر موفقیت آمیز ژن *VanC* انتروکوکوس گالیناروم، طول ۱۷۱ جفت باز مربوط به تکثیر موفقیت آمیز ژن *EF-tu* انتروکوکوس کاسلی فلاووس و طول ۱۳۸ جفت باز مربوط به تکثیر ژن *16S* انتروکوکوس آویوم به دست آمد. نتایج حاصل از Blast محصولات ژن *divIVA* در باکتری *Enterococcus faecalis*، تکثیر ژن *Alanine racemase* در باکتری *Enterococcus faecium*، ژن *vanC* در انتروکوکوس گالیناروم، ژن *S16* در انتروکوکوس آویوم و ژن *EF-tu* در انتروکوکوس کاسلی فلاووس (*Enterococcus casseliflavus*) نشان دهنده عدم همولوژی پرایمرهای طراحی شده با باکتری های دیگر بود (تصویر شماره ۱). هم چنین نتایج هم ترازبندی نشان دهنده حساسیت و اختصاصیت بسیار مناسب برای شناسایی باکتری های مورد مطالعه بودند.

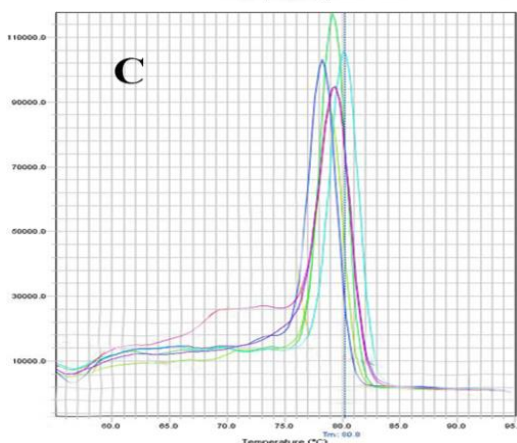
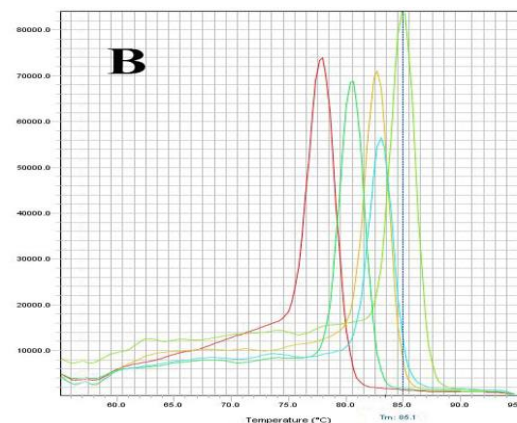
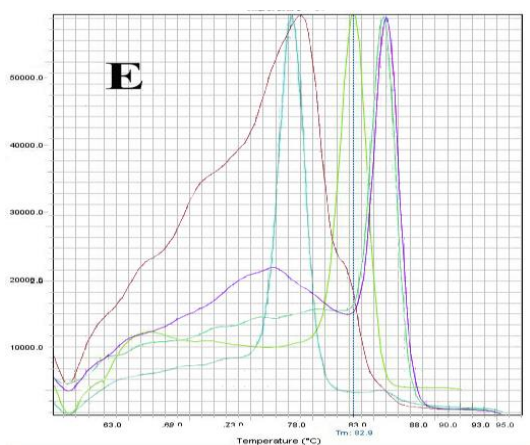
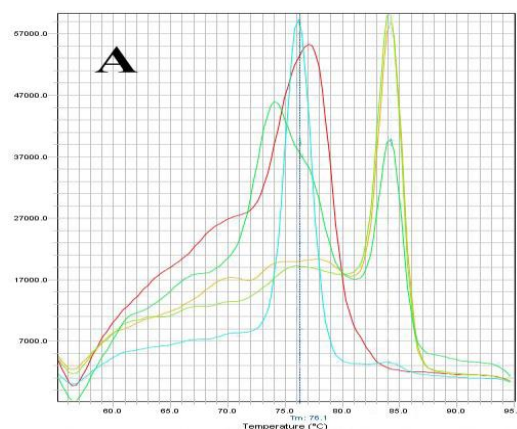
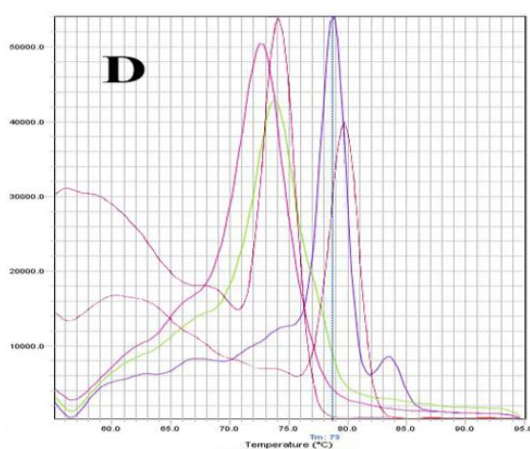
با استفاده تعیین مقادیر P-Value برای گونه های مختلف، مقادیر به دست آمده برای وجود یا عدم وجود ارتباط بین پراکنش گونه های انتروکوکوس و نوع و تعداد مواد غذایی به دست آمد (جدول شماره ۳). به منظور انجام آزمون اختصاصیت پرایمرهای تهیه شده از نمونه DNA باکتری استافیلوکوک اورئوس برای تعیین اختصاصیت پرایمرهای انتروکوکوس فکالین و هم چنین برای تعیین اختصاصیت پرایمرهای انتروکوکوس فاسیوم از باکتری اشیریشیا کلی استفاده شد. دماهای به دست آمده در پایان واکنش و منحنی های ایجاد شده، نشان دهنده عدم شناسایی پرایمرهای مورد استفاده در این مطالعه برای سایر باکتری بود (جدول شماره ۳).

جدول شماره ۲: توزیع فراوانی گونه های مختلف انتروکوکوس بر اساس تست های فوتیپی و ژنوتیپی در مواد غذایی

نمونه های غذایی	گونه های مختلف انتروکوکوس (n=۱۳۸)										P. Value (P≤0/05)
	انتروکوکوس فکالین (n=۸۴)		انتروکوکوس فاسیوم (n=۴۸)		انتروکوکوس گالیناروم (n=۱۱)		انتروکوکوس آویوم (n=۴)		انتروکوکوس کاسلی فلاووس (n=۱)		
	فوتیپی مثبت	فوتیپی مثبت	فوتیپی مثبت	فوتیپی مثبت	فوتیپی مثبت	فوتیپی مثبت	فوتیپی مثبت	فوتیپی مثبت	فوتیپی مثبت	فوتیپی مثبت	
پنیر	۹	۹	۴	۴	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰/۰۳۳۱
گوشت مرغ	۲۹	۱۴	۲۲	۲۲	۲	۲	۱	۰	۲	۱	۰/۰۱۲۱
گوشت قرمز	۴۱	۴۱	۱۹	۱۹	۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰/۰۱۵۹
شیر	۱۰	۰	۱	۱	۰	۱	۱	۲	۰	۰	۰/۰۴۹۱

جدول شماره ۳: نتایج حاصل از بررسی تعیین غلظت و OD در رقت‌های مختلف DNA باکتری های انتروکوکوس فاسیوم و انتروکوکوس فکاليس با استفاده از دستگاه نانودراپ

غلظت و OD های به دست آمده در رقت های متفاوت									باکتری مورد مطالعه
۱۰ ^{-۱}	۱۰ ^{-۲}	۱۰ ^{-۳}	۱۰ ^{-۴}	۱۰ ^{-۵}	۱۰ ^{-۶}	۱۰ ^{-۷}	استوک		
۰/۱	۰/۶	۰/۸	۱/۴	۱/۱	۱/۳	۴/۰۹	۲/۳	OD	انتروکوکوس فکاليس
۰/۰۰۰۶pg	۰/۰۰۵۷pg	۰/۷۵pg	۰/۷pg	۸/۱۲pg	۰/۰۷ng	۰/۷۹ng	۸ng	Con	
۰/۷۸	۱	۰/۴۸	۰/۹۱	۰/۹	۰/۹۳	۲	۱/۱۴	OD	انتروکوکوس فاسیوم
۰/۰۰۰۰۳۸pg	۰/۰۰۰۳pg	۰/۰۴۲pg	۰/۵۱pg	۴/۹pg	۰/۰۶۱ng	۰/۵۳ng	۵/۶۴ng	Con	
۰/۷۹	۰/۶	۰/۹۷	۳/۹	۲/۳	۱/۹	۳/۱	۴/۴	OD	انتروکوکوس کاسلی فلاووس
۰/۰۰۰۰۱۶pg	۰/۰۰۰۶۸pg	۰/۰۷۹pg	۰/۸۵pg	۹/۱pg	۰/۱۸۱ng	۱ng	۹/۳ng	Con	
۰/۷۸	۰/۴۹	۰/۹۷	۱/۸۹	۱/۲۹	۲/۲	۲	۴/۵	OD	انتروکوکوس آویوم
۰/۰۰۰۰۳۹pg	۰/۰۰۰۴۵pg	۰/۰۰۵pg	۰/۳۹pg	۵/۹pg	۰/۰۶۳ng	۰/۵۱ng	۵/۳ng	Con	
۰/۴۹	۰/۹۳	۰/۸۳	۰/۹	۲/۴	۱/۹	۳/۱	۲/۵	OD	انتروکوکوس گالیناروم
۰/۰۰۰۴۲pg	۰/۰۰۶۷pg	۰/۰۶۵pg	۰/۵۷pg	۴/۹۲pg	۰/۵۷ng	۰/۷ng	۶/۰۱ng	Con	



نمودار شماره ۱: منحنی‌های ذوب Multiplex Real Time حاصل از DNA و پرایمرهای گونه‌های مختلف انتروکوکوس براساس دما (محور افقی) و مشتق سیگنال فلورسنت (محور عمودی). A: انتروکوکوس فکاليس (۷۶/۶ درجه سانتی گراد). B: انتروکوکوس آویوم (۸۵/۱ درجه سانتی گراد). C: انتروکوکوس فاسیوم (۸۰/۸ درجه سانتی گراد). D: انتروکوکوس گالیناروم (۷۹/۱ درجه سانتی گراد). E: انتروکوکوس کاسلی فلاووس (۸۲/۹ درجه سانتی گراد).

آویوم ۱۰۰ درصد و ۱۰۰ درصد، برای *انتروکوکوس فکالیس* ۹۷/۶۱ درصد و ۹۰/۷۴ درصد، برای *انتروکوکوس فاسیوم* ۹۶/۰۷ درصد و ۹۸/۹ درصد، برای *انتروکوکوس گالیناروم* ۱۰۰ درصد و ۱۰۰ درصد، و برای *انتروکوکوس کاسلی فلاووس* ۱۰۰ درصد و ۱۰۰ درصد بود.

بحث

روش‌های فنوتیپی رایج برای تشخیص این باکتری‌ها در بیش‌تر مواقع با خطا همراه است. استفاده از روش‌های مولکولی حساس مانند Multiplex Real time PCR و طراحی پرایمرهای اختصاصی برای شناسایی *انتروکوکوس*‌ها می‌تواند خطاها احتمالی را از بین ببرد. در مطالعه حاضر که به جداسازی گونه‌های مختلف *انتروکوکوس* از نمونه‌های مواد غذایی پرداخته شد، با هدف قرار دادن قسمت‌های خاصی از گونه‌های *انتروکوکوس فاسیوم*، *انتروکوکوس فکالیس*، *انتروکوکوس آویوم*، *انتروکوکوس گالیناروم* و *انتروکوکوس کاسلی فلاووس* و طراحی پرایمرهای اختصاصی برای ژن‌های کدکننده این قسمت‌ها، شناسایی گونه‌های مختلف در مواد غذایی با موفقیت انجام شد. در روش فنوتیپی، از ۱۴۵ نمونه گرفته شده، ۸۷ ایزوله (۶۰ درصد) به عنوان *انتروکوکوس فکالیس* و ۴۴ ایزوله (۳۰/۳۴ درصد) به عنوان *انتروکوکوس فاسیوم* شناسایی شدند. درحالی‌که با استفاده از پرایمرهای اختصاصی در کنار روش Multiplex Real time PCR برای این دو گونه، ۸۹ ایزوله (۶۱/۳۷ درصد) *انتروکوکوس فکالیس* و ۴۵ ایزوله (۳۱/۰۳ درصد) *انتروکوکوس فاسیوم* تعیین شدند. این در حالی بود که حساسیت، ویژگی، ارزش اخباری مثبت و ارزش اخباری منفی روش فنوتیپی در مقایسه با شاخص استاندارد تعیین شده (تعیین توالی) برای *انتروکوکوس فکالیس* ۹۴/۸۷ درصد، ۹۰/۴۷ درصد، ۹۰/۲۴ درصد، ۹۰/۲۴ درصد و ۹۵ درصد و برای *انتروکوکوس فاسیوم* به ترتیب ۸۹/۱۳ درصد، ۹۷/۷۷ درصد، ۹۵/۳۴ درصد و ۹۴/۶۲ درصد به دست آمد.



تصویر شماره ۱: نتایج الکتروفورز حاصل از تکثیر ژن‌های مورد مطالعه بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد. چاهک ۱: ژن *divIVA* مربوط به *انتروکوکوس فکالیس* به طول ۱۲۳ جفت باز. چاهک ۲: ژن *16S* مربوط به *انتروکوکوس آویوم* به طول ۱۳۸ جفت باز. چاهک ۳: ژن *VanC* مربوط به *انتروکوکوس گالیناروم* به طول ۱۵۸ جفت باز. چاهک ۴: ژن *EF-tu* مربوط به *انتروکوکوس کاسلی* به طول ۱۷۱ جفت باز. چاهک ۵: ژن *Alanine racemase* مربوط به *انتروکوکوس فاسیوم فلاووس* به طول ۲۴۸ جفت باز. چاهک‌های ۶، ۷، ۸، ۹، ۱۰: مارکر مولکولی با اندازه ۱۰۰ جفت باز.

با استفاده از تعیین توالی محصولات به دست آمده از آزمون PCR که به عنوان گلد استاندارد قرار داده شد، حساسیت، ویژگی، ارزش اخباری مثبت و ارزش اخباری منفی روش‌های کشت و Real Time PCR به دست آمد. حساسیت، ویژگی، ارزش اخباری مثبت و ارزش اخباری منفی روش فنوتیپی برای گونه‌های مختلف *انتروکوکوس* به صورت زیر بود: *انتروکوکوس آویوم*: ۹۸/۵۲ درصد، ۹۸/۵۲ درصد، ۹۶/۶۶ درصد، ۹۸/۵۲ درصد، *انتروکوکوس فکالیس*: ۹۴/۸۷ درصد، ۹۰/۴۷ درصد، ۹۰/۲۴ درصد و ۹۵ درصد، *انتروکوکوس فاسیوم*: ۹۴/۶۲ درصد، ۸۹/۱۳ درصد، ۹۷/۷۷ درصد و ۹۵/۳۴ درصد، *انتروکوکوس کاسلی فلاووس*: ۵۰ درصد، ۹۸/۵۶ درصد، ۹۹/۲۷ درصد و ۳۳/۳۳ درصد، *انتروکوکوس گالیناروم*: ۵۰ درصد، ۹۸/۵۲ درصد، ۳۳/۳۳ درصد و ۹۹/۲۵ درصد. هم‌چنین حساسیت، ویژگی برای روش Real Time PCR با استفاده از پرایمرهای اختصاصی طراحی شده برای *انتروکوکوس*

نتایج فوق برای روش Real Time PCR در مقایسه با شاخص استاندارد تعیین شده، در نتایجی که Gaëlle Cuzon و همکاران در سال ۲۰۰۸ به دست آوردند، وجود اختلاف بالا در حساسیت و ویژگی روش های فنوتیپی جهت تشخیص سویه های مقاوم این دو گونه مورد ارزیابی قرار گرفت که نتایج آن نشان دهنده وجود خطاهای احتمالی در روش های فنوتیپی جهت تعیین گونه و سویه های یک گونه می باشد (۱۱). این امر نشان دهنده وجود خطاهای احتمالی در انجام تست های فنوتیپی می باشد. در استفاده از روش Melting Curve Analyzing که بر اساس تجزیه و تحلیل منحنی حاصل از ذوب DNA می باشد، می توان خطاهای احتمالی بر اساس تست های فنوتیپی را از بین برد. حساسیت این روش ارتباط بسیاری به پرایمرهای طراحی شده و مورد استفاده دارد. حساسیت و ویژگی تست های فنوتیپی برای انتروکوکوس آویوم ۶۶/۶۶ درصد، ۹۸/۵۲ درصد، برای انتروکوکوس گالیناروم ۵۰ درصد، ۹۸/۵۲ درصد و برای انتروکوکوس کاسلی فلاووس ۵۰ درصد و ۹۸/۵۶ درصد به دست آمدند. در گزارشاتی که Anton Mak و همکاران در سال ۲۰۰۹ با مقایسه روش های فنوتیپی و ژنوتیپی ساده ارائه دادند، خطاهای روش های فنوتیپی در تعیین گونه و برخی سویه های مقاوم را مشاهده کردند. در این بررسی که از PCR معمولی جهت این مقایسه استفاده شده بود، اختلاف حساسیت و ویژگی روش ها قابل تامل بود، در حالی که در مطالعه حاضر از روش حساس تر و دقیق تر Real Time استفاده شده است که در نهایت این اختلاف معنی دار را در مورد حساسیت روش ها سبب شده است (۱۵).

Woksepp و همکاران در مطالعات خود در سال ۲۰۱۴ از روش آنالیز منحنی ذوب DNA های باکتری های مختلف استفاده کردند، دسته بندی باکتری مطابق با این روش با بالاترین حساسیت صورت گرفت. در این بررسی، حساسیت این روش در تعیین گونه انتروکوکوس ها با روش Multilocus sequence typing (MLST) مورد

ارزیابی قرار گرفت. در مقایسه با MLST دارای حساسیت بسیار مناسبی بود (۱۲). در مطالعه حاضر، با توجه به تعیین توالی پرایمرهای طراحی شده و عدم همولوژی آنها، قدرت پرایمرهای پیشنهادی به گونه ای است که برای انتروکوکوس فکالینس و فاسیوم توانایی شناسایی ۱۵ باکتری، برای انتروکوکوس آویوم ۲۵ باکتری، برای انتروکوکوس کاسلی فلاووس ۲۰ باکتری و برای انتروکوکوس گالیناروم توانایی شناسایی ۱۰ CFU/ml باکتری را دارا می باشد. نتایج حاصل از این مطالعه با مطالعات Pendle و همکاران که در سال ۲۰۰۸ در استرالیا انجام شد، نسبتاً همخوانی دارد (۱۶). گونه های مختلف انتروکوکوس دارای همولوژی نزدیکی به هم هستند. در مطالعه انجام شده توسط ما نیز این مورد در تست های فنوتیپی دیده شد، به طوری که در ۵ مورد گزارش انتروکوکوس گالیناروم و ۳ مورد گزارش انتروکوکوس آویوم با تست های مولکولی به ترتیب ۲ مورد از انتروکوکوس گالیناروم، انتروکوکوس فاسیوم و ۱ مورد از انتروکوکوس آویوم، انتروکوکوس فکالینس تشخیص داده شد. این در حالی است که ارزش تشخیصی روش آنالیز ذوب مبتنی بر Multiplex Real time PCR در مواقعی که همولوژی های نزدیک بین گونه ایی وجود داشته باشد، می تواند با تکیه بر حساسیت بالای خود، گونه هایی که دارای همولوژی نزدیک هستند را نیز از یکدیگر تفریق کند. این مورد در مطالعات Choong-Hwan Cha و همکاران در کره در سال ۲۰۱۰ انجام داده بودند، به خوبی مشاهده شد که در نهایت موفق به شناسایی گونه های انتروکوکوس فاسیوم و فکالینس از یکدیگر شدند. نتایج حاصل از این بررسی با نتایج حاصل از مطالعه حاضر همخوانی داشت و نتایج مشابهی را می توان در هر دو مطالعه مشاهده کرد (۶).

در مطالعاتی که توسط Krawczyk و همکاران که در سال ۲۰۰۷ انجام گرفت، طراحی پروفایل ذوب را در کنار روش PFGE مورد استفاده قرار گرفت تا حساسیت آن را افزایش دهد (۱۷). این در حالی بود که استفاده از

روش MCV خود به تنهایی نیز قادر به شناسایی گونه ها نیز می باشد. عدم انتخاب سایت مناسب و پرایمرهای اختصاصی را می توان در مطالعات Martin و همکاران که در سال ۲۰۰۸ در اسپانیا که بر روی گونه های مختلف انتروکوکوس انجام شد، با استفاده از روش آنالیز منحنی ذوب مبتنی بر آنزیم های محدود کننده سایت های 16s و 23s را به عنوان هدف قرار دادند که در برخی موارد بروز همولوژی های مشابه منجر به گزارش های منفی کاذب و مثبت کاذب شد (۱۸). علاوه بر این، در مطالعاتی که Pelicioli Riboldi و همکاران در سال ۲۰۰۸ در برزیل انجام دادند، همولوژی گونه های مختلف انتروکوکوس در مواد غذایی را با استفاده از روش های فنوتیپی و ژنوتیپی مورد بررسی قرار دادند. در این ارزیابی مشخص شد که روش های فنوتیپی دارای مقدار قابل ملاحظه ای خطا می باشد. به نحوی که حتی با منفی شدن برخی تست های فویتیپی در تشخیص اولیه گونه های انتروکوکوس، در برخی موارد تست های ژنوتیپی آن ها مثبت شده و نتیجه گزارش را تحت تاثیر قرار داد (۱۹). در امر تشخیص باکتری ها، به خصوص باکتری هایی مانند انتروکوکوس ها مقرون به صرفه بودن اهمیت زیادی دارد. در مطالعاتی که Tan و همکاران در سال ۲۰۱۵ در سنگاپور انجام دادند، با پیشنهاد روش Tetraplex real time PCR و استفاده هم زمان از همه پرایمرها در یک تیوب، علاوه بر این که مقرون به صرفه بودن این روش را تایید کرد، هم چنین نتیجه نهایی را با روش های فنوتیپی در سنجش گونه های مقاوم ارزیابی کرد که در نهایت ارزش استفاده از این روش را بیش تر دانست. این نتایج با مطالعه حاضر که به صورت Multiplex (Pantaplex) Real Time PCR انجام شد، از نظر مقرون به صرفه بودن کاملاً همخوانی دارد، این امر با استفاده از پنج جفت پرایمر در مطالعه حاضر به جای استفاده از چهار جفت در مطالعه Tan بیش تر خود را نشان می دهد (۲۰). با استناد به مطالعات انجام شده در زمینه تشخیص گونه های مختلف انتروکوکوس در مواد

غذایی، علاوه بر این که این گروه از باکتری ها در آلوده کردن مواد غذایی نقش مهمی دارند، سهم انتروکوکوس ها در انتقال مقاومت های دارویی از طریق مواد غذایی این موضوع را با اهمیت بیش تری همراه می کند (۲۰). در نهایت می توان نتیجه گرفت انتشار مقاومت که از طریق زنجیره غذایی وارد فلور انتروکوکوسی انسانی می شود و این ویژگی را به گونه های پاتوژن منتقل می کند (یعنی پیدایش اخیر *Staphylococcus aureus* با حساسیت کاهش یافته به ونکومایسین)، نیاز به کنترل بیش تر استفاده از آنتی بیوتیک های گلیکوپپتیدی در تغذیه حیوانات و بررسی های دقیق گونه های انتروکوکوس در مواد غذایی توسط روش های حساس را بیش از پیش نشان می دهد. این موارد با بررسی ارتباط بین حضور گونه های مختلف انتروکوکوس و نوع ماده غذایی مورد استفاده جهت جداسازی ایزوله ها، قطعیت بیش تری پیدا کرد (۲۱). وجود ارتباط معنی دار ($P \leq 0.05$) بین این متغیرها، نشان داد که در نمونه های گوشتی اعم از گوشت مرغ و گوشت قرمز، فراوانی گونه های مختلف، خصوصاً گونه های خطر ساز مانند انتروکوکوس فکالیز و انتروکوکوس فاسیوم بیش تر می باشد. این امر زمانی معنی دار بودن خود را بیش تر نشان می دهد که حضور این سویه ها در بیماری های بالینی بیش تر از گونه های دیگر انتروکوکوس می باشد و این امر می تواند منشا حیوانی این انتقالات را تایید کند. به طوری که با مصرف گوشت های نیم پز و یا با آلودگی بالا، علاوه بر انتقال سویه های بیماری زا، می توان انتظار انتقال ژن های عامل مقاومت به داروها را نیز داشت (۲۲). از این رو، بررسی دقیق تر با استفاده از روش هایی با حساسیت و ویژگی بالا، می تواند در شناسایی این گونه های بیماری زا کمک کننده باشد.

سپاسگزاری

این مقاله حاصل پایان نامه تحت عنوان طراحی روش Multiplex Real Time PCR به منظور شناسایی

مالی معاونت پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی همدان به انجام رسیده است. نویسندگان مراتب تشکر و قدردانی خود را از این معاونت محترم ابراز می‌دارند.

ایزوله‌های جدا شده گونه‌های انتروکوک از نمونه‌های کلینیکی و مواد غذایی بر اساس روش Melting Curve Analysis در مقطع کارشناسی ارشد در سال ۱۳۹۴ به شماره ۹۳۱۲۲۶۱۹ است که با حمایت

References

- Bhardwaj A, Malik RK, Chauhan P. Functional and safety aspects of enterococci in dairy foods. *Indian J Microbiol*. 2008; 48(3): 317-325.
- Valenzuela AS, Omar NB, Abriouel H, Lopez RL, Ortega E, Canamero MM, et al. Risk factors in enterococci isolated from foods in Morocco: determination of antimicrobial resistance and incidence of virulence traits. *Food Chem Toxicol* 2008; 46(8): 2648-2652.
- Tansuphasiri U, Khaminthakul D, Pandii W. Antibiotic resistance of enterococci isolated from frozen foods and environmental water. *Southeast Asian J Trop Med Public Health* 2006; 37(1): 162-170.
- Pedonese F, Innocenti E, Nuvoloni R, Sartini L, D'Ascenzi C, Cerri D, et al. Occurrence of vancomycin-resistant enterococci in foods of animal origin purchased in Tuscany. *Vet Res Commun* 2005; 29(2): 347-349.
- Ben Omar N, Castro A, Lucas R, Abriouel H, Yousif NM, Franz CM, et al. Functional and safety aspects of Enterococci isolated from different Spanish foods. *Syst Appl Microbiol* 2004; 27(1): 118-130.
- Cha C-H, An HK, Kim JU. Detection of Vancomycin-resistant Enterococci using Multiplex Real-time PCR Assay and Melting Curve Analysis. *Korean J Lab Med* 2010; 30(2): 138-146.
- Lozano C, Gonzalez-Barrio D, Camacho MC, Lima-Barbero JF, de la Puente J, Hofle U, et al. Characterization of fecal vancomycin-resistant enterococci with acquired and intrinsic resistance mechanisms in wild animals, Spain. *Microb Ecol* 2015; 21(11): 129-135.
- Giraffa G. Enterococci from foods. *FEMS Microbiol Rev* 2002; 26(2): 163-171.
- Hammerum AM, Lester CH, Heuer OE. Antimicrobial-resistant enterococci in animals and meat: a human health hazard? *Foodborne Pathog Dis* 2010; 7(10): 1137-1146.
- Fang H, Ohlsson AK, Ullberg M, Ozenci V. Evaluation of species-specific PCR, Bruker MS, VITEK MS and the VITEK 2 system for the identification of clinical Enterococcus isolates. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 2012; 31(11): 3073-3037.
- Camargo CH, Bruder-Nascimento A, Lee SHI, Júnior AF, Kaneno R, Rall VLM. Prevalence and phenotypic characterization of Enterococcus spp. isolated from food in Brazil. *Braz J Microbiol* 2014; 45(1): 111-115.
- Woksepp H, Ryberg A, Billstrom H, Hallgren A, Nilsson LE, Marklund BI, et al. Evaluation of high-resolution melting curve analysis of ligation-mediated real-time PCR, a rapid method for epidemiological typing of ESKAPE (Enterococcus faecium, Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Pseudomonas aeruginosa, and Enterobacter Species) pathogens. *J Clin Microbiol* 2014; 52(12): 4339-4342.
- Tong SY, Giffard PM. Microbiological applications of high-resolution melting analysis. *J Clin Microbiol* 2012; 50(11): 3418-3421.

14. Manero A, Blanch AR. Identification of *Enterococcus* spp. with a Biochemical Key. *Appl Environ Microb* 1999; 65(10): 4425-4430.
15. Mak A, Miller MA, Chong G, Monczak Y. Comparison of PCR and Culture for VRE Screening. *J Clin Microbiol* 2009; 4(7): 4136-4137.
16. Pendle S, Jelfs P, Olma T, Su Y, Gilroy N, Gilbert GL. Difficulties in detection and identification of *Enterococcus faecium* with low-level inducible resistance to vancomycin, during a hospital outbreak. *Clin Microbiol Infect* 2008; 14(9): 853-857.
17. Krawczyk B, Leibner J, Stojowska K, Bronk M, Samet A, Kur J. PCR melting profile method for genotyping analysis of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* isolates from Hematological Unit patients. *Pol J Microbiol* 2007; 56(2): 65-70.
18. Martin B, Garriga M, Aymerich T. Identification of *Enterococcus* species by melting curve analysis of restriction fragments. *J Microbiol Methods* 2008; 75(1): 145-147.
19. Pelicioli Riboldi G, Preusser de Mattos E, Guedes Frazzon AP, Alves d'Azevedo P, Frazzon J. Phenotypic and genotypic heterogeneity of *Enterococcus* species isolated from food in Southern Brazil. *J Basic Microbiol* 2008; 48(1): 31-37.
20. Tan TY, Jiang B, Ng LS. Faster and economical screening for vancomycin-resistant enterococci by sequential use of chromogenic agar and real-time polymerase chain reaction. *J Microbiol Immunol Infect* 2015; 22(8): 211-221.
21. Porto BC, Fujimoto G, Borges MdF, Bruno LM, Carvalho JDG. Determinantes de virulência em *Enterococcus* endógenos de queijo artesanal. *Revista Ciência Agronômica* 2016; 47(3): 69-76.
22. Alonso M, Marin M, Iglesias C, Cercenado E, Bouza E, Garcia de Viedma D. Rapid identification of linezolid resistance in *Enterococcus* spp. based on high-resolution melting analysis. *J Microbiol Methods* 2014; 98(9): 41-43.