



Molecular analysis of CTX-M genes among ESBL producing in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from clinical samples by Multiplex-PCR

Abolfazl Jafari-Sales ^{*1}, Azizeh Shadi-Dizaji ²

1. Department of Microbiology, Kazeroon branch, Islamic Azad University, Kazeroon, Iran.

2. Department of Biotechnology, Ataturk University, Turkey.

(*Corresponding Author: a.jafari_1392@yahoo.com); Tel: +98(0)914-7611841; Fax: +98(0)414-2274746

Received: Jan 01, 2018; Revised: Feb. 18, 2018; Accepted: Feb. 20, 2018

ABSTRACT

Introduction: *Pseudomonas aeruginosa* is one of the most common pathogens involved in hospital infections, which today has been considered for resistance to a wide range of antibiotics. The causes of drug resistance in *P.aeruginosa* isolates are the production of broad-spectrum beta-lactamase enzymes. The aim of this study was to determine the frequency of CTX-M1, CTX-M2, CTX-M3 genes in *P.aeruginosa* isolated from Hospitals and health centers in Marand city, East Azarbijan.

Methods: *Pseudomonas aeruginosa* isolates were collected from different samples of patients referring to hospitals and clinics of Marand city during one year from October 2016 to October 2017 and after determining the phenotypic identity and antibiogram test, the double-disk test of ESBLs phenotype was evaluated in *P.aeruginosa* bacteria. Then bacterial DNA was extracted and evaluated by PCR method using specific primers for CTX-M1, CTX-M2 and CTX-M3 genes.

Results: The findings showed of the 85 *Pseudomonas aeruginosa* bacteria, the highest resistance was to amikacin antibiotics (82.35%), nalidixic acid (80%) and ceftazidime (72.94%), and the highest susceptibility was observed to ampicillin (38.82%) and cefotaxime (38.82%) (%). There was no significant relationship between age, sex, and *P.aeruginosa* infections ($P > 0.05$). The highest gene frequencies of ESBLs are related to the genes of CTX-M1 (29 samples), CTX-M2 (24 samples) and CTX-M3 (11 samples), respectively.

Conclusion: The studied genes in this research were all on the chromosome of *P.aeruginosa* bacteria. Therefore, further examination of ESBL genes such as the CTX-M1 gene seems necessary to control this bacterium.

Keywords: *P.aeruginosa*, Extended-spectrum beta-lactamases, CTX-M1, CTX-M2, CTX-M3.

This article may be cited as: Jafari-Sales A, Shadi-Dizaji A. Molecular analysis of CTX-M genes among ESBL producing in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from clinical samples by Multiplex-PCR. *HOZAN J Environment Sci*; 2018;2(5):17-29.





بررسی مولکولی ژن های CTX-M در سویه های سودوموناس آئروژینوزا مولد بتالاکتاماز وسیع الطیف جدا شده از نمونه های بالینی به روش Multiplex-PCR

ابوالفضل جعفری ثالث^{۱*}، عزیزه شادی دیزجی^۲

۱. گروه میکروبیولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کازرون، کازرون، ایران

۲. گروه بیوتکنولوژی، دانشگاه آتاتورک، ترکیه

(*نویسنده مسئول: a.jafari_1392@yahoo.com؛ تلفن: ۰۹۱۴۷۶۱۱۸۴۱)

دریافت: ۱ بهمن ۱۳۹۶؛ ویراست: ۲۹ بهمن ۱۳۹۶؛ پذیرش: ۱ اسفند ۱۳۹۶

چکیده

مقدمه و هدف: سودوموناس آئروژینوزا یکی از شایع ترین پاتوژن های دخیل در ایجاد عفونت های بیمارستانی است که امروزه به علت مقاومت به طیف وسیعی از آنتی بیوتیک ها مورد توجه قرار گرفته است. از دلایل بروز مقاومت دارویی در سودوموناس آئروژینوزا شناسایی شده از نمونه های بیمارستانی، تولید آنزیم های بتالاکتاماز وسیع الطیف است. هدف از این مطالعه تعیین فراوانی ژن های بتالاکتاماز طیف گسترده CTX-M1, CTX-M2, CTX-M3 در ایزوله های سودوموناس آئروژینوزای جدا شده از بیمارستان ها و مراکز درمانی شهر مرنده بود.

روش بررسی: نمونه های شناسایی شده سودوموناس آئروژینوزا طی یک سال از مهر ۱۳۹۵ تا مهر ۱۳۹۶ از نمونه های مختلف بیماران مراجعه کننده به بیمارستان ها و مراکز درمانی شهر مرنده، جمع آوری و پس از تعیین هویت فنوتیپی و تست آنتی بیوگرام به روش دابل دیسک سینرژسم فنوتیپ ESBL در باکتری سودوموناس آئروژینوزا مورد ارزیابی قرار گرفت. سپس DNA باکتریایی استخراج و به روش PCR و با استفاده از پرایمرهای اختصاصی ژن های CTX-M1, CTX-M2, CTX-M3، مورد مطالعه و ارزیابی قرار گرفت.

یافته ها: از ۸۵ باکتری سودوموناس آئروژینوزا شناسایی شده بیشترین مقاومت مربوط به آنتی بیوتیک های آمیکاسین (۸۲/۳۵٪)، نالیدیکسک اسید (۸۰٪) و سفنازیدیم (۷۲/۹۴٪) و بیشترین حساسیت مربوط به ایمی پنم (۳۸/۸۲٪) و سفوتاکسیم (۳۸/۸۲٪) بودند. ۲۹ نمونه از باکتریهای سودوموناس دارای ژن CTX-M1، ۲۴ نمونه از باکتری های سودوموناس دارای ژن CTX-M2 و ۱۱ نمونه دارای ژن CTX-M3 بودند.

نتیجه گیری: همه ژن های مورد مطالعه در این پژوهش بر روی کروموزوم باکتری های سودوموناس آئروژینوزا قرار داشتند؛ لذا بررسی بیشتر ژن های ESBL مانند ژن CTX-M1 برای کنترل این باکتری ضروری به نظر می رسد.

واژگان کلیدی: سودوموناس آئروژینوزا، آنزیم های بتالاکتاماز وسیع الطیف، CTX-M1, CTX-M2, CTX-M3