مقاله علمی پژوهشی
مجله دوفصل نامه
مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی
ISSN 2588-5073 چاپی
ISSN 2588-5081 الکترونیکی
دوره ۱۱، شماره ۱، بهار و تابستان ۱۴۰۱
صفحه ۱۳۰-۱۲۱

https://dorl.net/dor/20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8

DOR:20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8

Genetic Engineering and Biosafety Journal
Volume 11, Number 1
2022

http://gebsj.ir/

https://ecc.isc.ac/showJournal/23064

تعیین الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی و فراوانی ژن مقاومت بتالاکتاماز (TEM-1) در *سودوموناس آئروژینوزا* جدا شده از آب‌های آشامیدنی

Determination of antibiotic resistance pattern and TEM-1 gene prevalence in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from drinking water

معصومه اطهری‌نیا[۱]، شیلا صفائیان*[۱]، ناهید رحیمی فرد[۱و۲]، رضوان موسوی ندوشن[۱]، بابک پوراکبری[۱و۳]

Masomeh Atharinia[1], Shila Safaian*[1], Nahid, RahimiFard [1 and 2], Rezvan Mosavi Nadoshen[1], Babak Porakbari [1 and 3]

۱- گروه صنایع غذایی واحد تهران شمال ، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران.
۲- دانشکده پیراپزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ایران
۳- دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران

1. Department of Food Industry, North Tehran Branch Islamic Azad University, Tehran, Iran.
2. Faculty of Paramedicine, Iran University of Medical Sciences
3. Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: *Corresponding Author, Email
shila2462462@yahoo.co.in
(تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۴/۲۰ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۶/۳)

چکیده

کیفیت میکروبی آب آشامیدنی اهمیت اساسی و جدی برای سلامت عمومی دارد. با توجه به کمبود اطلاعات جامع در خصوص میزان آلودگی آب آشامیدنی در سطح استان تهران این پژوهش به‌منظور ارزیابی میزان آلودگی آب آشامیدنی به باکتری *سودوموناس آئروژینوزا* مورد بررسی قرار گرفت. جداسازی ژن TEM-1 در *سودوموناس آئروژینوزا*های مولد بتالاکتامازهای با طیف اثر گسترده (ESBL) و بررسی الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیک این سویه‌ها اطلاعات مفیدی در مورد این باکتری بیماری‌زای فرصت طلب فراهم می‌آورد. در این پژوهش ۳۰۰ نمونه آب آشامیدنی مورد بررسی قرار گرفت. تعیین حساسیت آنتی‌بیوتیکی نسبت به چهار آنتی‌بیوتیک به روش دیسک دیفیوژن انجام شد. از نظر ژنوتیپی وجود ژن بتالاکتاماز TEM-1 با روش PCR بررسی گردید. در این بررسی ۱۷ نمونه (۵/۶۷ درصد) از آب‌های آشامیدنی به *سودوموناس آئروژینوزا* آلوده بودند. بیشترین میزان مقاومت نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های ایمی‌پنم/رلباکتام (۱۱/۷۶درصد) و سفتازیدیم/آویباکتام (۱۰۰٪) در آب‌های آشامیدنی مشاهده شد. در بررسی ژنوتیپی با انجام آزمون PCR از ۱۷ سویه فنوتیپ مثبت، ۱۶ نمونه (۱/ ۹۴درصد) شامل ژن TEM-1 بودند. نتایج مشخص کرد که آب‌های آشامیدنی در برخی موارد دارای آلودگی با باکتری *سودوموناس آئروژینوزا* هستند. اغلب سویه‌های جداشده مقاوم به آنتی‌بیوتیک هستند و در میان سویه‌های تولید کننده ESBL، ژن TEM-1 دارای فراوانی بیشتری می‌باشد. نتایج بیانگر این است که ژن TEM-1 در ایجاد مقاومت به آنتی‌بیوتیک در سویه‌های جدا شده نقش بسزایی دارد. داده‌های حاصل از این پژوهش به توسعه اقدامات پیشگیرانه در برابر شیوع سویه‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک کمک می‌کند.

واژه‌های کلیدی

آب آشامیدنی،
ژن TEM-1،
سودوموناس آئروژینوزا،
کیفیت آب،
مقاومت آنتی‌بیوتیکی

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]

Genetic Engineering and Biosafety Journal
Volume 11, Number 1, 2022

Abstract

The microbial quality of drinking water is fundamental and has serious importance for public health. Regarding to the clinical significance, *Pseudomonas aeruginosa* was surveyed to evaluate the degree of the contamination of drinking water and the bacterial resistance to antibiotics. Isolation of the TEM-1 gene in ESBL-producing *Pseudomonas aeruginosa* and the pattern of antibiotic resistance provide useful information about this opportunistic pathogen. In this study, the prevalence and antibiotic resistance of Pseudomonas species distributed in drinking water were investigated. 300 samples of drinking water were examined. Determination of antibiotic susceptibility of strains to four antibiotics was performed by disk diffusion method. The ESBL-producing *P. aeruginosa* containing TEM-1 gene were detected by PCR using TEM-1 specific primers, 17 samples (5.67%) in drinking water showed *P. aeruginosa* contamination. The highest resistance to imipenem/relabactam (11.76%) and ceftazidime/avibactam antibiotics (100%) was observed in drinking water. According to PCR results of 17 positive phenotype strains, 16 isolates (94.11%) carried TEM-1 gene. Results indicated the contamination of drinking water with *P. aeruginosa*. Most isolated strains are resistant to antibiotics and TEM-1 gene is more abundant among ESBL-producing strains. The results indicate that TEM-1 gene plays an important role in antibiotic resistance in isolated strains.

Keywords: Drinking water, *Pseudomonas aeruginosa*, Antibiotic resistance, TEM-1 gene, Water quality

مقدمه

سودوموناس‌ها گروه بزرگی از باکتری‌ها هستند که عمدتاً در خاک، آب دریا و آب‌های شیرین زندگی می‌کنند و بر روی گیاهان، حیوانات و محیط‌های بالینی نیز یافت می‌شوند (Palleroni 2010). سودوموناس‌ها بسیار متنوع هستند و می‌توانند با طیف وسیعی از زیستگاه‌ها سازگار شده و حتی می‌توانند در آب مقطر نیز رشد کنند. این سازگاری دلیل حضور دائمی آنها در محیط است (Kristina *et al.* 2009). ویژگی پروتوتروفیک و تطبیق‌پذیری متابولیک، انعطاف‌پذیری ژنوم و توانایی مقابله با انواع مختلف استرس (ترکیبات فیزیکی، شیمیایی و ضدباکتریایی) از ویژگی‌های قابل توجه اعضای این جنس است (Vaz-Moreira *et al.* 2012). *سودوموناس آئروژینوزا* یکی از عوامل بیماری‌های منتقله از راه غذا و آب است و شیوع عفونت ناشی از این باکتری بسیار گسترده می‌باشد (Trautmann *et al.* 2005). این باکتری، بیماری‌زای فرصت طلب است و می‌تواند دستگاه ریوی، مجاری ادراری، محل سوختگی و زخم را آلوده کند و همچنین باعث ایجاد سایر عفونت‌های خونی در افراد دارای نقص ایمنی می‌شود (Vachee and Leclerc 1995). این گونه قابلیت رشد در آب‌هایی که فاقد مواد مغذی هستند را نیز دارد و می‌تواند آب‌های بسته‌بندی‌شده را آلوده کرده و برای مدت طولانی زنده بماند (Moreira *et al.* 1994). *سودوموناس آئروژینوزا* عضو گروه باکتری‌های گاما پروتوباکتریا، مسئول ۱۰٪–۲۰٪ عفونت‌های بیمارستانی، به‌ویژه در بیماران با سوختگی شدید و بیماران مبتلا به سرطان و ایدز است (Trautmann *et al.* 2001). *سودوموناس آئروژینوزا* به‌عنوان مهمترین عامل آلودگی در آب‌های آشامیدنی در نظر گرفته می‌شود. طبق پژوهش‌هایی که توسط آلن و گلدریچ در سال ۱۹۷۵ انجام گرفت، مشخص شد که سه درصد از نمونه‌های آب آشامیدنی دارای *سودوموناس آئروژینوزا* با تعداد CFU/ml ۱ تا ۲۳۰۰CFU/ml هستند (Allen and Geldreich 1975). همچنین کدکس بین‌المللی مواد غذایی این میگروارگانیسم را به‌عنوان شاخص باکتریایی کیفیت آب معرفی کرده است (CAC RCP 33-1985). *سودوموناس آئروژینوزا* دارای ژن مقاومت در برابر مواد ضدعفونی‌کننده است و به‌علت توانایی تولید بیوفیلم این باکتری به‌عنوان رایج‌ترین آلاینده در تولید آب آشامیدنی شناخته می‌شود (Guerin-Mechin *et al.* 2000; Mah *et al.* 2003; Mena and

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]

Gerba 2009. آلودگی آب‌های تفریحی و آب لوله‌کشی با شیوع سودوموناس همراه بوده است، با این‌حال، نقش نسبی آب در انتقال این باکتری به انسان هنوز مشخص نیست (Kristina *et al.* 2009). برخی منابع معتقدند که منبع اصلی *سودوموناس آئروژینوزا* در آب‌های سطحی فاضلاب خانگی است (Le *et al.* 2018; Vachee *et al.* 1995)، ولی میزان آلودگی روده‌ای سودوموناس در انسان کم است. این موضوع نشان می‌دهد که وجود این باکتری در آب لزوماً ناشی از آلودگی فاضلاب نیست. تصور می‌شود که سایر منابع آلوده کننده آب با سودوموناس، آب ناشی از خاک‌های کشاورزی، زهکشی و روان‌آب‌های شهری می‌تواند باشد (Mena *et al.* 2009). مصرف بی‌رویه یا نداشتن الگوی مصرف درست آنتی‌بیوتیک یکی از چالش‌های اساسی در بروز مقاومت آنتی‌بیوتیکی تلقی می‌شود (Tenover 2006). مقاومت آنتی‌بیوتیکی باکتری‌های بیماری‌زا نشان‌دهنده یک مشکل بهداشتی جهانی است که نیاز به درک بهتر از سرنوشت باکتری مقاوم در برابر آنتی‌بیوتیک‌ها در محیط‌های آبی و گسترش آنها در سیستم تامین آب دارد. استفاده گسترده و بیش از حدآنتی‌بیوتیک‌ها باعث آلودگی منابع سطح زمین و منابع آب زیرزمینی توسط آنتی‌بیوتیک‌ها و ژن‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک شده است. فرآیند تصفیه آب فعلی نمی‌تواند به‌طور کامل آنتی‌بیوتیک‌های موجود در آب آشامیدنی را از بین ببرد. علاوه براین انتقال افقی ژن‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک میان میکروب‌ها، در سیستم تامین آب می‌تواند باعث ظهور و انتشار مقاومت آنتی‌بیوتیکی باکتری‌ها در آب آشامیدنی شود و بر سلامت انسان تاثیر گذارد (Bai *et al.* 2015). ردیابی آنتی‌بیوتیک‌ها در آب منبع و فاضلاب نیز می‌تواند تا حد زیادی بر بهداشت عمومی تأثیر بگذارد و این مسئله برای صنعت آب آشامیدنی حائز اهمیت است (Bergeron *et al.* 2015). آنتی‌بیوتیک‌های گروه بتالاکتام درصد بالایی از آنتی‌بیوتیک‌های مصرفی در پزشکی را به خود اختصاص داده‌اند. بتالاکتامازها با طیف اثر گسترده (Extended Spectrum Beta-Lactamase, ESBL)، گروهی از آنزیم‌ها با منشاء پلاسمیدی هستند که قادر به تخریب سفالوسپورین‌های با طیف اثر وسیع مانند سفوتاکسیم، سفتریاکسون و سفتازیدیم هستند (Knothe *et al.* 1983; Jacoby 1991). ESBLها عمدتاً توسط مهارکننده‌های بتالاکتاماز از جمله کلاولانیک اسید، سولباکتام و تازوباکتام مهار می‌شوند. این آنزیم‌ها از بتالاکتامازهای کلاس A هستند. بیشتر این آنزیم‌ها مشتقات بتالاکتامازهای TEM-1 و SHV با یک یا چند تغییر در اسیدهای آمینه آنها می‌باشند (Bradford 2001; Howard *et al.* 2002). تولید بتالاکتاماز Ampc کروموزومی با مکانیسم‌های غیرآنزیمی، مثل تغییر در نفوذپذیری غشاهای خارجی، می‌تواند باعث مقاومت نسبت به بتالاکتام‌ها در *سودوموناس آئروژینوزا* شود. براساس طبقه بندی مولکولی Ambler، چهار کلاس آنزیمی A-D شناخته شده است که این طبقه‌بندی براساس توالی نوکلئوتیدها و اسیدهای آمینه در این آنزیم‌ها می‌باشد. آنزیم‌های کلاس A, C ,D از طریق مکانیسم برپایه سرین عمل می‌کنند. درحالی‌که کلاس B یا متالوبتالاکتامازها برای فعالیت خود به فلز روی نیاز دارند. اکثرESBLها در کلاس مولکولی A قرار دارند، ESBLهای مشتق از TEM-1, SHV مربوط به آنزیم‌های کلاس A می‌باشند. اولین بتالاکتاماز پلاسمیدی شناخته شده در باکتری‌های گرم منفی، TEM-1 بود. این آنزیم امروزه به‌عنوان شایع‌ترین مکانیسم مقاومت به داروهای بتالاکتام در باسیل‌های گرم منفی به حساب می‌آید (Shojapour *et al.* 2011). بتالاکتاماز TEM-1 اولین بتالاکتامازی بود که به‌وسیله پلاسمید در آنتروباکتریاسه‌ها کد شد و *سودوموناس آئروژینوزا* نیز قادر به تولید آن می‌باشد (Ashbolt 2004). سویه‌های تولید کننده ESBL به‌طور فزاینده‌ای به داروهای ضد میکروبی بتالاکتام مقاوم شده‌اند که باعث ایجاد مشکل در درمان بیماران سرپایی می‌شود. (Bennett 2004; Pongpeach *et al.* 2008). با توجه به این‌که آب جزء لاینفک زندگی تمام انسان‌ها درتمام سنین می‌باشد و انتقال آلودگی‌های مختلف می‌تواند خطر بزرگی برای سلامتی اقشار مختلف به‌شمار رود، کسب دانسته‌های بیشتر در خصوص میزان و فراوانی باکتری‌های دارای جهش‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک‌ها به‌خصوص سودوموناس‌ها ضروری به‌نظر می‌رسد. با توجه به عدم مطالعه کافی روی سودوموناس‌های آلوده‌کننده آب‌های آشامیدنی و انتقال ژن‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک از آنها لازم است این موضوع مورد بررسی بیشتر قرار گیرد.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]

مواد و روش‌ها

نمونه‌برداری و آزمون: در این پژوهش، ناهمگونی، انتشار و مقاومت آنتی‌بیوتیکی گونه‌های سودوموناس توزیع شده در آب‌های آشامیدنی مورد بررسی قرار گرفت. برای این منظور نمونه‌برداری از اوایل بهار تا اواخر تابستان سال ۱۳۹۸ از مناطق مختلف استان تهران انجام شد. جمع‌آوری نمونه‌های آب طبق روش ISO 19458, 2006 انجام گرفت. برای جمع‌آوری نمونه‌های آب آشامیدنی از بطری‌های شیشه‌ای (۵۰۰ ml) سترون دارای ۰٫۱ ml تیوسولفات سدیم به ازای هر ۱۰۰ ml گنجایش بطری برای خنثی‌سازی ماده گندزدا استفاده شد. نمونه‌ها در ظرف دربسته دارای یخ خشک به‌منظور جلوگیری از بین رفتن میکروارگانیسم‌های احتمالی موجود به آزمایشگاه تحویل داده شد. طی ۲٤ ساعت پس از نمونه‌گیری آزمون میکروبیولوژی برای جداسازی گونه‌های سودوموناس احتمالی موجود در آب انجام شد. برای جستجوی سودوموناس طبق روش ISO 16266, 2006، مقدار ۲۵۰ میلی‌لیتر آب روی فیلترهای غشایی سترون ۰٫٤۵ میکرون بوسیله دستگاه میلی‌پور (مدل CHMLAB اسپانیا) فیلتر شد. برای تشخیص *سودوموناس آئروژینوزا* در نمونه‌های مختلف آب، فیلترها روی محیط ستریماید آگار غنی شده با ۱۵ میلی‌گرم بر لیتر اسید نالیدیکسیک ۲٤ ساعت در دمای ٤۲ درجه سانتیگراد (مشاهده رشد) و ٤درجه سانتیگراد (عدم رشد) گرمخانه‌گذاری شدند. کلنی‌های سبز آبی دارای فلورسانس زیر نور UV (۳٦٤ nm) به‌عنوان *سودوموناس آئروژینوزا* احتمالی در نظر گرفته شدند. برای انجام آزمون تائیدی کلنی‌های تیپیک و غیرتیپیک جهت انجام آزمون‌های تاییدی بیوشیمیایی روی محیط کشت آگار مغذی به‌صورت خطی کشت داده شدند و در دمای ۳۷ درجه سانتیگراد به مدت ۲۲ ساعت گرمخانه‌گذاری شدند. سپس از کلنی‌های منفرد رشد یافته برای انجام آزمون‌های تاییدی اکسیداز و استامید استفاده شد. سویه‌های تایید شده *سودوموناس آئروژینوزا* در محیط کشت TSB دارای ۲۰ درصد گلیسرول در دمای ۷۰- درجه سانتیگراد ذخیره شد.

آزمون مقاومت آنتی‌بیوتیکی: برای تعیین حساسیت باکتری‌ها نسبت به آنتی‌بیوتیک‌ها از روش کربی- بایر (Hudzicki 2016; Andrews 2001; Kirby *et al.* 1959), بر طبق استانداردهای CLSI 2021 استفاده شد. برای این منظور سوسپانسیون میکروبی استاندارد با غلظت نیم مک‌فارلند تهیه شد. سپس با استفاده از سوآپ سترون از سوسپانسیون میکروبی برداشته و روی محیط کشت مولر هینتون آگار کشت داده شد سپس دیسک های آنتی‌بیوتیک با حفظ فاصله روی آن قرار داده شد. پس از ۲٤ ساعت گرمخانه‌گذاری در دمای ۳۷ درجه سانتیگراد اندازه هاله‌های عدم رشد اندازه‌گیری و نتایج آن ثبت شد. دیسک‌های آنتی‌بیوتیکی استفاده شده شامل: امپینم/رلباکتام (IMI, 10 µg/ 25 µg)، جنتامایسین (GM, 10 µg)، آمیکاسین (AK, 30 µg)، سفتازیدیم/آویباکتام (CAZ, 30/20 µg) بودند. از سویه (*P. aeruginosa* ATCC 27853) به‌عنوان کنترل مثبت استفاده شد.

استخراج DNA و روش ژنوتیپی تعیین ESLB: از روش فنل کلرفرم بهینه شده برای استخراج دی.اِن.اِی باکتریایی استفاده شد. ۵ میلی‌لیتر از سوسپانسیون باکتریایی با استفاده از سانتریفوژ با دور۵۰۰۰ دور در دقیقه رسوب داده شد. سلول‌های ته‌نشین وارد دستورالعمل شدند. ابتدا فرایند هضم سلولی در ٤۰۰ میکرولیتر بافر استاندارد STE، SDS (۲ درصد) و ۲۰ میکرولیتر آنزیم پروتئیناز K در دمای ٥٦ درجه سانتیگراد به مدت ۲ ساعت انجام گرفت. تفکیک اسیدهای نوکلئیک به کمک محلول فنل-کلروفرم-ایزوآمیل الکلی (۱-۲٤-۲۵) و سانتریفوژ ۱۲۰۰۰ دور در دقیقه صورت گرفت. در پایان دی.اِن.اِی در ۵۰ میکرولیتر آب مقطر عاری از هرگونه دی.اِن.اِی آز حل شده و روی آگاروز یک درصد الکتروفورز شده و مقدار آن به‌وسیله نانودراپ (Thermo2000c, USA) تعیین شد. فرایند واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) با حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر شامل ۱۲٫۵ میکرولیتر از مستر میکس دارای آنزیم *Taq* دی.ان.ا پلیمراز (Ampliqon 2x Red)، ۲ میکرولیتر از هر کدام از آغازگرها و ۲۰۰ نانوگرم دی.اِن.اِی استخراج شده در دستگاه ترموسایکلر (PeQlab, germany) انجام شد. برنامه دمایی استفاده شده شامل ۹۵ درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه، ۳۵ چرخه شامل ۹٤ درجه سانتیگراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای ٥٤ درجه سانتیگراد به مدت ٤۰ ثانیه و دمای۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۱ دقیقه بود. در پایان دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۱۰ دقیقه اعمال شد. مقدار ۵ میکرولیتر از محصول PCR بر روی ژل آگاروز بررسی شد. جایگاه TEM-1 محصول PCR با اندازه ۸٦۷

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]

جفت باز تولید می‌کند. توالی آغازگرهای مورد استفاده برای تعیین ژن TEM-1 در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱- توالی آغازگرهای مورد استفاده

Table 1. Sequence of primers used

Primers	Nucleotide Sequences	Product
TEM-F	5′ATGAGTATTCAACATTTCCG-3′	867
TEM-R	5′CTGACAGTTACCAATGCTTA-3	bp

جدول ۲- محدوده مقاومت و حساسیت *سودوموناس آئروژینوزا* به آنتی‌بیوتیک‌ها در تست آنتی‌بیوگرام برحسب میلی‌لیتر

Table 2. Range of resistance and susceptibility of *Pseudomonas aeruginosa* to antibiotics in antibiogram test in ml

Antibiotics name	Symbol	Zone Diameter breakpoints (mm)		
		Resistance	Semi sensitive	Sensitive
Gentamicin	GM	12≤	13–14	≥15
Amikacin	AK	14≤	15–16	≥17
Imipenem /relebactam	IMI	19≤	20–22	≥23
Ceftazidime/avibactam	CAZ	20≤	---	≥21

نتایج و بحث

با مقایسه قطر هاله عدم رشد باکتری‌ها در تست آنتی‌بیوگرام با جدول شماره ۲، درصد مقاومت و حساسیت باکتری‌ها به آنتی‌بیوتیک‌های مورد مطالعه مشخص گردید. مقادیر منطقه عدم رشد آنتی‌بیوتیک‌های مورد مطالعه به روش دیسک دیفیوژن برای *سودوموناس آئروژینوزا*های جدا شده از نمونه‌های آب آشامیدنی (۱۷ نمونه از ۳۰۰ نمونه) در جدول ۳ ارائه شده است. در جدول ٤ نتایج آنتی‌بیوگرام ایزوله‌ها برای آب آشامیدنی آورده شده است.

مطابق نتایج، از مجموع ۳۰۰ نمونه آب آشامیدنی مورد آزمایش، ۱۷ نمونه (۵٫٦۷ ٪) از نظر وجود *سودوموناس آئروژینوزا* مثبت شدند. همچنین نتایج حاصل از تست آنتی‌بیوگرام نشان داد که بیشترین میزان حساسیت نسبت به جنتامایسین (٪۱۰۰)، آمیکاسین (٪۱۰۰) و بیشترین میزان مقاومت نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های ایمی‌پنم/رلباکتام (۱۱٫۷٦ درصد) و سفتازیدیم/آوی‌باکتام (٪۱۰۰) بود (جدول ٤). در بررسی ژنوتیپی با انجام آزمون PCR از ۱۷ سویه فنوتیپ مثبت، ۱٦ نمونه با فراوانی (۹٤٫۱۱ درصد) داری ژن TEM-1 بودند (شکل ۱).

جدول ۳- توزیع فراوانی هاله عدم رشد آنتی‌بیوتیک‌های مورد مطالعه در ۱۷ سویه *سودوموناس آئروژینوزا* جدا شده از آب آشامیدنی

Table 3. Frequency distribution of stunted growth halo of studied antibiotics in 17 strains of *Pseudomonas aeruginosa* isolated from drinking water

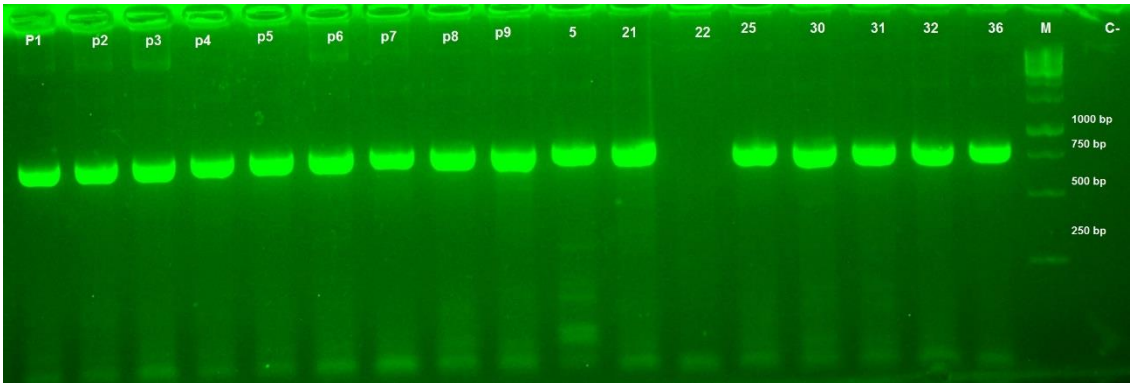
Antibiotics name	Symbol	Zone Diameter breakpoints (mm) and frequently distribution					
		Resistance	Number (percent)	Semi sensitive	Number (percent)	Sensitive	Number (percent)
Gentamicin	GM	12≤	0 (0)	14–13	0 (0)	15≤	17 (100)
Amikacin	AK	14≤	0 (0)	16–15	0 (0)	17≤	17 (100)
Imipenem /relebactam	IMI	19≤	0 (11.76)	20–22	2 (11.76)	23≤	13 (76.47)
Ceftazidime/avibactam	IMI	20≤	17 (100)	-	0 (0)	21≤	0 (0)

جدول ٤- فراوانی درصد موارد حساس، نیمه حساس و مقاوم *سودوموناس آئروژینوزا*های جدا شده از آب‌های آشامیدنی نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های مورد استفاده

Table 4. Frequency of percentage of sensitive, semi-sensitive and resistant cases of *Pseudomonas aeruginosa* isolated from drinking water to antibiotics used

Antibiotics name	Symbol	The result of the antibiogram test		
		Sensitive (%)	Semi sensitive (%)	Resistance (%)
Gentamicin	GM	17 (100%)	0	0
Amikacin	AK	17 (100%)	0	0
Imipenem /relebactam	IMI	13 (76.47%)	2 (11.76%)	2 (11.76%)
Ceftazidime/avibactam	CAZ	0	0	17 (100%)

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]



شکل ۱- ژل الکتروفورز ژن‌های مقاومت آنتی‌بیوتیکی کدکننده بتالاکتاماز TEM-1، اندازه باندهای TEM-1، ۸۶۷ جفت باز می‌باشد که در تمام جدایه‌ها به جز جدایه ۲۲ قابل مشاهده می‌باشد.

Figure 1. Gel electrophoresis of antibiotic resistance genes encoding TEM-1 beta-lactamase, TEM-1 band size is 867 bp, which can be seen in all isolates except 22 isolates.

شماره دسترسی سویه‌های جدید *سودوموناس آئروژینوزای* به دست آمده از نمونه‌های آزمون شده در جدول ۵ ارائه شده است، همچنین در پایگاه NCBI ثبت و از طریق لینک زیر قابل دسترسی می‌باشند.
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/?term=Atharinia

جدول ۵- شماره دسترسی سویه‌های جدید *سودوموناس آئروژینوزا*

Table 5. Accession Sequence ID of new *Pseudomonas aeruginosa* strains

Accession	Sequence ID
MZ076518	Clone21
MZ076519	Clone22
MZ076520	Clone25
MZ076521	Clone30
MZ076522	Clone31
MZ076523	Clone32
MZ076524	Clone36
MZ076525	CloneP1
MZ076526	CloneP2
MZ076527	CloneP3
MZ076528	CloneP4
MZ076529	CloneP6
MZ076530	CloneP7
MZ076531	CloneP9

بحث و نتیجه‌گیری

بررسی کیفیت و سلامت آب آشامیدنی همواره یکی از موضوعات مهم در بهداشت عمومی بوده است. کیفیت آب آشامیدنی توسط آزمون‌های شیمیایی، آلی و بیولوژیکی ارزیابی می‌شود (Petraccia *et al.* 2006). منابع آب آشامیدنی به‌دلیل ارتباط با آلودگی حاصل از خاک آغشته به کود (Han *et al.* 2018; Udikovic *et al.* 2014) فاضلاب‌های شهری و بیمارستانی (Le *et al.* 2018; Manaia *et al.* 2018) می‌توانند میزبان عوامل بیماری‌زای متنوعی باشند. پژوهش‌ها مشخص کردند که ممکن است در طول تصفیه آب و در آب لوله-کشی مقاومت به برخی از آنتی‌بیوتیک‌ها بوجود آید، تصفیه آب می‌تواند باعث افزایش مقاومت آنتی‌بیوتیکی باکتری‌هایی که در طول مسیر تصفیه زنده مانده‌اند، شود و سیستم‌های توزیع آب ممکن است به‌عنوان مخزنی مهم برای گسترش مقاومت آنتی-بیوتیکی به عوامل بیماری‌زای فرصت‌طلب عمل کنند (Xi *et al.* 2009; Baquero *et al.* 2008). مطالعات مشخص کرده است که استفاده از کلر برای ضدعفونی آب آشامیدنی می‌تواند باعث افزایش باکتری‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک به‌خصوص سودوموناس در محیط‌های آبی شود (Jia *et al.* 2015). با توجه به دستورالعمل‌های توصیه شده مربوط به کیفیت آب (EC/۹۸/۸۳)، آب در نظر گرفته شده برای مصرف انسان باید فاقد *سودوموناس آئروژینوزا* باشد. بر اساس این یافته‌ها، پژوهشگران استفاده از *سودوموناس آئروژینوزا* را به‌عنوان شاخص رشد مجدد میکروبی در سیستم‌های توزیع آب پیشنهاد داده‌اند (Ribas *et al* .2000). سودوموناس به‌عنوان یک ارگانیسم شاخص در آلودگی آب استفاده می‌شود و به‌عنوان یک جانشین برای حضور سایر عوامل بیماری‌زا فرصت طلب پیشنهاد شده است (Herath *et al.* 2014). در حال حاضر استفاده بیش از حد و خودسرانه از آنتی‌بیوتیک‌ها یکی از دلایل مهم شیوع مقاومت

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]

آنتی‌بیوتیکی در مناطق مختلف می‌باشد. افزایش بی‌رویه داروهای بتالاکتام با طیف اثر وسیع سبب انتشار باکتری‌های تولید کننده متالوبتالاکتاماز می‌شوند (Fernando *et al.* 2016). مطالعات نشان می‌دهد که سطوح مختلف خطر مقاومت‌های آنتی‌بیوتیکی در منابع آب آشامیدنی نیاز به استراتژی‌های مختلف درمانی برای بهبود ایمنی زیستی آب آشامیدنی دارند (Han *et al.* 2020). در تحقیق حاضر مشخص شد که ۵٪٦۷ از نمونه‌های آب آشامیدنی دارای آلودگی با *سودوموناس آئروژینوزا* هستند. میزان آلودگی به سودوموناس در آب آشامیدنی نشان‌دهنده آلوده بودن منابع تولید آب به این باکتری و تاثیر کم مواد ضدعفونی‌کننده مانند کلر برای از بین بردن باکتری در طی مراحل تصفیه و همچنین مقاوم شدن این باکتری نسبت به مواد ضدعفونی‌کننده می‌باشد که مطابق با مطالعات انجام شده بر اساس میزان افزایش باکتری و تغییر جامعه باکتری بعد از کلرزنی در آب آشامیدنی می‌باشد (Jia *et al.* Ribas *et al.* 2000 ;2015). پژوهش‌های متعددی در خصوص مقاومت آنتی‌بیوتیکی سودوموناس‌ها در سویه‌های بالینی نیز انجام شده است که نشان می‌دهد عامل شایع‌ترین عفونت بیمارستانی در بیماران سوختگی *سودوموناس آئروژینوزا* می‌باشد (Adabi *et al.* Lari *et al.* 2000 ;Zolfaghari *et al.* 2011; 2015). این آلودگی ممکن است همراه با فاضلاب بیمارستانی به آب‌های زیرزمینی منتقل و باعث گسترش باکتری‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک، توزیع و مخازن آنها در محیط زیست شود و همچنین وارد سیستم شبکه آب‌رسانی شده و باعث بروز مشکلاتی ناشی از مقاومت این میکروارگانیسم نسبت به مواد ضدعفونی در آب آشامیدنی شود. طی بررسی‌های انجام شده بر روی فاضلاب بیمارستانی بیشترین مقاومت سودوموناس نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های جنتامایسین، سفتیزوکسیم و تری-متوپریم/سولفامتوکسازول ٢٦٫٤٧ درصد بود (Hadi *et al.* 2011). در پژوهشی که روی مقاومت آنتی‌بیوتیکی *سودوموناس آئروژینوزا* در محیط‌های آبی در مناطق گرمسیری و معتدل انجام شد مشخص گردید که ۱۵٪ و ۳۳ ٪ سویه‌های جدا شده از ناحیه سوییس و هند به ترتیب در برابر ایمی‌پنم مقاوم بودند (Devarajan *et al.* 2017). همچنین در بررسی که روی مقاومت به آنتی‌بیوتیک در سودوموناس‌های جدا شده از رودخانه دانوب انجام دادند مشخص شد که ۱٫۲٪ از سویه‌های جدا شده به ایمی‌پنم مقاوم بودند. همچنین مشخص کردند که مقاومت در برابر آمینوگلیکوزیدها بسیار نادر بوده و فقط دو سویه به ترتیب نسبت به آمیکاسین و جنتامایسین مقاوم بودند (Kittinger *et al.* 2016). مقاومت *سودوموناس آئروژینوزا* به ایمی‌پنم در تحقیقی که توسط Olga بر روی مقاومت آنتی‌بیوتیکی سودوموناس آئروژینوزای جدا شده از محیط‌های آبی یونان انجام شد نیز، تایید شد (Olag *et al.* 2016). در مطالعه Camiade و همکاران در سال ۲۰۲۰ مشخص شد که از میان ٣١٦ سویه جدا شده سودوموناس از زباله‌های مدفوعی، محیطی و آب‌های سطحی، مقاومت زیاد به آموکسی‌سیلین و تیکارسیلین، سفوتاکسیم، کلرامفنیکل، تری‌متوپریم/سولفامتوکسازول و فسفومایسین تشخیص داده شد (Camiade *et al.* 2020). در مطالعه Vaz-Moreira و همکاران در سال ۲۰۱۲ روی مقاومت آنتی‌بیوتیکی گونه‌های سودوموناس در آب آشامیدنی مشخص شد فنوتیپ‌های مقاوم در برابر آنتی‌بیوتیک‌ها درصد بالایی از مقاومت را در برابر برخی بتالاکتام‌ها نشان دادند که بیش از۸۰٪ سویه‌ها به سفالوتین (۱۰۰٪)، تیکارسیلین (٨٤٪) و تیکارسیلین با اسید کلاوولانیک (۸۰٪) مقاوم هستند، مقادیر بالای شیوع مقاومت آنتی-بیوتیکی نیز برای سولفونامید کوتریموکسازول (۷۸٪) و برای اپوکسید فسفومایسین (٦٩٪) مشاهده شد (Vaz-Moreira *et al.* 2012). در مطالعه‌ای که در سال‌های گذشته در ایران بر روی سودوموناس آئروژینوزهای مولد بتالاکتامازهای با طیف اثر وسیع انجام شده است، نتایج به شرح زیر می‌باشد: در سال ۲۰۰۸ شکیبایی و همکاران از ۱۲۰ نمونه *سودوموناس آئروزینوزا* ٤١ مورد (٣٤ ٪) و میرصالحیان در سال ۲۰۰۸ نیز ٤٠ سویه (٤٠٪) را مولد ESBL مثبت و شاهچراغی و همکاران در سال ۲۰۰۹ از ٦٠٠ ایزوله *سودوموناس آئروژینوزا* ٢٣٤ سویه (٣٩٪) را مولد بتالاکتاماز با طیف اثر وسیع گزارش کردند (Shakibaie *et al.* 2008; Mirsalehian *et al.* 2008; Shahcheraghi *et al.* 2009). موارد مطرح شده مربوط به سویه‌های جدا شده از نمونه‌های بالینی بوده است و تاکنون بررسی بر روی نمونه‌های محیطی در ایران به صورت پژوهش حاضر صورت نگرفته است. در پژوهش حاضر مشخص شد که از بین آنتی‌بیوتیک‌های استفاده شده، این باکتری نسبت به دو آنتی‌بیوتیک جنتامایسین، آمیکاسین کاملاً حساس می-باشد. بیشترین مقاومت به ترتیب نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]

سفتازیدیم و ایمی‌پنم می‌باشد، که نتایج به‌دست آمده دراین پژوهش همسو با مطالعات قبلی می‌باشد. به‌تازگی به این نتیجه رسیده‌اند که بسیاری از ژن‌های مقاومی که در پاتوژن‌ها یافت می‌شود از باکتری-هایی است که به‌طور معمول در محیط رشد می‌کنند از این‌رو محیط زیست به‌عنوان یک مسیر پراکندگی و مخزن عوامل بیماریزای مقاوم و جایگاهی برای تکامل این مقاومت عمل می‌کند (Larsson *et al.* 2018). ظهور مقاومت‌های احتمالی آنتی‌بیوتیکی در سیستم-های توزیع آب آشامیدنی برخی از کشورها یا مناطق نیاز به نظارت بیشتر برای ارزیابی خطر و راهکارهای پیشگیری برای محافظت از سلامت عمومی دارد (Zhang *et al.* 2009). از این‌رو، نیاز به نظارت بر مقاومت و اهمیت اکوسیستم‌های آبزی برای انتشار عوامل تعیین‌کننده مقاومت آنتی‌بیوتیکی وجود دارد، زیرا در بسیاری از نقاط، آب‌های سطحی کره زمین به‌عنوان نقطه پایانی برای اثرهای تصفیه شده/تصفیه نشده فاضلاب عمل می‌کنند (Devarajan *et al.* 2017). مسئولان جامعه باید سیستم‌های فاضلاب مناسب را برای از بین بردن باکتری‌ها قبل از تخلیه آن در اکوسیستم‌های آبزی در نظر بگیرند و تجهیز تصفیه‌خانه‌ها به فرآیندهای تصفیه پیشرفته می‌تواند در کاهش گونه‌های مقاوم باکتری‌ها موثر باشد Farshcian *et al.* (2015). پژوهش‌های انجام شده بیانگر این موضوع است که اگرچه بعضی از آنتی‌بیوتیک‌ها هنوز تاثیر نسبتاً خوبی بر *سودوموناس آئروژینوزا* دارند ولی تعداد بسیاری از آنها عملاً قابل استفاده نمی-باشند و یا به‌زودی قابل کاربرد نخواهند بود. اگرچه اصلی‌ترین علت مقاومت دارویی را به ژن‌های قابل انتقال مقاوم نسبت به آنتی-بیوتیک‌ها نسبت داده‌اند، اما باید در نظر داشت که فشار انتخابی ناشی از استفاده گسترده از آنتی‌بیوتیک‌ها به گزینش باکتری‌هایی با مقاومت دارویی می‌انجامد. بنابراین انتخاب آنتی‌بیوتیک مناسب بر اساس آنتی‌بیوگرام دقیق و به‌موقع نقش مهمی در جلوگیری از گسترش مقاومت آنتی‌بیوتیکی خواهد داشت. لازم به ذکر است به-دلیل پیچیدگی عوامل موثر در پدیده مقاومت دارویی در محیط‌های آبی، انجام پژوهش‌های مکرر برای پایش توسعه مقاومت آنتی-بیوتیکی در باکتری‌های پاتوژن برای حفظ سلامتی انسان‌ها لازم و ضروری می‌باشد.

سپاسگزاری

بدینوسیله از همکاری گروه میکروبیولوژی و بیولوژی پژوهشکده صنایع غذایی و فرآورده‌های کشاورزی پژوهشگاه استاندارد در انجام آزمون‌های میکروبیولوژی و آزمایشگاه میکروبیولوژی کنترل غذا و دارو، سازمان غذا و دارو، وزارت بهداشت و درمان و آموزش پزشکی جهت جمع‌آوری نمونه‌ها تشکر و قدردانی می-شود.

منابع

Adabi M, Talebi TM, Arbabi L, Afshar M, Fathizadeh S, Minaeian S, Moghadam MN, Majidpour A. 2015. Determination of antibiotic resistance pattern of Pseudomonas aeruginosa strains isolated from patients with burn wounds. Journal of Ardabil University of Medical Science (JAUMS). 15.1: 66-74. (In Farsi with English abstract)

Allen MJ, Geldreich EE 1975. Bacteriological criteria for groundwater quality. Ground Water 13: 45–52.

Andrews JM. 2001. Determination of minimum inhibitory concentrations. Journal of antimicrobial Chemotherapy. 48: 5-16.

Ashbolt N.J. 2004. Microbial contamination of drinking water and disease outcomes in developing regions. Toxicology. 198: 229-238.

Bai X, Ma X, Xu F, Li J, Zhang H, Xiao X. 2015. The drinking water treatment process as a potential source of affecting the bacterial antibiotic resistance. Science of the Total Environment. 15: 24-31.

Baquero F, Martínez JL, Cantón R. 2008. Antibiotics and antibiotic resistance in water environments. Current opinion in biotechnology. 19: 260-265.

Bauer AW, Perry DM, Kirby WM. 1959. Single-disk antibiotic-sensitivity testing of staphylococci: An analysis of technique and results. AMA archives of internal medicine. 104: 208-216.

Bergeron S, Boopathy R, Nathaniel R, Corbin A, LaFleur G. 2015. Presence of antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes in raw source water and treated drinking

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]

water. International Biodeterioration & Biodegradation. 102: 370-374.

Bonnet R.2004. Growing group of extended-spectrum β-lactamases: the CTX-M enzymes. Antimicrobial agents and chemotherapy. 48: 1-4.

Bradford PA. 2001. Extended-spectrum beta-lactamases in the 21st century: characterization, epidemiology, and detection of this important resistance threat. Clinical microbiology reviews. 14: 933-951.

Camiade M, Bodilis J, Chaftar N, Riah-Anglet W, Gardères J, Buquet S, Ribeiro AF, Pawlak B. 2020. Antibiotic resistance patterns of Pseudomonas spp. isolated from faecal wastes in the environment and contaminated surface water. FEMS microbiology ecology. 96: fiaa008.

CLSI, 2021. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. M100-ED 31. Publication, Wayne, Pa, USA.

Codex alimentarius, 2019. Standard for natutal mineral waters. CXT 108-1981. Adopted in 1981, Revised in 1997, 2008. Amended in 2019.

Devarajan N, Köhler T, Sivalingam P, Van Delden C, Mulaji CK, Mpiana PT, Ibelings BW, Poté J. 2017. Antibiotic resistant Pseudomonas spp. in the aquatic environment: a prevalence study under tropical and TEM-1perate climate conditions. Water Research. 115: 256-265.

Farshchian MR, Roshani M, Reihani RD. 2015. Determination of antibiotic resistance pattern in bacteria isolated from municipal wastewater treatment plant. Journal of Mazandaran University of Medical Sciences. 126: 11-21. (In Farsi with English abstract)

Fernando DM, Tun HM, Poole J, Patidar R, Li R, Mi R, Amarawansha GE, Fernando WD, Khafipour E, Farenhorst A, Kumar A. 2016. Detection of antibiotic resistance genes in source and drinking water samples from a first nations community in Canada. Applied and environmental microbiology. 15: 4767-4775.

Guerin-Mechin L., Dubois-Brissonnet F., Heyd B., and Leveau J. 2000. Quaternary ammonium compound stresses induce specific variations in fatty acid composition of Pseudomonas aeruginosa. Intern. J. Food Microbiol. 55: 157–159.

Hadi M, Shokoohi R, Namvar AE, Karimi M, Aminabad MS. 2011. Antibiotic resistance of isolated bacteria from urban and hospital wastewaters in Hamadan City. Iranian Journal of Health and Environment. 4:105-14. (In Farsi with English abstract)

Han XM, Hu HW, Chen QL, Yang LY, Li HL, Zhu YG, Li XZ, Ma YB. 2018. Antibiotic resistance genes and associated bacterial communities in agricultural soils amended with different sources of animal manures. Soil Biology and Biochemistry. 126: 91-102.

Han Z, Zhang Y, An W, Lu J, Hu J, Yang M. 2020. Antibiotic resistomes in drinking water sources across a large geographical scale: Multiple drivers and co-occurrence with opportunistic bacterial pathogens. Water Research. 183: 116088.

Herath AT, Abayasekara CL, Chandrajith R, Adikaram NK. 2014. *Pseudomonas aeruginosa* in bottled drinking water in Sri Lanka: a potential health hazard. Water Science and Technology: Water Supply. 6: 1045-1050.

Howard C, Daal A, Kelly G, Schooneveldt J, Nimmo G, Giffard1 PM. 2002. Identification and minisequencing-based discrimination of SHV ß-Lactamases in nosocomial infection associated *Klebsiella pneumoniae* in Brisbane, Australia. Antimicrob Agents and Chemother. 3: 659-664.

Hudzicki J. 2009. Kirby-Bauer disk diffusion susceptibility test protocol. American society for microbiology. 15: 55-63.

ISO 16266. 2006. Water quality, Detection and enumeration of *Pseudomonas aeruginosa*, Method by membrane filtration.

ISO 19458. 2006. Water quality - Sampling for microbiological analysis.

Jacoby GA, Medeiros AA. 1991. More extended spectrum ß-lactamases. Antimicrob Agents Chemother. 9: 97-1704.

Jia S, Shi P, Hu Q, Li B, Zhang T, Zhang XX. 2015. Bacterial community shift drives antibiotic resistance promotion during drinking water chlorination. Environmental science & technology. 20: 12271-12279.

Kittinger C, Lipp M, Baumert R, Folli B, Koraimann G, Toplitsch D, Liebmann A, Grisold AJ, Farnleitner AH, Kirschner A, Zarfel G. 2016. Antibiotic resistance patterns of Pseudomonas spp. isolated from the river Danube. Frontiers in microbiology. 7: 586.

Knothe H, Shah P. Kremery V. 1983. Transferable resistance to cefotaxime, cefoxitin, cefamandole and cefuroxime in clinical isolates of Klebsiella pneumoniae and Serratia marcescens. Infection. 6: 315-317.

Lari AR, Alaghehbandan R, Nikui R. 2000. Epidemiological study of 3341 burns patients during three years in Tehran, Iran. Burns. 1: 49-53. (In Farsi with English abstract)

Larsson DJ, Andremont A, Bengtsson-Palme J, Brandt KK, de Roda Husman AM, Fagerstedt P, Fick J, Flach CF, Gaze WH, Kuroda M, Kvint K. 2018. Critical knowledge gaps and research needs related to the environmental dimensions of antibiotic resistance. Environment international. 117: 132-138.

Le TH, Ng C, Tran NH, Chen H, Gin KY. 2018. Removal of antibiotic residues, antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes in municipal wastewater by membrane bioreactor sysTEM-1s. Water research. 145: 498-508.

Mah TF, Pitts B, Pellock B, Walker GC, Stewart PS and O'toole GA. 2003. A genetic basis for Pseudomonas aeruginosa biofilm antibiotic resistance. 426: 306–310.

Manaia CM, Rocha J, Scaccia N, Marano R, Radu E, Biancullo F, Cerqueira F, Fortunato G, Iakovides IC, Zammit I, Kampouris I. 2018. Antibiotic resistance in wastewater treatment plants: Tackling the black box. Environment international. 115: 312-324.

Mena KD, Gerba CP. 2009. Risk assessment of Pseudomonas aeruginosa in water. Reviews of environmental contamination and toxicology. 201: 71-115.

Mirsalehian A, Feisabadi M, Akbari Nakhjavani F, Jabal ameli F, Goli H. 2008. Prevalence of extended spectrum beta lactamases among strains of Pseudomonas aeruginosa isolated from burn patients. Tehran University Medical Journal. 66: 333-337. (In Farsi with English abstract)

Moreira L, Agostinho P, Morals PV, Da Costa MS. 1994. Survival of allochthonous bacteria in still mineral water

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]

bottled in polyvinyl chloride (PVC) and glass. Journal of Applied Bacteriology. 3: 334-339.

Olga P, Apostolos V, Alexis G, George V, Athena M. 2016. Antibiotic resistance profiles of Pseudomonas aeruginosa isolated from various Greek aquatic environments. FEMS Microbiology Ecology. 92: 5.

Palleroni NJ. 2010. The pseudomonas story. Environmental microbiology. 6: 1377-1383.

Petraccia L, Liberati G, Masciullo SG, Grassi M, Fraioli A. 2006. Water, mineral waters and health. Clinical nutrition. 3: 377-385.

Pongpech P, Naenna P, Taipobsakul Y, Tribuddharat C, Srifuengfung S. 2008. Prevalence of extended-spectrum beta-lactamase and class 1 integron integrase gene intI1 in Escherichia coli from Thai patients and healthy adults. Southeast Asian journal of tropical medicine and public health. 3: 425.

Ribas F, Perramon J, Terradillos A, Frias J, Lucena F. 2000. The Pseudomonas group as an indicator of potential regrowth in water distribution sysTEM-1s. Journal of applied microbiology. 4: 704-710.

Shahcheraghi F, Nasiri S, Noveiri H. 2009. The survey of genes encoding beta-lactamases, in Esherichia coli resistant to beta-lactam antibiotics. IJBMS. 1: 230-237. (In Farsi with English abstract)

Shakibaie M, Shahcheraghi F, Hashemi A, Saeed Adeli N. 2008. Detection of TEM-1, SHV and PER Type extendedspectrumß-lactamas gene among clinical strains of Pseudomonas aeruginosa isolated from Burnt Patients at Shafa-Haspital, Kerman, Iran. Iranian Journal of Basic Medical Sciences. 2: 104-111. (In Farsi with English abstract)

Shojapour M, Shariati L, Karimi A, Zamanzad B. 2011. Prevalence of TEM-1-1 type beta-lactmase genes in Pseudomonas aeruginosa strains isolated from burn infections using Duplex PCR in Shahrekord, 2008. J Arak Univ Med Sci. 14: 1. (In Farsi with English abstract)

Tenover FC. 2006. Mechanisms of antimicrobial resistance in bacteria. The American journal of medicine. 6: S3- S10.

Trautmann M, Lepper PM, Haller M. 2005. Ecology of Pseudomonas aeruginosa in the intensive care unit and the evolving role of water outlets as a reservoir of the organism. American journal of infection control. 5: S41- S49

Trautmann M, Michalsky T, Wiedeck H, Radosavljevic V, Ruhnke M. 2001. Tap Water Colonization With Psmdomonas aeruginosa in a Surgical Intensive Care Unit (ICU) and Relation to Psmdomonas Infections of ICU Patients. Infection Control & Hospital Epidemiology. 1: 49-52.

Udikovic-Kolic N, Wichmann F, Broderick NA, Handelsman J. 2014. Bloom of resident antibiotic-resistant bacteria in soil following manure fertilization. Proceedings of the National Academy of Sciences. 42: 15202-15207.

Vachee A, Leclerc H. 1995. Antagonistic effect of autochtonous flora of mineral water on Pseudomonas aeruginosa [virulence factors]. Journal Europeen d'Hydrologie 26:327–338.

Vaz-Moreira I, Nunes OC, Manaia CM. 2012. Diversity and antibiotic resistance in Pseudomonas spp. from drinking water. Science of the Total Environment. 426: 366-374.

Xi C, Zhang Y, Marrs CF, Ye W, Simon C, Foxman B, Nriagu J. 2009. Prevalence of antibiotic resistance in drinking water treatment and distribution sysTEM-1s. Applied and environmental microbiology. 17: 5714-5718.

Zhang XX, Zhang T, Fang HH. 2009. Antibiotic resistance genes in water environment. Applied microbiology and biotechnology. 3: 397-414.

Zolfaghari M. 2011. Bacterial elements affecting infections after burn in nequiee-hedaiati Burn hospital, Qom University of Medical Sciences Journal. 3: 23-29. (In Farsi with English abstract)

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-01]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1401.11.1.11.8]