

Antimicrobial Susceptibility Pattern and Mutations of Outer Membrane Porin in Clinical Isolates of *Klebsiella pneumoniae*

Maryam Bayramnezhad¹, Maryam Ghane², Elham Asadi³

1. M.Sc, Department of Biology, Islamshahr Branch, Islamic Azad University, Islamshahr, Iran. ORCID ID: 0000-0002-6710-7086

2. Assistant professor, Department of Biology, Islamshahr Branch, Islamic Azad University, Islamshahr, Iran., (Corresponding Author), Tel: +98-21-56358105, Email: ghane@iaiu.ac.ir. ORCID ID: 0000-0003-0305-0241

3. Assistant professor, Department of Biology, Islamshahr Branch, Islamic Azad University, Islamshahr, Iran. ORCID ID: 0000-0002-9208-4031

ABSTRACT

Background and Aim: *Klebsiella pneumoniae* is one of the most common causes of community-acquired and nosocomial infections and has acquired numerous resistance mechanisms over time. The aim of this study was to evaluate the antibiotic resistance pattern of clinical isolates of *K. pneumoniae* and investigate the mutations in Ompk35 porin as one of the most important mechanisms of resistance to beta-lactam antibiotics.

Materials and Methods: In this cross-sectional correlation study, 100 urinary isolates of *K. pneumoniae* from the patients admitted to Milad Hospital were evaluated. Antibiotic susceptibility testing was performed using disk diffusion method. Using PCR method, *ompK35* genes were detected, sequenced and the mutations were identified by use of Mega software (version 3.7.3). SPSS software version 20 and Chi-square test were used for data analysis.

Results: The highest resistance rate belonged to amikacin (74%) followed by levofloxacin (69%). Resistance rates to cefepime, gentamicin, ciprofloxacin, meropenem, and ceftriaxone were 62, 58, 53, 41, and 35%, respectively. The highest sensitivity rate belonged to imipenem (80%). Numerous mutations were observed in the Ompk35 porin encoding genes. Among the isolates, 70% harbored mutations in Ompk35 protein and two isolates had five mutations simultaneously. There was no significant relationship between resistance to the antibiotics and gender in our study ($P>0.05$).

Conclusion: Our findings indicated a high prevalence rate of antibiotic resistance and high frequency of porin mutations among *K. pneumoniae* isolates. Also, the presence of similar mutations in the isolates suggests that they may have a common origin.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, Antimicrobial agents, Porin, Drug resistance

Received: Aug 19, 2021

Accepted: Aug 2, 2022

How to cite the article: Maryam Bayramnezhad, Maryam Ghane, Elham Asadi. Antimicrobial Susceptibility Pattern and Mutations of Outer Membrane Porin in Clinical Isolates of *Klebsiella pneumoniae*. SJKU 2022;27(4):13-26.

Copyright © 2018 the Author (s). Published by Kurdistan University of Medical Sciences. This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-Non Commercial License 4.0 (CCBYNC), where it is permissible to download, share, remix, transform, and buildup the work provided it is properly cited. The work cannot be used commercially without permission from the journal

بررسی الگوی حساسیت آنتی‌بیوتیکی و جهش‌های پورین غشای خارجی در ایزوله‌های بالینی کلبسیلا پنومونیه

مریم بایرام نژاد^۱، مریم قانع^۲، الهام اسدی^۳

۱. کارشناس ارشد، گروه زیست‌شناسی، واحد اسلامشهر، دانشگاه آزاد اسلامی، اسلامشهر، ایران. کد ارکید: ۷۰۸۶-۶۷۱۰-۰۰۰۲-۰۰۰۰

۲. استادیار، گروه زیست‌شناسی، واحد اسلامشهر، دانشگاه آزاد اسلامی، اسلامشهر، ایران، (نویسنده مسئول) تلفن ثابت: ۰۲۱-۵۶۳۵۸۱۰۵، پست الکترونیک:

ghane@iiu.ac.ir، کد ارکید: ۰۳۰۵-۰۲۴۱-۰۰۰۳-۰۰۰۰

۳. استادیار، گروه زیست‌شناسی، واحد اسلامشهر، دانشگاه آزاد اسلامی، اسلامشهر، ایران. کد ارکید: ۴۰۳۱-۹۲۰۸-۰۰۰۲-۰۰۰۰

چکیده

زمینه و هدف: کلبسیلا پنومونیه یکی از شایع‌ترین علل عفونت‌های اکتسابی از جامعه و عفونت‌های بیمارستانی است و در طول زمان مکانیسم‌های مقاومتی متعددی را کسب کرده است. هدف از این مطالعه ارزیابی الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی ایزوله‌های بالینی کلبسیلا پنومونیه و بررسی جهش در پورین Ompk35 به عنوان یکی از مهم‌ترین مکانیسم‌های مقاومت به آنتی‌بیوتیک‌های بتالاکتام بود.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه مقطعی همبستگی ۱۰۰ ایزوله ادراری کلبسیلا پنومونیه از بیماران بستری در بیمارستان میلاد مورد بررسی قرار گرفت. آزمایش حساسیت آنتی‌بیوتیکی با استفاده از روش دیسک دیفیوژن انجام شد. ژن‌های ompK35 با روش PCR شناسایی و توالی‌یابی شدند و جهش‌ها با استفاده از نرم افزار Mega نسخه ۳.۷.۳ شناسایی شد. برای تجزیه و تحلیل داده‌ها، از نرم افزار SPSS نسخه ۲۰ و آزمون مجذورکای استفاده شد.

یافته‌ها: بالاترین میزان مقاومت نسبت به آمیکاسین (۷۴٪) و پس از آن لووفلوکساسین (۶۹٪) مشاهده شد. میزان مقاومت به سفپیم، جنتامیسین، سیپروفلوکساسین، مروپنم و سفتریاکسون به ترتیب ۶۲، ۵۸، ۵۳، ۴۱ و ۳۵ درصد بود. بیشترین حساسیت نسبت به ایمپنم (۸۰٪) مشاهده شد. جهش‌های متعددی در ژن‌های رمز کننده پورین Ompk35 مشاهده شد. در بین ایزوله‌ها، ۷۰ درصد دارای جهش در پروتئین Ompk35 و دو ایزوله دارای پنج جهش به‌طور هم‌زمان بودند. بین مقاومت به آنتی‌بیوتیک‌های مورد مطالعه و جنسیت رابطه معنی‌داری مشاهده نشد ($P>0.05$).

نتیجه‌گیری: یافته‌های ما نشان دهنده شیوع بالای مقاومت آنتی‌بیوتیکی و فراوانی بالای جهش‌های پورین در ایزوله‌های کلبسیلا پنومونیه است. همچنین وجود جهش‌های مشابه بین ایزوله‌ها نشان می‌دهد که ممکن است از یک منبع سرچشمه گرفته باشند.

کلمات کلیدی: کلبسیلا پنومونیه، عوامل ضد میکروبی، پورین، مقاومت آنتی‌بیوتیکی

وصول مقاله: ۱۴۰۰/۵/۲۸ اصلاحیه نهایی: ۱۴۰۱/۴/۲۵ پذیرش: ۱۴۰۱/۵/۱۷

آنتی‌بیوتیک‌های گروه بتالاکتام به طور معمول در سرتاسر جهان تجویز می‌شوند و شامل پنی‌سیلین‌ها، سفالوسپورین‌ها، مونوباکتام‌ها و کارباپنم‌ها می‌باشند. کارباپنم‌ها از جمله بتالاکتام‌های انتخابی و مؤثر در درمان عفونت‌های ایجاد شده توسط باکتری‌های تولید کننده بتالاکتام‌های وسیع‌الطیف مانند کلبسیلا پنومونیه هستند. همچنین این آنتی‌بیوتیک‌ها به عنوان آخرین راه حل برای مدیریت مراقبت‌های بهداشتی مرتبط با عفونت‌های تهدید کننده زندگی محسوب می‌شوند (۷). متأسفانه مقاومت باکتریایی به کارباپنم‌ها رو به افزایش است و بخصوص با تولید بتالاکتام‌ها، پمپ‌های افلاکس و جهش‌هایی که بیان یا عملکرد پروتئین‌های متصل شونده به پنی‌سیلین (penicillin binding protein) (PBPs) و پورین‌ها را تغییر می‌دهد، این مشکل پیچیده‌تر شده است (۶). یک ویژگی قابل توجه در مورد ایزوله‌های مقاوم به چند داروی کلبسیلا پنومونیه، عدم وجود پروتئین‌های غشای خارجی (Outer membrane protein) (Omp) یا پورین‌ها است. کلبسیلا پنومونیه دو پورین تریمریک کلاسیک با نام‌های OmpK35 و OmpK36 دارد که به ترتیب همولوگ‌های OmpF و OmpC در *اشرشیا کلی* هستند (۸).

داروهای ضد میکروبی برای رسیدن به پریپلاسم، ابتدا باید از سد غشای خارجی عبور کنند و در مورد بتالاکتام‌ها که معمولاً هیدروفیل و باردار هستند، به نظر می‌رسد کانال‌های پورین راه اصلی ورود به درون سلول باشند. مطالعات نشان داده که پورین‌های کلبسیلا پنومونیه نقش مهمی را در ورود بتالاکتام‌ها به ویژه مولکول‌های بزرگ‌تر مانند سفالوسپورین‌های نسل سوم برعهده دارند. همچنین گزارش شده که پورین‌های OmpK35 کانالی را در کلبسیلا پنومونیه ایجاد می‌کند که باعث عبور سفالوسپورین‌های نسل سوم، چهارم و کارباپنم‌ها می‌شود (۹). مطالعات نشان داده که حذف ژن *ompK35* باعث افزایش دو برابری میزان حداقل غلظت مهار (Minimum inhibitory concentration) (MIC) آمپی‌سیلین و افزایش ۴ تا ۸

در طول سه دهه گذشته، ما با افزایش وقوع انتروباکتریاسه‌های مقاوم به چند دارو مواجه بوده‌ایم. این باکتری‌ها به عنوان عوامل بیماری‌زای مقاوم، به طور مداوم در حال تکامل هستند و مشکلات جدی را در انتخاب درمان مناسب آنتی‌بیوتیکی در محیط بیمارستان ایجاد کرده‌اند. کلبسیلا پنومونیه یکی از شایع‌ترین عوامل عفونت‌های بیمارستانی است و حدود یک سوم عفونت‌های گرم منفی مانند عفونت‌های دستگاه ادراری، سیستیت، ذات‌الریه، عفونت‌های زخم جراحی، اندوکاردیت و سپتی سمی را تشکیل می‌دهد (۱). در گزارشی از چین، کلبسیلا پنومونیه عامل ۲۶/۹ درصد عفونت‌های بیمارستانی در بخش مراقبت‌های ویژه نوزادان اعلام شد (۲). همچنین در امریکا کلبسیلا پنومونیه به عنوان شایع‌ترین عامل پنومونی اکتسابی بیمارستانی محسوب می‌شود و ۳ تا ۸ درصد از کل عفونت‌های باکتریایی بیمارستانی را تشکیل می‌دهد (۳). در یک مطالعه متا آنالیز که توسط Ghashghaee و همکاران (۲۰۱۸) در ایران صورت گرفت، میزان شیوع عفونت‌های بیمارستانی ۴/۵ درصد گزارش شد و در این میان کلبسیلا پنومونیه، درصد بالایی (۶/۶ درصد) از عفونت‌ها (عفونت ادراری، عفونت تنفسی و عفونت خون) را به خود اختصاص داده بود (۴). همچنین در مطالعه متا آنالیز دیگر در ایران (۲۰۲۰)، کلبسیلا پنومونیه عامل ۱۷/۵۴ درصد سپسیس در نوزادان گزارش شد (۵).

در حال حاضر، ایزوله‌های کلبسیلا پنومونیه مقاومت بالایی در برابر آنتی‌بیوتیک‌های وسیع‌الطیف مانند آنتی‌بیوتیک‌های بتالاکتام، فلوروکینولون‌ها و آمینوگلیکوزیدها نشان می‌دهد. سویه‌های مقاوم به چند داروی کلبسیلا پنومونیه باعث مرگ و میر بالایی در بیماران با عفونت‌های شدید می‌شود و این مقاومت باعث ایجاد نگرانی برای انتخاب آنتی‌بیوتیک مؤثر در درمان عفونت‌های بیمارستانی ناشی از کلبسیلا پنومونیه شده است (۶).

نظیر ایندول، متیل رد، وژس-پروسکوئر، سیترا، اوره و حرکت استفاده شد (۱۰). سویه های گرم منفی و غیر متحرک که آزمایش متیل رد (رنگ زرد) و ایندول (عدم وجود حلقه قرمز) در آنها منفی و آزمایش سیترا (رنگ آبی)، اوره آز (رنگ صورتی) و وژس-پروسکوئر (رنگ قرمز) در آنها مثبت بود به عنوان کلبسیلا پنومونیه تایید شدند (۱۰).

تست حساسیت آنتی بیوتیکی:

سنجش حساسیت میکروبی، با روش انتشار از دیسک و مطابق با توصیه های موسسه استاندارد روش های آزمایشگاهی (Clinical and Laboratory Standards Institute) (CLSI) انجام شد (۱۱). آنتی بیوتیک های مورد استفاده شامل آمیکاسین ($40 \mu\text{g}$)، جنتامیسین ($30 \mu\text{g}$)، ایمپنم ($10 \mu\text{g}$)، مروپنم ($10 \mu\text{g}$)، سفپیم ($30 \mu\text{g}$)، سیپروفلوکساسین ($5 \mu\text{g}$)، سفتریاکسون ($30 \mu\text{g}$) و لوفلوکساسین ($5 \mu\text{g}$) (شرکت MAST، انگلستان) بودند. آزمون آنتی بیوگرام با استفاده از سوسپانسیون باکتری در سرم فیزیولوژی و مقایسه کدورت آن با نیم مک فارلند انجام شد. در ابتدا سوسپانسیون تهیه شده با استفاده از سواب استریل بر روی پلیت حاوی محیط کشت مولر هیتون آگار (Merk، آلمان) به صورت متراکم کشت داده شد. سپس دیسک ها بر روی سطح محیط کشت قرار داده شد و پلیت ها در دمای 37°C درجه سانتی گراد به مدت ۲۴ ساعت گرما گذاری شدند. سپس قطر هاله های عدم رشد با خط کش میلی متری اندازه گیری شد و نتایج با استفاده از جداول استاندارد CLSI (۲۰۱۸) تفسیر شد. باکتری / شرشیاکلی سویه استاندارد ATCC 25922 به عنوان سویه کنترل در آزمایش آنتی بیوگرام استفاده شد.

تکثیر ژن ompk35:

برای تهیه DNA ژنومی، یک کلنی منفرد از هر یک از سویه های جدا شده در ۵ میلی لیتر محیط کشت لوریا برتانی براث (مرک، آلمان) در دمای 37°C درجه سانتی گراد به

برابری MIC سفالوسپورین های نسل سوم و چهارم و افزایش ۸ برابر MIC سفتریاکسون می شود (۹)؛ بنابراین از دست دادن پورین ها و یا ایجاد جهش در آنها می تواند در ورود آنتی بیوتیک به درون باکتری تداخل ایجاد نموده و باعث مقاومت در برابر آنتی بیوتیک ها و بخصوص آنتی بیوتیک های بتالاکتام شود (۹) درمان عفونت های ادراری معمولاً در ابتدا به صورت تجربی و بر اساس گزارش های موجود در زمینه الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی پاتوژن های ادراری آغاز می شود؛ بنابراین ارائه مداوم الگوهای مقاومت آنتی بیوتیکی ایزوله های ادراری ضروری بوده و می تواند علاوه بر درمان عفونت های ادراری، از انتشار سویه های مقاوم نیز جلوگیری کند. با توجه به اهمیت کلبسیلا پنومونیه در ایجاد عفونت های بیمارستانی و با توجه به افزایش مقاومت آنتی بیوتیکی در این باکتری، هدف از این مطالعه تعیین حساسیت ایزوله های ادراری نسبت به آنتی بیوتیک های رایج مورد استفاده در درمان عفونت ادراری بود. همچنین از آنجایی که بررسی مکانیسم های دخیل در ایجاد مقاومت می تواند در ارائه راهکارهای مؤثر برای مبارزه با این باکتری های مقاوم مؤثر باشد، در این مطالعه بر آن شدیم که برای اولین بار در ایران، جهش های موجود در پورین Ompk35 به عنوان یکی از مکانیسم های مقاومت به بتالاکتام ها را نیز بررسی نماییم.

مواد و روش ها

شناسایی باکتری ها:

در این مطالعه مقطعی همبستگی تعداد ۱۰۰ ایزوله کلبسیلا پنومونیه که از بهمن ۱۳۹۷ تا آبان ۱۳۹۸ از نمونه های ادرار بیماران بستری در بخش مراقبت های ویژه (Intensive Care Unit) (ICU) بیمارستان میلاد تهران جمع آوری شده بود، مورد آزمایش قرار گرفت. برای تأیید نمونه ها به عنوان کلبسیلا پنومونیه از آزمون های میکروبیولوژی و بیوشیمیایی استاندارد مانند رنگ آمیزی گرم و تست هایی

برای آنالیز توالی‌ها، ابتدا توالی ژن *ompk35* سویه استاندارد کلبسیلا پنومونیه HS1542 (KX528043.1) از سایت NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) گرفته شد. سپس توالی ژن‌های *ompk35* حاصل از ایزوله‌ها، با ژن *ompk35* سویه استاندارد مذکور با استفاده از نرم افزار مگا (نسخه 3.3.7) هم‌ردیف شد و از نظر جهش ژنی مورد مطالعه و بررسی قرار گرفت (۱۳). همچنین توالی‌های مذکور وارد نرم افزار BioEdit (نسخه 7.2) و DNASTAR (نسخه ۱۶) شد و بعد از ترجمه توالی به اسید آمینه، تغییرات اسید آمینه‌ها نیز ثبت گردید.

آنالیز آماری:

آنالیز آماری با استفاده از SPSS نسخه ۲۰ انجام شد. ارتباط بین مقاومت به هریک از آنتی‌بیوتیک‌ها و جنسیت با استفاده از آزمون کای اسکور انجام شد. $P < 0.05$ معنی دار در نظر گرفته شد.

یافته‌ها

در بین ایزوله‌های مورد مطالعه، ۴۵ (۴۵ درصد) ایزوله از مردان و ۵۵ (۵۵ درصد) ایزوله از زنان جدا شده بود و میانگین سن بیماران $51/9 \pm 18$ سال بود. نتایج بررسی مقاومت آنتی‌بیوتیکی سویه‌های مورد مطالعه نشان داد که بالاترین میزان مقاومت نسبت به آمیکاسین (۷۴ درصد) و پس از آن لووفلوکساسین (۶۹ درصد) و بیشترین میزان حساسیت نسبت به ای‌می‌پنم (۸۰ درصد) وجود داشت (جدول ۱). ارتباط معنی داری بین مقاومت به هریک از آنتی‌بیوتیک‌ها و جنسیت مشاهده نشد ($P > 0.05$) (جدول ۲).

صورت شبانه کشت داده شد، سپس استخراج DNA با استفاده از کیت استخراج DNA (فرمنتاز، لیتوانی) و بر اساس دستور کار شرکت سازنده کیت صورت گرفت. برای بررسی ژن *ompk35* واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (Polymerase Chain Reaction) (PCR) انجام شد. PCR با استفاده از پرایمرهای F- ATGATGAAGCGCAATATTCTGGCAGTG و G- TCGGCTTTGTGCCATTGCCGTCA انجام شد (۱۲). واکنش PCR با استفاده از ۲ میکرولیتر بافر 10X PCR، ۲ میکرولیتر محلول dNTP (۱/۵ mM)، ۰/۲، ۱/۵ میکرولیتر $MgCl_2$ (۱/۵ mM)، ۵ میکرولیتر پرایمرهای مورد استفاده (۳۰ pmol/μl)، ۵ میکرولیتر DNA ژنومی (۵۰ نانو گرم)، ۵ U/μl آنزیم Taq پلیمرز (آمپلیکون، دانمارک) و آب مقطر دو بار تقطیر تا حجم ۲۵ میکرو لیتر انجام شد. PCR با یک سیکل ۶ دقیقه‌ای در دمای ۹۵ درجه سانتی گراد برای واسرشت اولیه آغاز شد و با ۳۵ سیکل تکثیر شامل ۵۰ ثانیه ۹۵ درجه سانتی گراد، ۵۰ ثانیه در دمای اتصال ۶۰ درجه سانتی گراد و ۶۰ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد ادامه پیدا کرد. در نهایت این واکنش با یک سیکل ده دقیقه‌ای در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد به اتمام رسید. در ادامه، محصولات PCR این جدایه‌ها در ژل آگارز (سیگما آلدریج، آمریکا) یک درصد الکتروفورز شد و با استفاده از کیت تخلیص DNA (سیناژن، ایران)، باند مورد نظر خالص و برای توالی‌یابی به شرکت میکروژن کره ارسال شد.

آنالیز توالی‌یابی *ompk35*:

جدول ۱. نتایج حساسیت آنتی بیوتیکی ایزوله‌های جدا شده.

آنتی بیوتیک‌ها	حساس تعداد (%)	نیمه حساس تعداد (%)	مقاوم تعداد (%)
جنتامیسین	۳۳ (۳۳)	۹ (۹)	۵۸ (۵۸)
آمیکاسین	۲۲ (۲۲)	۴ (۴)	۷۴ (۷۴)
ایمی پنم	۸۰ (۸۰)	۳ (۳)	۱۷ (۱۷)
مروپنم	۵۰ (۵۰)	۹ (۹)	۴۱ (۴۱)
سفپسم	۲۸ (۲۸)	۱۰ (۱۰)	۶۲ (۶۲)
سیپروفلوکساسین	۲۶ (۲۶)	۲۱ (۲۱)	۵۳ (۵۳)
سفترایکسون	۵۵ (۵۵)	۱۰ (۱۰)	۳۵ (۳۵)
لووفلوکساسین	۲۸ (۲۸)	۳ (۳)	۶۹ (۶۹)

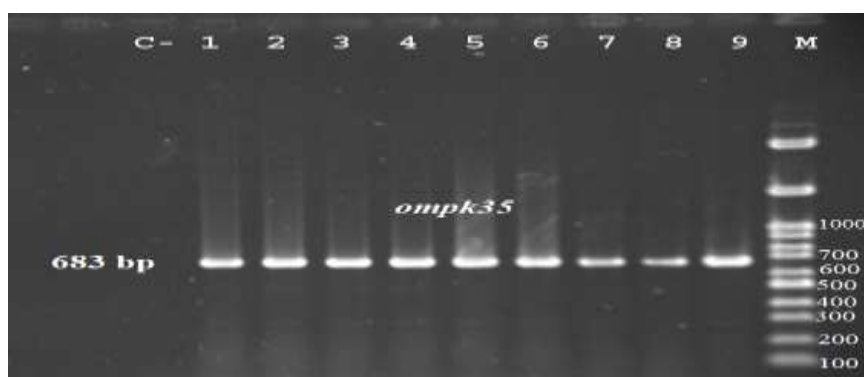
جدول ۲. ارتباط بین مقاومت به هر یک از آنتی بیوتیک‌ها و جنسیت. مقدار P کمتر از ۰/۰۵ معنی دار در نظر گرفته شد.

آنتی بیوتیک‌ها	جنسیت	مقاومت، تعداد (درصد)	مقدار P
جنتامیسین	مرد	۲۳ (۳۹/۶۵)	۰/۱۴۵
	زن	۳۵ (۶۰/۳۵)	
آمیکاسین	مرد	۳۲ (۴۳/۲۴)	۰/۸۴
	زن	۴۲ (۵۶/۷۶)	
ایمی پنم	مرد	۷ (۴۱/۱۷)	۰/۱۲۰
	زن	۱۰ (۵۸/۸۳)	
مروپنم	مرد	۱۸ (۴۳/۹)	۰/۱۶۴
	زن	۲۳ (۵۶/۱)	
سفپسم	مرد	۲۷ (۴۳/۵۴)	۰/۱۱۸
	زن	۳۵ (۵۶/۴۶)	
سیپروفلوکساسین	مرد	۲۳ (۴۳/۳۹)	۰/۱۱۵
	زن	۳۰ (۵۶/۶۱)	
سفترایکسون	مرد	۱۵ (۴۲/۸۵)	۰/۲۰۱
	زن	۲۰ (۵۷/۱۵)	
لووفلوکساسین	مرد	۳۹ (۵۶/۵۲)	۰/۲۹۵
	زن	۳۰ (۴۳/۴۸)	

ژن مذکور در تمام ایزوله‌های مورد آزمایش مشاهده شد و در بین ایزوله‌ها از نظر طول توالی نوکلئوتیدی تفاوتی دیده نشد و اندازه ژن *ompK35* در تمام ایزوله‌ها ۶۸۳ جفت باز بود (شکل ۱).

نتایج تکثیر ژن *ompK35*:

ژن *ompK35* مربوط به ۱۰ ایزوله کلبسیلا پنومونیه که به بتالاکتام‌ها (حداقل به یک کارباپنم و یک سفالوسپورین) مقاوم بودند با استفاده از روش PCR تکثیر یافت و نتایج الکتروفورز حاکی از تکثیر درست و دقیق ژن مذکور بود.



شکل ۱. نتایج الکتروفورز محصول PCR ژن *ompK35*. چاهک C-: کنترل منفی، چاهک ۱ تا ۸ محصول PCR متعلق به ژن *ompK35*. چاهک ۹: کنترل مثبت (کلبسیلا پنومونیه سویه ATCC13883)، چاهک M: لدر ۱۰۰ جفت بازی

توالی، بابی، ژن ompk35:

در مجموع ژن *ompK35* مربوط به ۱۰ انزوله کلسترا

نیومونه توالی یابی شد. توالی‌های به دست آمده از ژن

ompK35 به همراه ژن سویه استاندارد کلسیلا پنومونیه

جهش مربوط به اسید آمینه ۱۲۴ بود. این جهش که منجر به تغییر اسید آمینه آلانین به والین شده بود در ۶۰ درصد ایزوله‌ها مشاهده شد. در میان ایزوله‌ها، ۳ ایزوله (شماره ۱۳، ۲۴ و ۴۸) هیچ تغییری در اسید آمینه نداشتند. (جدول ۳).

ompK35 بودند (شکل ۲). همچنین تغییرات ایجاد شده در حد پروتئین نیز مورد بررسی قرار گرفت (شکل ۳). بیشترین تغییر اسید آمینه در ایزوله‌های شماره ۴۱ و ۴۲ (هریک ۵ جهش) و پس از آن ایزوله شماره ۲۳ (۴ جهش) مشاهده شد. همچنین در بین ایزوله‌های مورد مطالعه، فراوان‌ترین

شکل ۳. توالی اسید آمینه ژن *ompK35* مربوط به ده ایزوله *کلیسیلا پنومونیه* و سویه استاندارد *کلیسیلا پنومونیه* HS1542 (KX528043.1).

Klebsiella_pneumoniae_strain_HS1542_OmpK35	MMKRNILAVV	IPALLVAGAA	NAAEIYNKNG	NKLDIFYGKMV	GEHVWTTNGD	50
Klebsiella_pneumoniae_strain_48_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_13_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_4_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_24_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_11_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_69_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_23_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_41_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_15_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_42_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	46
Klebsiella_pneumoniae_strain_HS1542_OmpK35	TSSDDTTYAR	IGLKGETQIN	DQLIGYGQWE	YNMDASNVEG	SQTTKTRLAF	100
Klebsiella_pneumoniae_strain_48_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_13_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_4_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_24_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_11_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_69_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_23_OmpK35_gene	N	----	----	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_41_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_15_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_42_OmpK35_gene	N	----	H	----	----	96
Klebsiella_pneumoniae_strain_HS1542_OmpK35	AGLKAGEYGS	FDYGRNYGA	YDVEAATDML	VEWGGDGWNY	TDNYMTGRTN	150
Klebsiella_pneumoniae_strain_48_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	146
Klebsiella_pneumoniae_strain_13_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	146
Klebsiella_pneumoniae_strain_4_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	146
Klebsiella_pneumoniae_strain_24_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	146
Klebsiella_pneumoniae_strain_11_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	146
Klebsiella_pneumoniae_strain_69_OmpK35_gene	----	----	K	----	----	146
Klebsiella_pneumoniae_strain_23_OmpK35_gene	----	K	K	----	----	146
Klebsiella_pneumoniae_strain_41_OmpK35_gene	----	K	K	----	----	146
Klebsiella_pneumoniae_strain_15_OmpK35_gene	----	----	K	----	----	146
Klebsiella_pneumoniae_strain_42_OmpK35_gene	----	K	E K	----	----	139
Klebsiella_pneumoniae_strain_HS1542_OmpK35	GVATYRNSDF	FGLVDGLSFA	LOYQGKNDHD	RAIRKQNGDG	FSTAATYAFD	200
Klebsiella_pneumoniae_strain_48_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	196
Klebsiella_pneumoniae_strain_13_OmpK35_gene	N	----	----	----	----	196
Klebsiella_pneumoniae_strain_4_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	196
Klebsiella_pneumoniae_strain_24_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	196
Klebsiella_pneumoniae_strain_11_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	196
Klebsiella_pneumoniae_strain_69_OmpK35_gene	----	M	----	----	----	196
Klebsiella_pneumoniae_strain_23_OmpK35_gene	----	M	----	----	----	196
Klebsiella_pneumoniae_strain_41_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	196
Klebsiella_pneumoniae_strain_15_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	196
Klebsiella_pneumoniae_strain_42_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	139
Klebsiella_pneumoniae_strain_HS1542_OmpK35	NGIALSAGYS	S8NR8VDQKA	DGNGDKAEAW	ATSAKYDANN	IYAAYMY8GT	250
Klebsiella_pneumoniae_strain_48_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_13_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_4_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_24_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_11_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_69_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_23_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_41_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_15_OmpK35_gene	VT	----	----	----	----	201
Klebsiella_pneumoniae_strain_42_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	139
Klebsiella_pneumoniae_strain_HS1542_OmpK35	YNMTPEEDNH	FAGKTQNFEE	VVQYGFDFGL	RPSIGYVQTK	GKDLGSRAGF	300
Klebsiella_pneumoniae_strain_48_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_13_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_4_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_24_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_11_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_69_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_23_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_41_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_15_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	201
Klebsiella_pneumoniae_strain_42_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	139
Klebsiella_pneumoniae_strain_HS1542_OmpK35	SGGDAQLVKY	IEVGTWYYFN	KNMNVYAAAYK	FNQLDDNDYT	KAAGVATODQ	350
Klebsiella_pneumoniae_strain_48_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_13_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_4_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_24_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_11_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_69_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_23_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_41_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	209
Klebsiella_pneumoniae_strain_15_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	201
Klebsiella_pneumoniae_strain_42_OmpK35_gene	----	----	----	----	----	139

جدول ۳. الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی و تغییرات آمینواسیدی Ompk35 در ایزوله‌های بالینی کلبسیلا پنومونیه. R، مقاوم؛ I، نیمه حساس و S، حساس.

جهش‌های Ompk35	الگوی مقاومت به بتا لاکتام‌ها				سویه‌ها
	سفتریاکسون	سفپیم	مروپنم	ایمی پنم	
159 D → N	S	R	R	S	Kp4
124 E → K	S	R	R	R	Kp11
-	R	S	R	R	Kp13
124 E → K 204 A → V 205 L → T	S	R	S	R	Kp15
53 S → N 116 N → K 124 E → K 167 L → M	S	R	R	R	Kp23
-	R	S	R	R	Kp24
53 S → N 116 N → K 124 E → K 220 E → K 167 L → M	R	R	R	R	Kp41
49 S → N 68 Q → H 116 N → K 122 D → E 124 E → K	R	R	R	R	Kp42
-	R	S	R	S	Kp48
124 E → K	S	R	R	R	Kp69

بحث

کلبسیلا پنومونیه مقاوم به چند دارو به عنوان یکی از مهم‌ترین عوامل ایجاد عفونت بیمارستانی مطرح است و مقاومت بالایی در برابر بتا لاکتام‌های با طیف گسترده، فلوروکینولون‌ها، آمینوگلیکوزیدها و حتی آخرین راه حل «کاربانم‌ها» نشان می‌دهد؛ که این مسئله در حال حاضر به یک نگرانی فزاینده در سراسر جهان تبدیل شده است (۱۴). آگاهی از الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی و بررسی مکانیسم‌های دخیل در ایجاد مقاومت می‌تواند به مدیریت صحیح جهت کنترل عفونت کمک کند.

نتایج نشان داد که سویه‌های جدا شده مقاومت بالایی به اغلب آنتی بیوتیک‌های مورد آزمایش دارند. متأسفانه میزان مقاومت به اغلب آنتی بیوتیک‌های مورد مطالعه در طی سال‌های اخیر روند افزایشی داشته است. به عنوان مثال در

این مطالعه ۷۴ درصد ایزوله‌ها به آمیکاسین مقاوم بودند در حالی که در مطالعات انجام شده در سال ۲۰۱۴، ۲۶ درصد (۱۵)؛ در سال ۲۰۱۶، ۳۵ درصد (۱۶) و در سال‌های ۲۰۱۹ و ۲۰۲۰، ۷۰ درصد (۱۷، ۱۸) ایزوله‌ها به آمیکاسین مقاوم بودند. همچنین میزان مقاومت به سیپروفلوکساسین در این مطالعه ۵۳ درصد بود که نسبت به مطالعات گذشته در سال‌های اخیر روند افزایشی داشته است. به طوری که در سال ۲۰۱۶، ۳۳ درصد (۱۶)؛ در سال ۲۰۱۹، ۴۷ درصد (۱۹) و در سال ۲۰۲۰، ۴۹ درصد (۲۰) ایزوله‌ها به سیپروفلوکساسین مقاوم بودند. سفالوسپورین‌ها از جمله داروهای مؤثر برای درمان عفونت‌های ناشی از کلبسیلا پنومونیه معرفی شده‌اند؛ با این وجود در ایزوله‌های مورد مطالعه مقاومت بالایی به سفالوسپورین‌ها مشاهده شد. در مطالعه حاضر ۶۲ درصد ایزوله‌ها نسبت به سفپیم مقاومت

نشان دادند؛ در حالی که در سال ۲۰۱۴، ۸ درصد (۱۵) و در سال ۲۰۱۹، ۵۷ درصد ایزوله‌ها به این آنتی‌بیوتیک مقاومت نشان دادند (۲۱). این روند افزایشی بسیار نگران کننده بوده و از دلایل آن می‌توان به مصرف بی‌رویه و بدون نظارت آنتی‌بیوتیک‌ها و نیز کسب مکانیسم‌های متعدد مقاومت به آنتی‌بیوتیک‌ها در باکتری کلبسیلا پنومونیه اشاره نمود (۲۲). میزان مقاومت به ایمنیم و مروپنم در بین ایزوله‌های مورد مطالعه به ترتیب ۱۷ و ۴۱ درصد بود. شکری و ربانی (۲۰۱۶) با مطالعه بر روی نمونه‌های بالینی کلبسیلا پنومونیه، میزان مقاومت به ایمنیم، مروپنم، ارتاپنم و دوری‌پنم را به ترتیب ۵۸، ۶۴، ۶۹ و ۶۴ درصد گزارش نمودند (۲۳). در مطالعه‌ای که بر روی ایزوله‌های کلبسیلا پنومونیه جدا شده از بخش ICU در سال ۲۰۱۷ انجام گرفت، میزان مقاومت به ایمنی‌پنم ۳۸ درصد گزارش شد (۲۴). همچنین در مطالعه فرج‌زاده و همکاران در اهواز (۲۰۱۵)، ۲۶ درصد ایزوله‌های کلبسیلا پنومونیه به ایمنی‌پنم مقاوم بودند (۲۵). این درحالی است که در مطالعه گله‌دار و همکاران در سال ۲۰۲۱، ۱۱ و ۳۴ درصد ایزوله‌های کلبسیلا پنومونیه به ترتیب به ایمنی‌پنم و مروپنم مقاوم بودند (۲۶). همان‌گونه که ملاحظه می‌شود میزان مقاومت به این آنتی‌بیوتیک‌ها در مطالعات مختلف متفاوت است که از دلایل آن می‌توان به شرایط جغرافیایی، شیوه زندگی و نحوه تجویز آنتی‌بیوتیک در هر منطقه یا بیمارستان اشاره کرد (۱۵). در کل با توجه به بالا بودن میزان مقاومت در این مطالعه و از طرفی به دلیل گسترش سریع سویه‌های مقاوم در بیمارستان‌ها، ارائه راهکارهای جدید مانند استفاده هم‌زمان از چندین آنتی‌بیوتیک برای کنترل ایزوله‌های مقاوم به کاربایتم‌ها لازم و ضروری می‌باشد. عوامل زیادی در ایجاد مقاومت به کاربایتم‌ها در کلبسیلا پنومونیه نقش دارد. Doumith و همکاران (۲۰۰۹)، در طی مطالعه‌ای به اهمیت پورین‌ها در ایجاد مقاومت به کاربایتم‌ها پرداختند و ایجاد جهش در ژن‌های *ompK35* و *ompK36* را یکی از دلایل ایجاد مقاومت در کلبسیلا پنومونیه دانستند (۲۷). همچنین الحاق توالی خارجی که

باعث از کار افتادن عملکرد پورین می‌شود نیز در ایجاد مقاومت نقش دارد. Albertí و همکاران (۲۰۰۳) نیز نشان دادند که نبود پورین یا جهش در هر دو پورین *OmpK35* و *OmpK36* منجر به کاهش میزان MIC آنتی‌بیوتیک‌های سفالوسپورین‌ها، کلرامفنیکل، کاربایتم‌ها و سیپروفلوکساسین می‌شود (۲۸). در مطالعه حاضر جهش‌های ژنی در پورین *OmpK35* مربوط به ایزوله‌های مقاوم آنتی‌بیوتیک کلبسیلا پنومونیه مورد بررسی قرار گرفت و نتایج نشان داد که ۷۰ درصد ایزوله‌ها در ژن مربوطه دارای جهش‌های نقطه‌ای بودند. می‌توان نتیجه گرفت که احتمالاً یکی از دلایل مقاومت سویه‌های مورد مطالعه به بتالاکتام‌ها، حضور این جهش‌ها است. در مطالعه Shakib و همکاران در ایران میزان بیان پورین‌ها بررسی شد و نتایج نشان داد که سویه‌های ESBL مثبت نسبت به سویه‌های ESBL منفی، پورین‌های *OmpK35* و *OmpK36* را به میزان کمتری بیان می‌کنند (۲۹). در حقیقت بیان کمتر این پورین‌ها می‌تواند در ورود آنتی‌بیوتیک‌ها به داخل باکتری تداخل ایجاد کند و از تجمع آن در درون باکتری ممانعت کند. در مطالعه انجام شده توسط Yu و همکاران در چین ایزوله‌های مقاوم و حساس به کاربایتم کلبسیلا پنومونیه از لحاظ توالی ژن *ompK35* هیچ‌گونه تفاوتی با هم و با سویه استاندارد نداشتند (۱۲). در بین سویه‌های مقاوم مورد مطالعه ما نیز، ۳ سویه فاقد جهش بودند و توالی اسید آمینه آن‌ها کاملاً مشابه سویه استاندارد بود. احتمالاً در این ایزوله‌ها سایر مکانیسم‌ها در ایجاد مقاومت به بتالاکتام نقش دارند. در مطالعه انجام شده توسط Wise و همکاران در امریکا که بر روی پورین‌های *ompK35* و *ompK36* کلبسیلا پنومونیه انجام شده بود، نتایج توالی‌یابی نشان داد که ۷۷/۴ درصد ایزوله‌ها دارای جهش‌هایی در ژن *ompK35* بودند که ۲۰/۳ درصد جهش‌ها مربوط به توالی‌های الحاقی بود (۱۳). همچنین توالی‌یابی ژن *ompK35* در مطالعات Doumith و همکاران نیز نشان دهنده انواع جهش‌ها شامل جهش‌های نقطه‌ای و توالی‌های الحاقی بود (۲۷). بر خلاف مطالعات

ذکر شده، در مطالعه حاضر، توالی‌یابی ژن *ompK35* حضور توالی‌های الحاقی را ثابت نکرد و جهش‌های موجود، همه از نوع جهش‌های نقطه‌ای بودند که منجر به تغییر اسید آمینه‌ها شده بودند. بیشترین فراوانی مربوط به جهش در اسید آمینه ۱۲۴ بودند که منجر به تغییر اسید آمینه آلانین به والین شده بود. با توجه به اینکه این جهش در ۶ ایزوله مقاوم به صورت همزمان رخ داده بود، می‌توان نتیجه گرفت که احتمالاً این جهش نقش مهمی در ایجاد مقاومت به بتالاکتام‌ها دارد. اگرچه مطالعات بیشتری در این زمینه باید انجام پذیرد. به علاوه وجود جهش‌های مشابه بین ایزوله‌ها نشان می‌دهد که ممکن است این ایزوله‌ها از یک منبع مشترک سرچشمه گرفته باشند.

مطالعه حاضر محدودیت‌هایی داشت. اول اینکه مطالعه حاضر به یک بیمارستان محدود بود. با مطالعه گسترده‌تر بر روی تعداد بیشتری بیمارستان می‌توان اطلاعات دقیق‌تری از مقاومت آنتی‌بیوتیکی به دست آورد. دوم اینکه در این مطالعه صرفاً جهش‌های موجود در پورین *OmpK35* به عنوان یکی از عوامل مؤثر در ایجاد مقاومت به بتالاکتام‌ها بررسی شده در حالی که برای مطالعه دقیق‌تر بهتر است سایر مکانیسم‌های مقاومت به بتالاکتام‌ها نیز بررسی گردد.

نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از این تحقیق بیانگر شیوع بالای مقاومت آنتی‌بیوتیکی در ایزوله‌های مورد مطالعه بود. این ایزوله‌ها به اغلب آنتی‌بیوتیک‌های مورد استفاده در درمان عفونت‌های

ناشی از باکتری‌های گرم منفی مقاومت بالایی داشتند که نشان می‌دهد این آنتی‌بیوتیک‌ها به تدریج اثر پذیری خود را از دست داده‌اند. همچنین مقاومت نسبتاً بالا به کاربام‌ها به عنوان خط آخر درمان می‌تواند به عنوان یک هشدار جدی در مسئله سلامت و بهداشت جامعه تلقی گردد؛ بنابراین مدیریت دقیق در تجویز دارو و به کارگیری استراتژی‌های جدید درمانی برای کاهش بروز مقاومت ضروری است. بررسی توالی پورین *OmpK35* نشان داد که جهش در این پورین در اغلب ایزوله‌های مقاوم وجود دارد و این مکانیسم می‌تواند به عنوان یکی از دلایل عدم پاسخ به سفالوسپورین‌ها و کاربام‌ها در بین ایزوله‌های کلبسیلا پنومونیه مورد مطالعه قلمداد شود. البته لازم است در مطالعات بعدی سایر مکانیسم‌های مقاومت به بتالاکتام‌ها نظیر بتالاکتامازها و پمپ‌های افلاکس نیز مورد بررسی قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

نویسندگان این مقاله از حمایت دانشگاه آزاد واحد اسلامشهر قدردانی می‌کنند. همچنین این مطالعه با کد اخلاق IR.IAU.PS.REC.1399.195 در کمیته اخلاق دانشکده داروسازی و علوم دارویی دانشگاه علوم پزشکی دانشگاه آزاد اسلامی مصوب گردیده است. هیچ کدام از نویسندگان این مطالعه، تعارض منافی برای انتشار این مقاله ندارند.

منابع

- 1.Navon-Venezia S, Kondratyeva K, Carattoli A. *Klebsiella pneumoniae*: a major worldwide source and shuttle for antibiotic resistance. FEMS Microbiol Rev. 2017;41(3):252-75.
- 2.Luo K, Tang J, Qu Y, Yang X, Zhang L, Chen Z, et al. Nosocomial infection by *Klebsiella pneumoniae* among neonates: a molecular epidemiological study. J Hosp Infect. 2021;108:174-80.
- 3.Aghamohammad S, Badmasti F, Solgi H, Aminzadeh Z, Khodabandelo Z, Shahcheraghi F. First report of extended-spectrum betalactamase-producing *Klebsiella pneumoniae* among fecal carriage in Iran: high diversity of clonal relatedness and virulence factor profiles. Microb Drug Resist. 2020;26(3):261-9.

4. Ghashghaee A, Behzadifar M, Azari S, Farhadi Z, Bragazzi NL, Behzadifar M, et al. Prevalence of nosocomial infections in Iran: A systematic review and meta-analysis. *Med J Islam Repub Iran*. 2018;32:48.
5. Akbarian-Rad Z, Riahi SM, Abdollahi A, Sabbagh P, Ebrahimpour S, Javanian M, et al. Neonatal sepsis in Iran: A systematic review and meta-analysis on national prevalence and causative pathogens. *PLoS One*. 2020;15(1):e0227570.
6. Ferreira RL, da Silva B, Rezende GS, Nakamura-Silva R, Pitondo-Silva A, Campanini EB, et al. High prevalence of multidrug-resistant *Klebsiella pneumoniae* harboring several virulence and β -lactamase encoding genes in a Brazilian intensive care unit. *Front Microbiol*. 2019;9:3198.
7. Amjad A, Mirza IA, Abbasi S, Farwa U, Malik N, Zia F. Modified Hodge test: A simple and effective test for detection of carbapenemase production. *Iran J Microbiol*. 2011;3(4):189.
8. Li X-Z, Plésiat P, Nikaido H. The challenge of efflux-mediated antibiotic resistance in Gram-negative bacteria. *Clin Microbiol Rev*. 2015;28(2):337-418.
9. Sugawara E, Kojima S, Nikaido H. *Klebsiella pneumoniae* major porins OmpK35 and OmpK36 allow more efficient diffusion of β -lactams than their *Escherichia coli* homologs OmpF and OmpC. *J Bacteriol*. 2016;198(23):3200-8.
10. Mahon CR, Lehman DC, Manuselis G. Textbook of diagnostic microbiology-e-book: Elsevier Health Sciences; 2018: 412-47..
11. Clinical and laboratory standards institute (CLSI). M100, Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. 28nd ed. Wayne: Clinical and laboratory standards institute; 2018:30-37.
12. Yu F, Ying Q, Chen C, Li T, Ding B, Liu Y, et al. Outbreak of pulmonary infection caused by *Klebsiella pneumoniae* isolates harbouring blaIMP-4 and blaDHA-1 in a neonatal intensive care unit in China. *J Med Microbiol*. 2012;61(7):984-9.
13. Wise MG, Horvath E, Young K, Sahm DF, Kazmierczak KM. Global survey of *Klebsiella pneumoniae* major porins from ertapenem non-susceptible isolates lacking carbapenemases. *J Med Microbiol*. 2018;67(3):289-95.
14. Fair RJ, Tor Y. Antibiotics and bacterial resistance in the 21st century. *Perspect Medicin Chem*. 2014;6:PMC. S14459.
15. Tavakol M, Momtaz H. Determination of antibiotic resistance profile in *Klebsiella pneumonia* strains isolated from urinary tract infections of patients hospitalized in Peyambaran hospital (Tehran-Iran). *KAUMS Journal (FEYZ)*. 2017;21(1):74-82.
16. PouraliSheshblouki G, Mardaneh J, Hosseinzadeh Z. *Klebsiella pneumoniae* infections in hospitalized patients: characterization of antibiotic cross-resistance and detection of cefepime susceptible-dose dependent (SDD) strains. *Journal of Fasa University of Medical Sciences*. 2016;6(1):52-9.
17. Abolsedgh R, Ghane M, Babaekhou L. High Frequency of qnr Genes in Urinary Isolates of Extended-Spectrum β -Lactamase (ESBL)-producing *Klebsiella pneumoniae* in Tehran, Iran. *Shiraz E-Medical Journal*. 2019;21:e92032.
18. Ahmadian Alashti F, Ghane M. High Frequency of 16S Ribosomal RNA Methyltransferases among *Klebsiella pneumoniae* Isolates: First Report of rmtA, rmtD, rmtE and rmtF Resistance Genes in Iran. *Infection Epidemiology and Microbiology*. 2020;6(3):153-63.
19. Ghane M, Babaekhou L, Jafar Shanjani M. AmpC β lactamases in urinary *Klebsiella pneumoniae* isolates: First report of ACC type AmpC β -lactamase resistance in Iran. *Journal of Advances in Medical and Biomedical Research*. 2019;27(123):23-30.
20. Dehnamaki M, Ghane M, Babaekhou L. Detection of OqxAB and QepA Efflux Pumps and Their Association with Antibiotic Resistance in *Klebsiella pneumoniae* Isolated From Urinary Tract Infection. *International Journal of Infection*. 2020;7(4): e107397.
21. Ahmadkhan Beygi L, Ghane M, Babaekhou L. High Prevalence of CTXM-15 Type Extended-Spectrum Beta-Lactamase Among Clinical Isolates of *Klebsiella Pneumoniae*. *Journal of Kerman University of Medical Sciences*. 26(5):339-48.
22. Amiri M, Ghane M, Babaekhou L. Molecular typing and investigating the presence of efflux genes in urinary isolates of *Klebsiella pneumoniae*. *Studies in Medical Sciences*. 2019;30(1):8-20.

- 23.Shokri D. Evaluation of carbapenems resistance and frequency of *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC) enzyme in *Klebsiella pneumoniae* strains isolated from clinical samples and determination of their acquired resistant profiles. Scientific Journal of Ilam University of Medical Sciences. 2016;24(3):18-30.
- 24.Soroush Z, Ghane M. Molecular identification of CTX-M, TEM and SHV β -lactamases in *Klebsiella pneumoniae* isolated from respiratory system of patients in the ICU of educational hospitals in Tehran. Feyz Journal of Kashan University of Medical Sciences. 2017;21(3):232-9.
- 25.Faraj Zadeh Sheikh A, Momeni SZ, Aslani Hoseinabad S, Jomezadeh N. Prevalence of Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* in Patients Admitted to Taleghani Hospital of Abadan During 2014-2015. Jundishapur Scientific Medical Journal. 2015;14(2):209-21.
- 26.Galehdar M, Ghane M, Babaeekhou L. Co-occurrence of Carbapenemase-encoding Genes Among *Klebsiella pneumoniae* Clinical Isolates: Positive Relationship of bla NDM and bla SIM with Imipenem Resistance. Jundishapur J Microbiol. 2021;14(2): e112486.
- 27.Doumith M, Ellington MJ, Livermore DM, Woodford N. Molecular mechanisms disrupting porin expression in ertapenem-resistant *Klebsiella* and *Enterobacter* spp. clinical isolates from the UK. J Antimicrob Chemother. 2009;63(4):659-67.
- 28.Doménech-Sánchez A, Martínez-Martínez L, Hernández-Allés S, del Carmen Conejo M, Pascual Á, Tomás JM, et al. Role of *Klebsiella pneumoniae* OmpK35 porin in antimicrobial resistance. Antimicrob Agents Chemothe. 2003;47(10):3332-5.
- 29.Shakib P, Ghafourian S, Zolfaghary MR, Hushmandfar R, Ranjbar R, Sadeghifard N. Prevalence of OmpK35 and OmpK36 porin expression in beta-lactamase and non-betalactamase-producing *Klebsiella pneumoniae*. Biol Targets Ther. 2012;6:1.