مجلـه علـمی پـژوهشـی دانشگـاه علـوم پـزشکـی اردبیـل

دوره پنجم، شماره دوم، تابستان۱۳۸٤، صفحات ۱۳۶ تا ۱٤۱

تعیین ریبوتیپ سویه های کلوستریدیوم دیفیسیل به وسیله واکنش زنجیره‌ای پلیمراز

دکتر احمد رحمتی[1]، دکتر جان برازیر[2]

[1]نویسنده مسئول: استادیار گروه میکروب شناسی دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی تبریز **E-mail:**rahmatia@tbzmed.ac.ir

[2]دانشیار میکروب شناسی، آزمایشگاه رفرانس بی هوازی، بیمارستان دانشگاه ولز، هیث پارک، کاردیف انگلستان

چکیده

زمینه و هدف: کلوستریدیوم دیفیسیل عامل کولیت با غشای کاذب و اسهال وابسته به آنتی بیوتیک کسب شده از بیمارستان، به روش های فنوتیپی و مولکولی تعیین نوع می شود. هدف از این بررسی مطالعه پراکندگی ریبوتیپ های این ارگانیسم در محدوده جغرافیایی و در زمان مورد نظر بود.

روش کار: در این بررسی ۱۸ سویه از بیماران بخش های مختلف بیمارستانی در لهستان در سال های ۸۲- ۱۳۸۱ مورد آزمایش حساسیت به وانکومایسین و مترونیدازول قرارگرفت. نمونه ها با نور فرابنفش و لاتکس آگلوتیناسیون تعیین هویت مجدد شده و وجود توکسین های A و B مشخص شد. با استخراج DNA و تکثیر آن بوسیله واکنش زنجیره ای پلیمراز و الکتروفورز، ریبو تیپ آنها تعیین گردید.

یافته ها: همه سویه ها به وانکومایسین و مترونیدازول حساس بوده و کلنی همه آنها در مقابل نور فرابنفش فلوئورسانس زرد مایل به سبز نشان دادند. همه سویه ها از نظر لاتکس آگلوتیناسیون مثبت گردیدند. هفت سویه از نظر وجود توکسین A مثبت بود. از نظر توکسین B همه موارد غیر از یک مورد مثبت شد. در تعیین ریبوتیپ مولکولی کلوستریدیوم دیفیسیل مشخص شد که این سویه ها متعلق به ۷ ریبوتیپ ۱۲، ۱٤، ۱۷، ۱۸، ۲۹، ۷۰ و ۹۰ بوده و ریبوتیپ ۱۷ (۶۱٪) از همه بیشتربود.

نتیجه گیری: در هر منطقه ای ریبوتیپ های خاصی از کلوستریدیوم دیفیسیل از شیوع بیشتری برخوردار بوده و برای مطالعات اپیدمیولوژیک تعیین ریبوتیپ های این کلوستریدیوم ضروری است و بهتر است سویه های شایع این ارگانیسم در مراکز بهداشتی و درمانی ایران نیز شناسایی شده و جهت پیگیری های اپیدمیولوژیک، ریبوتیپ آنها تعیین شود.

واژه های کلیدی: کلوستریدیوم دیفیسیل، واکنش زنجیره ای پلیمراز، ریبوتیپ

دریافت: ۸۳/۶/۶ **درخواست اصلاحات نهایی:** ۸۳/۱۱/۵ **پذیرش:** ۸٤/٤/۲۵

مقدمه

کلوستریدیوم دیفیسیل عامل عمده اسهال وابسته به آنتی بیوتیک کسب شده از محیط بیمارستان، کولیت و کولیت با غشای کاذب است [۱]. شیوع عفونت بیمارستانی با کلوستریدیوم دیفیسیل بصورت افزایشی بخصوص از گروه های حساس مثل کهنسالان، افراد با سازش ایمنی و بیماران جراحی شده گزارش می شود [۲]. تعیین این که آیا در یک شیوع، تیپ خاصی از ارگانیسم دخیل است یا نه نیازمند بررسی و تعیین نوع این ارگانیسم است.

برای تعیین نوع این ارگانیسم روش های مختلفی مورد استفاده قرار گرفته است. روش های فنوتیپی از اولین روش های مورد استفاده در این زمینه بود[۳]. واست[1] و همکاران آنالیز پلاسمیدی، الکتروفورز روی ژل پلی آکریلامید پروتئین های محلول،

[1] Wust

[Downloaded from ejournals.arums.ac.ir on 2025-04-19]

ایمونوالکتروفورز آنتی ژن های خارج سلولی و آنتی بیوگرام ۱۶ سویه جداشده از موارد مرتبط با عفونت کلوستریدیوم دیفیسیل را مورد استفاده قرار داده و نشان دادند که ۱۲ سویه از ۱۶ سویه مورد بررسی قابل افتراق نبود بنابراین نتیجه گرفتند که عفونت متقاطع رخ داده است[٤]. ترکیبی از روش های تعیین نوع بوسیله باکتریوسین و باکتریوفاژ نیز توسط سل[1] و همکاران انجام شد که موفقیت محدودی داشته است[۵]. با توجه به تحقیقات مختلفی که در این ارتباط انجام شده است به نظر می رسد که تعیین نوع بوسیله روش های فنوتیپی برای تعیین منشاءِ عفونت های حاصل از این ارگانیسم و اپیدمیولوژی آن کاملا رضایت بخش نباشد[۳].

بر خلاف روش های فنوتیپی، روش های تعیین نوع مولکولی کاملا رضایت بخش بوده و فاقد محدودیت های این روش ها است. یکی از این روش های مولکولی تعیین نوع ارگانیسم بوسیله واکنش زنجیره ای پلیمراز روی RNA ریبوزومی ارگانیسم است که در آن پرایمر های خاصی که مکمل ناحیه هایی در داخل اوپرون ژن RNA است مورد استفاده قرار می گیرد. گراتلر[2] اولین کسی بود که از این روش برای تعیین نوع کلوستریدیوم دیفیسیل استفاده کرد او ناحیه فاصله انداز (spacer) بین S ۱۶ و S ۲۳ ژن RNA ریبوزومی را افزایش داد. مشخص شد که این قسمت از ژنوم برخلاف ژن های RNA ریبوزومی که شدیداً محافظت شده است هتروژن می باشد[۶]. کلوستریدیوم دیفیسیل دارای ۱۰ نسخه از ژن های ریبوزومی در ژنوم خود است که نه تنها بین سویه ها بلکه بین نسخه های مختلف در یک ژنوم نیز متفاوت است [۳]. با استفاده از این روش از ۲۰۳۰ سویه بدست آمده ازمنابع محیطی، بیمارستانی، افراد انسانی، حیوانات و سویه های رفرانس این ارگانیسم مجموعه ای شامل ۱۱۶ ریبوتیپ شناسایی شده که هر کدام دارای پراکندگی مختلفی در نقاط مختلف جهان بوده و از شیوع بیشتری برخوردارند [۷]. ریبوتیپ ۱ دارای شیوع بالایی نسبت به سایر ریبوتیپ های این ارگانیسم در انگلستان است به طوری که میزان شیوع این ریبوتیپ تا ۵۸٪ از تمام ریبوتیپ ها می رسد[۳]. در بررسی دیگری که با استفاده از روش های متنوع مولکولی انجام گردیده، مشخص شده است که می توان حتی هرکدام از این انواع ریبوزومی را با استفاده از پرایمرهای خاصی به زیر نوع های آن تقسیم کرد [۸].

هدف از این مطالعه بررسی پراکندگی ریبوتیپ های این ارگانیسم در محدوده جغرافیایی و در زمان مورد نظر و نیز نشان دادن این که برای بررسی های اپیدمیولوژیک عوامل عفونت زا، می توان از روش های خاص مولکولی استفاده کرد، بود.

روش کار

هیجده سویه از بیماران بخش های مختلف بیمارستانی در لهستان که در سال های ۸۲-۱۳۸۱ به آزمایشگاه رفرانس بی هوازی ها در کاردیف انگلستان ارسال شده بود مورد بررسی قرار گرفت.

حساسیت سویه ها در مقابل دیسک مترونیدازول و وانکومایسین در شرایط هوازی و۳۷ درجه سانتی گراد مورد بررسی قرارگرفت. مرفولوژی کلنی ها و وجود فلوئورسانس زرد مایل به سبز در مقابل نور فرابنفش ۳۶۶ نانومتر نیز بررسی شد. با استفاده ازکیت (Microgen Products, UK) آزمایش لاتکس آگلوتیناسیون انجام گردید.

وجود توکسین A با استفاده از کلنی های رشد کرده در محیط ساده بلاد آگار بیس بدون خون (به مدت ۵-۳ روز)، به روش الایزا و با استفاده از کیت اختصاصی (TechLab, USA) انجام شد. وجود توکسین B با تغییراتی طبق روشی که قبلا توصیف شده است [۳] و به صورت زیر مورد بررسی قرار گرفت.

ابتدا ارگانیسم ها در محیط Cooked Meat Broth کشت داده شدند و در ۳۷ درجه سانتی گراد به مدت ٤٨ ساعت انکوبه گردید. ۲ قطره از محلول صاف شده محیط روی سلول های ورو (Vero Cell Line) ریخته شد. سپس در ۳۵ درجه سانتی گراد در حضور دی

[1] Sell
[2] Grutler

[Downloaded from ejournals.arums.ac.ir on 2025-04-19]

اکسید کربن ۵٪ به مدت ۲٤ ساعت انکوبه گردیـد. روز بعد تاثیر توکـسین روی ایـن سـلول هـا و ایجـاد CPE[1] مورد بررسی قرار گرفت.

برای استخراج DNA و تعیین ریبوتیپ سویه ها بوسیله PCR[2]، روشی که قبلا توصیف شده است [۹] مورد استفاده قرار گرفت. بطور خلاصه سویه های DNA با استفاده از ماده Chelex-100 استخراج شد و سپس با استفاده از پرایمرهای p3 (5'-CTGGGGTGAAGTCGTAACAAGG-3') و p5 (5'-GCGCCCTTTGTAGCTTGACC-3') (Pharmacia Amersham) تکثیر گردید. محصول PCR بوسیله الکتروفورز در ۳٪ ژل آگاروز متافور جدا شده و بعد از رنگ آمیزی با محلول اتیدیوم بروماید، باندهای حاصل مشاهده گردید. نشانگر اندازه (Ladder)، مارکر PCR، Superladder-Low 100 bp (Sigma) بود. الکتروفورز در شرایط جریان ۶۰ میلی آمپر، اختلاف پتانسیل ۲۰۰ ولت و مدت ۳ ساعت انجام شد.

تصاویر باند های رنگ شده با استفاده از رایانه و سیستم تصویر گیری GelDoc 2000 (Bio Rad) بدست آمد. سپس با استفاده از نرم افزار GelCompar (Applied Maths, Belgium) و مقایسه با اطلاعات کتابخانه ای درباره ریبوتیپ های کلوستریدیوم دیفیسیل، ریبوتیپ سویه های مورد نظر مشخص گردید. برای بررسی تکرارپذیری و صحت آزمایش ها، هر آزمایش ۲ تا ۳ بار تکرار گردید و در موارد لازم کنترل منفی هم در نظر گرفته شد.

یافته ها

همه سویه ها به وانکومایسین و مترونیدازول حساس بوده و کلنی همه آنها در مقابل نور فرابنفش فلوئورسانس زرد مایل به سبز نشان دادند. همه سویه ها از نظر لاتکس آگلوتیناسیون مثبت گردیدند. الگوی توکسین زایی بصورت A+/B+ با ۷ سویه، A–/B+ با ۱۰ سویه و A–/B– فقط با ۱ سویه بود (جدول ۱).

جدول۱. خصوصیات و ریبوتیپ ۱۸ سویه از لهستان

شماره	حساسیت به V	حساسیت به Mz	فلوئورسانس با UV	لاتکس	توکسین A	توکسین B	بخش	ریبوتیپ	سال
۱	+	+	+	+	+	+	جراحی عمومی	۲۹	۱۳۸۲
۲	+	+	+	+	+	+	جراحی عمومی	۱٤	۱۳۸۲
۳	+	+	+	+	+	+	جراحی عمومی	۱٤	۱۳۸۲
٤	+	+	+	+	–	+	پیوند اعضا	۱۷	۱۳۸۲
۵	+	+	+	+	+	+	جراحی عمومی	۹۰	۱۳۸۲
۶	+	+	+	+	–	+	اورتوپدی	۱۷	۱۳۸۲
۷	+	+	+	+	–	+	اورتوپدی	۱۷	۱۳۸۲
۸	+	+	+	+	+	+	جراحی عمومی	۱۲	۱۳۸۲
۹	+	+	+	+	+	+	پیوند اعضا	۷۰	۱۳۸۲
۱۰	+	+	+	+	–	+	پیوند اعضا	۱۷	۱۳۸۲
۱۱	+	+	+	+	–	+	جراحی عمومی	۱۷	۱۳۸۲
۱۲	+	+	+	+	–	+	پیوند اعضا	۱۷	۱۳۸۱
۱۳	+	+	+	+	–	+	پیوند اعضا	۱۷	۱۳۸۱
۱٤	+	+	+	+	–	+	جراحی عمومی	۱۷	۱۳۸۱
۱۵	+	+	+	+	–	–	مراقبت‌های ویژه	۱۷	۱۳۸۱
۱۶	+	+	+	+	–	+	درماتولوژی	۱۷	۱۳۸۱
۱۷	+	+	+	+	+	+	جراحی عمومی	۱۸	۱۳۸۱
۱۸	+	+	+	+	–	+	داخلی	۱۷	۱۳۸۱

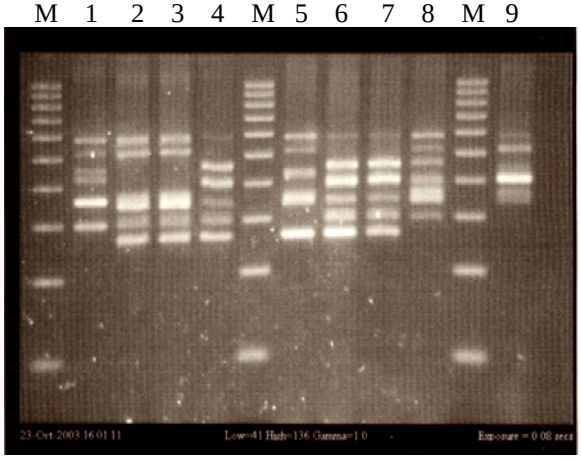
V: وانکومایسین Mz: مترونیدازول UV: نورفرابنفش

[1] Cytopathic Effect
[2] Polymerase Chain Reaction

[Downloaded from ejournals.arums.ac.ir on 2025-04-19]

تصویر۱. باند های الکتروفورزی حاصل از ازدیاد ژنوم RNA ریبوزومی بوسیله PCR. از شماره ۱ تا ۹ الگوی باندی مربوط به سویه ها و M مارکر مورد استفاده در این بررسی است. باند های مارکر از بالا به پایین ۱۰۰۰، ۹۰۰، ۸۰۰ ، ۷۰۰، ۶۰۰، ۵۰۰، ۴۰۰، ۳۰۰، ۲۰۰و ۱۰۰ جفت باز است.

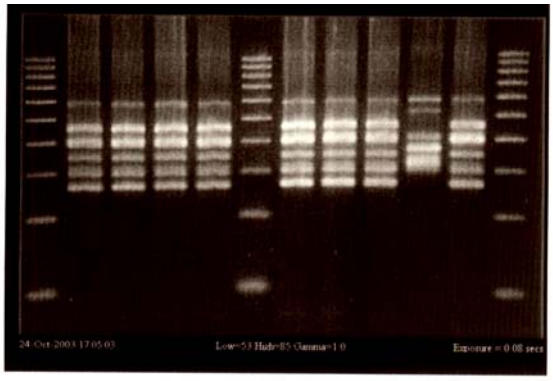
M 1 2 3 4 M 5 6 7 8 M 9



ریبوتیپ مولکولی کلوستریدیوم دیفیسیل با استفاده از پرایمـرهای p3 و p5 تولید ۵ تا ۶ محصول ازدیادی با اندازه ۲۶۰ bp تا ۶۰۰bp کرد. از مقایسه الگوهای باندی با استفاده از نرم افزار GelCompar و داده های کتابخانه ای، ۷ ریبوتیپ ۱۲، ۱٤، ۱۷، ۱۸، ۲۹، ۷۰ و ۹۰، از ۱۸ سویه مورد آزمایش به دست آمد که ریبوتیپ ۱۷ (۶۱٪) بیشترین موارد را تشکیل می داد. تصویرهای ۱ و ۲، باند های حاصل از الکتروفورز محصول PCR در ۱۸ سویه را نشان می دهند.

تصویر۲. باند های الکتروفورزی حاصل از ازدیاد ژنوم RNA ریبوزومی بوسیله PCR. از شماره ۱۰ تا ۱۸ الگوی باندی مربوط به سویه ها و M مارکر مورد استفاده در این بررسی است. باند های مارکر از بالا به پایین ۱۰۰۰، ۹۰۰، ۸۰۰ ، ۷۰۰، ۶۰۰، ۵۰۰، ۴۰۰، ۳۰۰، ۲۰۰ و ۱۰۰ جفت باز است.

M 10 11 12 13 M 14 15 16 17 18 M



بحث

شناسایی کلوستریدیوم دیفیسیل به عنوان یک پاتوژن عمده کسب شده از بیمارستان و پراکندگی سویه های آن محققین را برآن داشت تا چندین روش برای تعیین نوع این میکروارگانیسم بوجود آورند. تعیین تیپ ارگانیسم ها و تقسیم آنها به زیر گروه ها یکی از اهداف اپیدمیولوژی بیماری های عفونی است تا بتوان به وسیله آن به منشا عفونت پی برد. برای تعیین نوع این میکروارگانیسم از روش های مختلف فنوتیپی و مولکولی استفاده شده است [۱۶-۱۰] ولی تعیین نوع آن با استفاده از روش های مولکولی از اهمیت خاصی برخوردار است. با استفاده از این روش ها می توان یک گونه از این میکرو ارگانیسم را به زیر گونه های مختلف با خصوصیات ویژه تقسیم کرد که می تواند در مطالعات اپیدمیولوژیک مورد استفاده قرار گیرد. استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با بکارگیری پرایمرهای خاصی که ناحیه فاصله انداز داخل ژنی[1] در ژن S ۲۳-S ۱۶ RNA ریبـوزومی را افـزایش مـی دهد از روش هایی است که برای تعیین نوع این میکروارگانیسم مورد استفاده قرار گرفته است. از این روش در باکتری های دیگر نیز استفاده شده است [۱۷]. در این بررسی برای تعیین نوع و تقسیم بندی کلوستریدیوم دیفیسیل به انواع مختلف، از این روش استفاده گردید. میزان شیوع ریبوتیپ ۱۷ از همه ریبوتیپ ها بیشتر بود و سویه های بدست آمده در سال ۱۳۸۱همه به غیر از یک مورد از ریبوتیپ ۱۷ تشکیل شده بودند که نشان دهنده بومی بودن این سویه در آن منطقه است. به نظر می رسد پراکندگی ریبوتیپ ها از منطقه ای به منطقه دیگر متفاوت باشد همان طور که در لهستان ریبوتیپ ۱۷ شایع است ریبوتیپ ۱ در انگلستان [۳] و ریبوتیپ ۸۷ در مجارستان [۱۸] و ریبوتیپ های ۷۶، ۷۸ و ۹۷ در کویت [۱۹] از شیوع بیشتری برخوردار هستند. پراکندگی ریبوتیپ های مختلف در نواحی مختلف جهان بیانگر تنوع سویه ها و عدم ارتباط متقابل موارد عفونت در جاهای مختلف دنیاست.

[1] Intergenic Spacer Region

[Downloaded from ejournals.arums.ac.ir on 2025-04-19]

در این بررسی سویه های با الگوی توکسین زایی A–/B+ بیش از الگوهای A+/B+ و A–B– بود این الگو در گزارش های محققین دیگر نیز به صورت الگوی شایع این ارگانیسم معرفی شده است [۲۲-۲۰]. تمام سویه های مربوط به ریبوتیپ ۱۷، بجز یک مورد دارای این الگو بودند و این مورد از بخش مراقبت های ویژه جدا شده بود. از نظر تولید توکسین B همه موارد غیر از این مورد مثبت بودند که دور از انتظار نیست. چنین موردی توسط محققین دیگری نیز گزارش گردیده است [۱۲].

نتیجه گیری

در پایان می توان نتیجه گرفت که در هر منطقه ای ریبوتیپ های خاصی از کلوستریدیوم دیفیسیل از شیوع بیشتری برخوردار است و برای مطالعات اپیدمیولوژیک و تعیین ارتباط بین موارد عفونت های حاصل از این میکروارگانیسم و تعیین ریبوتیپ های آن ضرورت دارد. توصیه می شود ضمن شناسایی کلوستریدیوم دیفیسیل در عفونت های بیمارستانی در مراکز بهداشتی و درمانی ایران، ریبوتیپ های مربوطه نیز شناسایی شود تا بتوان ضمن پیدا کردن منبع عفونت، ارتباط بین این عفونت ها را پیدا کرد.

تشکر و قدردانی

از وزارت بهداشت و درمـان و آمـوزش پزشـکی و نیز دانشگاه علوم پزشکی تبریز به خاطر حمایت مالی در دوره فرصت مطالعاتی تقدیر و تشکر می گردد.

منابع

1- Bartlett JG. Clostridium difficile: history of its role as an enteric pathogen and the current state of knowledge about the microorganism. Clin Infect Dis. 1994; 18 (Suppl 4): S265-72.
2- Wilks M, Tabaqchali S. Typing of Clostridium difficile by polymerase chain reaction with an arbitrary primer. J Hosp Infect. 1994; 28: 231-4.
3- Brazier JS, Borriello SP. Microbiology, epidemiology and diagnosis of Clostridium difficile infection. In: Aktories K, Wilkins TD, editors. Current Topics in Microbiology and Immunology. Clostridium difficile. Berlin Heidelberg: Spriger-Verlag, 2000: 1-33.
4- Wust J, Sullivan NM, Hardegger U, Wilkins TD. Investigation of an outbreak of antibiotic associated colitis by various typing methods. J Clin Microbiol. 1982 Dec; 16(6):1096-101.
5- Sell TL, Schaberg DR, Fekety FR. Bacteriophage and bacteriocin typing scheme for Clostridium difficile. J Clin Microbiol. 1983 Jun; 17(6): 1148-52.
6- Grutler V. Typing of Clostridium difficile strains by PCR-amplification of variable length 16S-23S rRNA spacer regions. J Gen Microbiol. 1993 Dec; 139(12): 3089-97.
7- Stubbs SL, Brazier JS, O'Neill GL, Duerden BI. PCR targeted to the 16S-23S rRNA gene intergenic spacer region of Clostridium difficile and construction of a library consisting of 116 different PCR ribotypes. J Clin Microbiol. 1999 Feb; 37(2): 461-63.
8- Rahmati A, Gal M, Northey G, Brazier JS. Subtyping of Clostridium difficile polymerase chain reaction (PCR) ribotype 001 by repetitive extragenic palindromic PCR genomic fingerprinting. J Hosp Infect. 2005 May; 60 (1): 56-60.
9- O'Neill GL, Ogunsola FT, Brazier JS, Duerden BI. Modification of a PCR ribotyping method for application as a routine typing scheme for Clostridium difficile. Anaerobe. 1996; 2: 205-9.
10- Barbut F, Mario N, Meyohas MC, Binet D, Frottier J, Petit JC. Investigation of a nosocomial outbreak of Clostridium difficile-associated diarrhoea among AIDS patients by random amplified polymorphic DNA (RAPD) assay. J Hosp Infect. 1994 Mar; 26(3): 181-9.
11- Martirosian G, Kuipers S, Verbrugh H, Van Belkum A, Meisel-Mikolajczyk F. PCR ribotyping and arbitrarily primed PCR for typing strains of Clostridium difficile from a Polish maternity hospital. J Clin Microbiol. 1995 Aug; 33(8): 2016-21.
12- Bidet P, Lalande V, Salauze B, Burghoffer B, Avesani V, Delmee M, et al. Comparison of PCR-ribotyping, arbitrary primed PCR, and pulsed-field gel electrophoresis for typing Clostridium difficile. J Clin Microbiol. 2000; 38 (7): 2484-7.

[Downloaded from ejournals.arums.ac.ir on 2025-04-19]

13- Brazier JS. Typing of Clostridium difficile. Clin Microbiol Infect. 2001 Aug; 7(8): 428-31.
14- Klassen CHW, VanHaren HA, Horrevorts AM. Molecular fingerprinting of Clostridium difficile isolates: pulsed-field gel electrophoresis versus amplified fragment length polymorphism. J Clin Microbiol. 2002; 40 (1): 101-4.
15- Johnson S, Sambol SP, Brazier JS, Delmee M, Avesani V, Merrigan MM, et al. International typing study of toxin A-negative, toxin B-positive Clostridium difficile variants. J Clin Microbiol. 2003; 41 (4): 1543-7.
16- Spigaglia P, Mastrantonio P. Evaluation of repetitive element sequence-based PCR as a molecular typing method for Clostridium difficile. J Clin Microbiol. 2003; 41 (6): 2454-7.
17- Seurinck S, Verstraete W, Sisiliano SD. Use of 16S-23S rRNA intergenic spacer region PCR and repetitive extragenic palindromic PCR analyses of Escherichia coli isolates to identify nonpoint fecal sources. Appl Environ Microbiol. 2003; 69 (8): 4942-50.
18- Urban E, Brazier JS, Soki J, Nagy E, Duerden BI. PCR ribotyping of clinically important Clostridium difficile strains from Hungary. J Med Microbiol. 2001; 50 (12): 1082-6.
19- Rotimi VO, Gamal WY, Mokaddas EM, Brazier JS, Johny M, Duerden BI. Prevalent PCR ribotypes of clinical and environmental strains of Clostridium difficile isolated from intensive-therapy unit patients in Kuwait. J Clin Microbiol. 2003 Aug; 52(pt8): 705-9.
20- Alfa MJ, Kabani A, Lyerly D, Moncrief S, Neville LM, Al-Barrak A, et al. Characterization of a toxin A-negative, toxin B-positive strain of Clostridium difficile responsible for a nosocomial outbreak of Clostridium difficile-associated diarrhea. J Clin Microbiol. 2000 Jul; 38(7): 2706-14.
21- Brazier JS, Stubbs SL, Duerden BI. Prevalence of toxin A negative/B positive Clostridium difficile strains. J Hosp Infect. 1999 Feb; 37(2): 461-3.
22- Berg RJ, Claas EC, Oyib DH, Klassen CH, Dijkshoorn L, Brazier JS, et al. Characterization of toxin A-negative, toxin B-positive Clostridium difficile isolates from outbreaks in different countries by amplified fragment length polymorphism and PCR ribotyping. J Clin Microbiol. 2004; 42 (3): 1035-41.

[Downloaded from ejournals.arums.ac.ir on 2025-04-19]