

## چکیده فارسی

تعیین فراوانی ژن های *parE*، *qnrB* و *parC* در بین سویه های اشریشیاکلی جدا شده از بیماران مبتلا به عفونت های ادراری (UTI)<sup>1</sup> مراجعه کننده به بیمارستان امام خمینی تهران .

سابقه و هدف: باکتری *E.coli* شایع ترین عامل عفونت های دستگاه ادراری است. مقاومت کروموزومی و پلاسمیدی نسبت به سیپروفلوکساسین به عنوان آنتی بیوتیک رایج در درمان UTI در حال افزایش است. هدف از این مطالعه تعیین فراوانی ژن های *parE*، *parC* و *qnrB* در میان باکتری *E.coli* جدا شده از عفونت های ادراری مقاوم نسبت به سیپروفلوکساسین بود.

مواد و روش ها: ۸۰ باکتری *E.coli* جدا شده از عفونت ادراری بیماران بستری در بیمارستان امام خمینی در طول سال ۲۰۱۳ جمع آوری شده بودند. تمام نمونه ها بر اساس روش های معمول میکروب شناسی تایید و حساسیت آن ها نسبت به آنتی بیوتیک های رایج با روش دیسک دیفیوژن، طبق پروتکل CLSI ۲۰۱۴ انجام شد. فراوانی ژن های *parE*، *parC* و *qnrB* با روش PCR با اندازه باند ۳۸۹،۲۶۵ و ۲۶۴ جفت باز بررسی شد. محصولات PCR متعاقباً برای تعیین توالی به شرکت Bioneer کره ارسال شدند.

نتایج: بر اساس آنتی بیوگرام ۷۷/۵ درصد از نمونه ها نسبت به سیپروفلوکساسین مقاوم بودند. همچنین فراوانی این ژن ها در میان ایزوله های مقاوم به سیپروفلوکساسین توسط PCR بدین صورت بود: ۹۲/۵٪ *parE*، *parC* ۹۱/۳٪ و *qnrB* ۰٪. بعد از تعیین توالی موتاسیون هایی شناسایی شد و ثبت ژن در NCBI انجام شد.

نتیجه گیری: این مطالعه نشان داد که ژن های جهش یافته کروموزومی نقش مهم تری نسبت به ژن های پلاسمیدی در بروز مقاومت نسبت به سیپروفلوکساسین در جدایه های اشریشیا کلی این تحقیق داشته اند.

کلمات کلیدی: *E.coli*، UTI، سیپروفلوکساسین

---

<sup>1</sup> Urinary Tract Infections