

مقدمه: عفونت های دستگاه ادراری جزء شایع ترین بیماری های عفونی می باشند. باکتری *E. coli* به عنوان غالب ترین عامل ایجاد کننده عفونت ادراری در ۸۰ تا ۹۰ درصد از بیماران گزارش شده است. اطلاعات کمی در مورد گروه های فیلوژنتیکی، نوع و چگونگی عمل فاکتورهای بیماریزا در *E. coli* مولد عفونتهای ادراری در مناطق مختلف ایران وجود دارد.

مواد و روشها: این مطالعه بر روی اشریشیاکلی های جدا شده از کشت ادرار بیماران مشکوک به عفونت ادراری انجام گرفت. از آزمونهای بیوشیمیایی و میکروبی جهت تعیین هویت باکتری های جدا شده استفاده شد. طبقه بندی گروه های فیلوژنتیک سویه های اشریشیا کلی با استفاده از تکنیک *Multiplex PCR* دو ژن (*yjaA* و *chuA*) و یک قطعه از *DNA C2.4 TSPE* انجام گرفت. بعد از الکتروفورز، سویه ها بر اساس حضور یا عدم حضور ژن ها و قطعه *DNA* گروه های فیلوژنتیک قرار گرفتند. در این مطالعه مقطعی-توصیفی، تعداد ۱۰۰ ایزوله *E. coli* از بیماران مبتلا به عفونت ادراری از پنج آزمایشگاه شهر رشت جمع آوری گردید.

یافته ها: توزیع گروه های فیلوژنی *BI, A, D, B2* در بین ایزوله های جدا شده به ترتیب ۶۴ درصد، ۲۴ درصد، ۱۲ درصد و صفر درصد بود. در مطالعه حاضر بیشترین میزان مقاومت آنتی بیوتیکی نسبت به سفوتاکسیم (۸۴ درصد)، پپراسیلین و سفیکسیم (۸۰ درصد) و کمترین میزان مقاومت آنتی بیوتیکی نسبت به ایمپنم (۸ درصد)، کلرامفنیکل و جنتامایسین (۱۲ درصد) گزارش گردید.

بحث و نتیجه گیری: این مطالعه نشان دهنده توانایی این روش در شناسایی سویه های بیماری زا از دیگر سویه های باکتری *E. coli* است. مقاومت آنتی بیوتیکی نسبت به سفوتاکسیم، سفکسیم و پپراسیلین مشاهده شد که رایج ترین آنتی بیوتیک های مورد استفاده برای درمان عفونت های ادراری است در صورتیکه کمترین میزان مقاومت آنتی بیوتیکی نسبت به ایمپنم، کلرامفنیکل و جنتامایسین مشاهده شد که برای درمان عفونت ادراری کمتر تجویز می شود.

کلید واژه ها: عفونت های دستگاه ادراری، *E. coli*، *Multiplex-PCR*