

# بررسی جهش های ژن parC در سویه های جداسازی شده مقاوم به دارو Klebsiella pneumoniae های از بیمارستان رشت و شرق استان گیلان

کبری احمدپور بیجارگاه\*، محمد فائزی قاسمی، 127،

1394-6-31

چکیده مقاومت آنتی بیوتیکی همواره به عنوان یک مشکل جدی برای سلامت انسان مطرح بوده است و بیماران را در بیمارستان های سراسر جهان تحت تاثیر قرار می دهد، از این رو سازمان بهداشت جهانی سال 2011 را به عنوان سال مقاومت آنتی بیوتیکی نامید. Klebsiella pneumoniae یک پاتوژن فرصت طلب گرم منفی و یکی از عوامل شایع عفونت های بیمارستانی است. این باکتری، به ویژه در نوزادان باعث پنومونی، سپتی سمی، مننژیت، اسهال و باکتری می شود. افزایش ظهور مقاومت به چند دارو در بین ایزوله های بیمارستانی K.pneumoniae، گزینه های درمانی را برای درمان عفونت های گرم منفی در مقابل آنتی بیوتیک ها محسوب می شوند. هدف از این مطالعه بررسی جهش های ژن parC در سویه های جداسازی شده مقاوم به دارو در K.pneumoniae از بیمارستان های شهرستان رشت و شرق استان گیلان می باشد. جامعه آماری این پژوهش تعداد 40 ایزوله شناسایی بیوشیمیایی های تست با و شده جداسازی بالینی مختلف های نمونه از K.pneumoniae گردید. سپس مقاومت و حساسیت آنتی بیوتیکی سویه های شناسایی شده به روش KirbyBauer تعیین گردیدند. فرایند PCR به منظور بررسی وجود ژن parC بر روی نمونه ها انجام گرفت. بر اساس نتایج این مطالعه 15% نمونه ها به کلیه آنتی بیوتیک ها مقاوم بودند و به دنبال آن بیشترین مقاومت را نسبت به آنتی بیوتیک های سیپروفلوکساسین و نالیدیکسیک اسید به تعداد 13 نمونه و به میزان 5/32% و کمترین مقاومت آنتی بیوتیکی مربوط به جنتامایسین بود که 7 نمونه (5/17%) ایزوله ها را شامل گردیده ولی 1 نمونه (2/5%) سویه ها نسبت به این ترکیب مقاومت حدواسط را نشان دادند. فراوانی مقاومت حدواسط در مورد آنتی بیوتیک نالیدیکسیک اسید بیشتر و به تعداد 8 نمونه و به میزان 20% مشاهده گردید. درصد مقاومت به سایر آنتی بیوتیک ها شامل ایمی پنم، آمیکاسین، سفیکسیم، سفالکسین، به ترتیب 5%، 22%، 20%، 30%، 25% بود. بررسی MIC در 13 نمونه مقاوم به سیپروفلوکساسین و نالیدیکسیک اسید 10 ایزوله به سیپروفلوکساسین (MIC = 1024) و 11 ایزوله به نالیدیکسیک اسید (MIC = 1024) میکروگرم در میلی لیتر مشاهده گردید و در قسمتی از ژن ParC تعیین توالی انجام شد و در برخی از نمونه های مقاوم به سیپروفلوکساسین جهش پیدا شد. با توجه به فقدان اطلاعات کافی در خصوص فراوانی و الگوی ژنتیکی مطالعات تکمیلی می توان پزشکان را در تجویز داروهای مناسب تر و موثرتر جهت درمان بیماری های عفونی ناشی از این گروه باکتری ها کمک

نماید. همچنین نتایج حاصل از این مطالعات در کاهش زمان بستری، هزینه های درمانی، به ویژه کاهش میزان مرگ و میر بیماران و کنترل سرعت مقاومت در میان این گروه باکتری ها موثر است. لذا بررسی دقیق الگوی فنوتیپی و ژنوتیپی این باکتری ها ضروری به نظر می رسد .

کلمات کلیدی : کلید واژه ها : مقاومت باکتری به دارو، pneumoniae.K، جهش ژن های مقاوم ، عفونت بیمارستانی ،

[Islamic Azad University, Rasht Branch - Thesis Database](#)  
[دانشگاه آزاد اسلامی، واحد رشت - سامانه بانک اطلاعات پایان نامه ها](#)