مجلـــه‌ی علمـــی، پژوهشـــی دانشـــگاه علـــوم پزشـــکی زنجـــان
دوره‌ی ۲٤, شماره‌ی ۱۰۷, بهمن و اسفند ۱۳۹۵, صفحات ۱۰۷ تا ۱۱۸

تعیین گروه‌های فیلوژنتیک و مقاومت آنتی‌بیوتیکی در ایزوله‌های *اشریشیاکلی* اوروپاتوژنیک و کامنسال جدا شده از شهر زنجان

رویا سهرابی[۱]، دکتر حبیب ضیغمی[۲]

نویسنده‌ی مسوول: گروه میکروب شناسی زنجان، دانشکده‌ی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی زنجان، زنجان zeighami@zums.ac.ir

دریافت: ۹٤/۸/۱۲ پذیرش: ۹٤/۱۲/۱۵

چکیده

زمینه و هدف: *سویه‌های اشریشیاکلی عامل اصلی عفونت مجاری ادراری (UTI) بوده که به گروه بزرگی از اشریشیاکلی‌های بیماری‌زای خارج روده‌ای تعلق دارند. این باکتری‌ها به چهار گروه اصلی فیلوژنتیک A, B1, B2 و D تقسیم می‌شوند. هدف از مطالعه‌ی حاضر تعیین گروه‌های فیلوژنتیک در اشریشیاکلی اوروپاتوژنیک و کامنسال بود و با توجه به افزایش مصرف آنتی‌بیوتیک‌ها و افزایش مقاومت دارویی، ارزیابی الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی سویه‌های اشریشیاکلی و اروپاتوژن جداسازی شده از بیماران مشکوک به عفونت ادراری نیز انجام گرفت.*

روش بررسی: *در این مطالعه‌ی مقطعی- توصیفی ۱۳۷ ایزوله‌ی اشریشیاکلی اوروپاتوژن از بیماران مشکوک به عفونت ادراری از بیمارستان‌های زنجان و ۵۰ ایزوله از نمونه‌های مدفوع بالغین سالم جمع‌آوری شد. بعد از تایید ایزوله‌ها با روش‌های بیوشیمیایی و استخراج DNA کل، PCR توسط پرایمرهای اختصاصی برای گروه بندی فیلوژنتیک انجام گرفت. حساسیت آنتی‌میکروبی ایزوله‌های تایید شده اشریشیاکلی اوروپاتوژن (باروش دیسک دیفیوژن)، طبق دستورالعمل CLSI دربرابر با سیزده آنتی‌بیوتیک انجام گرفت.*

یافته‌ها: *براساس نتایج به دست آمده از تست مقاومت آنتی‌بیوتیکی بیشترین میزان مقاومت به ترتیب مربوط به آمپی‌سیلین (۷٤/۵ درصد) و آزترئونام (۵۹/۱ درصد) بود، همچنین کمترین میزان مقاومت دربرابر ایمیپنم (۱/۵ درصد) و آمیکاسین (۱۰/۹ درصد) گزارش شد. ارزیابی PCR گروه‌های فیلوژنتیک سویه‌های اشریشیاکلی اوروپاتوژنیک نشان داد که بیشترین میزان فراوانی مربوط به گروه B2 (٦۷/۱۵درصد) سپس D (۲۱/۱۷ درصد) و A (۱۱/٦۸ درصد) بود و گروه فیلوژنتیک B1 در ایزوله‌های اوروپاتوژنیک مشاهده نشد. در ایزوله‌های اشریشیاکلی کامنسال فراوانی گروه‌ها به ترتیب مربوط به D ۵۲ درصد، B2 ۲٤ درصد، A ۱٤ درصد و B1 ۱۰درصد بود.*

نتیجه گیری: *نتایج حاصله نشان داد که درصد فراوانی گروه‌های فیلوژنتیکی B_2 و D در ایزوله‌های اشریشیاکلی اوروپاتوژنیک و کامنسال مورد مطالعه بالا بوده است.*

واژگان کلیدی: ***اشریشیاکلی اوروپاتوژن، کامنسال، گروه فیلوژنتیکی، مقاومت آنتی‌بیوتیکی، PCR***

مقدمه

عفونت‌های مجاری ادراری جزء شایع‌ترین بیماری‌های عفونی می‌باشند، به‌طوری که سالیانه حدود ۱۵۰ میلیون نفر در جهان به این بیماری مبتلا می‌شوند (۱). در سال ۲۰۰۷ در امریکا فقط حدود ۱۰/۵ میلیون ویزیت برای مراجعان و ۲ تا

۱- کارشناسی ارشد میکروبیولوژی، گروه میکروبیولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد زنجان، زنجان
۲- دکترای تخصصی باکتری شناسی پزشکی، استادیار گروه میکروب شناسی، دانشکده‌ی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی زنجان، زنجان

۳ میلیون ویزیت بخش اورژانس با نشانه‌های عفونت ادراری تخمین زده شده است (۲).

اکثر عفونت‌های ادراری غیر جدی و بدون آسیب می‌باشند، با این حال عدم تشخیص یا درمان به موقع آن، می‌تواند عوارض شدیدی همچون اختلالات دستگاه ادراری، فشار خون، اورمی و در زنان باردار موجب زایمان زودرس یا حتی سقط جنین شود (۳). امروزه *اشریشیاکلی* به‌عنوان غالب‌ترین عامل مولد عفونت‌های دستگاه ادراری در ۸۰ تا ۹۰ درصد از بیماران گزارش شده است (۴). *اشریشیاکلی‌های* پاتوژن خارج روده‌ای (ExPEC) ظرفیت انتشار و کلونیزاسیون درسایر جایگاه‌های میزبان را دارند و عامل بیماری‌های خارج روده‌ای شامل مننژیت نوزادان، سپسیس، پنومونی بیمارستانی، استئومیلیت، عفونت بافت نرم، عفونت زخم و عفونت مجاری ادراری هستند (۵). در حال حاضر، روش‌های مولکولی، به‌عنوان ابزارهایی مهم و کارآمد در طبقه‌بندی و شناسایی باکتری‌ها به‌کار می‌روند و با پیشرفت این روش‌ها در دو دهه‌ی اخیر، انواع روش‌های طبقه‌بندی همچون طبقه‌بندی فیلوژنتیک به روش PCR بر اساس ویژگی‌های ژنتیکی باکتری‌ها نسبت به روش‌های کلاسیک تیپ بندی و نیز روش‌های طبقه‌بندی فنوتیپی با فراوانی بیشتر در سراسر دنیا در حال انجام می‌باشند. با طبقه‌بندی مولکولی می‌توان شیوع عفونت‌های بیمارستانی، مخازن آلودگی ناشی از غذا و حتی انتشار سویه‌های پاتوژنیک گیاهی در محیط را مشخص نمود. همچنین این روش‌ها به ما آگاهی بیشتری درباره اصول اپیدمیولوژی و تکامل و انتشار بسیاری از بیماری‌های باکتریال را می‌دهند. تعیین اپیدمیولوژی پاتوژن و عفونت، به طراحی روش‌هایی جهت کنترل پاتوژن کمک شایانی نموده و در طی طبقه‌بندی پاتوژن مشخص می‌گردد که اگر ایزوله‌هایی از نظر اپیدمیولوژیکی وابسته هستند، آیا از نظر ژنتیکی نیز به هم مربوط می‌باشند یا خیر. *اشریشیاکلی* اساسا ساختار ژنتیک غیرجنسی دارد و آنالیزهای فیلوژنتیک برپایه‌ی مولتی لوکوس آنزیم الکتروفورز Multi Locus Enzyme Electrophoresis (MLEE) انجام شده و نشان داده شده که گروه‌های فیلوژنتیک مجزا در *اشریشیاکلی* وجود دارند. اخیرا چهار گروه فیلوژنتیک به‌عنوان گروه‌های A، B1،B2 و D در *اشریشیاکلی* شناسایی شده است (۵) سویه‌های *اشریشیاکلی* از چهارگروه فیلوژنتیک در خصوصیات فنوتیپی و ژنوتیپی باهم تفاوت دارند و در جایگاه‌های اکولوژیکی متفاوت و گرایش به بیماری‌زا بودن متفاوت ظاهر می‌شوند. *اشریشیاکلی* کامنسال به طور معمول با گروه فیلوژنتیک A یا B1 همراه است و *اشریشیاکلی‌های* پاتوژن روده‌ای به گروه‌های فیلوژنتیکی A، B1 یا D تعلق دارند (٦). برخلاف آن نشان داده شده که ExPEC شامل UPEC به‌طور اصلی به گروه فیلوژنتیک B2 و تا حدود کمتری به گروه D تعلق دارند (۷). از مدت‌ها قبل مشخص شده که زیر ساختارهای ژنتیکی قابل توجهی در *اشریشیاکلی* وجود دارد، علاوه بر گروه‌های فیلوژنی شناخته شده‌ی A , B1 , B2 و D، گروه E نیز یکی دیگر از گروه‌های شناخته شده است. افراد دیگری نیز در مطالعات خود گروه‌های فیلوژنیC و F را به این گروه‌ها اضافه کرده‌اند (۸). با بررسی کتابخانه‌ی ژنی گروه‌های مختلف فیلوژنتیک سویه‌های *اشریشیاکلی* و نیز تعیین خصوصیت قطعات ژنتیکی متفاوت مشخص شده است که ژن‌ها یا قطعات خاصی از DNA باکتری می‌توانند به‌عنوان مارکرهای تخصصی درگروه بندی فیلوژنتیک سویه های *اشریشیاکلی* نقش مهمی ایفا نمایند (۹). این سه مارکر پیشنهاد شده عبارتند از ۱) ***chuA***: ژنی که برای انتقال در *اشریشیاکلی* انتروهموراژیک O157:H7 ضروری است، ۲) ***yjaA***: ژنی که اولین بار در توالی کامل ژنوم *اشریشیاکلی* K-12 شناسایی شده و عملکرد آن هنوز ناشناخته مانده است و ۳) قطعه ***TspE4.C2***که از DNA کتابخانه ژنی *اشریشیاکلی* به دست آمده است (۱۲-۱۰). کلرمونت و همکاران در سال 2000 در پاریس برای اولین بار از PCR به‌عنوان روشی سریع و ساده

جهت فیلوژنتیک تایپینگ *اشریشیاکلی* استفاده کردند (۹). معمولا پس از تشخیص عفونت ادراری و عامل ایجادکننده‌ی آن و قبل از شروع درمان، انجام تست حساسیت آنتی بیوتیکی پیشنهاد می‌شود (۱۳).

اساس درمان مناسب در عفونت‌های ادراری، انتخاب یک آنتی‌بیوتیک با کارایی خوب و ارزان می‌باشد و مشکل اصلی در درمان عفونت‌های ادراری ناشی از *اشریشیاکلی* مقاوم بودن باکتری نسبت به تعداد زیادی از آنتی‌بیوتیک‌های رایج می‌باشد. از طرف دیگر گسترش مقاومت‌های آنتی‌بیوتیکی تقریبا همیشه با افزایش مصرف آنتی‌بیوتیک‌ها همراه می‌باشد (۱۴). ظهور و گسترش سویه‌های مقاوم باکتریایی اغلب به‌خاطر ویژگی‌های ژنتیکی باکتری‌ها، افزایش جمعیت، مسافرت و همچنین مصرف زیاد آنتی‌بیوتیک‌ها می‌باشد (۱۵). از آن‌جا که اولین اقدام اساسی در کنترل عفونت‌ها، تشخیص و شناسایی دقیق عامل بیماری است، امروزه روش‌های تیپ بندی مولکولی، یکی از راهکارهای اساسی در تشخیص و شناسایی باکتری‌ها و کنترل عفونت می‌باشند. با توجه به اینکه تاکنون مطالعات اندکی بر روی طبقه‌بندی فیلوژنتیکی سویه‌های *اشریشیاکلی* در سراسر جهان و ایران صورت گرفته است، هدف از این مطالعه تایپینگ و گروه بندی فیلوژنتیکی ایزوله‌های *اشریشیاکلی* اوروپاتوژنیک و کامنسال و تعیین الگوی مقاومتی ایزوله‌های اوروپاتوژنیک است.

روش بررسی

جمع آوری نمونه‌ها: در این مطالعه‌ی توصیفی - مقطعی، نمونه‌ی ادرار به روش Mid-stream (قسمت میانی جریان ادرار) از بیماران با علایم عفونت ادراری مراجعه کننده به بیمارستان‌های شهر زنجان جمع‌آوری گردید، همچنین از افراد سالم بدون علایم گوارشی نمونه مدفوع جمع آوری گردید. با توجه به بررسی میکروسکوپی ادرار و کشت در محیط EMB که یک محیط افتراقی مناسب برای تایید و جداسازی باکتری‌های گرم منفی انتروباکتریاسه‌ها می‌باشد و تعداد کلونی کانت قابل قبول از نظر عفونت ادراری ($\geq 10^5$CFU/ml) مثبت تلقی شده و با استفاده از آزمایشات بیوشیمیایی مانند: اکسیداز، سیمون سیترات، تخمیر قندها، حرکت، اندول، اوره آز، احیای نیترات، MR-VP، تولید H_2S، ۱۳۷ ایزوله اشریشیاکلی شناسایی و جمع‌آوری شد.

نمونه‌های مدفوعی نیز با کشت در محیط EMB و جداسازی نمونه‌هایی که کلونی‌های غالب آن اشریشیاکلی است و تایید بیوشیمیایی ایزوله‌ها ۵۰ ایزوله کامنسال جداسازی شد.

تست حساسیت آنتی‌بیوتیکی: به‌منظور انجام تست حساسیت آنتی‌بیوتیکی برای ایزوله‌های مولد UTI از روش استاندارد انتشار دیسک (Kirby-Bauer) بر روی محیط کشت مولر هینتون آگار استفاده شد. سپس اندازه‌ی هاله‌ی عدم رشد اطراف دیسک براساس معیارهای کمیته‌ی آزمایشگاهی بالینی CLSI (۲۰۱۳) مورد بررسی قرار گرفت. در این مطالعه برای انجام تست آنتی بیوگرام از سیزده دیسک آنتی بیوتیک استاندارد و رایج در درمان عفونت‌های ادراری از شرکت MAST استفاده شد و سویه استاندارد *اشریشیاکلی* ATCC25922 به عنوان کنترل استفاده شد.

استخراج DNA: جهت انجام PCR ابتدا استخراج DNA ژنومی باروش جوشاندن (Boiling) انجام گرفت. اندازه‌گیری کمی DNA استخراج شده توسط دستگاه اسپکتروفتومتر در طول موج ۲۸۰ نانومتر به منظور اطمینان از خلوص DNA استخراج شده انجام شد و در فریزر ۲۰- درجه‌ی سانتی‌گراد نگهداری شد.

PCR: گروه بندی فیلوژنتیک سویه‌های اشریشیاکلی با روش Multiplex(triplex)PCR طبق روش Clermont انجام گرفت. سه مارکر مورد مطالعه دو ژن *yjaA،chuA* و قطعه *TspE4.C2* از DNA بوده که در مجموع از سه پرایمر با توالی‌های ذکرشده جدول ۱ استفاده شد. به منظور بهینه سازی PCR یعنی تعیین غلظت‌های مناسب مواد و دمای مطلوب

اتصال پرایمرهاجهت بدست آوردن محصول مناسب نیز آزمایشاتی انجام شد و در نهایت حجم مواد واکنش‌گر به این صورت استفاده شد: مستر میکس تولید شرکت Fermentas، آمریکا (۲۵ میکرولیتر)، سه پرایمر پیشرو و سه پرایمر پیرو (هر کدام به میزان ۰/۸ میکرولیتر)DNA الگو (۶ میکرولیتر) و آب مقطر (۱۴/۲ میکرولیتر) به‌کار رفت PCR تریپلکس و در حجم نهایی ۵۰ میکرولیتر با دمای آنیلینگ ۵۶ درجه‌ی سانتی‌گراد در دستگاه ترموسایکلر ران شد. در نهایت به منظور شناسایی ژن‌های *Chu A*، *YjaA* و قطعه *TspE4.C2* محصولات PCR به ژل آگارز ۱/۵ درصد منتقل و تحت الکتروفورز قرار گرفت. (سویه‌ی استاندارد مورد استفاده در این طرح به‌عنوان کنترل مثبت *E.coli* RS218 می‌باشد و نمونه بدونDNA به‌عنوان کنترل منفی استفاده شد). تعیین گروه فیلوژنتیکی بر اساس وجود یا عدم وجود باندهای تکثیری ژن‌های فوق به این صورت انجام گرفت: گروه فیلوژنتیک B2 (*ChuA* + ،*YjaA*+ ،*TspE4.C2*±)، گروه D (*ChuA*+ ، *YjaA* - ،*TspE4.C2*±)، گروه B1 (*ChuA*- ،*YjaA* - ،*TspE4.C2*+) گروه A (*ChuA*- ، ± *YjaA*، *TspE4.C2* -).

تجزیه و تحلیل آماری: برای انجام تجزیه و تحلیل آماری از نرم افزار SPSS (ویرایش ۲۱) استفاده شد. میزان P value کمتر از ۰/۰۵ معنی‌دار در نظر گرفته شد.

یافته‌ها

از ۵۰ ایزوله‌ی کامنسال جدا شده نمونه‌های مدفوعی ۴۶ درصد (۲۳ مورد) مربوط به مردان و ۵۴ درصد (۲۷ مورد) مربوط به زنان بود و از ۱۳۷ ایزوله‌ی جدا شده از نمونه‌های عفونت ادراری ۲۴/۱ درصد (۳۳ مورد) مربوط به مردان و ۷۵/۹ درصد (۱۰۴ مورد) مربوط به زنان بود. براساس نتایج به‌دست آمده بر روی ۱۳۷ ایزوله *اشریشیاکلی* اوروپاتوژنیک و انجام تست مقاومت آنتی‌بیوتیکی در برابر ۱۳ دیسک آنتی‌بیوتیک بیشترین میزان مقاومت به ترتیب مربوط به آمپی‌سیلین (۷٤/۵ درصد) و آزترئونام (۵۹/۱ درصد) و کوتریموکسازول (۵۵/۵ درصد) بود، همچنین کمترین میزان مقاومت در مقابل ایمی‌پنم (۱/۵ درصد) و آمیکاسین (۱۰/۹ درصد) و سفوکسیتین (۱۱/۷ درصد) گزارش شد (جدول۲).

جدول ۱: پرایمرهای مورد استفاده در این مطالعه

Marker	Oligonucleotide sequences (5-3)	Product size (bp)
ChuA	fp: GAC GAA CCA ACG GTC AGG AT rp: TGC CGC CAG TAC CAA AGA CA	۲۷۹
YiaA	fp: TGA AGT GTC AGG AGA CGC TG rp: ATG GAG AAT GCG TTC CTC AAC	۲۱۱
TspE4.C2	fp: GAG TAA TGT CGG GGC ATT CA rp: CGC GCC AAC AAA GTA TTA CG	۱۵۲

جدول ۲: الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی ایزوله‌های اشریشیاکلی اوروپاتوژنیک

آنتی‌بیوتیک	مقاوم		حساس	
	درصد	تعداد	درصد	تعداد
آمپی‌سیلین	۷٤/۵	۱۰۲	۲۵/۵	۳۵
آزترئونام	۵۹/۱	۸۱	٤۰/۹	۵٦
کوتریموکسازول	۵۵/۵	۷٦	٤٤/۵	٦۱
تتراسایکلین	۵۱/۸	۷۱	٤۸/۲	٦٦
سفوتاکسیم	٤۳/۱	۵۹	۵٦/۹	۷۸
سفتازیدیم	٤۲/۳	۵۸	۵۷/۷	۷۹
جنتامایسین	٤۲/۳	۵۸	۵۷/۷	۷۹
سفپیم	٤۰/۱	۵۵	۵۹/۹	۸۲
سیپروفلوکسازین	۳۲/۱	٤٤	٦۷/۹	۹۳
کوآموکسی کلاو	۱٤/٦	۲۰	۸۵/٤	۱۱۷
سفوکسیتین	۱۱/۷	۱٦	۸۸/۳	۱۲۱
آمیکاسین	۱۰/۹	۱۵	۸۹/۱	۱۲۲
ایمی پنم	۱/۵	۲	۹۸/۵	۱۳۵

ارزیابی گروه‌های فیلوژنتیک ایزوله‌های *اشریشیاکلی* اوروپاتوژنیک نشان داد که بیشترین میزان فراوانی مربوط به گروه B2 ۹۲ مورد (۶۷/۱۵ درصد) سپس D ۲۹ مورد (۲۱/۱۷ درصد) و A ۱۶ مورد (۱۱/۶۸ درصد) بوده است. گروه فیلوژنتیک B1 در ایزوله‌های اوروپاتوژنیک مشاهده نشد. در ایزوله‌های *اشریشیاکلی* کامنسال فراوانی گروه‌ها به‌ترتیب مربوط به D ۲۶مورد (۵۲ درصد) و B2۱۲ مورد (۲۴ درصد) و A ۷ مورد (۱۴ درصد) و B1 ۵ مورد (۱۰ درصد) مشاهده شد.

در جدول ۳ مقایسه‌ی گروه‌های فیلوژنتیک و مقاومت آنتی‌بیوتیکی آورده شده است. طبق جدول فوق در مورد چهار آنتی‌بیوتیک آمپی‌سیلین، سفوتاکسیم، کوآموکسی کلاو وسیپروفلوکساسین مقاومت در گروه فیلوزنتیک B2 بیشتر مشاهده شد و در مورد تتراسایکلین، کوتریموکسازول مقاومت در گروه D بیشتر بود. در مقایسه مقاومت‌ها بین دو گروه A و D مقاومت گروه فیلوژنتیک A در سه آنتی‌بیوتیک سفوکسیتین، کوآموکسی کلاو وسیپروفلوکسازین به‌صورت معناداری مقاومت بیشتری مشاهده شد.

بررسی ایزوله‌های *اشریشیاکلی* اوروپاتوژنیک با مقاومت چندگانه (MDR): در گروه‌های فیلوژنتیک تعداد ۷۵ ایزوله (۵۴/۷ درصد) به حداقل سه خانواده‌ی آنتی‌بیوتیکی از پنج خانواده در مطالعه‌ی حاضر مقاومت نشان دادند که توزیع این سویه‌های MDR در گروه‌های فیلوژنتیک به این صورت است که از این ۷۵ ایزوله ۱۶ مورد از گروه D، ۵۰ مورد از گروه B2 و ۹ مورد از گروه A بودند، که با توجه به تعداد این گروه‌های فیلوژنتیک در مطالعه‌ی حاضر مشخص گردید

که فراوانی سویه‌های MDR درون گروه‌های فیلوژنتیک به‌ترتیب مربوط به گروه فیلوژنتیک A با ۵۶/۳ درصد سپس گروه D با ۵۵/۲ درصد و نهایتا گروه B2 با ۵۴/۳ درصد بود (جدول ۴).

جدول ۳: بررسی مقاومت آنتی‌بیوتیکی در بین گروه‌های فیلوژنتیک ایزوله‌های UPEC

آنتی بیوتیک	گروه فیلوژنتیک						مقایسه بین دو گروه (Pvalue)		
	A n=۱٦ (%)		D n=۲۹ (%)		B2 n=۹۲ (%)		D و B2	A و B2	A و D
آمپی‌سیلین	(۷۵)	۱۲	(٦٥/٥)	۱۹	(۷۷/۲)	۷۱	*۰/۰۳۰	۰/۷۱۵	۰/۱۷۶
سفوکسیتین	(۱۸/۸)	۳	(٦/۹)	۲	(۱۲)	۱۱	۰/۱۱٤	۰/۱٦٥	*۰/۰۱۹
سفتازیدیم	(۳۷/٥)	٦	(۳۷/۹)	۱۱	(٤٤/٦)	٤۱	۰/۱٤۸	۰/۱۷۷	۰/۹٥٦
سفوتاکسیم	(۳۷/٥)	٦	(۳٤/٥)	۱۰	(٤٦/۷)	٤۳	*۰/۰۰۷	۰/۰٥۷	۰/۷۰٤
سفپیم	(٤۳/۸)	۷	(۳۷/۹)	۱۱	(٤۰/۲)	۳۷	۰/٦٤۷	۰/٦٥۲	۰/٥۱۱
کوآموکسی کلاو	(۲٥)	٤	(۳/٤)	۱	(۱٦/۳)	۱٥	*۰/۰۰۰	۰/۱۳۰	*۰/۰۰۰
ایمیپنم	(٦/۳)	۱	(۰)	۰	(۱/۱)	۱	۰/۲٦۰	*۰/۰۰٦	*۰/۰۰٦
آزترئونام	(٥٦/۳)	۹	(٤۸/۳)	۱٤	(٦۳)	٥۸	۰/۱٦۰	۰/٤۲۱	۰/٥۹٦
آمیکاسین	(۱۲/٥)	۲	(۱۳/۸)	٤	(۹/۸)	۹	۰/۲٤۰	۰/٥۲۲	۰/۸۱۱
جنتامایسین	(٤۳/۸)	۷	(٤٤/۸)	۱۳	(٤۱/۳)	۳۸	۰/٥٦٥	۰/۷٤۷	۰/۸۹۰
تتراسایکلین	(٥٦/۳)	۹	(٦۹)	۲۰	(٤٥/۷)	٤۲	*۰/۰۰۱	۰/۷٥۲	۰/۱۷٤
کوتریموکسازول	(٥٦/۳)	۹	(٦٥/٥)	۱۹	(٥۲/۲)	٤۸	*۰/۰۰٤	۰/٤۲۲	۰/۳۱۳
سیپروفلوکسازین	(۳۱/۳)	٥	(۱۷/۲)	٥	(۳۷)	۳٤	*۰/۰۰۰	۰/۳۲٥	*۰/۰٤۹

**** نشان‌دهنده‌ی سطح معنی‌داری با P<۰/۰٥***

جدول ٤: توزیع سویه‌های MDR اشریشیاکلی اوروپاتوژن در گروه‌های فیلوژنتیک

ایزوله‌های MDR	گروه فیلوژنتیکی ایزوله‌های MDR			
	A n =۱٦ (%)	B2 n =۹۲ (%)	D n =۲۹ (%)	مجموع n =۱۳۷ (%)
مقاوم به ۳ خانواده‌ی آنتی بیوتیکی	٤(۲٥)	۲۳(۲٥)	۸(۲۷/٦)	۳٥(۲٥/٥)
مقاوم به ٤ خانواده‌ی آنتی بیوتیکی	۱(٦/۳)	۱٦(۱۷/٤)	۳(۱۰/۳)	۲۰(۱٤/٦)
مقاوم به ٥ خانواده‌ی آنتی بیوتیکی	٤(۲٥)	۱۱(۱۲)	٥(۱۷/۲)	۲۰(۱٤/٦)
جمع	۹(٥٦/۳)	٥۰(٥٤/۳)	۱٦(٥٥/۲)	۷٥(٥٤/۷)

بحث

عفونت‌های ادراری از شایع‌ترین عفونت‌های ایجاد شده در انسان است و پس از عفونت‌های تنفسی، بیشترین علت مراجعه به پزشکان در گروه‌های مختلف سنی است. در بیشتر کتب مرجع شایع‌ترین ارگانیسم عامل عفونت‌های ادراری *اشریشیاکلی* ذکرشده است. افزایش غیرمنتظره مقاومت آنتی‌بیوتیکی در باکتری‌های پاتوژن تبدیل به یک نگرانی برای سلامت انسان‌ها شده است. این امر را می‌توان به استفاده بی‌رویه و روزافزون آنتی‌بیوتیک و تجویز زیاد آنتی‌بیوتیک‌ها توسط پزشکان و همچنین عدم تکمیل دوزها درمان آنتی‌بیوتیکی توسط بیماران نسبت داد. امروزه تعیین گروه‌های فیلوژنتیک باکتری‌ها امری مفید برای مطالعات اپیدمیولوژیک است، در واقع می‌توان با استفاده از طبقه‌بندی فیلوژنتیکی مولکولی و تعیین الگوی مقاومت و حساسیت *اشریشیاکلی* در بیمارستان‌ها از شیوع بسیاری از عفونت‌های مقاوم به درمان جلوگیری نموده با درمان مناسب آنتی‌بیوتیکی به اقتصاد و سلامت جوامع مختلف کمک شایانی نمود.

اشریشیاکلی یکی از پاتوژن‌هایی است که افزایش مقاومت را نسبت به اغلب آنتی‌بیوتیک‌ها نشان داده است. در مطالعه حاضر نشان داده شده است که عفونت ادراری در زنان نسبت به مردان بیشتر است. این واقعیت ممکن است به این دلیل باشد که مجرای خروجی مثانه در زنان گسترده‌تر و کوتاهتر است و نزدیکی آن به مقعد عامل مستعد کننده برای عفونت می‌باشد.

در مطالعه‌ی حاضر از میان ۱۳۷ ایزوله‌ی اوروپاتوژنیک *اشریشیاکلی* بیشترین میزان مقاومت به‌ترتیب مربوط به آمپی‌سیلین (۷٤/۵ درصد) بودکه با نتایج مطالعه‌ی انجام گرفته توسط اعتبارزاده در تهران ۸۳/۸ درصد و ملاعباس‌زاده در تبریز ۸۳/۹ درصد و محمدی در خرم آباد ۹۸/٤ درصد از جهت رتبه‌ی اول آمپی‌سیلین در مقاومت همخوانی دارد. در رتبه‌ی بعدی مقاومت در مطالعه‌ی حاضر آزترئونام (۵۹/۱ درصد) وکوتریموکسازول (۵۵/۵ درصد) بود، میزان مقاومت کوتریموکسازول با مطالعه‌ی ملاعباس‌زاده در تبریز ٦۳/۹ درصد و سلطان دلال و همکاران در خوی ۵۹/٦ درصد مطابقت دارد (۱۹-۱٦). تامبرکار و همکاران در سال ۲۰۰٦ نیز با بررسی ایزوله‌های ادراری مشاهده کردند که بیشترین میزان مقاومت به آمپی‌سیلین ۸۷ درصد و کوتریموکسازول ۹۱ درصد بوده است، که با یافته‌های تانخیوال و همکاران در هند مطابقت دارد (۲۱و ۲۰).

همچنین کمترین میزان مقاومت دارویی در این مطالعه در مقابل ایمی‌پنم (۱/۵ درصد) و آمیکاسین (۱۰/۹ درصد) و سفوکسیتین (۱۱/۷ درصد) گزارش شد. حساسیت بالای *اشریشیاکلی* به ایمیپنم با مطالعه‌ی ملاعباس زاده در تبریز که میزان مقاومت را ۸ درصد نشان داد مطابقت داشت (۱٦). همچنین با مطالعه‌ی اندراد و همکاران در ۲۰۰۶ در امریکای لاتین که روی ٦۱۱ نمونه‌ی ادراری کار شده بیشترین مقاومت به آمپی‌سیلین ۵۳/٦ درصد و کمترین مقاومت به ایمی‌پنم صفر درصد بود نیز مطابقت داشت (۲۲).

کوتریموکسازول یک آنتی‌بیوتیک وسیع الطیف است که در درمان عفونت‌های ادراری و غیره کاربردهای فراوانی دارد ولی متاسفانه این مطالعه و مطالعات دیگر نشانگر افزایش مقاومت *اشریشیاکلی* به این دارو است. اما ایمی‌پنم از اعضای دسته‌ای ازداروهای بتالاکتام بنام کاربا‌پنم‌ها است که به آنزیم‌های بتالاکتاماز مقاوم می‌باشد. معرفی کاباپنم‌ها به دنیای پزشکی به علت طیف وسیع فعالیت و پایداری آنها در برابر اکثر آنزیم‌های بتالاکتاماز یک موفقیت بزرگ در درمان عفونت‌های مهم باکتریایی مقاوم به بتالاکتام‌ها محسوب می‌شود (۲۲).

در این مطالعه ارزیابی گروه‌های فیلوژنتیک سویه‌های *اشریشیاکلی* اوروپاتوژنیک نشان داد که بیشترین فراوانی

مربوط به گروه B2، D و A به‌ترتیب به میزان ۶۷/۱ درصد، ۲۱/۲ درصد و ۱۱/۷ درصد بوده است. مقایسه‌ی این نتایج با مطالعات اعتبارزاده در تهران، کلرمانت در فرانسه در ۲۰۰۰، ساباته در سال ۲۰۰۶ در اسپانیا، کاواموراً در سال ۲۰۱۰ در ژاپن، به لحاظ ترتیب فراوانی گروه‌های B2، D و A مطابقت داشت (۲۴و ۲۳و ۱۹و ۹). ولی با مطالعه‌ی علیزاده و همکاران در کرمان که فراوانی گروه‌ها را به‌ترتیب A۴۵/۹۹ درصد و D۲۱/۱۶ درصد و B2۱۹/۷۱ درصد و B1 ۱۳/۱۴ درصد گزارش شده است همخوانی نداشت (۲۵). همچنین با مطالعه‌ی مورنو و همکاران که به ترتیب گروه‌های A و D غالب شناخته شدند، شباهتی نداشت (۲۶). یکی از دلایل عدم مطابقت می‌تواند تفاوت توزیع سویه‌ها در مناطق مختلف جغرافیایی، ویژگی‌های خاص جمعیتی و رژیم غذایی افراد باشد.

در مطالعه‌ی حاضر در ایزوله‌های اوروپاتوژنیک گروه B1 با مطالعه‌ی اعتبارزاده و همکاران در تهران و گرود و همکاران در ۲۰۰۷ در روسیه وساوماآئود در ۲۰۰۹ در لبنان به دلیل عدم مشاهده گروه B1 مطابقت ندارد (۲۸و ۲۷و ۱۹).

در این مطالعه برروی ۵۰ نمونه مدفوع نیز گروه‌بندی فیلوژنتیک ایزوله‌های *اشریشیاکلی* کامنسال انجام گرفت. فراوانی گروه‌ها به ترتیب شامل: D (۵۲ درصد) و B2 (۲۴ درصد) و A (۱۴ درصد) و B1 (۱۰ درصد) بود.

این نتایج با مطالعه‌ی نویدنیا و همکاران در تهران که بر روی۵۰ نمونه‌ی مدفوعی کودکان ۲ تا ۱۲ سال انجام گرفت و فراوانی گروه‌ها به‌ترتیب A ۴۸ درصد، B1 ۲۶ درصد، D ۲۲ درصد و B2 ۶ درصد گزارش نمود، مطابقت نداشت (۲۹). همچنین با مطالعه‌ی ساباته در سال ۲۰۰۶ در اسپانیا نیز مطابقت ندارد (۲۳). در تحقیقات بین لی در سال۲۰۱۰ در چین و دو مطالعه مورنو در سال ۲۰۰۹ در اسپانیا، نوروزیان در پاکستان همگی گروه غالب درایزوله‌های مدفوعی A بود (۳۱و ۳۰و ۲۶). بیلی و همکاران در سال ۲۰۱۰ روی ۶۸ نمونه‌ی مدفوعی در استرالیا گروه بندی فیلوژنتیک سویه‌های اشریشیاکلی را انجام دادند که گروه‌های فیلوژنتیک در سویه‌های مورد مطالعه به‌ترتیب A، B2، D و B1 به ترتیب با فراوانی ۳۹/۷ درصد، ۲۷ درصد، ۲۵ درصد و ۷/۴ درصد مشاهده شد. بیلی و همکاران با مشاهده‌ی فراوانی بالای گروه‌های B2 و D و کم بودن میزان گروه B1 در مطالعه‌ی خود، یافته‌های چندین مطالعه انجام گرفته بر روی نمونه‌های مدفوعی در نقاط مختلف جهان را جمع بندی کردند که در مجموع از تعداد ۱۸۸۹ ایزوله *اشریشیاکلی* کامنسال، ۳۹/۷ درصد سویه‌ها متعلق به گروه A،۲۹/۴ درصد متعلق به گروه B2، ۲۰/۷ درصد متعلق به گروه D و ۱۷/۹ درصد متعلق به گروه B1 بودند (۳۲). مقایسه‌ی نتایج حاصل از مطالعات مختلف تنوع قابل ملاحظه‌ای در گروه‌های فیلوژنتیک کامنسال نشان داد و فراوانی بالاتر گروه‌های A و B1 نسبت به B2 و D چشمگیر نبود. در مجموع گروه‌های A و B2 فراوانی بیشتری ازD و B1 داشتند. تنوع زمانی و جغرافیایی مختلف همچنین ویژگی‌های خاص جمعیتی می‌تواند بر نتایج حاصل از تحقیقات مختلف تاثیر گذار بوده باشد و این تفاوت می‌تواند به دلیل تنوع عظیم در مخازن *اشریشیاکلی* باشد.

در مطالعه‌ی پیش رو و با بررسی فیلوژنی ایزوله‌های *اشریشیاکلی* اوروپاتوژنیک مقاوم به دارو در این مطالعه مشخص شد که گروه A با ۳۸/۵ درصد بیشترین مقاومت به آنتی‌بیوتیک را داشت و در رتبه‌ی بعد گروه B2 و D با میزان مقاومت ۳۷/۵ درصد و ۳۴/۲ درصد قرار داشتند. این یافته با نتایج مطالعه‌ی علیزاده و همکاران در کرمان به لحاظ مشاهده میزان مقاومت بالاتر در گروه A (۴۱/۲۸ درصد) مطابقت دارد (۲۵). بررسی رابطه بین فراوانی ایزوله‌های MDR و گروه‌های فیلوژنتیک ایزوله‌های اوروپاتوژنیک در این مطالعه نشان داد که بیشترین میزان سویه‌های MDR مربوط به گروه‌های فیلوژنتیک A، D و B2 به‌ترتیب با فراوانی

۵۶/۳ درصد، ۵۵/۲ درصد و ۵۴/۳ درصد است، این یافته با نتایج مطالعه سعید و همکاران در سال ۲۰۰۹ در پاکستان که بر روی ۲۹ سویه‌ی *اشریشیاکلی* جدا شده از زخم با مقاومت چندگانه به آنتی‌بیوتیک همخوانی دارد. در مطالعه‌ی سعید و همکاران نیز بیشترین سویه‌های مقاوم به چند آنتی‌بیوتیک مربوط به گروه فیلوژنتیک A با فراوانی ۴۴/۸ درصد بوده است (۳۳). در مطالعه اجرنیس نیز گروه فیلوژنتیک B2 با میزان بالای حساسیت به تست‌های آنتی‌بیوتیکی همراه بود و در عوض گروه A با میزان بالای مقاومت و سویه‌های MDR همراه بود (۵).

نتیجه‌گیری

بر این اساس، ما در این مطالعه روش PCR را برای طبقه‌بندی فیلوژنتیکی ایزوله‌های *اشریشیاکلی* مولد عفونت ادراری و کامنسال به کار گرفتیم و نتایج حاصله نشان داد که درصد فراوانی گروه‌های فیلوژنتیکی B_2 و D در ایزوله‌های مورد مطالعه‌ی ما بالا بوده است. بنابراین می‌توان اظهار داشت که ایزوله‌های مذکور از قدرت بیماری‌زایی بالایی برخوردار بوده‌اند؛ چراکه نتایج مطالعات مختلف حاکی از آن است که این دو گروه فیلوژنتیکی، در مقایسه با گروه‌های فیلوژنتیکی A و B_1، حامل فاکتورهای ویرولانس بیشتری می‌باشند. بنابراین، با مشاهده‌ی فراوانی بالای گروه‌های فیلوژنتیکی B_2 و D در ایزوله‌های کامنسال و همچنین ایزوله‌های مولد عفونت ادراری جمع‌آوری شده از شهر زنجان می‌توان بیان داشت که این ایزوله‌ها از ظرفیت و استعداد بیماری‌زایی بالایی برخوردار می‌باشند. بالا بودن میزان سویه‌هایی که مقاومت چند دارویی داشتند (۵٤/۷ درصد) نیز نشان می‌دهد که تشخیص سریع و به‌موقع سویه‌های مقاوم به منظور انتخاب گزینه‌های درمانی مناسب و جلوگیری از گسترش مقاومت، امری ضروری به نظر می‌رسد. همچنین پیشنهاد می‌شود درمان عفونت‌های ادراری که از اهمیت خاصی برخوردار است، با توجه به الگوی حساسیت و مقاومت منطقه صورت گیرد تا از گسترش سویه‌های مقاوم به دارو جلوگیری شود.

References

1- Flores-Mireles AL, Walker JN, Caparon M, Hultgren SJ. Urinary tract infections: epidemiology, mechanisms of infection and treatment options. *Nature Rev Microbiol.* 2015; 13: 269-84.

2- Foxman B. The epidemiology of urinary tract infection. *Nature Rev Urolog.* 2010; 7: 653-60.

3- Foxman B. Epidemiology of urinary tract infections: incidence, morbidity, and economic costs. disease-a-month: DM. 2003; 49: 53-59.

4- Kurutepe S, Surucuoglu S, Sezgin C, Gazi H, Gulay M, Ozbakkaloglu B. Increasing antimicrobial resistance in *Escherichia coli* isolates from community-acquired urinary tract infections during 1998-2003 in Manisa, Turkey. *Japan J Jnfect Dis.* 2005; 58: 159.

5- Ejrnæs K. Bacterial characteristics of importance for recurrent urinary tract infections caused by *Escherichia coli. Dan Med Bull.* 2011; 58: B4187.

6- Russo TA, Johnson JR. Proposal for a new inclusive designation for extraintestinal pathogenic isolates of *Escherichia coli:* ExPEC. *J Infect Dis.* 2000; 181: 1753-4.

7- Moreno E, Andreu A, Pigrau C, Kuskowski MA, Johnson JR, Prats G. Relationship between *Escherichia coli* strains causing acute cystitis in

women and the fecal E. coli population of the host. *J Clin Microbiol.* 2008; 6: 2529-34.

8- Tenaillon O, Skurnik D, Picard B, Denamur E. The population genetics of commensal *Escherichia coli. Nature Rev Microbiol.* 2010; 8: 207-17.

9- Clermont O, Bonacorsi S, Bingen E. Rapid and simple determination of the *Escherichia coli* phylogenetic group. *Apply Environ Microbiol.* 2000; 66: 4555-8.

10- Blattner FR, Plunkett G, Bloch CA, et al. The complete genome sequence of *Escherichia coli K-12.* Science. 1997; 277: 1453-62.

11- Mills M, Payne SM. Genetics and regulation of heme iron transport in *Shigella dysenteriae* and detection of an analogous system in *Escherichia coli* O157: H7. *J bacteriol.* 1995; 177: 3004-9.

12- Torres AG, Payne SM. Haem iron-transport system in enterohaemorrhagic *Escherichia coli* O157: H7. *Molec Microbiol.* 1997; 23: 825-33.

13- Sharma R, Sharma CL, Kapoor B. Antibacterial resistance: current problems and possible solutions. *Indian J Med Sci.* 2005; 59: 120-25.

14- Zilevica A ,Paberza R. Etiological agents of nosocomial urinary tract infections. 2005.

15- Sahm DF, Thornsberry C, Mayfield DC, Jones ME, Karlowsky JA. Multidrug-resistant urinary tract isolates of *Escherichia coli:* prevalence and patient demographics in the united states in 2000. *Antimicrob Agent Chemo ther.* 2001; 45: 1402-6.

16- Molaabaszadeh H, Hajisheikhzadeh B, Mollazadeh M, Eslami K, Mohammadzadeh Gheshlaghi N. Study of sensibility and antimicrobial resistance in *Escherichia coli* isolated from urinary tract infection in Tabriz city. *J Fasa Univ Med Sci.* 2013; 3: 149-54.

17- Mohammadi M, Ghasemi E, Mokhayeri H, Pournia Y, Boroun H. Antimicrobial resistance patterns of *E. coli* detected from hospitalized urine culture samples. *Asian J Biologic Sci.* 2010; 3: 195-201.

18- Azarsa M, Shirazi M, Rastegar Lari A, et al. The frequency of extended spectrum beta lactamase and CTX MI of *Escherichia coli* isolated from the urine tract infection of patients by phenotypic and pcr methods in the city of khoy in iran. *J Zanjan Univ Med Sci.* 2011; 19: 53-61.

19- Etebarzadeh Z, Oshaghi M, Mozafari NA. Evaluation of relationship between phylogenetic typing and antibiotic resistance of uropathogenic *Escherichia coli. J Microbiol World.* 2012; 4: 84-92.

20- Tambekar D, Dhanorkar D, Gulhane S, Khandelwal V, Dudhane M. Antibacterial susceptibility of some urinary tract pathogens to commonly used antibiotics. *African J Biotechnol.* 2006; 5: 1562-65.

21- Tankhiwale SS, Jalgaonkar SV, Ahamad S, Hassani U. Evaluation of extended spectrum beta lactamase in urinary isolates. *Indian J Med Res.* 2004; 120: 553-6.

22- Andrade SS, Sader HS, Jones RN, Pereira AS, Pignatari AC, Gales AC. Increased resistance to first-line agents among bacterial pathogens isolated from urinary tract infections in Latin

America: time for local guidelines? *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz.* 2006; 101: 741-8.

23- Sabaté M, Moreno E, Perez T, Andreu A, Prats G. Pathogenicity island markers in commensal and uropathogenic *Escherichia coli* isolates. *Clin Microbiol Infection.* 2006; 12: 880-6.

24- Kawamura-Sato K, Yoshida R, Shibayama K, Ohta M. Virulence genes, quinolone and fluoroquinolone resistance, and phylogenetic background of uropathogenic Escherichia coli strains isolated in Japan. *Japan J Infect Dis.* 2010; 63: 113-5.

25- Adib N, Ghanbarpour R, Solatzadeh H, Alizade H. Antibiotic resistance profile and virulence genes of uropathogenic *Escherichia coli* isolates in relation to phylogeny. *Trop Biomed.* 2014; 31: 17-25.

26- Moreno E, Johnson JR, Pérez T, Prats G, Kuskowski MA, Andreu A. Structure and urovirulence characteristics of the fecal *Escherichia coli* population among healthy women. *Microb and Infect.* 2009; 11: 274-80.

27- Grude N, Potaturkina-Nesterova N, Jenkins A, et al. A comparison of phylogenetic group, virulence factors and antibiotic resistance in Russian and Norwegian isolates of *Escherichia coli* from urinary tract infection. *Clin Microbiol Iinfect.* 2007; 13: 208-11.

28- Sawma-Aouad G, Hashwa F, Tokajian S. Antimicrobial resistance in relation to virulence determinants and phylogenetic background among uropathogenic *Escherichia coli* in Lebanon. *J Chemother.* 2009; 21: 153-8.

29- Navidinia M, Peerayeh SN, Fallah F, Bakhshi B. Phylogenetic groups and pathogenicity island markers in *Escherichia coli* isolated from children. *J Undishapur J Microbiol.* 2013; 6.

30- Li B, Sun J-y, Han L-z, Huang X-h, Fu Q, Ni Y-x. Phylogenetic groups and pathogenicity island markers in fecal Escherichia coli isolates from asymptomatic humans in China. *Apply Environ Microb.* 2010; 76: 6698-700.

31- Nowrouzian F, Östblom A, Wold AE, Adlerberth I. Phylogenetic group B2 Escherichia coli strains from the bowel microbiota of Pakistani infants carry few virulence genes and lack the capacity for long-term persistence. Clin Microbiol Infect. 2009; 15: 466-72.

32- Bailey JK, Pinyon JL, Anantham S, Hall RM. Distribution of human commensal *Escherichia coli* phylogenetic groups. J Clin Microbiol. 2010; 48: 3455-6.

33- Saeed MA, Haque A, Ali A, et al. Relationship of drug resistance to phylogenetic groups of *E. coli* isolates from wound infections. *J Infect Develop Countries.* 2009; 3: 667-70.

Determination of Phylogenetic Groups and Antibiotic Resistance in Uropathogenic and Commensal *Escherichia Coli* Isolated from Patients in Zanjan City

Sohrabi R[1], Zeighami H[2]

[1]Dept. of Microbiology, Islamic Azad University Zanjan Branch, Zanjan, Iran

[2]Dept. of Microbiology, Faculty of Medicine, Zanjan University of Medical Sciences, Zanjan, Iran

Corresponding Author: Zeighami H, Dept. of Microbiology, Faculty of Medicine, Zanjan University of Medical Sciences, Zanjan, Iran.

E-mail: zeighami@zums.ac.ir

Received: 3 Nov 2015 **Accepted:** 5 Mar 2016

Background and Objective: *Escherichia coli* strains are the major cause of urinary tract infections which belong to the large group of extra-intestinal pathogenic *E. coli*. They fall into four main phylogenetic groups: A, B1, B2 and D. The aim of the present study was to determine phylogenetic groups in uropathogenic and commensal *Escherichia coli* isolated. Also, due to increase in the rate of antibiotic usage and subsequent drug resistance, this study evaluated the antimicrobial resistance pattern of *E. coli* isolated from patients with UTI.

***Materials and Methods*:** In this cross-sectional study, 137 uropathogenic *Escherichia coli* isolates were collected from the clinical specimens of Zanjan hospitals and 50 isolates were collected from healthy adults. After verifying isolates via biochemical methods and extraction of total DNA, Multiplex PCR was done by specific primers for phylogenetic grouping. The antibiotic susceptibility test (disk diffusion method) was done according to CLSI advice against 13 antibiotics.

***Results*:** In this study, the highest rates of resistance to antibiotics in UTI isolates were seen against ampicillin (74.5%) and aztreonam (59.1%). Also, the lowest rates of resistance were reported against imipenem (1.5%) and amikacin (10.9%).The distribution of UPEC phy logenetic groups typing marked the highest prevalence in group B2 (67.15 %) , and then in group D (21.17%) and the lowest prevalence in group A (11.68%). Phy logenetic B1 was not observed in uropathogenic isolates. Among the commensal isolates, 52% belonged to phylogenetic group D, 24% to B2, 14% to A, and10% to B1.

***Conclusion*:** The results indicate the higher prevalence of B2 and D phylogenetic groups in commensal and uropathogenic *Escherichia coli* strains in Zanjan**.**

Keywords: Uropathogenic Escherichia coli, Commensal, Phylogenrtic groups, Antibiotic resistance, PCR