خلاصه مقالات

چهارمین کنگره سراسری

باکتری‌شناسی پزشکی ایران

(با همکاری گروه میکروب شناسی دانشکده پزشکی)

۲۸ –۲۶ مهر ماه ۱۳۹۶ دانشگاه علوم پزشکی بابل، سالن امام علی(ع)

4th Iranian Congress of Medical Bacteriology

18-20 October, 2017

فهرست

عنوان	صفحه
پیام رئیس کنگره	۹
پیام دبیران علمی کنگره	۱۰
پیام دبیران اجرایی کنگره	۱۱
شورای سیاست گذاری کنگره	۱۲
اعضای کمیته علمی کنگره	۱۳
اعضای کمیته اجرایی کنگره	۱۵
سازمان‌های برگزارکننده	۱۶
حامیان کنگره	۱۷
خلاصه مقالات سخنرانی	۱۸
خلاصه مقالات پوستر	۵۵

دبیرخانه کنگره: بابل – خیابان گنج افروز – دانشگاه علوم پزشکی بابل – پژوهشکده سلامت– مرکز تحقیقات بیماریهای عفونی و گرمسیری
تلفکس: ۳۲۱۹۰۵۵۷ – ۰۱۱ کدپستی:۴۷۱۷۶۴۷۷۵۴ سایت کنگره:/http://icmb4th.mubabol.ac.ir

انجمن باکتری شناسی پزشکی ایران: تهران، تقاطع فرصت شیرازی، خیابان دکتر غریب، روبه روی دانشکده دامپزشکی، پلاک ۳۸
تلفن: ۶–۶۶۵۶۶۴۲۵–۰۲۱ www.ismb.ir

چهارمین کنگره سراسری

باکتری‌شناسی پزشکی ایران

با محوریت:

- لپتوسپیروز
- عفونت‌های بیمارستانی
- پروبیوتیک
- عفونت‌های تنفسی
- بروسلوز
- عفونت‌های گوارشی
- اخلاق حرفه‌ای
- عفونت‌های دهان و دندان
- عفونت‌های ادراری–تناسلی
- مقاومت آنتی‌بیوتیکی
- تجویز منطقی آنتی‌بیوتیک
- بیماری‌های منتقله از آب و غذا

(با همکاری گروه میکروب شناسی دانشکده پزشکی)

۲۸ –۲۶ مهر ماه ۱۳۹۶ دانشگاه علوم پزشکی بابل، سالن امام علی(ع)

4th Iranian Congress of Medical Bacteriology

18-20 October, 2017

آزمایشگاه پاتوبیولوژی ابن سینا

طرف قرارداد با کلیه بیمه ها

- **انجام خدمات آزمایشگاهی به صورت اورژانسی**
- **مجهز به کلیه دستگاه ها و تکنیک های پیشرفته آزمایشگاهی از قبیل:**

Flow cytometry – Biochemistry Auto Analyzer – Chemiluminescence – Microplate Reader – Molecular Genetic Techniques (PCR, RFLP, Nested PCR, RT-PCR) – Auto Hematology Analyzer – Electrolyte Analyzer – Coagulometer – Urine Analyzer – Photometer – Electrophoresis – Vacuum Blood Collection System – Pathology and Cytology.

==========

نشانی: بابل– بلوار کشاورز– روبروی بیمارستان آیت الله روحانی– ساختمان پزشکان سینا

تلفن: ۳۲۲۰۸۸۱۳–۳۲۲۰۸۸۱۲–۰۱۱ فاکس: ۳۲۲۹۸۹۱۹

آزمایشگاه پاتوبیولوژی مرکزی آمل

انجام تست های تخصصی و فوق تخصصی در این مرکز

- تست های کمی PCR (HPV ,HCV,HSV,HIV,HBV,...) با دستگاه Real Time ، انجام STD Test با دستگاه Array و انجام MTB PCR با دستگاه Gene expert
- تست های پاتولوژی با دستگاه هیستو پرو در کمتر از ۲۴ ساعت
- FROZEN SECTION
- ایمونوهیستوکمیستری(IHC) و رنگ آمیزی CISH و FISH با دستگاه پیشرفته Aosheng
- فلوسایتومتری با دستگاه Beckman culter
- آزمایشات ویتامین D3 و داروها به روش HPLC
- آزمایشات هماتولوژی با دستگاههای پیشرفته مثل Advia2120iو Sysmex xt-1800i
- آزمایشات ایمونوالکتروفورزو الکتروفورز Hb و Protein با دستگاه پیشرفته CapilarysII
- آزمایشات هورمونی و تومور مارکرهابا دستگاه لیازون، وایداس، آلگریا، و الایزا فول اتومات
- آزمایش های تیروئیدی با دستگاه گاما کانترWizard1470 و Dream Gamma 5 دستگاه اتوسپلرMASSIA
- تست UBT با کربن ۱۳ با دستگاه Heli fan plus
- تست Food Allergy
- تست عرق با دستگاه NANODUCT Vescor
- تست VBG و ABG
- تست های میکروبی (کشت سل، قارچ، مایکوپلاسما، دیفتری و ...)
- خوانش پلیت های آنتی بیوگرام با دستگاه آنتی بیوگراف
- تشخیص باکتری ها با پنل تخصصی API
- تست های سلامت جنین
- آزمایشات تعیین سطح داروها و اسید امینه
- تست IFOB

نشانی: آمل–خیابان ۱۷شهریور– روبروی اداره برق– ساختمان دماوند طبقه اول

تلفن: ۴۴۲۵۲۲۵۲، ۰۱۱-۴۴۲۵۶۰۶۵-۶۶ فاکس: ۴۴۲۵۵۸۸۷

پست الکترونیک : Lab1919@yahoo.com & Labamol@yahoo.com

آزمایشگاه پاتوبیولوژی دکتر فیروزجاهی بابل

- انجام کلیه خدمات آزمایشگاهی با امکانات فوق تخصصی و مدرن با کادر مجرب در اسرع وقت
- انجام کلیه آزمایشات هورمونی، تیروئید و سطح دارویی بطور روزانه
- دارنده گواهی نامه مدیریت کیفیت
- تشخیص زودرس انواع سرطان با تکنولوژی برتر بطور روزانه
- تشخیص زودرس ناهنجاری های جنین و تست سلامت جنین
- اعتقاد ما بر این است که کیفیت فاقد حد و مرز است. هدف، رسیدن به کیفیت مطلوب است.

نشانی: بابل– میدان شهید کشوری – آزمایشگاه پاتوبیولوژی دکتر فیروزجاهی

تلفن: ۳۲۲۸۸۸۴۵–۳۲۲۸۸۸۴۱–۰۱۱ فاکس: ۳۲۲۸۸۸۴۰

شرکت فن آوران میکروب شناسی راین

این شرکت به عنوان یکی از متخصص ترین شرکت ها در زمینه واردات محصولات میکروب شناسی سابقه همکاری با آزمایشگاههای مختلف میکروبی از جمله آزمایشگاه های میکروب شناسی اداره کل دامپزشکی استان ها و موسسه تحقیقات و سرم سازی رازی و دانشکده های دامپزشکی سراسر کشوربا برخی تجهیزات و مواد مصرفی زیر همکاری می نماید:

- دستگاه های ایجاد کننده شرایط بی هوازی و میکروآئروفیلیک از Don Whitley Scientific انگلستان
- دستگاه شمارش کننده کلونی از Synbiosis انگلستان
- دستگاه الایزا ریدر از Biointellectica کانادا
- دستگاه بلندر ProBlend برای همگن کردن مواد غذایی در آزمایشگاه بهداشت مواد غذایی از Synbiosis انگلستان
- دستگاه دایلومتر ProDilute برای ایجاد دایلوشن در آزمایشگاه بهداشت مواد غذایی از Synbiosis انگلستان
- ست فیلتراسیون برای آزمایش میکروبی آب از Rocker
- دستگاه ایرسمپلر برای مانیتورینگ میکروبی هوای خطوط تولید و مرغداری ها از oruminternational ایتالیا
- دستگاه اتوکلاو از Zealway آمریکا
- تمامی دستگاه های مورد استفاده در آزمایشگاه های مولکولی از ورتکس تا ژل داک از Biointellectica کانادا
- گستره وسیعی از آنتی سرم های مورد نیاز در آزمایشگاه های دامپزشکی از جمله سروتایپ های سالمونلا و ایکولای ازstatens serum institut
- گستره وسیعی از محیط کشت های مورد نیاز و ساپلی منت ها از Accumedia آمریکا
- کیت های confirmation و تشخیصی پاتوژن های دامی مطابق روش استاندارد از Microgen انگلستان
- سوش های باکتریایی ATCC از Micro Biologics آمریکا
- دیسک های آنتی بیوگرام از MAST انگلستان
- MICاز liofilchem ایتالیا

نشانی: تهران– پائین تر از میدان جمهوری- ابتدای بزرگراه نواب–برج گردان– واحد ۷۰۳ جنوبی

تلف.: ۵–۶۶۳۸۳۱۷۲–۰۲۱ فاکس.: ۶۶۸۸۹۵۴۹

موسسه تکنولوژی آزمایشگاهیMT

تهیه و توزیع کلیه تجهیزات، کیت ها ،مواد شیمیایی و محیط کشت های میکروبی و کشت سلولی تشخیصی و تحقیقاتی

کیت های تشخیصی و تحقیقاتی:

- الایزا، بیوشیمی، سرولوژی....
- کیت های مولکولی (آنزیم ، پرایمر، آگاروز....)
- مواد شیمیایی ، محیط کشت سلولی و محیط کشت میکروبی:

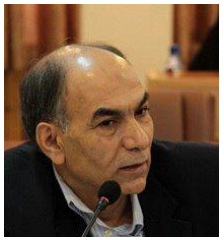
- Gibco _ Sigma _ Merck _ Fluka _Biochem _Scharlau _Alfa Aesar_ Invitrogen _...

کلیه لوازم کشت سلولی:

- انواع فلاسک های ساده و فیلتر دار
- پیپت های سرولوژی استریل
- نوک سمپلر های ساده و فیلتر دار
- DNas/RNasfree
- میکروتیوب
- کرایو ویال
- لوله های فالکون
- میکرو پلیت
- پلیت های کشت سلولی
- فیلتر های سرسرنگی ،ممبران فیلتر و....

نشانی: بابل، خیابان کشاورز، پاساژ گنج افروز، موسسه تکنولوژی آزمایشگاهی
تلفن: ۰۹۱۱۳۱۱۱۲۹۱ – ۰۹۱۱۳۱۴۵۶۱۸

پیام رئیس کنگره



دکتر سید مظفر ربیعی/رئیس دانشگاه علوم پزشکی بابل
دکتر عبدالعزیز رستگار لاری/رئیس انجمن باکتری شناسی پزشکی ایران

اساتید ارجمند، پژوهشگران گرانقدر و دانشجویان عزیز

با استعانت از خداوند مهربان و از جانب انجمن باکتری شناسی ایران افتخار دارم شما عزیزان را برای حضوری گرم در چهارمین کنگره سراسری باکتری شناسی پزشکی ایران دعوت نمایم. این کنگره با هدف اعتلای علم، ارتقای دانش و خدمات تشخیصی-درمانی در حوزه ی باکتری شناسی پزشکی به مدت سه روز از ۲۶ تا ۲۸ مهرماه ۱۳۹۶ در دانشگاه علوم پزشکی بابل برگزار می گردد.

اینجانب و همکاران پرتلاشم در کمیته های علمی و اجرایی کنگره امیدواریم برگزاری این رویداد مهم باکتری شناسی کشور در کلان منطقه یک با حضور و سخنرانی اساتید، پژوهشگران و محققین جوان بستر های لازم برای دانش افزایی عزیزان شرکت کننده را فراهم آورد و گام هایی شایسته برای پویندگان دانش برداشته شود. دستان با محبت شما گرامیان را برای همراهی و همدلی ذدر این رویداد علمی به گرمی می فشاریم و حضور فعال و پربرکت شما را ارج می نهیم.

پیام دبیران علمی کنگره

دکتر مهدی رجب‌نیا، دکتر محمدمهدی سلطان‌دلال

با توجه به پیشرفت سریع علم در سال‌های اخیر، فن‌آوری‌های جدید نیازمند منابع به روز و کارآمد هستند که امکان دسترسی آسان به منابع علمی را فراهم می‌سازد و بی‌شک یکی از مهمترین این منابع کنگره‌های علمی دانشگاهی هستند. این کنگره‌ها در سطوح تخصصی علمی، امکان ارتباط میان صاحب‌نظران، دانشمندان و علاقه‌مندان را فراهم کرده و موجب ارتقای علمی رشته‌های مورد نظر می شود. از اهداف مهم کنگره باکتری‌شناسی پزشکی جمع‌آوری دستاوردهای جدید علوم باکتری‌شناسی در جهت بهره‌برداری مفیدتر این تحقیقات برای پژوهشگران، اساتید و دانشجویان می باشد. دانشگاه علوم پزشکی بابل در اجرای رسالت خود و بمنظور ارتقاء سطح علمی جامعه اقدام به برگزاری **چهارمین کنگره سراسری باکتری شناسی پزشکی ایران** نموده است. امید است با همکاری و حمایت سایر ارگانهای اجرایی و علمی کشور بتوانیم فضایی مناسب جهت ارائه دستاوردهای محققان عزیز کشورمان در راستای ترویج علوم و توسعه پایدار در علوم باکتری‌شناسی ایجاد نمود.

کمیته علمی کنگره، با مشارکت متخصصین مرتبط در سراسر کشور با ارائه بالاترین کیفیت علمی، خواسته است تا زمینه‌ی مناسب برای تبادل دانش و آموخته‌های نوین اساتید و دانشمندان عزیز کشورمان را در حوزه‌های مختلف علم باکتری‌شناسی پزشکی فراهم نماید. برنامه‌های علمی کنگره، مشتمل بر ارائه‌ی خلاصه مقالات علمی و پژوهشی به صورت سخنرانی یا پوستر، سخنرانی اساتید مدعو در زمینه‌های علمی مرتبط، کارگاه‌ها و ارائه‌ی تازه‌های تکنیکی می‌باشد. به امید حضور اساتید مجرب، محققین و دانشجویان عزیز در این کنگره باشکوه باشیم و باکمک خداوند منان این کنگره را به موفقیت و وحدتی بزرگ برای جامعه باکتری‌شناسی ایران تبدیل نماییم.

پیام دبیران اجرایی کنگره

دکتر یوسف یحیی پور، دکتر علی هاشمی

خداوند متعال را شاکریم که این فرصت را در اختیار ما قرار داد تا **چهارمین کنگره سراسری باکتری‌شناسی پزشکی ایران** را در دانشگاه علوم پزشکی بابل برگزار نماییم. کمیته اجرایی کنگره، با تیم حدود ۲۰ نفر برنامه هایی را سازماندهی نموده است که بتواند با ارائه کیفیت و میزبانی مطلوب، زمینه ای مناسب برای تبادل دانش و آموخته‌های نوین اساتید و دانشمندان عزیز کشورمان را در حوزه‌های مختلف علم باکتری شناسی پزشکی فراهم نماید. از مجموع حدود ۲۰۰ مقاله ارسال شده به دبیرخانه کنگره، ۱۷۷ مقاله به تفکیک با ۳۶ مقاله به عنوان سخنرانی و ۱۴۱ مقاله به صورت پوستر پذیرش شده و در ۱۲ بخش ارائه می گردند.

امیدواریم شاهد حضور اساتید مجرب، محققین و دانشجویان عزیز در این کنگره باشکوه باشیم و امید است باکمک خداوند منان و حضور پرشور تمامی عزیزان، این کنگره را به موفقیت و وحدتی بزرگ برای جامعه باکتری‌شناسی ایران تبدیل نمائیم. همچنین، از مشارکت فعال کلیه دانشگاه‌های علوم پزشکی کشور، معاونت‌های زیر مجموعه دانشگاه علوم پزشکی بابل و شرکت‌های فعال در زمینه‌ی محصولات و تجهیزات آزمایشگاهی برای حضورشان تقدیر بعمل می آید.

اعضای شورای سیاست گذاری کنگره

۱	دکتر پرویز اولیاء (رئیس شورای سیاست گذاری کنگره)
۲	دکتر عبدالعزیز رستگاری لاری
۳	دکتر محمدمهدی سلطان دلال
۴	دکتر یوسف یحیی پور
۵	دکتر مهدی رجب نیا
۶	دکتر محمدرضا پورشفیع
۷	دکتر کیومرث قاضی سعیدی
۸	دکتر رضا قدیمی
۹	دکتر محمدرضا حسنجانی روشن
۱۰	دکتر محمدرضا پورمند
۱۱	دکتر فاطمه فلاح
۱۲	دکتر علی هاشمی
۱۳	دکتر علی حبیب زاده بیژنی
۱۴	دکتر میترا براتی
۱۵	دکتر سینا حقانی فر

اعضای کمیته علمی

دکتر سهیل ابراهیم پور	دکتر ناصر بادامی	دکتر نیما حسینی‌جزئی	دکتر جواد شکری شیروانی
دکتر مرتضی ابراهیم زاده‌نامور	دکتر مانا بازی برون	دکتر محمدتقی حمیدیان	دکتر مهران شکری
دکتر علی احمدی	دکتر روناک بختیاری	دکتر آذردخت خسروی	دکتر راحله شیخی
دکتر عبداله اردبیلی	دکتر بیتا بخشی	دکتر احمد خورشیدی	دکتر محمدحسن شیرازی
دکتر محمد ارجمندزادگان	دکتر یعقوب براتچی	دکتر محمدباقر خلیلی	دکتر فرزین صادقی
دکتر سیدحسن اردهالی	دکتر میترا براتی	دکتر ابوالفضل داودآبادی	دکتر محمود صادقی
دکتر سیدمختار اسمعیل‌نژادگنجی	دکتر محمود برادران	دکتر ابراهیم ذبیحی	دکتر اسماعیل صائبی
دکتر اباذر اکبرزاده‌پاشا	دکتر رحیم براری سوادکوهی	دکتر سیدمظفر ربیعی	دکتر ملیحه طالبی
دکتر محسن امین	دکتر عزت اله بصیری	دکتر مهدی رجب‌نیا	دکتر مروت طاهری کلانی
دکتر زهره امین زاده	دکتر تهمینه بی آزار	دکتر محمدحسن رحمانی	دکتر حسن عابدی
دکتر کبری انتظامی	دکتر معصومه بیانی	دکتر عبدالعزیز رستگاری‌لاری	دکتر فرانک عالی‌نژاد
دکتر پرویز اولیاء	دکتر امید پژند بیرجندی	دکتر مهرناز رسولی‌نژاد	دکتر لیلا عظیمی
دکتر محمد آقازاده	دکتر محمدرضا پورشفیع	دکتر محمد رهبر	دکتر مجید علی‌پور
دکتر محمد آهنجانی	دکتر محمدرضا پورمند	دکتر یدااله زاهدپاشا	دکتر الهه فردوسی شاهاندشتی
دکتر سولماز اوحدیان	دکتر فاطمه توحیدی	دکتر هنگامه زندی	دکتر فاطمه فلاح
دکتر غلامرضا ایراجیان	دکتر علی جزایری	دکتر محمدحسین سالاری	دکتر فرشته فلاح
دکتر عباسعلی ایمانی‌فولادی	دکتر مصطفی جوانیان	دکتر محمدمهدی سلطان دلال	دکتر کیومرث قاضی سعیدی
دکتر عارفه بابازاده	دکتر محبوبه حاجی‌عبدالباقی	دکتر علی شا اکیا	دکتر عزت اله قائمی
دکتر فرهنگ بابامحمودی	دکتر محمدرضا حسنجانی‌روشن	دکتر حمید شافی	دکتر رضا قدیمی

دکتر جواد قناعت باجگیران
دکتر مهرداد کاشی‌فرد
دکتر محسن کرمی
دکتر حمیدرضا گلی
دکتر علی مجتهدی
دکتر طلعت مختاری‌آزاد
دکتر محمد مرادی
دکتر سیدمحمود امین‌مرعشی
دکتر اکبر میرصالحیان
دکتر سوسن نورالهدی مع‌الحق
دکتر محمد معتمدی‌فرد
دکتر علی اکبر مقدم‌نیا
دکتر محمود منادی
دکتر عمادالدین موعودی
دکتر زهرا مولانا
دکتر سعید مهدوی عمران
دکتر مهدی میرزائی
دکتر شیوا میرکلانتری
دکتر رضا میرنژاد
دکتر مجتبی موسویان
دکتر محبوبه نادری نسب
دکتر حسین نجف زاده ورزی

دکتر فرخ اکبری نخجوانی
دکتر محمدرضا نهایی
دکتر نوین نیک‌بخش
دکتر ایرج نیکوکار
دکتر علی هاشمی
دکتر زویا هژبری‌ماهانی
دکتر حمیدرضا هنرمند
دکتریوسف یحیی‌پور
دکتر سمیه یسلیانی‌فرد
دکتر سید اصغر هوایی

اعضای کمیته اجرایی

نام و نام خانوادگی	نوع فعالیت	نام و نام خانوادگی	نوع فعالیت
سمیرا طهماسبی‌پور	مدیر اجرایی کنگره	دکتر عارف هاشمی	رئیس روابط عمومی دانشگاه
مریم خلیل ارجمندی	کارشناس دبیرخانه کنگره	سمانه عبدالهاشم پور	کارشناس روابط عمومی
آی ناز خادمیان	کتابچه و برنامه	یدالله یدالله‌نیا	نماینده حراست
مقداد باقری	مسئول هماهنگی سخنرانان	عارفه خلچانی	مجری
معین شیرزاد	مسئول سایت کنگره	نازنین ضیائی	مسئول تغذیه
مرضیه آقایی نژاد	ثبت نام	سیدرضا حسینی	کارشناس تغذیه
فاطمه مرادیان	ثبت نام	محسن رضازاده	مسئول امور مالی
سمیه اولادی	مسئول پوستر	شهرام لطیفی	کارشناس امور مالی
زهرا رضاپور	مسئول پوستر	علی نیک‌خواه	کارپرداز
بهاره اسبکیان	مسئول آموزش مداوم	فتح الله مرادی	تیم اجرایی
محدثه شامخی	کارشناس آموزش مداوم	اباذر عموزاده	IT
ایمان حسن‌زاده	تیم اجرایی	ناصر حبیبی	سمعی بصری
امیرحسین حسن‌پور	تیم اجرایی	سیده امLیلا طاهری	صدور گواهی
سارا بتیار	تیم اجرایی	مفید آقاجانی	عکاسی و فیلمبرداری
محمدحسن محمدی	تیم اجرایی	عطیه آل‌احمد	مسئول غرفه
ارمین دوزنده جویباری	تیم اجرایی	احمد رستگار	نماینده انجمن باکتری‌شناسی
محمدامین حاجی‌اندواری	تیم اجرایی	سیامک حیدرزاده	نماینده انجمن باکتری‌شناسی
علی حاج حسینی	تیم اجرایی	زهرا جعفری	نماینده انجمن باکتری‌شناسی
رضا نعیمی	تیم اجرایی	الهام رضایی	نماینده انجمن باکتری‌شناسی
ابوالفضل رحمانی	تیم اجرایی	رضوان ابوالحسینی	تیم اجرایی
سعیده بابایی	تیم اجرایی	اشرف السادات موسوی	تیم اجرایی
صدف عبدی	تیم اجرایی	بشرا رضایی	تیم اجرایی
محمد صادق ملاتبار	تیم اجرایی	چنگیز خانلرزاده	خدمات
ساغر صابرآملی	تیم اجرایی	میثم اسدالله‌زاده	خدمات
مریم قوریانی	تیم اجرایی	محمدتقی بابایی	خدمات
فاطمه ایزدیان	تیم اجرایی	علی اسدالله زاده	خدمات
مهناز اسماعیلی	تیم اجرایی	سهیل ابراهیم پور	خدمات
میثم مقصودلو	تیم اجرایی	حسین حسن پور	خدمات
ارغوان زبردست	تیم اجرایی	یوسف محمدی	خدمات
سپیده زارعی	تیم اجرایی	عبدالله ملکی	نگهبان
زهرا بیکی	تیم اجرایی	سیدمحمد حسینی	نگهبان

مختار علیجانزاده	هماهنگی نقلیه	**حسن محمدیان**	نگهبان
آقای امیر عموزاده	مسئول خدمات	**رجب مولایی**	نگهبان
سیدمیرسعیدحسینی	نقلیه	**بهروز محسن زاده**	نگهبان
وحید علیجانزاده	نقلیه	**گلدسته غلامی نژاد**	تیم اجرایی
ملیحه زندنا	تیم اجرایی	**فاطمه میری**	تیم اجرایی

سازمان‌های برگزارکننده

- **دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی بابل**
- **انجمن باکتری شناسی پزشکی ایران**

همکاران:

پژوهشکده سلامت دانشگاه علوم پزشکی بابل	مرکز تحقیقات بیماری‌های عفونی و گرمسیری دانشگاه علوم پزشکی بابل	مرکز تحقیقات میکروب شناسی ملکولی دانشگاه شاهد
مرکز تحقیقات بهداشت باروری و ناباروری بابل	مرکز تحقیقات بیماری‌های غیرواگیر کودکان دانشگاه علوم پزشکی بابل	مرکز تحقیقات میکروبیولوژی مواد غذایی
کمیته تحقیقات دانشجویی دانشگاه بابل		

حامیان کنگره

شرکت رهپویان شریف	شرکت تکاپو طب	شرکت فنآوران میکروب شناسی راین
شرکت فرآورده‌های لبنی کاله آمل	آزمایشگاه پاتوبیولوژی مرکزی آمل	شرکت فرآورده‌های لبنی دوشه (هراز)آمل
آزمایشگاه تشخیص طبی عماد تهران	شرکت تکنولوژی آزمایشگاهی MT	آزمایشگاه تشخیص طبی ابن سینا بابل
آزمایشگاه تشخیص طبی یوسف آباد تهران	آزمایشگاه پاتوبیولوِی دکتر فیروزجاهی بابل	

خلاصه مقالات سخنرانی

O/بررسی مقاومت آنتی بیوتیکی ایزوله های لاکتوباسیلوس جدا شده از نمونه های عسل

الهه لشنی[۱]، ابوالفضل داودآبادی[۲]، محمد مهدی سلطان دلال*[۱]

۱. بخش میکروب شناسی مواد غذایی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران
۲. گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

*نویسنده مسوول: محمد مهدی سلطان دلال -msoltandallal@gmail.com-

سابقه و هدف: لاکتوباسیلوس ها را در انواع غذاهای تخمیری، گیاهان، عسل و گوارش انسان وجود دارند. برخی از این لاکتوباسیلوس ها خواص پروپیوتیکی دارند. باکتری های پروبیوتیک نباید حاوی ژن مقاومت آنتی بیوتیکی قابل انتقال به سایر باکتری ها باشند. هدف از این مطالعه جداسازی و بررسی مقاومت آنتی بیوتیکی ایزوله های لاکتوباسیلوس جدا شده از نمونه های عسل می باشد.

مواد و روش ها: تعداد ۸۸ نمونه عسل طبیعی مختلف از مناطق مختلف کشور به ویژه مناطق جنگلی و کوهی استان مازندران جمع آوری شد. نمونه ها بر روی MRS آگار کشت داده شدند. باسیل های گرم مثبت کاتالاز منفی به روش آنالیز توالی ژن 16 s rDNA در حد گونه شناسایی شدند. تست میزان مقاومت به آنتی بیوتیک ها به روش انتشار از دیسک بر روی محیط مولر هینتون آگار حاوی ۱۰٪ MRS آگار برای همه ایزوله ها انجام گرفت.

یافته ها: سی و نه ایزوله لاکتوباسیلوس شناسایی شد. بیشترین مقاومت آنتی بیوتیکی به ترتیب نسبت به ونکومایسین (۱۰۰٪)، نالیدیکسیک اسید (۱۰۰٪)، کوتریموکسازول (۹۷/۴۳٪)، استرپتومایسین (۹۷/۴۳٪)، سیپروفلوکساسین (۹۲/۳۰٪)، جنتامایسین (۸۲/۰۵٪) تتراسایکلین (۵۳/۸۴٪) و همچنین کمترین مقاومت آنتی بیوتیکی به ترتیب نسبت به آمپی سیلین (صفر درصد)، اریترومایسین (صفر درصد) و سفوتاکسیم (۷/۶۹٪) دیده شد.

نتیجه گیری: لاکتوباسیلوس ها نسبت به بعضی از آنتی بیوتیک ها مانند ونکومایسین و آمینوگلیکوزیدها ذاتاً مقاومت دارند (ژن مقاومت کروموزومی) بنابراین نگرانی از نظر انتقال ژن مقاومت وجود ندارد، اما این نگرانی در مورد سایر آنتی بیوتیک ها وجود دارد.

واژگان کلیدی: لاکتوباسیلوس، عسل، مقاومت آنتی بیوتیکی

O/ Mutation in the quinolone-resistance-determining regions important mechanisms for fluoroquinolone resistance in *Shigella* strains

Sajad Yaghoubi[1], Reza Ranjbar[2], Mohammad Mehdi Soltan Dallal[1, 3*], Mohammad Hasan Shirazi[1]

1-Division of Microbiology, Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.
2-Molecular Biology Research Center, Baqiyatallah University of Medical Sciences, Tehran, Iran
3-Food Microbiology Research Center, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.

*** Correspondence**: Pro. Mohammad Mehdi Soltan Dallal-E-mail: msoltandallal@gmail.com.

Background and Aim: Shigellosis is a serious public health problem and is a common cause of foodborne diseases. Emergence of fluoroquinolone resistance *Shigella* isolates in many areas of the world are increasingly prevalent, particularly in Asia. The purpose of this study was to survey mutations in the quinolone-resistance-determining region (QRDR) of *gyrA* and *parC* genes in *Shigella* isolates.

Methods: Minimum inhibitory concentrations (MICs) of Ciprofloxacin and Nalidoxic acid in *shigella* isolates were assessed by agar dilution assay. DNA sequences of the QRDR of *gyrA* and *parC* were determined by sequencing methods.

Results: Mutations in the *gyrA* gene were identified in 28 (37.3%) of the isolates. There were 3 types of mutations found in the QRDR of *gyrA*: 25 isolates (33.3%, n= 75) had S83L, while 3 isolates, (4%) had D87Y and D87A mutations. Single mutations in *parC* (S80I) were observed with the concurrent presence of a *gyrA* mutation.

Conclusions: Point mutations at codon Ser83 in the *gyrA* gene were the most common in the FQ-resistant *Shigella*. High-level FQ resistance observed due to chromosomal point mutations in the QRDRs of *gyrA* and *parC*. This study showed that there was a significant increase in mutation rates of the QRDR and the resistant rates to ciprofloxacin and Nalidoxic acid.

Keywords: *Shigella*, QRDR, Ciprofloxacin, Nalidoxic acid

O/ Evaluate the relationship between clinical symptoms and isolation of fastidious bacteria in urine samples of elderly women

Najmousaddat Mousavi[1*]

1 Department of Medical Basic Sciences, University of Social Welfare and Rehabilitation Sciences, Tehran, Iran

soleimanii.maryam@gmail.com

Background and Aim*:* The aim of this study was to use the method of fastidious bacteria isolation in the urine samples of elderly women that the results of conventional culture were negative, however; patients having infection symptoms, implement effective diagnosis and treatment.

Methods*:* This study was conducted in Imam Khomeini Hospital and the fastidious bacteria from urine samples of 1075 women older than 60 years were isolated and identified. Developing changes in culture media and incubation conditions and gases levels led to isolate fastidious bacteria. Additionally, the number of leukocytes in the initial sample was used to determine the presence of pus in the urine and medical records were studied to determine the symptoms and the use of antibiotics while in the end, all the results were matched and evaluated with the control group.

Results: After overnight aerobic culturing of 1075 urine samples, 383 cases were positive, 99 cases had low counting, 159 cases were mixed, and 434 cases were negative. Among 434 negative cases obtained from these methods, and using fastidious bacteria, in this study, 147 subjects contained Fastidious bacterial that more than 50% of them were associated with infection symptoms that indicate a significant difference.

Conclusion*:* For the isolation and detection of urinary tract infections in elderly women patients that their aerobic and night culture results were negative especially if it was associated with the presence of symptoms, therefore culturing the samples in additional and selective environments with changes in the incubation conditions is necessary in order to isolate bacteria.

Keywords*:* Urinary tract infection, fastidious bacteria – Isolation, Elderly women

O/ Antibiotic resistance and phenotype and genotype of AmpC beta-lactamases among Klebsiella pneumoniae isolates from Kermanshah medical centers

alisha akya*[1], azam elahi2, roya chegene lorestani2

1. Associated prof. of Medical Microbiology Nosocomial Infection Research Center, Faculty of Medicine, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran akya359@yahoo.com
2. MSC Nosocomial Infection Research Center, Faculty of Medicine, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

Background and Aim: Acquiring AmpC β-lactamase by *Klebsiella pneumoniae* is a key factor for β-lactam resistance. This study aimed to determine the antibiotic resistance, phenotypic frequency of AmpC and associated genes in *K. pneumoniae* isolated from Kermanshah medical centers.

Methods: 70 isolates of *K. pneumoniae* were identified from different clinical samples from three hospitals and one laboratory in Kermanshah. Antimicrobial susceptibility test using disk diffusion and AmpC phenotypic screening test using boronic acid combination method were performed. After bacterial genome extraction, AmpC genes were identified by multiplex PCR method.

Results: Resistance to third generation cephalosporins was 70%, as well as resistance to aztreonam was 65%. The highest and the lowest resistance was for ampicillin (98.5%) and carbapenems (less than 10%), respectively. The 27.1% of the isolates were phenotypically ampC-producer. A highest percentage of isolates from infectious ward and intensive care unit (ICU) was AmpC producer. The frequency of MOX, CIT, FOX, DHA genes was 11.4%, 10%, 2.8% and 1.4%, respectively. However, the EBC and ACC genes were not found in any of the isolates.

Conclusion: The results of this study showed that phenotypic tests alone are not accurate in the evaluation of AmpC enzymes and simultaneously use of genotypic methods is necessary. The prevalence of AmpC genes of *K. pneumoniae* isolates is relatively high in Kermanshah hospitals, especially in infectious ward and ICU, and the MOX and CIT genes are the most frequent. These results indicate the importance of extending this class of β-lactamase enzymes in *K. pneumoniae*.

Keywords: Klebsiella pneumoniae, Boronic acid, AmpC

O/ Antimicrobial resistance and molecular typing of uropathogenic Escherichia coli strains

Masoomeh amini[1], reza Ranjbar[2]

1-Ph.D student In Medical Bacteriology, Tehran University of Medical Sciences dr_m_amini81@yahoo.com,

2-Molecular Biology Research Center, Baqiyatallah University of Medical Sciences

Background and Aim: Uropathogenic *Escherichia coli* (UPEC) is one of the most important etiologic agent of urinary tract infection (UTI). The aim of this study was to investigate the antibiotic resistance virulence genes and molecular types of UPEC isolates recovered from the patients admitted to baqiyatallah Hospital.

Methods: Biochemical and standard microbiological techniques were used to identify *E.coli* from urine samples collected from hospitalized patients with UTI in Baqiyatallah Hospital in 2014. Their resistance to antibiotics was determined according to CLSI guidelines. The frequency of virulence genes and molecular types were studied by PCR

Results: From 150 urine samples, 100 uropathogenic *E.coli* strains were isolated and included in the study. Antibiogram showed that all isolates were resistance to at least one antibiotic and 80 isolates (80%) were multi-resistant. antibiotic. Resistance for isolated bacteria were: %8 to amikacin, %19 to gentamicin, %34 to ciprofloxacin, %65 to nalidixic acid, and %10 to nitrofurantoin. Pap was as the most prevalent virulence gene. The UPEC strains were classified into six molecular clusters.

Conclusion:In exception of nalidixic acid, low prevalence of resistance was seen against most commonly used antibiotics in UPEC isolates. Molecular typing showed that uropathogenic *E.coli* strains under this study belonged to different genotypic clusters

Keywords: Uropathogenic Escherichia coli| Urinary tract infection| Antibiotic Resistance| Molecular typin

O/ The role of MexAB-OprM and MexXY-OprM efflux pumps and class 1 integrons in antibiotic resistance of *Pseudomonas aeruginosa* in burn and ICU isolates

[1]Leila Ahmadian, [1*]Hamid Reza Goli, [1]Bahman Mirzaei, [1]Sara Bahonar

Department of Medical Microbiology and Virology, Faculty of medicine, Mazandaran University of Medical Science.

Correspondence: Hamid Reza Goli –Email: goli59@gmail.com-

Background and Aim: The present study evaluated the role of MexAB-OprM and MexXY-OprM efflux pumps and class 1 integrons in resistance to antibiotics in burn and Intensive Care Unit (ICU) isolates of *Pseudomonas aeruginosa*.

Methods: Fifteen burn and forty-two ICU isolates were obtained from four hospitals in Northwest Iran. The isolates were identified and evaluated by the disk diffusion and agar dilution methods for determining antibiotic resistances. The presence of class 1 integrons and associated resistance gene cassettes were detected by PCR and sequencing of the products. The expression levels of efflux pumps were evaluated by phenotypic and genotypic (Quantitative Real-time PCR) methods. The isolates were genotyped by Random Amplified Polymorphic DNA Typing (RAPD-PCR).

Results: All burn isolates were integron positive and Multi-drug resistant (MDR), while 78.5% and 69% of ICU isolates were found as MDR and integron positive, respectively. The *aad*B gene was the most prevalent gene cassette (63.6%) followed by *aac*A4 (47.7%). Thirty-nine (68.4%) and 43 (75.4%) isolates exhibited an overexpression of MexAB-OprM and MexXY-OprM. Among burn isolates, 80% and 86.6% of them were *mexB* and *mexY* overexpressed, while 64.2% and 71.4% of ICU isolates exhibited *mexB* and *mexY* overexpression, correspondingly. The isolates were genotyped as 24 different RAPD profiles and were grouped into 15 clusters.

Conclusions: Class 1 integron had a more significant role than efflux pumps in resistance to beta-lactams and aminoglycosides in burn and ICUs except for gentamicin in burn isolates. Based on our data, efflux pumps were not the main cause of high-level resistance to antibiotics.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, efflux pumps, class 1 integrons, antibiotic resistance

O/ Isolation of Lytic Bacteriophage and Evaluation of Its Efficiency to Reduce *Salmonella* In Vitro conditions

Mohammad reza Esmaeil zadeh[1*], Zahra Rajabi[2], Mohammad Mehdi Soltan dallal[1, 2]

1. Division of Food Microbiology, Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Iran

2. Food Microbiology Research Center, Tehran University of Medical Sciences, Iran

Correspondence*: Mohammad Reza Esmaeil Zadeh –Email: mamaz_blackrose@yahoo.com

Background and Aim: Salmonellosis is an infectious disease that is often transmitted through contaminated foods, in particular products of meat origin, and presents many problems in response to common antibiotic treatments. Therefore, alternative methods for reducing antibiotic resistance are essential.

Bacteriophages, or phages, are viruses that attack bacteria and kill them. The use of bacteriophages due to their highly specialized function is one of the new approaches in this field.

Methods: Standard strains of *Salmonella* (*enteritidis*, *typhimurium* and *infantis*) were extracted from the Faculty of Veterinary Medicine, University of Tehran, and their specific bacteriophages were isolated using soft agar method. Evaluation of lytic efficacy in different bacteriophage titers against *Salmonella* was performed.

Results: Particular plaques of bacteriophages isolated from *salmonella* were specific to each *salmonella*, and had no lytic performance against other *salmonella* and other intestinal pathogenic bacteria.

Conclusion: Overall, given the increasing prevalence of antibiotic resistance among *salmonella* and the concern about treatment, in the future, this phage can be well used to control the disease and prevent it.

Keywords*: Salmonella*, Bacteriophage, Salmonellosis.

O/ Identification of Oral strains of Lactobacillus.species in patients with chronic periodontitis and healthy individuals

Tahereh sheshpari*

master student From Alborz Medical School

Correspondence*: tahereh sheshpar-Email: tata.sh800gmail.com.Tel:+982130746551

Background and Aim: Chronic periodontitis has been defined as an infectious disease resulting in inflammation within the supporting tissues of teeth, progressive attachment, and bone loss. The etiology is clearly bacterial and a number of putative bacterial pathogens have been associated with the disease.

The oral cavity in healthy subjects has a well balanced microbiota that consists more than 700 species. However each disorderliness in oral microbiota balance resultin increase of adverse microbes and decline of useful microbes, causes oral disorder such as periodontitis disease, dental caries.

Bacterotherapy new methods is an alternative, promising way to overcome the infection by using useful bacteria to displace pathogenic bateria.that cause of regulating oral microbiota also elimination pathogen bacteria and assistance to dental mouth health. Lactobacillus as a member of probiotics can use for therapeutic action.

Methods: Identification of oral strains lactobacillus.spp in periodotitis, healthy subjects by cultivation, molecular techniques and was evaluated their antibacterial activity against mouth pathogens by radial diffution assay, cell culture method for adhesion activity.

Result: Was recognized 8 oral Lactobacillus.spp , reducing their percentage in periodontitis persons , their adhesion activity to gingival ,tangue epithelial cells in some strains , antimicrobial activity against oral pathogens was observed.

Conclusion: The transit time of foods is shorter inoral cavity than other areas of digestive tract. Oral bacteria are transferred to stomach together with saliva, which is secreted in large volumes. Therefore, oral probiotics must have potential to adhere to oral tissues

Keywords: Chronic periodontitis disease, microbiota, oral probiotics, lactobacillus

O/ Phenotypic and Genotypic investigation of Lactobacillus spp Isolated from breast milk

Miss Fahimeh Mohammadi[1*], Dr. Malihe Talebi[2]

1- Master medical microbiology department, Iran university of medical science -Iran university of medical science, Hemat highway, Tehran, Iran.

2- Professor medical microbiology department, Iran university of medical science -Iran university of medical science, Hemat highway, Tehran, Iran.

Correspondence*: Fahimeh Mohammadi-Email: f.mohammadi13670@gmail.com

Background and Aim: However, it had been presumed to be germ-free, human milk now believed to contain many bacteria including (LAB) which are non-pathogenic, anaerobic, gram positive bacteria, which are members of the commensal microorganisms. Some of these LABs shows the probiotic potential that may play a significant role in infant's health. One of the most important genera of probiotic bacteria found in milk is Lactobacillus. The aim of the present study was to further analysis of Lactobacilli present in human milk.

Methods: 60 milk samples were collected and cultured on MRS agar. The identity of isolates was further inspected using Gram staining and PCR reaction. The potential probiotic capacity was analyzed by the ability of the strains to withstand bile salt and acidic condition. Moreover, pathogen antagonistic effect of the isolates was assessed using agar spot test on seven prominent bacterial pathogens. To determine the nature of the pathogen killing mechanism of the isolated Cell free suspension was subjected to proteolytic enzymes, catalase enzyme and Neutralizing by NaOH.

Results: 927 bacterial colonies isolated from milk samples. 33 Out of 203 randomly-picked colonies were immune to acidic condition and Bile salt.18 of these isolates were proved to Lactobacillus genus. Most of the isolated Lactobacilli were able to prevent the growth of pathogens. A major percentage of these isolated prevented the growth of the pathogen by producing organic acid and H_2O_2.

Conclusion: Consequently, these study suggests that human milk contains potential probiotic which may play a major role in infant's health.

Keywords: Human milk, Probiotic, Lactobacillus, Bacteriocin

O/ Comparison of caries related salivary microorganism and salivary characteristic in acute lymphoblastic leukemia and healthy children

Effat Abbasi Montazeri[1*], Leila Basir[2], Kave Jaseb[3], Fahimeh Gholami Mandali [4], Tahere Abaforoush[4].

1-PhD-Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Science. Ahvaz, Iran
2- Dentist, Ahvaz, Iran Assistant professor, Department of Pediatrics. Ahvaz Jundishapur University of Medical Science. Ahvaz, Iran
3- Assistant professor Assistant professor, Department of Hamatology and Onchology. Ahvaz Jundishapur University of Medical Science
4- Dentist Dentist, Ahvaz, Iran -Dentist, Ahvaz, Iran.

Correspondence*:Effat Abbasi Montazer- Email:ea1347@yahoo.com

Background and Aim: Acute Leukemia is reported the most current virulence among children and the main cause of 1/3 of all childhood virulence; about 80% of them are Lymphocytic. Tooth Caries is an infection disease with multi-factorial etiology. The process of caries development is already unknown, but it can be measured by dynamic balance between pathologic factors (Acidogenic Bacteria, Salivary function depletion). The main goal of current study was to evaluate the caries activity and count of bacteria in ALL children undergoing maintenance stage chemotherapy courses.

Methods: This study is an observational and explicit kind. In current study, twenty-seven children who were suffering ALL have been examined; all of them were under maintenance stagechemotherapy and aged between 4 and 12 years. The control group was selected based on age, gender and cultural/ economic conditions. These children received only a clinical dental examination without radiographs. After oral examination, stimulated saliva samples were collected from subjects to evaluate the salivary microorganisms including streptococcus mutans and lactobacilli counts, and salivary rate and pH.

Result: Obtained results show the salivary Streptococcus mutans counts in ALL children were Significantly higher than control group ($p<0.001$). Lactobacilli counts, salivary pH and DMFT were similar in both groups ($p>0.05$). Also, the ALL group tended to have lower salivary flow rate than healthy subjects ($p<0.05$).

Conclusion: Specific oral prevention regimes ought to be planned with more cautions for children suffered hematology illness undergoing antineoplastic therapy with respect to healthy children (children without blood problems).

Keywords: Acute lymphoblastic leukemia, DMFT, Streptococcus mutans, Lactobacilli, Salivary pH, salivary flow rate.

O/ Genetic diversity and virulence genes of *Salmonella enterica* subspecies *enterica* serotype Enteritidis isolated from meats and eggs

Fatemeh Fardsanei [1*], Mohammad Mehdi Soltan Dallal[1,2], Masoumeh Douraghi [1], Taghi Zahraei Salehi [3], Bita Bakhshi [4], Farhad Nikkhahi [1]

1- Division of Microbiology, Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Science, Tehran, Iran.

2-Food Microbiology Research Centre, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.

3-Department of Microbiology, Faculty of Veterinary Medicine, University of Tehran. Iran.

4-Department of Bacteriology, Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University.

Correspondence *: Fatemeh Fardsanei-Email: Atefeh_fardsanei@yahoo.com.

Background and Aim: *Salmonella enterica* subspecies *enterica* serotype Enteritidis (*S.* Enteritidis) is one of the leading causes of food-borne gastroenteritis associated with the consumption of contaminated food products of animal origin. Little is known about the genetic diversity and virulence content of *S.* Enteritidis isolated from poultry meats and eggs in Iran.

Methods: A total of 34 *S.* Enteritidis strains were collected from different food sources of animal origin in Tehran from May 2015 to July 2016. The isolates were serotyped, antimicrobial susceptibility tested, and characterized for virulence genes. Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) was also applied for comparison of genetic relatedness.

Results: All of the isolates harbored *invA*, *hilA*, *ssaA*, *sefA*, *spvC*, and *sipA* genes. A high prevalence of resistance against certain antibiotics such as cefuroxime (79.4%), nalidixic acid (47%), and ciprofloxacin (44.2%) was also observed. Regarding PFGE, *S.* Enteritidis strains from different sources showed considerable overlap, suggesting the lack of diversity among these isolates. Moreover, no correlation between virulence profiles or antibiotypes and PFGE clusters was observed.

Conclusion: Our study provided valuable information on virulence gene content, antibiotic resistance, and genetic diversity of *S.* Enteritidis isolated from food sources. In general, the great percentage of virulence genes in these studies highlights the pathogenic potential of these isolates, which may play an important role in causing human salmonellosis. Moreover, we showed that *S.* Enteritidis isolates were derived from a limited number of clones that undergo minor genetic changes in course of time.

Keywords: *Salmonella enterica* serotype Enteritidis, virulence genes, poultry, eggs, PFGE.

O/ Identification and genotyping of *Helicobacter pylori* in gastric biopsy and dental plaque specimens of patients with dyspepsia in Ahvaz, Iran.

Mojtaba Moosavian[1*], Elyas Kooshki[2], Tahereh Navidifar [3], Eskandar Hajiani[4], Mahsa Saeedian[5]

1- Professor Infectious and Tropical Diseases Research Center, Health Research Institute, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran - - Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran -
2- MSc Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran- Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran .
3-Ph.D Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran - - Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran.
4- Professor Ahwaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahwaz, Iran - Division of Gastroenterology and Hepatology, Department of Internal Medicine, Ahwaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahwaz, Iran .
5- Dentist Ahwaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahwaz, Iran - Department of Periodontology, School of Dentistry, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran

Correspondence *: Mojtaba Moosavian-Email: moosavian_m@yahoo.com.

Background and Aim: *Helicobacter pylori* is a bacterium responsible for one of the most prevalent infections found in humans worldwide. The aim of this study was identification and genotyping of *H. pylori* in gastric biopsy and dental plaque specimens of examined patients with dyspepsia.

Methods: This study was conducted on 106 patients with dyspepsia (ulcer). Gastric biopsy and dental plaque specimens were collected from each patient. For primary confirmation of the bacterium, the rapid urease test and then DNA extraction and PCR-RFLP test were performed for detection of *Vac* A, *Cag* A and *Ure* AB *H. pylori* genes. The $P \leq 0.05$ was considered as statistically significant level.

Results: The rapid urease test showed that 56 cases (52.8%) from 106 patients were positive for *H. pylori*. The results also showed that 52.8% of gastric biopsies were positive for *16S rRNA* and *ure*AB and 33% for *Vac* A and *Cag* A genes. Examination of dental plaque samples showed that 17.92% of specimens were positive for *16S rRNA*, 15.09% for *Vac* A, 11.3% *Cag* A and 17.92% for *ure*AB genes. Comparison of finger prints resulted from enzyme digestion of triple genes in gastric biopsy and dental plaque samples also showed that restriction enzyme patterns are the same and no significant differences were found ($P \geq 0.05$).

Conclusion*:* The results of this study showed that frequency and genetic diversity of *ure*AB gene in *H. pylori* isolates were higher than the other genes. Under consideration of *ure*AB gene beside *vac*A gene, we probably could find significant clinical relation.

Keywords*:* *Helicobacter pylori*, dyspepsia, PCR-RFLP

O/ Investigating the causes of pneumonia resistant to outpatient treatment, using multiplex real time PCR method

Masood Ziaee*[1], Davod Javanmard[2], Mohammad Fereidouni[3], Mahmood Zardast[4], Sina Fazeli[5]

1- Dr. Specialist medicin Doctor Infectious Diseases Research Center, Birjand University of Medical Sciences, Birjand, Iran - Birjand University of Medical Sciences.

2 - Ph.D Infectious Diseases Research Center, Birjand University of Medical Sciences, Birjand, Iran- Birjand University of Medical Sciences .

3- MD. Ph.D Asthma, Allergy & Immunology Research Center Birjand University of Medical Sciences, Birjand, Iran - Birjand University of Medical Sciences.

4- Dr.Specialist medicin Doctor Infectious Diseases Research Center, Birjand University of Medical Sciences, Birjand, Iran - - Birjand University of Medical Sciences.

5-Student Infectious Diseases Research Center, Birjand University of Medical Sciences, Birjand, Iran -Birjand University of Medical Science.

Correspondence *:Dr. Masood Ziaee.Email: dr.m.ziaee@gmail.com.

Background and Aim: Diagnosis of infectious agents based on conventional techniques has challenges such long time of detection and negative results. Regarding large number of patients with pneumonia resistant to treatment this study aimed to evaluate the causes of pneumonia in the city of Birjand.

Methods: Fifteen patients with pneumonia resistant to outpatient treatment were randomly selected. A questionnaire including demographic and clinical data has been completed. The sputum specimens were subjected for extraction of DNA then analyzed with multiplex real time PCR. Factors involved in community acquired pneumonia (CAP) and hospital acquired pneumonia (HAP) were assessed in just one reaction.

Results: The mean age of patients was 51 years; 46% were male and 54% female. The average length of hospitalization was 5 days. Mycoplasma pneumonia was the most detected organism from sputum specimens (40%). The other organisms including Klebsiella pneumoniae (20%), Staphylococcus aureu (13%), Pseudomonas aeruginosa (13%), Haemophilus influenzae and Moraxella catarrhalis each one 7% have been also detected. The most commonly used antibiotic before hospitalization was azithromycin. The best therapeutic response was achieved with co-administration of levofloxacin and ceftirexone.

Conclusion: Mycoplasma pneumonia was mostly detected and regarding primary response to macrolides had an appropriate response to respiratory fluoroquinolones. Increasing of resistance to macrolides in atypical pneumonia should be considered. The performed technique in addition to shortening the diagnostic time and saving costs has determined the protocol of treatment. This method can be used in other cases such sepsis.

Keywords: atypical pneumonia, multiple PCR, macrolides, respiratory fluoroquinolones.

O/ Comparison of PCR and Culture Methods for Diagnosis of *Arcobacter* species in Diarrhoeal Faeces

Sara Khalili[1*], Majid Akbari[2], Mohammad Arjomandzadeghan[3]fahimeh azizi[1]

1- Master Degree, Medical Microbiology, Arak University of Medical Sciences, Iran, Arak.

2- Ph.D, Assistant Professor, Medical Microbiology, Arak University of Medical Sciences, Iran, Arak.

3- Ph.D, Associate Professor, Medical Microbiology Arak University of Medical Sciences, Iran, Arak.

Correspondence *: Sara Khalili-Email: sarakhalili89@yahoo.com.

Background and Aim: The aim of this study was to determine the prevalence of *Arcobacter* spp. from diarrheal cases referred to clinical centers in Arak, Iran. This study evaluated the prevalence of *Arcobacter* in stool samples by using cultural and molecular techniques.

Methods: The samples were examined by culture as well as PCR was performed directly for each stool samples. The samples were cultured by membrane filtration method and subjected to DNA extraction and PCR assay. Phenotypic tests, a genus specific PCR and a multiplex PCR were used to identify the *Arcobacter*.

Results: Out of 230 samples examined, 20 samples (8.69%) were positive by cultural method, and 44 samples (19.13%) were positive in the PCR Method including 20 of the culture-positive samples. Positive cultures samples were confirmed by PCR. Among these, *A.butzleri* was more frequently detected than *A.cryaerophilus* and *A.skirrowii*.

Conclusions: This is the first study in Iran to isolation of *Arcobacters* from gastroenteritis in human, which indicates *Arcobacter* cause the proportion of cases of diarrhea in human's resident. According to these results, it is recommended that, *Arcobacter* spp. will also be considered in the etiology of gastrointestinal infections in humans.

Keywords: Watery diarrhea, *Arcobacter*, PCR, Prevalence.

O/ Identification of Tigecycline and Vancomycin Resistant Staphylococcus aureus strains among UTI patients

Masoud Yousefi[1], Fatemeh Fallah[2], Mohammad Reza Pourmand[3]*, Ali Hashemi[2], Gholamreza Pourmand[4], Ali Nazari Alam[5].

[1] Department of Microbiology, School of Medicine, Birjand University of Medical Sciences, Birjand, Iran.
[2] Department of Microbiology, School of Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran.
[3] Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.
[4] Urology Research Center, Sina Hospital, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.
[5] Department of Microbiology, School of Medicine, Kashan University of Medical Sciences, Kashan,

IranCorrespondence ***:** Email: masoud.yousefi@bums.ac.ir

Background and Aim: Methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA) is one of the major causes of nosocomial and community acquired infections worldwide. Although S. aureus accounts for UTI rarely, untreated UTI can lead to several complications. Vancomycin has been used for decades in the treatment of MRSA infections. This study aims to determine the in vitro activity of vancomycin, tigecycline, linezolid and quinupristin/dalfopristin against MRSA strains isolated from UTI patients.

Methods: A total of 30 MRSA strains were collected from patients with UTI. The antibiotic susceptibility patterns of the strains were determined by the Kirby-Bauer disk-diffusion and broth microdilution methods. PCR assays were used to detect the vanA gene from the MRSA strains that were confirmed vancomycin resistant using the broth microdilution method.

Results: This study demonstrated that the MRSA strains were 100 % each susceptible to linezolid and quinupristin/dalfopristin while 93.3 % each susceptible to vancomycin and tigecycline. The broth microdilution method confirmed two MRSA strains (6.6%) to be resistant to vancomycin and tigecycline. The vancomycin resistance was further confirmed by identifying vanA gene using PCR amplification.

Conclusion: The study identified VRSA strains among UTI patients. This resistance to vancomycin among the MRSA poses a challenge in managing S. aureus infections. This condition suggests the need for alternative therapy use such as linezolid and quinupristin/dalfopristin.

Keywords: Methicillin-resistant Staphylococcus aureus, Vancomycin, Tigecycline, Antibiotic resistance, vanA gene.

O/ Collateral sensitivity between aminoglycosides and beta-lactam antibiotics

Leila Azimi *[1], Ahmad Rategar Lari [2], Abdolaziz Rastegar Lari[3]

1-Ph.Dassistance professor. Pediatric Infections Research Center, Mofid Childeren Hospital, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Teharn, Iran. Pediatric Infections Research Center, Mofid Childeren Hospital, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Teharn, Iran

2- M.D. student Student Research Committee, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz, Iran - - Student Research Committee, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz, Iran

3-Professor Department of Microbiology. Iran University of Medical Sciences, Tehran, Iran - - Department of Microbiology. Iran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.

Correspondence*: leilaazimi1982@gmail.com:

Background and Aim: Increasing of antibiotic resistance is one the important problem word wide. Discovered and introduced new antibiotics could solve this problem because resistance to them have been observed rapidly. So, it does not have economical explanation. In this regards, scientific try to face with this global problem by purpose other ways. Selection inversion is the hypothesis for inhibit the antibiotic resistant bacteria and collateral sensitivity is one of the purposed phenomenon for achievement of this hypothesis. Presence of collateral sensitivity between aminoglycoside and beta-lactam antibiotics related to proton motivation pump is one of the examples of collateral sensitivity in some studies. The aim of this study was to prove that collateral sensitivity between aminoglycoside and beta-lactam antibiotics related to proton motivation pump is not true in all cases.

Methods: in this study 50 *Pseudomonas aeruginosa* have been surveyed. Gentamicin and imipenem resistant strains confirmed by disc diffusion method. Active proton motivation pumps have been detected by CCCP as a general efflux pumps inhibitor.

Results: Thirty- eight and 39 out of 50 strains were resistant to gentamycine and imipenem according to antibiotic susceptibility testing, respectively. Thirty-seven strains were resistant to both of tested antibiotics. The results of proton pump inhibitor test showed the presence of active proton motivation pump in 11 out of 37 imipenem and gentamicin resistant isolates.

Discussion: the collateral sensitivity effect cannot explain this phenomenon and active and/or inactive proton pump in sensitive and resistance gentamicine strains cannot be a suitable example for explanation of collateral sensitivity.

Keywords: collateral sensitivity, antibiotic resistance, aminoglycoside, beta-lactam antibiotics

O/ Molecular characteristics and antibiotic resistance pattern of *Staphylococcus aureus* nasal carriage in tertiary care hospitals of Isfahan, Iran

Mehrdad Halaji[1], Seyed Asghar Havaei[2], Malihe Karimi[2], Bahram Nasr Esfahani[2]

1. Student Research Center, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

2. Department of Microbiology, School of Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran;

Background and Aim: Carriage of *S. aureus* in the anterior nares seems to play a significant role in the pathogenesis of infection. This study aimed to determine the molecular characteristics and antibiotic susceptibility pattern of *S. aureus* isolates obtained from the nasal carriage of health care workers (HCWs).

Methods: This study was performed during July 2014 to July 2015 at three tertiary care hospitals. Nasal samples were collected from the nasal cavity of HCWs. Standard microbiological methods were used for identification of *S. aureus* isolates. Antibiotic susceptibility pattern was determined by the disc diffusion method. Determination of SCC*mec* typing and virulence genes was performed by the PCR method.

Results: From the isolates of 340 nasal swab samples of HCWs, 65 *S aureus* strains (19%) including 22 (33.8%) MRSA were isolated. The highest sensitivity for MRSA isolates was towards vancomycin and rifampicin, each with 90.9%. Overall, 17% (11/65) and 92.3% (60/65) of *S. aureus* isolates were positive for *pvl* and *hla* genes, respectively. The rates of SCC*mec* types II, III, IV, V and I among MRSA isolates were 36.4%, 22.7%, and 22. %, 9.1% and 4.5% respectively.

Conclusion: The results of the present study indicate that *S. aureus* nasal carriage with potential virulence ability still remains a significant healthcare problem, especially in hospital environments.

Keywords: antibiotic resistance, Panton-Valentine Leukocidin, MRSA, nasal carriage, SCC*mec* typing.

O/ Frequency of Ciprofloxacin Resistance in *Shigella* Serogroup by PCR in Food-Borne Diseases Samples

Zahra Rajabi [1, 2], Ruogeen ghahramani [1], Sepideh Fereshte [1], Mohammad Mehdi Soltan Dallal [1, 3*]

1. Food Microbiology Research Center, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran,Iran
2. Microbiology department, Faculty of Biological Sciences , Alzahra University , Tehran, Iran
3. Division of Microbiology, Depatrrtment of Pathobiology, School of Public Health, Tehran Univarsity of Medical Sciences, Tehran, Iran.

Corresponding Auteur: Mohammad Mehdi Soltan Dallal, msoltandallal@gmail.com ,

Background and Aim: Increasing resistance to antibiotics among the pathogens that cause foodborne diseases, is seen as one of the most widespread and growing problems in human societies. *Shigella* is one of the important pathogens in this diseases. Therefore, the aim of study is the frequency of resistance to ciprofloxacin in *Shigella* serogroup by PCR method in samples from foodborne disease.

Method: This is a descriptive study, in total 1012 fecal swab samples from 239 outbreaks during 1394 and 1395, was done. *Shigella* isolates are confirmed genetically after confirmation by phenotypes, resistance to ciprofloxacin was investigated by disc diffusion method and PCR test.

Result: 40 % of the food outbreak occurred in 1394 and in the summer. 29 isolates of *Shigella* were obtained from the samples, which included only *Shigella sonnei* and *Shigella flexneri*. In this case, 3.4% of the isolates were resistant to ciprofloxacin.

Conclusion: The knowledge of bacterial agent of food born disease and determinationof antimicrobial resistance pattern are helpful to reduce the rate of foodborne outbreak and the cost of treatment.

Keywords: Shigella, Food Outbreaks, Antimicrobial Resistance ciprofloxacin

O/ A novel HRM assay for differential identification of Mycobacterial species

Mohammad Hashemzadeh[1]*, Azar Dokht Khosravi[2], Abdolrazagh Hashemi[3] Shahraki, Ali Teimoori[1], Armaghan Abbaspour [5]

1. Assistant professor Infectious and Tropical Diseases Research Center, Health Research Institute, Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran -
2. professor Infectious and Tropical Diseases Research Center, Health Research Institute, Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran
3. Associate professor Department of Epidemiology, Pasteur Institute of Iran, Tehran, Iran
4. Laboratory expert Department of Medical laboratory, Abozar hospital, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran

mh.hashemzade@gmail.com

Background and aim: Infections caused by nontuberculous mycobacteria (NTM) is increasing wordwide. Due to the difference in treatment of NTM infections and tuberculosis, rapid species identification of mycobacterial clinical isolates is necessary for the effective management of mycobacterial diseases and their control strategy.

Methods: In this study, a novel and cost-effective technique, real-time PCR coupled with high-resolution melting analysis (real-time PCR-HRMA), was developed for the differentiation of Mycobacterial species. A total of 107 (Nine reference and 98 clinical isolates) mycobacterial isolates were subjected to differentiation using *rpoBC* locus sequence and a novel real-time PCR-HRMA scheme. From 98 Mycobacterium clinical isolates, 88 species (89.7%), were confidently identified by *rpoBC* locus. *M. simiae* was the most frequently encountered species (41 isolates), following by *M. fortuitum* (20 isolates), *M. tuberculosis* (15 isolates), *M. kansassi* (10 isolates), *M. abscessus* group (5 isolates), *M. avium* (5 isolates), *M. chelonae* (1 isolates) and *M. intracellulare* (1 isolates).

Conclusion: The HRM analysis generated 6 unique specific cluster patterns representing *M. tuberculosis* complex, *M. kansasii*, *M. simiae*, *M. fortuitum*, *M. abscessus-M. chelonae* group and *M. avium* complex. In conclusion, this study showed that the *rpoBC*-based real-time PCR followed by HRM analysis could differentiate the mycobacterial species, and in particular, some species that are commonly encountered in clinical specimens.

Keywords: High resolution Melting curve Analysis (HRM), rpoBC locus, Mycobacteria

O/ Evaluation of colonization of *Streptococcus agalactiae* in pregnant women referred to Kashan, Shahid Beheshti hospital in 2016-2017

Ali Nazari Alam[1], Mina Dashtizadh[2], Mohammad Reza Zolfaghari

1) Department of Microbiology, School of Medicine, Kashan University of Medical Sciences, Kashan, I.R. Iran.

2) Department of Microbiology, Islamic Azad University of Qom.

nazarialam.ali@gmail.com

Background and Aim: *Streptococcus agalactiae* (GBS) has been suggested as a significant parenteral in neonates and pregnant women that can colonize mothers' reproductive organs and transmit them to the infant in the womb or during childbirth and cause infections such as sepsis and meningitis, which despite antibiotic therapy have high mortality.The aim of this study was to evaluation of colonization of *Streptococcus agalactiae* in pregnant women referred to Kashan, Shahid Beheshti hospital.

Methods: This cross-sectional study was performed on 107 pregnant women in Kashan from February 2016 to July 2017. Sampling was done using sterilized swabs from the vaginal area and rectum. Swabs were placed in Todd Hewith Broth and incubated for 24 hours. After culture in blood agar medium containing 4% sheep blood, GBS was detected by standard tests and confirmed by PCR gene coding for *dlts*.

Result: Out of 107 pregnant women, 12 were under the age of 20, 54 were within the 20 - 30 year old, and 41 were 30 years or older, 52 had taken antibiotics, 34 had cesarean section history, 17 were rural, 90 were urban, 5 were employed and the rest were housewives. GBS was recovered in 4, which means a prevalence of 7.3%

Conclusion: The rates, risk factors of maternal and infants GBS colonization, as well as the frequency of neonatal disease, can vary in various societies and need to be carefully evaluated in each country to allow the most suitable preventive policy to be selected.

Keywords: *Streptococcus agalactiae*, pregnant women, PCR, Kashan.

O/ بررسی اپیدمیولوژیک و دموگرافیک بیماران مبتلا به لپتوسپیروزیس

معصومه بیانی[1]، مصطفی جوانیان[1]*، عارفه بابازاده[1]، سهیل ابراهیم پور[1]

[1]- مرکز تحقیقات بیماریهای عفونی و گرمسیری، پژوهشکده سلامت، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

نویسنده مسوول: مصطفی جوانیان، مرکز تحقیقات بیماریهای عفونی و گرمسیری، پژوهشکده سلامت، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

ایمیل:mjavanian@gmail.com.

سابقه و هدف: لپتوسپیروزیس زئونوزی با گسترش جهانی است. این مطالعه به منظور بررسی ویژگی های دموگرافیک بیماران شهرستان بابل که با تشخیص قطعی لپتوسپیروزیس، بستری شده اند انجام گرفته است.

مواد و روش: تمام نمونه های سرم جمع آوری شده از بیماران مشکوک به لپتوسپیروزیس طی ۲ سال در بیمارستان های تابعه دانشگاه علوم پزشکی بابل با روش IFA(IgM) مورد بررسی قرار گرفتند و ویژگیهای دموگرافیک و اپیدمیولوژیک بیمارانی که تشخیص لپتوسپیروزیس در آنها قطعی شده مورد تجزیه وتحلیل قرار گرفت.

یافته ها: از مجموع نمونه های بررسی شده ۳۱ بیمار IFA >۰/۱ داشته وبا تشخیص قطعی لپتوسپیروزیس مورد بررسی قرار گرفتند که ۲۲ نفر (۷۱٪) از آنان را مردان تشکیل دادند و بیش ترین ماههای مراجعه بیماران خرداد ماه و سپس شهریور ماه بوده که فصول عمده شالیکاری در استان مازندران می باشد.اغلب بیماران (۹۰,۵٪) روستایی بودند. ۵۱,۵٪ در بازه سنی بیش از ۵۰ سال قرار داشتند. در بررسی ارتباط مواجهه بیماران با فاکتورهای خطر ابتلا به این بیماری ۸۷٪ بیماران سابقه کار در شالیزارها،۵۱,۵٪ تماس با حیوانات و۲۹٪ مصرف آب چاه و ۶,۵٪ شنا در رودخانه را ذکر می کردند.

نتیجه گیری: لپتوسپیروزیس به عنوان یک بیماری وابسته به شغل در فصول شالیکاری شایع تر است، که به علت اشتغال بیشتر مردان به کشاورزی ابتلای بیماری در آنها بیشتر است. در ضمن، با توجه به اشتغال بیش تر افراد مسن تر به کشاورزی این عفونت در بازه سنی بالای ۵۰ سال شیوع بیشتری دارد.

واژگان کلیدی: لپتوسپیروزیسیس، اپیدمیولوژی، کشاورز.

O/ بررسی الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی و وجود ژن اینتگرون کلاسI در E.coli مولد عفونت ادراری جدا شده از بیماران بیمارستان حکمت ساری

سحر اندی*[1]، دکتر حامی کابوسی[2]

۱ دانشجوی کارشناسی ارشد رشته میکروبیولوژی
۲ استاد یار دانشگاه آزاد اسلامی واحد ایت الله آملی
HKABOOSI@GMAIL.COM

سابقه وهدف: الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی و وجود ژن اینتگرون کلاس I در E.coli مولد عفونت ادراری جدا شده از بیماران بیمارستان حکمت ساری میباشد

مواد و روش ها: تعداد ۳۰ جدایه اشریشیا کلی مولد عفونت ادراری جمع آوری گردید توسط آزمایش های بیوشیمیایی استاندارد تعیین هویت گردید. با استفاده از روش دیسک فیوژن الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی نمونه ها نسبت به ۸ آنتی بیوتیک سفتازیدیم، ایمی پنم ،تری متو پریم، آمپی سیلین، جنتامایسین، سفتریاکسون، نالیدیکسیک اسید، کلرامفنیکل تعیین گردید. فراوانی ژن اینتگرون کلاسI در جدایه های E.coli مولد عفونت ادراری با استفاده از روش PCR با پرایمر اختصاصی تعیین گردید.

یافته ها: بیشترین مقاومت آنتی بیوتیکی در جدایه های اشریشیا کلی مربوط به آنتی بیوتیک های تری متوپریم (۷۳,۳ درصد) و نالیدیکسیک اسید (۵۶,۶ درصد) بود و کمترین مقاومت آنتی بیوتیکی نسبت به جنتامایسین (۱۰ درصد) بوده است. تمامی جدایه های اشریشیا کلی نسبت به ایمی پنم حساسیت نشان دادند. بیشترین حساسیت آنتی بیوتیکی در جدایه های مورد نظر نسبت به جنتامایسین (۹۰ درصد) و کلرامفنیکل (۷۶,۶ درصد) بود و کمترین حساسیت آنتی بیوتیکی به تری متوپریم (۲۲,۶درصد) بوده است.میزان فراوانی ژن اینتگرون کلاس I در ۳۰ جدایه اشریشیا کلی مورد بررسی ۲۱ جدایه (۷۰ ٪) بوده است.

کلمات کلیدی: مقاومت انتی بیوتیکی, اینتگرون کلاسI , عفونت ادراری, اشریشیا کلی

O/ Design, synthesis, biological evaluation, and molecular modeling of new quinolone-based derivatives as potential antibacterial agents

Dr Maryam mohammadi-khanaposhtani

dr maryam mohammadi-khanaposhtani - phd Cellular and Molecular Biology Research Center, Health Research Institute, Babol University of Medical Sciences, Babol, I.R.Iran - - Babol University of Medical Sciences - maryammoha@gmail.com

Background and Aim: Due to the resistance of bacteria to antibiotic drugs and the side effects of these compounds, design and synthesis of new structures in this context can be useful.

Methods: Synthesis of the target compounds 4a-n was performed by Passerini reaction between ciprofloxacin, arylboronic acids and salicylaldehydes in the presence of magnesium sulfate as catalyst. All the synthesized compounds were screened for their in vitro antibacterial activity against Staphylococcus aureus ATCC 6538, Staphylococcus epidermidis ATCC 12228 (Gram-positive bacteria), Escherichia coli ATCC 8739, and Pseudomonas aeruginosa ATCC 9027 (Gram-negative bacteria) and their effects was compared with Ciprofloxacin. Also, molecular modeling was used to illustrate the relationship between the structure and activity relationship of the designed compounds.

Results: Based on the MIC values of title compounds against tested bacteria, most of the synthesized compounds exhibited satisfactory activity in the range of 0.006-0.78 µg/mL comparing with Ciprofloxacin (MIC = 0.012-0.195 µg/mL) as the reference drug. Among the synthesized compounds,compound **4m**, depicted the most potent antibacterial activity against Escherichia coli with MIC value of 0.006 µg/mL was 2-fold more potent than Ciprofloxacin. The molecular docking simulations of the most potent compound **4m** showed a good correlation between antibacterial activity and structure of this compound.

Conclusion: We have designed, synthesized, and evaluated new quinolone-based derivatives that most of compounds showed good antibacterial activity in comparison to Ciprofloxacin as standard drug.

Keywords: Antibacterial agents, Ciprofloxacin, quinolone.

O/ جداسازی و آنالیز مولکولی باکتریوفاژهای لیتیک علیه باکتری های سودوموناس آئروژینوزای جدا شده از موارد بالینی انسانی

دکتر راحله مجدانی[۱]، دکتر ایرج یزدانی[۲]، الهام شمس[۳]

۱-گروه زیست شناسی، دانشکده ی علوم پایه، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

۲-گروه فارماکولوژی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

۳- دانشجوی کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی میکروبی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

سابقه و هدف: با توجه به بروز روز افزون مقاومت های آنتی بیوتیکی و خصوصیات ضد باکتریایی منحصر به فرد باکتریوفاژها (فاژ ها)، در سال های اخیر استفاده از پتانسیل بالای آن ها به عنوان یک رهیافت موثر در مبارزه با عفونت های باکتریایی مورد توجه قرار گرفته است.

مواد و روش کار: در این مطالعه تعداد یک سویه استاندارد و نه جدایه سودوموناس آئروژینوزای دارای مقاومت آنتی بیوتیکی بالا انتخاب گردیدند و جداسازی فاژهای لیتیک علیه هر یک از آن ها با روش آگار دولایه انجام شد سپس طیف میزبانی فاژهای جدا شده مورد ارزیابی قرار گرفت. در مرحله بعد پس از استخراج ژنوم باکتریوفاژهای جداسازی شده، آنالیز مولکولی آن ها با استفاده از هضم آنزیمی با دو آنزیم*Hind* III و *Eco*RV صورت گرفت.

یافته : حداقل یک فاژ لیتیک علیه هر یک از جدایه های سودوموناس آئروژینوزا جداسازی گردید که با بررسی طیف میزبانی، یکی از فاژها علیه پنج جدایه مورد استفاده اثر لیتیک نشان داد. استخراج ژنوم همه فاژها با موفقیت صورت گرفت که ژنوم هر ۱۰ فاژ از نوع DNA بود. در هضم آنزیمی با *Eco*RV و*Hind* III به ترتیب ۴ الگوی هضم آنزیمی و ۲ الگوی هضم آنزیمی مشاهده شد و درمورد هر یک از آنزیم ها یکی از جدایه ها مورد هضم آنزیمی قرار نگرفت.

نتیجه گیری: باکتریوفاژها دارای پتانسیل بالایی جهت مبارزه با عفونت های بالینی ایجاد شده توسط باکتری سودوموناس آئروژینوزا می باشند. باوجود این پتانسیل بالا، جهت استفاده گسترده از این عوامل ضد باکتریایی، بررسی خصوصیات دقیق هر یک از فاژهای مورد نظر اجتناب ناپذیر می باشد .

واژگان کلیدی: سودوموناس آئروژینوزا، مقاومت آنتی بیوتیکی، باکتریوفاژ

O/ مطالعه فراوانی و همراهی واژینال موبیلونکوس در زنان باردار دارای سابقه ی سقط

صدیقه لیوانی[۱و۲]، سیده ناعمه جاوید[۱]، دکتر عزت الله قائمی[۱]

۱- دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی گلستان، گرگان، ایران.
۲- مرکز تحقیقات علوم آزمایشگاهی، دانشگاه علوم پزشکی گلستان، گرگان، ایران.

سابقه و هدف: برخی مطالعات، ارتباط بین فلور میکروبی و عفونت های مادری را با پیامدهای وخیم بارداری از جمله تولد زودرس، پارگی زودرس کیسه آب، سقط خودبخودی و ... بررسی کرده اند. *موبیلونکوس* یکی از باکتری های مرتبط با واژینوز است و از واژن چنین افرادی قابل جداسازی است. در این مطالعه فراوانی و همچنین همراهی موبیلونکوس در واژن زنان بارداری که حداقل یک سابقه ی سقط داشته اند، در مقایسه با زنان با ختم بارداری طبیعی، مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روشها: در یک مطالعه ی مورد-شاهد، ۴۴ زن با سابقه ی سقط قبلی، و ۱۵۶زن بدون سابقه ی سقط وارد مطالعه شدند. همه ی این زنان در زمان نمونه گیری باردار بودند. سواب واژینال برای تعیین فراوانی موبیلونکوس به روش PCR اخذ شد P.value بالاتر از ۰۵/۰ معنی دار درنظر گرفته شد.

یافته ها: موبیلونکوس در ۴۳٪ افراد با سابقه سقط، و در ۳۲٪ افراد بدون سابقه سقط، یافت شد که از نظر آماری معنی دار نبود. همچنین وجود موبیلونکوس با تعداد سقط پیشین نیز ارتباط آماری معنی داری نشان نداد.

نتیجه گیری:علیرغم حضور موبیلونکوس در واژن تعداد زیادی از زنان باردار، تفاوت آماری معنی داری بین دو گروه زنان بدون سابقه سقط و زنان با پیشینه سقط قبلی نداشت.

واژگان کلیدی: موبیلونکوس، باردار، سقط

O/ بررسی مقایسه ای خواص ایمنی زایی و محافظت کنندگی آنتی ژن های مختلف سلول کامل، زیر واحد، نوترکیب و طبیعی تخلیص شده سودوموناس آئروژینوزا در مدل موشی

اصغر تنومند[1]، صفر فرج نیا[2]، حمید مصطفی زاده[1]

۱)دانشکده علوم پزشکی مراغه

۲)دانشگاه علوم پزشکی تبریز

سابقه و هدف: سودوموناس آروژینوزا یکی از مهمترین عوامل عفونت های بیمارستانی بوده که به دلیل مقاومت دارویی بسیار بالا ، مرگ و میر زیادی ایجاد می کند. امروزه محققین بدنبال روشهای جدید، از جمله ایمونوپروفیلاکسی و ایمونوتراپی برای پیشگیری و درمان عفونتهای سودوموناسی هستند . بنابراین ما خواص ایمنی زایی و محافظت کنندگی چندین آنتی ژن مهم سودوموناس آئروژینوزا را طی چند مطالعه ، با هدف معرفی آنتی ژن مناسب برای کاندید واکسن ، بررسی و مقایسه کردیم.

مواد و روش ها: آنتی ژن های اگزوتوکسین A، فلاژلین، آنتی ژن های ترشحی، آنتی ژنهای سوماتیک ، سلول کامل کشته شده با حرارت ، فرمالین و سونیکاسیون تهیه و در روزهای ۰، ۲۱ و ۴۲ روز به صورت زیر جلدی همراه اجوانت کامل(تزریق اول) و ناقص (تزریق های دوم و سوم) فروند به گروه های مختلف موش سوری تزریق شد.و به گروه شاهد pbs تزریق شد. یک هفته بعد از آخرین تزریق خونگیری از گوشه چشم موشها انجام آنتی بادی سرم خون با الایزا اندازه گیری شد.و در نهایت با تزریق دوز کشنده سودوموناس آئروژینوزا به موشهای ایمن و شاهد میزان مرک و میر و محافظت موشها بررسی و مقایسه شد.

یافته ها: نتایج نشان داد تولید آنتی بادی و میزان محافظت درتمامی گروهها درمقایسه با گروه شاهد به طور معنی داری بالا بود. همچنین مقایسه گروههای مختلف با هم نشان داد میزان تولید آنتی بادی و میزان محافظت درگروهای دریافت کننده آنتی ژن های ترکیبی و کامل از جمله آنتی ژن مخلوط سلول کامل تهیه شده با سونیکاسیون (۱۰۰٪) در مقایسه با گروههای دریافت کننده آنتی ژن ساب یونیت به طور معنی داری بالا بود.

نتیجه گیری: براساس این نتایج، آنتی ژن های ترکیبی و کامل ترکیب مناسبی برای کاندید واکسن می باشد.

واژگان کلیدی: سودوموناس آئروژینوزا،آنتی ژن، کاندید واکسن، ایمنی زایی

O/ Evaluation of efflux pump expression level of MexAB-oprM among Pseudomonas aeruginosa strains

Mehrzad Sadredinamin [1] , Hossein Goudarzi [2], Ali Hashemi [1,2] , Samira Tarashi [2] , Neda Yousefi Nojookambari [2] ,Soroor Erfanimanesh [3], Aref ***Shariati*** [2], Narjes Bostan Ghadiri [2]

[1] Infectious Diseases and Tropical Medicine Research Center, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran
[2] Department of Microbiology, School of Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, IR Iran
[3] Department of Microbiology, School of Medicine, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, IR Iran

Background and Aim: The increasing trend of antibiotic resistance among Pseudomonas aeruginosa has been considered as a major global concern. Efflux pumps are one of the major resistance mechanisms in Pseudomonas aeruginosa. The aim of this study was determining the effect of Carbonyl cyanide 3-chlorophenyl hydrazone (CCCP) for detection of mutations in mexA and mexB and evaluation of overexpression of mexA in P. aeruginosa isolated from burn patients during 2014-2015.

Methods: This descriptive study was conducted on 100 isolates of Pseudomonas aeruginosa. Antibiotic susceptibility tests were performed by Kirby-Bauer disc diffusion and broth microdilution methods according the CLSI guidelines. The effect of CCCP was determined by broth microdilution method. PCR and sequencing was used for detection of mutations in mexA and mexB. The overexpression of mexA was evaluated by Real-Time PCR.

Results: Of the 100isolates of P. aeruginosa, 95 isolates were resistant to imipenem. The inhibitory effect of CCCP was apparently seen in 16 isolates of P. aeruginosa and MIC showed 4-fold reduction in the presence of CCCP. All of the isolates had mexA and mexB genes. mexB gene is mutated at position 257 that converts Glycine to Aspartate. 20% of the isolates showed overexpression in mexA.

Conclusions: The increase in expression level of MexAB-oprM efflux pump and antibiotic resistance is of great concern. Therefore, resistant strains are an emerging threat in and should be supervised by implementation of timely identification and strict isolation methods that will help to reduce their severe outcomes and mortality rate of patients.

Keywords: Pseudomonas aeruginosa, Antibiotic resistance, MexAB-oprM

O/ تشخیص مولکولی اینتگرون کلاس I و کاست ژنی آن به آنتی بیوتیک در سویه های انتروباکتر جدا شده از بیمارستان

الهه قاسمی[۱]، آزاده فردوسی شاهاندشتی[۲]، آی ناز خادمیان[۳]، مهدی رجب نیا[۳*]

۱. گروه بیوتکنولوژی میکروبی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی دامغان
۲. گروه میکروبیولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد بابل
۳. گروه میکروب شناسی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل

سابقه و هدف : انتروباکتر گروهی از باکتری های گرم منفی هستند که موجب عفونت دستگاه ادراری و حفره شکمی می شوند. در حال حاضر گونه های انتروباکتر با الگوی مقاومت دارویی چند گانه و حاوی اینتگرون کلاس I یکی از عوامل عفونت بیمارستانی و مقاومت دارویی می باشد. اینتگرون ها واحد های ژنی هستند که قادرند ژن های مقاومت را در برگرفته و کاست یا کاست های ژنی را منتقل نمایند. نقش اینتگرون کلاس I در ایجاد و انتقال مقاومت آنتی بیوتیکی بسیار مهم می باشد. هدف از این مطالعه جدا سازی سویه های انتروباکتر از بیماران، بررسی مولکولی اینتگرون کلاس I و کاست های ژنی و تعیین مقاومت و حساسیت آن ها به آنتی بیوتیک های مختلف می باشد.

مواد و روش ها : این مطالعه روی ۳۰ نمونه انتروباکتر جدا شده از بیماران مراجعه کننده به بیمارستان روحانی بابل انجام شد. بعد از نمونه برداری و کشت بر روی محیط های اختصاصی، سویه ها جدا سازی و تخلیص گردید. پس از جدا سازی و استخراج DNA، حضور ژن اینتگرون کلاس I و کاست aadB با روش PCR و با استفاده از پرایمرهای اختصاصی بررسی شدند. تست تعیین حساسیت و مقاومت آنتی بیوتیکی نیز با روش دیسک دیفیوژن با استفاده از آنتی بیوتیک های مختلف، انجام شد.

یافته ها : در تست تعیین حساسیت و مقاومت آنتی بیوتیکی به روش دیسک دیفیوژن، از ۳۰ سویه جدا شده، ۲ نمونه به همه آنتی بیوتیک ها مقاوم بوده و ۲۶ نمونه مقاومت آنتی بیوتیکی چندگانه داشتند. بیشترین مقاومت مربوط به آنتی بیوتیک های آمپی سیلین و سفپیم، کمترین مقاومت مربوط به آنتی بیوتیک های جنتامایسین و آمیکاسین بوده است. از ۳۰ نمونه انترو باکتر، ۱۹ نمونه، دارای ژن int 1 بوده و همچنین از ۱۹ نمونه اینتگرون مثبت، ۱۰ نمونه دارای کاست aadB بودند.

نتیجه گیری: در این مطالعه با توجه به آمار قابل توجه حضور اینتگرون کلاس I و کاست ژنی درج شده در آن در ایزوله های انتروباکتر و ارتباط آن با الگوی مقاومت چندگانه دارویی، می توان نتیجه گرفت این عناصر می تواند نقش مهمی در ایجاد و انتقال مقاومت آنتی بیوتیکی داشته باشد. لذا اعمال راه کارهای مناسب کنترل عفونت در بیمارستان ها برای جلوگیری از انتشار بیشتر آن ها ضروری به نظر می رسد.

O/ مقایسه‌ی MAMA PCR با SSCP PCR جهت بررسی مقاومت کروموزومی(یا موتاسیون نقطه ای) علیه سیپروفلوکساسین در اشرشیا کلای

دکتر محمد آهنجان* و بهنام هاشمی
دانشگاه علوم پزشکی مازندران –دانشکده پزشکی گروه میکروبشناسی و ویروس شناسی
*نویسنده مسئول: دکتر محمد آهنجان E.mail: ahanjan2007@gmail.com

سابقه و هدف: اشرشیا کلای از اعضای خانواده ی انترو باکتریاسه می باشد که جزء پاتوژن های فرصت طلب و از عوامل شایع عفونت های بیمارستانی می باشد.عفونت های بیمارستانی ناشی از این باکتری اغلب به طور موفقیت امیزی با انتی بیوتیک هایی چون کینو لون ها و بتا لاکتام ها درمان می شوند. در دهه ی اخیر مقاومت به فلوروکینولون ها هم از شایع ترین و غیر قابل کنترل ترین عوامل به شمار می اید ..مکانیسم مقاومت کینولون ها به دو صورت کروموزومی و پلاسمیدی گزارش شده است. مقاومت علیه فلوروکوئینولون ها از طریق مختلف صورت می گیرد ولی مقاومت سطح بالا توسط موتاسیون کروموزومی روی ژن های parC, gyrA رخ می دهد. به همین دلیل این مطالعه روی مکانیسم مقاومت از طریق جهش در ژن های کروموزومی parC,gyrA انتخاب گردید. mis-matched amplification mutatation assy (MAMA PCR) یک تکنیک با حساسیت بالا، اسان و یک نوع PCR سریع می باشد که جهت ردیابی موتاسیون نقطه ای استفاده می شود.روش (SSCP PCR) که بر اساس تکفیک الکتروفورزی، اختلافات تطبیقی در ردیف DNA است،این روش نسبتا سریع برای نمونه هایی که احتمالا دارای موتاسیون هستند. انجام میگردد.

مواد و روش ها: از 250 نمونه‌ی بالینی مختلف (شامل ادرار، خون، ترشحات و زخم) از بیماران بستری و سرپایی که به آزمایشگاه میکروب‌شناسی مرکز آموزشی-درمانی امام خمینی (ره) ساری ارسال شده بودند جداسازی و با استفاده از تست‌های میکروب‌شناسی بعنوان اشریشیا کلی شناسایی شدند. برای انجام روش‌های مولکولی، ابتدا DNA ژنومی سویه‌های مورد آزمایش با روش SDS-Proteinase K اصلاح شده با CTAB استخراج شد. بررسیMIC سیپروفلوکساسین با روش E-test: برای مشخص نمودن MIC گونه های مقاوم به کینولون ، انجام شد. در مرحله ی اخر ،ردیابی مقاومت کروموزمی کینولون هاتوسط ژنهای gyrA,parC بوسیله MAMA PCR و SSCP PCR انجام شد.

یافته ها: در مطالعه حاضر با انجام روش SSCP PCR تمامی نمونه ها در ۷ الگوی متفاوت دسته بندی شدند و الگو های متفاوت به سکانس فرستاده شدند. پس از انجام سکانس مشخص گردید که تمامی ۱۰۳ نمونه در ژن gyrA در باکتری اشرشیا کلای موتاسیون داشتند. از ۷ الگوی فرستاده شده به سکانس از ژن gyrA ، فقط در یک الگو در هر دو نقطه gyrA 83 وgyrA 87 موتاسیون مشاهده گردید. و در ژن parC ،۳ الگو در هر دو نقطه parC80 و parC84 موتاسیون وجود داشت. و در ۲ الگو موتاسیونی مشاهده نگردید. همچنین تمامی نمونه ها از نظر وجود جهش در(gyrA 83 و gyrA 87) و(parC84 وparC80) مورد بررسی قرار گرفتند. و بعد از سکانس مشخص گردید که از ۱۴ نمونه ی فرستاده شده ۱۳ نمونه حداقل در یکی از نقاط موتاسیون داشتند و در ۱ نمونه هیچ موتاسیونی دیده نشد با توجه به مقایسه این دو روش در تشخیص موتاسیون روشهای MAMA PCR و SSCP PCR در تشخیص ژن gyrA از حساسیت و ویژگی بالایی برخوردار هستند.

نتیجه گیری: نتایج حاصل از این تحقیق مشخص نمود که بهترین روش برای تشخیص موتاسیون سکوینسینگ می باشد ولی به دلیل هزینه بالا این روش را نمی توان روی همه نمونه ها انجام داد .مقایسه این دو روش در این مطالعه به این نتیجه رسیدیم که روش MAMA PCR با توجه به حساسیت و ویژگی بالا و دقت وارزان بودن و مدت زمان کمتر نسبت به روش SSCP PCR برای تشخیص موتاسیون مناسب تر است.

واژگان کلیدی: MAMA PCR, SSCP, مقاومت فلوروکینولونی E.coli

O/ Molecular characterization of Staphylococcus aureus strains isolated among hospital staff nasal carriers of Babol, Iran

Parisa Sabbagh [1], Amirmorteza Ebrahimzadeh Namvar [1], Elaheh Ferdosi Shahandashti [2], Mostafa Javanian [3], Soraya Khafri [4] and mehdi Rajabnia [3]*

1- Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran
2- Department of Biotechnology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran
3- Infectious Diseases & Tropical Medicine Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran
4- Department of Biostatistics and Epidemiology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran

Parisa.sabbagh@ gmail.com

Background and Aim: Staphylococcus aureus (s. aureus) nasal carriers, particularly the healthcare staff can be considered as a potential source for the spread of resistant strains. The aim of this study was to determine the molecular characterization of S. aureus strains isolated among the staff nasal carriers in one of the teaching hospitals in Babol.

Methods: A total of 120 nasal swabs were taken from the staff of Ayatollah Rouhani Hospital Babol during 2016. The antibiotic resistance pattern was performed by disc diffusion method for 13 antibiotics, including cefoxitin, cephalothin, teicoplanin, vancomycin, daptomycin, oxacillin, amoxicillin, amikacin, linezolid, ciprofloxacin, levofloxacin, erythromycin, rifampin, according to the CLSI 2015. Polymerase chain reaction (PCR) was used to detect mecA and pvl genes. Finally, the different SCCmec types were determined by multiplex- PCR method.

Results: Among the 120 collected specimens, 40(33.3%) S. aureus isolates were approved. 28(70%) of strains were identified as methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA) and the frequency of pvl gene was confirmed 2(5%). Based on the multiplex PCR assay, four different SCCmec types were detected as 35.7% type I, 14.2% type III, 7.1% type II and 3.5% type IV. By a disc diffusion method, no resistance pattern was observed to vancomycin, while 100% of strains were resistant to amoxicillin.

Conclusion: Consequently our results illustrated that isolated S. aureus strains among the staff nasal carriers via mentioned molecular characterization may lead to increase the nosocomial persistent infections in hospitalized patients and also health care workers.

Keywords: Staphylococcus aureus, PCR, Antibiotic resistance, Molecular characterization, MRSA

O/ Direct detection of *Haemophilus influenzae* and their resistance genes in Sinusitis samples

Abazar Pournajaf [1], Gholamreza Irajian [1*]

[1] Department of Microbiology, School of medicine, Iran University of medical sciences Tehran, Iran

*presenter Author: Dr. A Pournajaf,

Email: abazar_pournajaf@yahoo.com

Background and Aim: Haemophilus influenzae is the causative agent of invasive and non-invasive infections, such as such as chronic obstructive lung disease exacerbation, sinusitis, and otitis media and conjunctivitis. The aim of present study was identification of H. influenzae from sinusitis samples and its antimicrobial resistance genes.

Materials and Methods: We investigated 137 sinusitis samples were obtained from the patients referred to Rasoole-Akram hospital, Tehran, Iran. DNA extraction was performed according to the QIAamp kit. PCR amplification was done with specific primer for identification of H.influenzae and detection resistance ROB-1 or TEM-1 b-lactamase genes.

Results: Only five isolates of H. influenzae type b, two strains type and four strains were identified NTHi isolates. Out of 11 isolates of H. influenzae, only two isolates (18%) were beta-lactamase positive and carried TEM-1 gene, but none of them were positive for ROB-1 gene.

Conclusion: Using the multiplex PCR can help to increase detection rates of bacterial etiology of sinusitis and resistance genes.

Keywords: H. influenzae, resistance genes, Sinusitis.

O/ بررسی ملکولی کاست ژنی در اینتگرون کلاس یک در سویه های سودوموناس آئروژینوزای جدا شده از بیمارستان

الهه فردوسی شاهاندشتی[1*]، کبری ابراهیمی شهابی[2]، مهدی رجب نیا[3]

۱. گروه بیوتکنولوژی(زیست فناوری) پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل
۲. گروه بیوتکنولوژی میکروبی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی دامغان
۳. گروه میکروب شناسی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل

سابقه و هدف: سودوموناس آئروژینوژا، باکتری فرصت طلب بیمارستانی بویژه در بخش های عفونی،ICU و در بیماران سوختگی می باشد.در واقع مقاومت بالای آن نسبت به اکثر آنتی بیوتیک ها، درمان عفونت ناشی از آن را با مشکل اساسی مواجه کرده است.ما در این مطالعه بر آن شدیم به بررسی مولکولی کاست های ژنی اینتگرون کلاس ۱ و ارتباط آن به مقاومت های چندگانه دارویی در نمونه های بالینی سودوموناس آئروژینوزای جدا شده از بیمارستان بپردازیم.

مواد و روش ها: در این پژوهش، ۳۰ ایزوله بالینی سودوموناس آئروژینوزا، با استفاده از تکنیک های استاندارد آزمایشگاهی از بیمارستان روحانی بابل جمع آوری گردید. آزمون حساسیت آنتی بیوتیکی به روش دیسک دیفیوژن انجام شد. سپس برای بررسی حضور اینتگرون کلاس ۱ و کاست های ژنی آن از تکنیک PCR استفاده گردید و داده ها توسط نرم افزار SPSS مورد مطالعه قرار گرفت.

یافته ها: در این پژوهش نتایج تست های دیسک دیفیوژن با استفاده از ۹ آنتی بیوتیک مختلف بر روی ۳۰ ایزوله بالینیسودوموناس آئروژینوزا جمع آوری شده.و بررسی گردید.ایزوله های بالینی بر اساس تست دیسک دیفیوژن بیشترین حساسیت را نسبت به آنتی بیوتیک آمیکاسین ۲۷(۹۰٪) و بیشترین مقاومت را نسبت به آنتی بیوتیک های سفوتاکسیم،آمپی سیلین و نیتروفورانتوئین ۳۰(۱۰۰٪) از خود نشان دادند. از مجموع ۳۰ ایزوله بالینی سودوموناس آئروژینوزا با استفاده از تکنیک PCR، ۱۸ سویه(۶۰٪)، اینتگرون کلاس ۱ مثبت بود و از بین نمونه هایی که اینتگرون مثبت بودند، ۱۱نمونه(۶۱٪) دارای کاست ژنی *aadB* (Adenylyltransferase) بودند.

نتیجه گیری: نتایج نشان می دهد کاست های ژنی موجود در اینتگرون با مقاومت سودوموناس آئروژینوزا نسبت به آنتی بیوتیک ها رابطه مستقیم دارد. کاست های زنی اینتگرون کلاس ۱ در انتقال افقی مقاومت آنتی بیوتیکی نقش داشته و از آنجایی که هر اینتگرون دارای چند کاست ژنی است و اغلب توسط عناصر ژنتیکی متحرک حمل و جا به جا می شوند که منجر به انتشار گسترده عوامل مقاومت از یک محل به محل دیگر می شوند. در این مطالعه نیز حضور کاست ژنی و ژن اینتگرون کلاس یک در سویه های با مقاومت چندگانه می تواند نشان دهنده ارتباط ایجاد مقاومت در سویه های بیمارستانی با انتقال و انتشار این عناصر ژنی باشد.

واژگان کلیدی:: سودوموناس آئروژینوژا، اینتگرون کلاس یک، کاست ژنی

O/ Resistance patterns of Escherichia coli causing urinary tract infection

Aynaz khademian[2], Elaheh Ferdosi-Shahandashti [1] Mostafa Javanian [2] Masoomeh Moradian-Kouchaksaraei [2] Babak Yeganeh [3] Ali Bijani [4] Mehdi rajabnia [2] Fatemeh Moradian-Kouchaksaraei *[2]

1. Department of Medical Biotechnology, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran
2. Infectious Diseases & Tropical Medicine Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran
3. Department of Infectious Diseases, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.
4. Social Determinants of Health (SDH) Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran

E-mail: m.moradiyan20@yahoo.com

Background and aims: Urinary tract infection (UTI) is one of the most prevalent infectious diseases and Escherichia coli is its common cause. The aim of this study was to assess the resistance patterns of E.coli in urinary tract infections and to determine the susceptibility of E.coli to commonly used antimicrobials and also to evaluate the options for empirical treatment of UTI.

Methods: This study was conducted in the Ayatollah Rouhani Teaching Hospital of Babol Medical Sciences University in North of Iran. Between January of 2013 to December 2013, antimicrobial susceptibility tests were done by disk diffusion and microdilution method. Growth of >=105 cfu/ml was considered as positive urine test. Ten commonly used antibiotics were examined for susceptibility test. Data and the results were collected and analyzed.

Results: E.coli grew in 57 urine samples. Imipenem, ofloxacin, ciprofloxacin were the most sensitive antibiotics at 87.7%, 87.7% and 78.9% respectively. Whereas, cotrimoxazole, cefexime, cefotaxcime and ceftriaxone were the most resistant antibiotics. Antibiotic sensitivity of disk diffusion compared minimum inhibitory concentration (MIC) detected by microdilution had the sensitivity, specificity, positive predictive value and negative predictive value of 82%, 98%, 99% and 74%, respectively.

Conclusion: Imipenem, ofloxacin and ciprofloxacin should be used in empirical therapy of UTI.

Keywords: Urinary Tract Infection, UTI, Escherichia coli, Antibiotic susceptibility, Antibiotic resistance, Disk diffusion, Micro dilution

O/ High genetic similarity of ESBL-producing *Klebsiella pneumoniae* isolates in intensive care units of a tertiary care hospital, North of Iran

Fatemeh Ghaffarian[1], Ali Mojtahedi[*], Mojtaba Hedayati[1], Hadi Sedigh[2], Zahra Atrkar Roushan[3]

[1]Microbiology Department, Faculty of Medicine, Guilan University of Medical Sciences, Rasht- Iran

[2]Microbiology Department, Faculty of Medicine, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz- Iran

[3]Biostatistics Department, Faculty of Medicine, Guilan University of Medical Sciences, Rasht- Iran

Corresponding Author: Ali Mojtahedi (Ph.D), alimojtahedi@yahoo.com

Background and Aim: The number of drug-resistant strains has been increasing dramatically following the widespread use of antibiotics often leading to clinical failure, prolonged hospitalization, increased morbidity, mortality, and increased health care costs. The specific ESBL-producing organisms have different genetic characteristics which mark their identification at the molecular level. This genetic diversity in the various ESBL-producing organisms may reflect characteristic differences in relation to pathogenesis, antibiotic resistance expression, response to therapy, transmission and infection control. Among the PCR based methods, random amplified polymorphic DNA (RAPD) is a fast method for generating DNA profiles in genetic fingerprinting.

Methods: Sixty nosocomial isolates of K. pneumonia were collected from various clinical sources of hospitalized patients at ICU ward of Razi hospital, Rasht- Iran between July and December 2016. Susceptibility to 20 antimicrobial agents was determined using Kirby Bauer method. All isolates were tested for ESBL production using the double-disk synergy test with CLSI-2017 breakpoints. To determine bacterial clonal relatedness and genetic diversity, RAPD was performed with all strains of K. pneumonia using the primer RAPD-7.

Results: In this study, 27 K. pneumonia strains produced ESBLs which displayed higher antibiotics resistance than non-ESBLs producing *K. pneumonia* strains. A dendrogram analysis of 5 clusters with a similarity of 80% was obtained which indicates the similarity of the studied strains in the hospital. Twenty one isolates from the 27 ESBL producing strains were clustered in cluster A, indicating the very similarity of these strains and possibly indicating the common origin of spread these isolates that is showed the transmission of strains of unique clone with the same genetic profile in the ICU. RAPD showed satisfactory discriminatory power (DI=0.8) which demonstrated heterogeneity among the *K. pneumonia* strains.

Conclusion: The present study demonstrated that *K. pneumonia* infections in the North of Iran have been caused by a similarity of ESBL producing strains and variety of non-ESBL producing strains genotypes. It can help further efforts to understand the spreading of this bacterium.

Keywords: Klebsiella pneumoniae, Antibiotic resistance, ESBL, MDR, RAPD typing

O/ *H.pylpri* cagL amino acid sequence polymorphism D58E59 and its relationship with gastrointestinal disorders in north of Iran

Mina Rezaee Cherati[1], Hamid Reza Nouri[2]

1-Cellular and Molecular Biology Resarch Center,Babol University of Medical Sciences,Babol,Iran
2-Cellular and Molecular Biology Resarch Center,Babol University of Medical Sciences,Babol,Iran

Background and Aim: Gastric cancer and peptic ulcer are the most important gastrointestinal disorders in the world, including Iran, that *H. pylori* is an important risk factor in the development of these diseases. The cagL encoded by cagL genes and expressed in pathogenicity island (CagPAI) that this protein plays a fundamental role in binding to host cells. Hence, the aim of this study was to determine cagL gene polymorphisms in patients with H. pylori-positive and its relationship with peptic ulcer and gastric cancer in north of Iran.

Material and method: This study was conducted on a biopsy sample of 100 patients with gastric cancer, peptic ulcer and gastritis. DNA was extracted from the tissue samples and detection of *H. pylori* in biopsy samples were confirmed using PCR with glmM primers. The cagL gene was amplified by gene-specific primers and, then was confirmed by electrophoresis. After that, DNA sequencing was done. The E59 polymorphism was more frequently found in peptic ulcer and gastric cancer than gastritis patients

Result: Of the 100 samples of biopsy in patients with gastric cancer, gastritis and peptic ulcer, 67 cases were positive for *H. pylori*. In total, 67 sample were investigated for presence of cagL. Study of CagL polymorphisms showed that people with peptic ulcers compared to patients with gastric cancer or gastritis patients had significantly amino acid aspartic acid (D) at position 58, while the amino acid asparagine (N) in patients with gastric cancer has been in this position.

Conclusions: Infection with CagL positive *H. pylori* increases risk of serious gastro duodenal diseases such as peptic ulcers and gastric cancer.

Keywords: Peptic ulcer, Gastric cancer, Gene cagL, Polymorphism

O/ Integron-mediated antibiotic resistance in Acinetobacter baumannii isolated from intensive care unit patients, Babol; north of Iran

Mitra Deylam Salehi 1, Elaheh Ferdosi-Shahandashti 2, Yosef Yahyapour 3, Soraya Khafri 4, Abazar Pournajaf 5, Mehdi Rajabnia 3*

1. Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, IR Iran.

2. Department of Biotechnology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran
3- Infectious Diseases and Tropical Medicine Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, IR Iran.

4. Department of Biostatistics and Epidemiology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, IR Iran.

5. Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Iran University of Medical Sciences, Tehran, IR Iran.

*Corresponding author: Dr. mehdi Rajabnia, E-mail: ramazan69@yahoo.com.

Background and Aim: Multi-drug resistant Acinetobacter baumannii isolates have caused therapeutic problems in the world. We investigated the integron types and their relation with antibiotic resistance among A. baumannii isolates recovered from intensive care unit patients, Babol; north of Iran.

Methods: In this cross-sectional study, a total of 73 bronchoalveolar lavage samples were obtained from patients in ICU and examined for A. baumannii infection by biochemical, microbiological and PCR methods. Susceptibility testing to antibiotics was performed by disk diffusion method and MDR and XDR A. baumannii isolates were identified. Class I, II and III of integrons were identified by an integrase gene PCR.

Results: A. baumannii isolates (n = 35; 47.9%) were recovered from the BAL samples (n= 73). all isolates were resistant to ceftazidime. According to the results of the antimicrobial susceptibility test, 91.4%, 58.3% of the isolates were MDR and XDR. The rate of colistin resistant with the E-test was 5.7%. The results also revealed that 94.3% (n; 33/35) of the isolates carried the int gene. Molecular analysis of class I, II and III integrons showed that 25.7% (9), 88.6% (31) and 28.6% (10) of the isolates carried the intI, intII and intIII genes, respectively.

Discussion: Our results show that different classes of integrons are commonly spread among A. baumannii strains and these genomic segments can play an important role in the acquisition of MDR and XDR phenotype among A. baumannii isolates. So monitoring drug resistance in A. baumannii isolates with the use of int gene PCR is very important to plan specific infection control measures to prevent the spread of MDR-AB and XDR-AB in Iran's hospitals.

Key word: Integron, Acinetobacter baumannii, intensive care unit.

خلاصه مقالات پوستر

P/ Prevalence of integrons class I and II genes in Shigella species isolated from patients in Ahvaz hospitals

Khadijeh Ahmadi[1]*, Ahmad Farajzadeh sheikh [2], Maryam Afzali [1]

1- PhD Department of Microbiology, Medicine Faculty -Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran.

2- PhD 2Health Research Institute, Infectious and Tropical Diseases Research Center, Department of Microbiology, Medicine Faculty -Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran.

Correspondence*: Khadijeh Ahmadi- Email: kh.ahmadi53@gmail.com

Background and Aim: The main purpose of this study was determination of antibiotic susceptibility pattern and survey of the prevalence of integrons class I and II genes in Shigella species isolated from diarrhea patients in Ahvaz hospitals.

Methods: In this cross-sectional study, 85 Shigella species were collected from Ahvaz hospitals and were typed by PCR method. Antibiotic resistance patterns of shigella species were also evaluated by disk diffusion method. Detection of intI and intII genes was carried out by PCR.

Results: In the current study S. sonnei (52.9%, n =45), S. flexneri (43.5%, n =37), S. boydii (3.5%, n = 3), S.boydii and no S.dysenteriae were detected by PCR. Furthermore, most Shigella isolates showed resistance to co-trimoxazole (83.3%) and tetracycline (76.1%). 7 isolates resistance to ciprofloxacin. Of all 85 Shigella isolates 42 (49.4%) species were demonstrated intI gene but 61(71.7%) species presented intII gene by PCR.

Conclusion: According to high frequency of integrons and high resistance to antibiotics in shigella isolates following health recommendations and prescribing correct antibiotics can prevent the extension of the diorrhetic disease resulted from shigella.,

KeywordS: Shigella, PCR, Integron, Antibiotic resistance, Disk diffusion

P/ Investigation of the frequency of MDR Staphylococcus aureus strains in of hospital food and stool samples in patients with diarrhea in three hospitals of Tehran

Elham Khodamoradi[1] ,Masoud Alebouyeh[* 2] Siavash Salmanzadeh Arabi[3],

Elham Roshandel [4], Mehrdad Ghasemian[5], Mohammad Reza Zali[6], Masoumeh Azimirad[7]

1 Ms microbiology. Department of Microbiology, Faculty of Biological Science, Alzahra University, Tehran, Iran.

2 - Phd medical bacteria Foodborne and Waterborne Diseases Research Center, Research Institute for Gastroenterology and Liver Diseases, ShahidBeheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran.

3 - Phd medical bacteria Department of Microbiology, Faculty of Biological Science, Alzahra University, Tehran, Iran.

4- Ms Medical bacteria HSCT research center, ShahidBeheshti University of medical sciences, Tehran, IRAN

5-Phd medical bacteria. ShahidBeheshti University of medical sciences.Phd in molecular parasitology. Clinical laboratory of Imam Hosein hospital

6- Phd medical bacteria Gastroenterology and Liver Diseases Research Center, Research Institute for Gastroenterology and Liver Diseases, ShahidBeheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

7-microbiology Foodborne and Waterborne Diseases Research Center, Research Institute for Gastroenterology and Liver Diseases, ShahidBeheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

Correspondence *: Dr Masoud Alebouyeh -*Masoud.alebouyeh@gmail.com; salmanzadeh1@yahoo.com.

Background and Aim: Increased frequency of Methicillin-resistant S.aureus (MRSA) infections imposes a high and increasing burden on healthcare resources.

Methods: A total of 258faecal samples from patients with diarrhea and 35 food samples were used to investigate infection with S. aureus.

Results: S. aureus was detected in 22.09% (57/258) of the stool samples and 14.28% (5/35) of food samples. Nearly, 10.5% (6/57) and 8.7 %(5/57) of the strains from stool samples and 20% (1/5) and 20% (1/5) of the strains from food samples were characterized as MRSA and MDR, respectively. Resistance to most of the antibiotics was <20%, while highest one detected against tetracycline (24.5%). Low frequency of MDR patterns (3DR, 4DR, 5DR, and 6DR) were detected in the fecal and food S. aureus isolates. Among them, panta-drug resistant S. aureus was detected in 3.5% of the patients' isolates and triple-drug resistant phenotype was the only MDR pattern was detected in the food samples (2.8%). Nearly, 43.8% (25/57) of the strains carried the enterotoxin genes; the most common was sea+ (17.5%), sea+/see+ (5.2%), sec+(15.7%), sea+/sec+(3.5%), and sea+/sec+/see+ (1.7%). These genes were significantly higher among MDR compared to non-MDR S. aureus strains isolated from the fecal or food samples (100%vs 39.2%).

Conclusions: Involvement of MDR and enterotoxigenic S. aureus strains in the occurrence of gastroenteritis and their carriage in medical food samples highlighted the importance of food controls in prevention of gastrointestinal diseases, both in the community and clinical settings.

Keywords: MDR-SA, MRSA, Enterotoxigenic S.aureus, Diarrhea

P/ Prevalence of TEM and CTX-M genes & the patterns of susceptibility antibiotic in ESBL- producing of Shigella spp clinical isolates obtained from Ahvaz hospitals

Maryam Afzali[1*], Ahmad Farajzadeh Sheikh[2], Khadijeh Ahmadi[1]

1-PhD Department of Microbiology, Medicine Faculty -Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences.

2-PhD 2Health Research Institute, Infectious and Tropical Diseases Research Center, Department of Microbiology, Medicine .Faculty- Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran

Correspondence*:Maryam Afzali-Afzalimaryam@ymail.com

Background and Aim: The emergence of extended-spectrum β-lactamase (ESBL)-producing Shigella spp is of increasing clinical concern especially in children worldwide. The aim of this study was to investigate the occurrence of extended-spectrum β-lactamase producing Shigella spp In Ahvaz.

Methods: The study included all Shigella isolates recovered from diarrhea patients Ahvaz hospitals. Bacterial identification, antimicrobial susceptibility testing, extended spectrum β-lactamases (ESBLs) screening and confirmatory tests were performed according to the standard guidelines. The prevalence of TEM and CTX-M genes was examined by PCR.

Results: Among 85 Shigella spp. S. sonnei (52.9%, n =45), which was the most common, followed by S. flexneri (43.5%, n =37), S. boydii (3.5%, n = 3), and no S. dysenteriae was found Furthermore, most Shigella isolates showed resistance to co-trimoxazole (83.3%) and tetracycline (76.1%). 7 isolates resistance to ciprofloxacin. This study showed that S. sonnei is currently the predominant species in Ahvaz. In phenotypic confirmatory test 43(50.5%) isolates Shigella spp. were positive for ESBL. From 43 Shigella spp. isolates ESBL positive, 32 (74.4) isolates were positive for CTX-M and 31(72%) TEM gens.

Conclusion: The emergence and spread of 50.5% of ESBL Shigella spp. at this study is worrisome and usage of cephalosporins against these isolates is in-effective. Therefore, it is necessary to have continuous control of Shigella spp. which produces ESBL in hospitals and community.

Keyword: Shigella spp, ESBL, CTX-M, TEM

P/ Antimicrobial Activity of Lactobacillus spp. Isolated From Breast milk Against Enterohemorrhagic Escherichia coli (EHEC) serotype O157:H7

Niloofar Moghadam Maragheh[1]*, Mohamad Mehdi Soltan Dallal [2], Zahra Rajabi[1]

1- Tehran University of Medical Sciences.

2-Professor of Tehran University of Medical Sciences.

Correspondence*: Niloofar Moghadam Maragheh- nil.moghadam@gmail.com

Background and Aim: Human breast milk consists of high amounts of necessary nutrients for infants, including carbohydrates, essential fatty acids, proteins, vitamins and minerals.Breast milk also contains lactobacillus species which are important for initiation, development, and composition of the neonatal gut microbiota and treatment and prevention of intestinal infections.

Enterohemorrhagic Escherichia coli (EHEC) serotype O157:H7 is recognized as a major food-borne pathogen that causes acute diarrhea, hemorrhagic colitis, and hemolytic uremic syndrome (HUS) which occurs most often in children and is fatal in 3-5% of cases. According to the CDC, Ecoli O157:H7 causes an estimated 73,000 cases of illness and 61 deaths each year. So, the role of probiotic lactobacillus species in inhibition of Ecoli O157:H7 seems effective.

The aim of this study was evaluating the ability of lactobacillus species isolated from breast milk, in inhibition of Ecoli O157:H7.

Methods: isolates were selected based on the results of catalase test (-), gram stain (+), and bacterial morphology. The whole genomes of 16s ribosomal DNA of 22 isolated colonies were amplified using PCR for confirmation of identification. Antimicrobial activity was carried out according to the agar well diffusion assay.

Results: Among the 22 Lactobacillus isolates, L14 (L. plantarum) and L17 (L fermentum) , had the most inhibitory effect on Ecoli O157:H7 with 22 mm clear zone.

Conclusion: Breast milk is a rich source of lactobacilli with probiotic properties and antibacterial activity against gastrointestinal pathogens such as Ecoli O157:H7 for both the prevention and treatment of acute diarrhea in infants and young children.

Keywords: Probiotic, lactobacillus, breast milk, EcoliO157:H7

P/ Evaluation of some epidemiological factors of cuteness anthrax in patients were admitted to the health centers in Mashhad from 2003 until 2013

Dr fatemeh Habibi[1], mustafa ghasempour[2], Dr hossein Mokhtari[3]

1) Assistant professor: Mashhad medical science branch, Islamic Azad University, Mashhad Iran

2) Medical student Mashhad medical science branch, Islamic Azad University, Mashhad Iran

3) Assisprotant fessor Mashhad medical science branch, Islamic Azad University, Mashhad, Iran

E.mail: hoinmokhtari@gmail.com

Background and Aim: Anthrax is the zoonotic disease caused by Bacillus Anthracis which is a gram positive immobile cylindrical spore making bacterial and its spores can be find in soil. Due to important of cutaneus anthrax and high expenses of it treatment.

Methods: This is a cross sectional descriptive study based on the files of 204 patients with cutaneus anthrax were admitted to the health centers of Mashhad from 2003 until 2013.Data were analyzed by a typical test K2.

Results: 53% of patients were male (108 cases) and 47% female (96%).The most common age group was between 40-49 years old. The most common rout of transmission was from a close contact with livestock (54%) and the most common site of ulcerations were on the fingers (72%).Housewives acquired disease more than other groups (38.7%).Most of the cases were admitted in summer times (46.6%) and the least cases in winter (4.4%).Most of the patients had a single lesion (85.8%).Mortality was 0/5%.

Conclusion: There was an increasing in the prevalence of disease during recent years.Results showed it can be recommended the more attention to is needed animal health issues and their vaccination, enforcement of quarantines system for imported livestock by veterinary offices and education of vulnerable groups such as housewives, ranchers, farmers and residents of rural areas.

Keywords: Anthrax, Epidemiology, Bactria

P/ Molecular epidemiology of multidrug-resistant Acinetobacter baumannii in a referral Hospital in Iran; consequences after infection prevention control interventions

Arman Mosavat,[1,] Saman Soleimanpour,[2,3,] Hadi Farsiani,[2,3,] Himen Salimizand,[4] Mahmoud Bagheri,[2,3] Saeid Amel Jamehdar,[2,3] Abdollah Kebriaei,[5] Seyed Abdolrahim Rezaee,[6] and Kiarash Ghazvini[2,3,*]

[1]HIV/AIDS, HTLV and Viral Hepatitis Research Center, Iranian Academic Center for Education, Culture and Research (ACECR), Razavi Khorasan Branch, Mashhad, Iran.

[2]Antimicrobial Resistance Research Center, Bu-Ali Research Institute, Mashhad University of Medical Sciences, Mashhad, Iran

[3]Department of Microbiology and Virology, School of Medicine, Mashhad University of Medical Sciences, Mashhad, Iran

[4]Department of Microbiology and Virology, School of Medicine, Kurdistan University of Medical Sciences, Sanandaj, Iran

[5]Department of Microbiology and Virology, School of Medicine, North Khorasan University of Medical Sciences, Bojnord, Iran

[6]Immunology Research Centre, Inflammation and Inflammatory Diseases Division, School of Medicine, Mashhad University of Medical Sciences, Mashhad, Iran

*Corresponding author: Kiarash Ghazvini: GhazviniK@MUMS.ac.ir

Background and Aim: Acinetobacter baumannii is one of the major opportunistic pathogens with increasing clinical significance, particularly in the hospital setting. To analyze the antibiotic resistance determinants in multi-drug resistant A. baumannii (MDRAB) isolates that collected after an outbreak, with regard to infection prevention control (IPC) interventions to eradicate the outbreak.

Methods: Antimicrobial susceptibility testing and minimum inhibitory concentrations (MICs) were determined by E-test. Various resistance genes and the clonality relatedness of isolates were performed by PCR and REP-PCR. Thirty-nine isolates of MDRAB were collected during six months of study after the outbreak. IPCs were successful only for trimester after interventions. All isolates were MDRAB while being susceptible to colistin.

Results: The prevalence of blaADC, blaTEM, blaOXA24, blaVIM, and blaIMP was 82%, 100%, 70%, 61% and 5%, respectively. blaOXA51, blaOXA23 and ISAba1 were detected in all of the isolates, but blaOXA58 was not. Moreover, ISAba1 were located upstream to blaOXA23 and blaADC in 100% and 38.4% of isolates, respectively. The most prevalent AME was aadB (100%). Even though adeB and tetB efflux pumps were found in 100% and 95% of isolates, respectively, but tetA was not characterized. REP-PCR revealed five clusters, of which, approximately 51% of the strains were belonged to clusters C. Strains of cluster C in this study were closely related to the strains of the previously reported outbreak. Almost 56% and 23% of strains were belonged to international clonal lineage 1 and 2.

Conclusion: Molecular approach in this study showed the efficacy of IPC and epidemiological contexts. Stringent infection-control measures are urgent to restrict the outbreak.

Keywords: Infection control, International clonal lineage, Molecular epidemiology, Multi-drug resistant Acinetobacter baumannii, Outbreak, Repetitive extragenic palindromic polymerase chain reaction (REP-PCR)

P/ Impact of LPS on IFN-γ secretion by human T-cell lines

Fatemeh Hajighasemi[1*], Abbas Mirshafiey[2]

1- Dr. Associate Professor Department of Immunology, Faculty of Medicine, Shahed University, Tehran, Iran. Department of Immunology, Faculty of Medicine, Shahed University, Tehran, Iran.

2- Dr. Full professor Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran. Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.

Correspondence *: Dr. Fatemeh Hajighasemi– Email: fatimahajighasemi@gmail.com.

Background and Aim: Lipopolysaccharide (LPS), an outer membrane component of Gram-negative bacteria, has an important role in inflammation including acute lung inflammatory responses. Furthermore modulatory effects of LPS on inflammatory cytokines have been shown. Interferon gamma (IFN-γ) as a T helper type 1 (Th1) cytokine is a key regulator of inflammatory responses. Moreover IFN-γ plays an essential role in defense against intracellular pathogens. This study was conducted to evaluate the impact of LPS on IFN-γ secretion by human leukemic (Jurkat and Molt-4) T cell lines in vitro.

Methods: Jurkat and Molt-4 cells were cultured in whole RPMI-1640 media. The cells were distributed at a density of 2×10^{6} cell/ml. The cells were stimulated with different concentrations of lipopolysaccharide (LPS) (1-4 µg/ml) for 48 hours. Then the cell-conditioned medium was used for IFN-γ assay. The different groups were compared by the analysis of variance.

Results: LPS did not show any significant effect on IFN-γ production in human leukemic T cells compared with unstimulated cells.

Conclusion: According to the results of this study, LPS did not have any significant effect on IFN-γ secretion in human leukemic T cells. So LPS-induced inflammatory responses in lung and other tissues may be due to LPS impacts on other inflammatory mediators. Further studies about LPS effects on IFN-γ expression in another immune cells in vitro as well as in vivo are warranted.

Key words: LPS, T- cells, IFN-γ

P/ Rapid Identification of *Salmonella Enteritidis* in Chicken Skin Using *invA* molecular marker

Ahmad Reza Bahrami[1*], najmeh sodagar[2]

1- Professor of Ferdowsi University- Mashhad, Ferdowsi University- Faculty of Science, Department of Biology.

2-. Student of Biochemistry Ferdowsi University - Mashhad - Ferdowsi University- Biotechnology Research Center.

Correspondence*: Ahmad Reza Bahrami: Email: ar-bahrami@um.ac. .

Background and Aim*: Salmonella* is a gram-negative that can cause diarrheal illness in humans. Raw meat, especially pork, undercooked products of poultry meat, eggs and products containing raw eggs as well as unpasteurized milk are foods posing the greatest hazard to public health. If present in food, it does not usually affect the taste, smell, or appearance of the food. The bacteria live in the intestinal tracts of infected animals and humans. In the present study, we employed RCR method for screening and identification of *salmonella* serovar Enteritidis in skins from commercial samples in Iran.

Methods: Salmonella enterica serovars Enteritidis was grown on buffered peptone water. Artificial inoculation of chicken skin samples done. A control sample was also included to ensure that the skin was not naturally contaminated with *Salmonella*. DNA extracted from inoculated chicken skin samples. Amplification of the target sequence was performed using a PCR Express thermal cycler.

Results: Using the PCR assay on genomic DNA from the chicken skin, artificially contaminated with *S* Enteritidis, and produced a band of 796 bp in size on electrophoresis. PCR assay on these skin samples resulted in 38 (71%) positive bands of 796 bp. Detected bands corresponding to 790 bp, represent contamination of the samples to the bacteria, with different rate depending on intensity of the bands.

Disscussion: propounded the PCR assay evaluated in the current study could be used as a screening test, since results would be available in less time than with the cultural method.

Key words: Salmonella Enteritidis, invA, PCR assay, chicken skin.

P/ Frequency of *Staphylococcus aureus* isolates in Tehran burger samples

Negin Momtaz Bokharaei [1*], Zahra Rajabi[2], Mohammad Mehdi Soltan Dallal[1, 2]

1. MS.c Division of Food Microbiology, Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Iran.

2. Food Microbiology Research Center, Tehran University of Medical Sciences, Iran.

Correspondence*: negin momtaz bokharaei Email: n_momtaz71@yahoo.com.

Background and Aim*: Staphylococcus aureus* is one of the most common causes of the prevalence of bacterial food poisoning. This bacterium can be separated from foods of animal origin, such as meat and meat products. Since hamburger meat is widely used, the contamination of these products with *Staphylococcus aureus* can be a great danger to human health.

Methods: 100 hamburgers (75 packets and 25 handmade samples) were collected from supermarkets and burgers in the city of Tehran and transferred to the food microbiology lab. Microbiological tests were carried out according to the national standard of Iran No. 3-6806 and subsequent biochemical confirmatory tests.

Results: 39 isolates (39%) were isolated from *Staphylococcus aureus*, of which 23 isolates (58.97%) were from packets samples and 16 (41.02%) were isolated from handmade samples.

The contaminated samples by the percentage of meat consumed in the factory burgers are as follows: Hamburger 30% meat: 7 samples (28%), Hamburger 60% meat: 11 samples (44%), Hamburger 80% meat: 5 samples (20%)

Conclusion: The study showed that 39% of the tested hamburgers were infected with *Staphylococcus aureus*, which could threaten the health of consumers.

Training staff working in the supply and distribution of food and more control of health authorities can be effective in reducing the contamination of consumer foods.

Keywords: Hamburger, *Staphylococcus aureus*, Foodborne diseases

P/ Identification and Phylogeny of *Nocardia* species based on Multilocus Sequence Analysis in a bioinformatics study

Masoud keikha[1*]

1- M.Sc. M.Sc. in microbiology, School of Medicine, Isfahan Medical University, Isfahan, Iran.

Correspondence*: masoud keikha -masoud.keykha90@gmail.com.

Background and Aim: *Nocardia* are Gram-positive, aerobic, relatively slow growth and modified acid fast bacteria. Genus and species identification is necessary to predict antimicrobial susceptibility, appropriate treatment and epidemiological purposes; *Nocardia* spp. identification is difficult due to labor, time-consuming, require to expertise technician, unreliability based on the phenotypic tests, strong similarity of 16S rRNA gene sequences within the complex and identification on the basis of the DNA sequence of a single housekeeping gene suffers from stochastic genetic variation and horizontal gene transfer and recombination. The purpose of this study was to identification and differentiation of medically importance *Nocardia* spp. based on MLSA (multi-locus sequence analysis) technique in a bioinformatics study.

Methods: In this study, 16S rRNA, *hsp65*, *rpoB*, *gyrB* and *secA1* gene sequences of thirty species of *Nocardia* that isolated from clinical specimens were obtained from the National Center
for Biotechnology Information (NCBI). Then, sequences of this genes from each reference strains were combined using CLC Main Workbench 5.0 software and data was saved with FASTA format. In finally, phylogenetic trees were constructed using MEGA 7 software using the Kimura 2-parameter model distance coefficient with neighbor-joining with 1,000 bootstrap replications.

Results: Phylogeny trees derived from MLSA was showed more discriminatory and significant detection and separation of *Nocardia* spp. with high bootstrap value compared than each of genes lonely.

Conclusion: MLSA is useful technique for detection, differentiation, studies of phylogenetic and genetic structure of *Nocardia* spp. compared than single gene sequence analysis.

Keywords: MLSA, *Nocardia*, Molecular methods, 16S rRNA, *hsp65*, *rpoB*, *gyrB*, *secA1*

P/ Study of Brucella bacteria in milk of dairy cattle in Jiroft city

Hossein doomary[1*]

1- PhD of hygiene and Food quality control, Faculty of Agriculture, University of Jiroft, Jiroft, Iran.

Correspondence*: hossein doomary - h_dumary@yahoo.com.

Background and Aim: About 70% of infectious diseases are transmitted through contaminated food that milk and dairy products are a major part of this transfer. Brucellosis is one of the most common diseases in humans and animals. The most important way for transfer it to the humans is milk, dairy products and contaminated animals. The aim of this research is study of the Brucella bacteria in dairy cattle and provide necessary strategies for reducing contamination, producing healthy milk, and increasing the hygiene and community health of humans.

Methods: In this study, 250 dairy cattle were selected randomly and 25 ml of milk was obtained from each of them and transferred to the laboratory quickly. In order to study of the affecting factors in this disease, a form and questionnaire containing each of the independent variables studied were used and different information was recorded. In the laboratory, the specimens were first tested with MRT and then cultured on a Brucella agar medium and then confirmed by chemical tests.

Results: The results of the experiments showed that of 250 milk samples, 29 samples were contaminated with Brucella bacteria (11.61%). Also Also,disease in older animals, female animals, migrants and cattle whose owners have low financial and educational status is more than others.

Conclusion: Lack of vaccination, old animals, far away from the city center, inadequate budget to eliminate patients and lack of knowledge of the disease lead to increased contamination**.**

Keywords*:* Brucellosis, Zeonoses, Cattle, Jiroft area

P/ Study of Salmonella contamination in native eggs in Jiroft

Hossein doomary*

Assistant Professor of hygiene and Food quality control, Faculty of Agriculture, University of Jiroft, Jiroft, Iran

***Correspondence**:Dr. Hossein doomary-Email: h_dumary@yahoo.com.

Background and Aim*:* Egg is one of the most important foods that because it has essential nutritious it is consumed more every day. Egg is a good environment for the growth of microorganisms and play a large role in the transmission of diseases, especially salmonella poisoning. Considering that native egg consumption has increased. The aim of this research is study of Salmonella contamination in native eggs of Jiroft city.

Methods*:* At first, according to the number of samples size obtained and the density of sales centers, the city of Jiroft divided into 4 equal parts, and from each region, 40 nativel eggs were collected from each region (total 160 samples). Then Samples were transferred to the laboratory and to search for Salmonella in the shell and internal contents of the eggs, they were tested with microbial and biochemical tests.

Results*:* The results showed that In 9 out of 160 eggs, salmonella was found on shell (5.62%) and 6 samples were Contaminated in internal contents with salmonella(3.75%), Also, in 5 eggs, Salmonella was present in both shell and egg contents (12.3%) and 1 sample, contamination was found in internal contents only(2.62%).

Conclusion*:* The results showed that contamination in the native eggs of the Jiroft region is very high and most of them have contaminaion in both shell and content the eggs of big stores and crowded stores are healthier.

Keywords*:* Native Eggs, Salmonella Bacteria, Food Poisoning, Jiroft

P/ The *in vitro* antimicrobial and antibiofilm activity of silver nanocomplex on Several nosocomial pathogens

Seyedeh Mahsan Hoseini Alfatemi[1]*, Fatemeh Fallah[1], Abdollah Karimi[1], Shahnaz Armin[1], Leila Azimi[1], Somayeh Kalanaky[2]**

1. Pediatric Infections Research Center, Mofid Children's Hospital, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran.
2. Department of Research and Development, Sodour Ahrar Shargh Company, Tehran, Iran.

*Correspondences: (Presenter): Seyedeh Mahsan Hoseini Alfatemi. E-mail: mahsan.hoseinialfatemi@gmail.com.

Background and Aim: The formation of biofilms in biotic and abiotic surfaces is associated with high rates of morbidity and mortality in hospitalized patients. New alternatives for controlling infections have been proposed focusing on the therapeutic properties of nanoparticles and their antimicrobial effects. In the present study the antimicrobial and antibiofilm activities of silver nanoparticles (AgNPs) were synthesized based on the novel nanochelating technology were evaluated against several nosocomial pathogens.

Method: This *in vitro* case-control study was performed on 4 strains including *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Acinetobacter baumannii*, and *Pseudomonas aeruginosa*. The minimum inhibitory concentration (MIC) were determined by broth microdilution method according to CLSI guidelines at different concentrations (10%, 1%, 0.1%, 0.01% and 0.001% µg/mL) of AgNPs nanoparticles. Meanwhile, quantitative spectrophotometric method was used to monitor biofilm reduction by microtitre plate assay (MTP).

Results: AgNPs nanoparticles showed the best antibacterial activities against Gram-positive strains in the MIC of 1%, and 10% for Gram-negative strains. Our results indicate that AgNPs nanoparticles exhibit strong concentration-depending antibiofilm activity against tested strains. The lowest antibiofilm activity was toward *S. epidermidis* strain.

Conclusion: The promising antibacterial and antibiofilm activity of Nanochelating based AgNPs encouraging the development of antibacterial coatings on different material surfaces for various biomedical and hospital environmental applications. Moreover, these potential antibacterial formulation can be used as substitution for treatment of drug resistant bacterial infections.

Keywords: Antibacterial, Antibiofilm, Silver nanoparticles, Nanochelating technology, Nosocomial pathogens

P/ An overview of *A. baumannii* drug resistance during 2012- 2017 in Iran

Sara Bahonar[1], Hamid Reza Goli [1], Bahman Mirzae[1*], Leila Ahmadian[1]

1- Department of Medical Microbiology and Virology, Faculty of medicine, Mazandaran University of Medical Science.

Correspondence*: Bahman Mirzaei – Email: dr.bahman.m@gmail.com

Background and Aim: *Acinetobacter baumannii* is an important opportunistic pathogen. Because of its noticeable ability to develop antibiotic resistance, it has been assigned as a main health treat. Determination of antibiotic resistance in clinical isolates in Iran is the main goal of this review.

Methods: Based on google scholar database, surveys containing antibiotic resistance rates of *A. baumannii* between 2012- 2017 in Iran were reviewed.

Results: Detailed data showed that, earlier *A. baumannii* strains were susceptible to most potent antibiotics like minocycline. However, there are enhancing reports (82%) of multidrug resistant *A. baumannii* (MDRAB) outbreaks in Iran. Due to overconsumption of new broad-spectrum beta-lactamase and inappropriate therapeutic choice for treatment, extensive resistance to these antibiotics has emerged. There are reports of MDRAB strains among isolates that are not susceptible to colistin. *A. baumannii* strains produce metallo beta-lactamase (MBL) and extended spectrum beta-lactamase (ESBL) enzymes, which mediate resistance to extended spectrum beta-lactamase. These enzymes are able to hydrolyze extended spectrum cephalosporins and monobactams, but cannot hydrolyze cephamycins and imipenem.

Conclusion: According to the results, with the spread of MDRAB strains in hospitals worldwide, there is a need to investigate their prevalence in hospitals so as to formulate a policy of empirical therapy in high risk units where infections because of resistant organisms are much higher. Similarly, it is important to procure information on an isolate from a patient to avoid the misuse of extended spectrum cephalosporins, and carbapenems which continue to be the component of antimicrobial therapy in burn wards.

Keywords: *Acinetobacter baumannii*, multidrug resistance, extended spectrum beta-lactamase (ESBL), metallo beta-lactamase (MBL), Iran

P/ Molecular characteristics of multiple and extensive drug-resistant *Acinetobacter baumannii* isolates obtained from hospitalized patients in southwestern Iran

Behnaz Soltani[1], Dr Hadi Sedigh Ebrahim-Saraie[1*], Dr Hamid Heidari[1], Dr Nahal Hadi[1], Dr Mohammad Motamedifar[1]

1- Department of Bacteriology and Virology, School of Medicine, Shiraz University of Medical Sciences Shiraz, Iran.

Correspondence*: Dr. Hadi Sedigh Ebrahim-Saraie .Email: seddigh.hadi@gmail.com

Background and Aim: The emergence of *Acinetobacter baumannii* strains with multiple drug-resistant (MDR) to different classes of antibiotics has become a global problem. This study aimed to evaluate occurrence of antibiotic resistance and investigate the presence of antibiotic resistance determinants among *A. baumannii* isolates obtained from hospitalized Iranian patients.

Methods: This cross-sectional study performed on 92 *A. baumannii* isolates which were recovered from different clinical specimens within years 2015-2016. Isolates were identified by standard microbiologic tests and confirmed by specific PCR primers. Antimicrobial susceptibility testing was carried out by disk diffusion method according to CLSI guidelines. The presence of antibiotic resistance determinants were applied by PCR method. The genetic relatedness among the isolates was assessed by ERIC-PCR.

Results: In overall, all of *A. baumannii* isolates were resistance to tested carbapenems, fluoroquinolones and sulfonamide agents. Polymixins with full susceptibility were the most effective antibiotics. The 92.4% of isolates were extensive drug-resistant (XDR) and 7.6% were MDR. PCR screening for the presence of integrons genes revealed that class 1 integron presented in 46.7% of isolates and class 2 in 18.5% isolates. Of the investigated antibiotic resistance genes, *bla* $_{VIM}$, *bla* $_{IMP}$, *bla* $_{SPM}$, *sul1* and *sul2* were positive in 75%, 12%, 12%, 47.8% and 67.4% of isolates, respectively. Analysis the ERIC-PCR results showed that isolates belonged to 12 different genotypes.

Conclusion: Regarding to high prevalence of MBL and *sul* genes in our results we showed the important role of these genes in dissemination of carbapenem- and sulfonamide-resistant *A. baumannii* isolates in our region.

Keywords: *Acinetobacter baumannii*, Extensive drug-resistant (XDR), Integrons, Metallo-beta-lactamase.

P/ High incidence of virulence factors among clinical *Enterococcus faecalis* isolates in southwest of Iran

Asieh Taji[1], Fatemeh Edalati[1], Hamid Heidari [2], Hadi Sedigh Ebrahim-Saraie[2*], Mohammad Motamedifar[2]

1-MSc Department of Bacteriology and Virology, School of Medicine, Shiraz University of Medical Sciences Shiraz, Iran
2- Ph.D Department of Bacteriology and Virology, School of Medicine, Shiraz University of Medical Sciences Shiraz, Iran -
3- Department of Bacteriology and Virology, School of Medicine, Shiraz University of Medical Sciences Shiraz, Iran

Correspondence*: Dr. Hadi Sedigh Ebrahim-Saraie Email: seddigh.hadi@gmail.com

Background and Aim: Over the past two decades enterococci have been emerged as an important agent responsible for hospital acquired infection. Several virulence factors contribute to the adherence, colonization, evasion of the host immune response, pathogenicity and severity of the infection. *Enterococcus faecalis* is the most common and virulent species causing infections in hospitalized patients. The aim of the present study was to examine the prevalence of genes encoding virulence factors and antimicrobial resistance patterns of *E. faecalis* strains isolated from hospitalized patients in Shiraz, south west of Iran.

Methods: A total of 51 *E. faecalis* isolates from urine, blood, pleural fluid, peritoneal fluid, eye discharge, endotracheal tube (ETT) and transjugular intrahepatic portosystemic shunt (TIPS) specimens of patients were identified by phenotypic and genotypic methods.Antimicrobial sensitivity tests and detection of virulence factors were performed by standard

Results: The *efa* and *asa1* were the most frequently detected gene (100%) among isolates, followed by *esp* (94.1%), *ace* (90.2%), *gelE* (80.4%), *cylA* (64.7%), and *hyl* (51%). More than half of the isolates (52.9%) were High level gentamicin resistant (HLGR). Vancomycin resistance was observed among 23 (45.1%) isolates. The lowest antimicrobial activity was related to erythromycin (3.9%), tetracycline (5.9%) and ciprofloxacin (9.8%). No isolate were found resistant to fosfomycin and linezolid.

Conclusions: Our data indicated a high incidence of virulence factors among *E. faecalis* strains isolated from clinical samples. Colonization of drug resistant virulent isolates in hospital environment may leading to life threatening infection in hospitalized patients. Therefore, infection control procedures should be performed.

Keywords: *Enterococcus faecalis*, Virulence factors, Antibiotic resistance

P/ An overview of the antimicrobial resistance of *Pseudomonas aeruginosa* in Iran

Leila Ahmadian[1], Dr Hamid Reza Goli[1*], Dr Bahman Mirzaii[1], Sarah Bahonar[1]

1) Department of Medical Microbiology and Virology, Faculty of medicine, Mazandaran University of Medical Science.

Correspondence*: Hamid Reza Goli, Email: goli59@gmail.com.

Background and Aim: *Pseudomonas aeruginosa* is an opportunistic Gram-negative bacteria that can produce extended spectrum β-lactamase (ESBL) enzymes and spread the resistance genes. The ESBL producer bacteria hydrolyze beta-lactams, cephalosporins, and monobactams. Nosocomial infections caused by P. aeruginosa are very important in immunodeficient and burned patients. The aim of this study is the review of antimicrobial resistance mechanisms in *P. aeruginosa* clinical isolates in Iran.

Methods: The available evidence from various studies, such as search to pubmed and scopus databases, regarding the antibiotic resistance of P. aeruginosa in Iran have been reviewed.

Results: The prevalence of *p. aeruginosa,* and this evaluation showed that the *P. aeruginosa* is available in all regions of Iran especially in the central part of the country, and 83.8% of it is positive for ESBL.

According to the reviews in Iran, All of the imipenem-resistant *P. aeruginosa* isolates were -Metallo-β-lactamase (MBL) positive and 74.3% of the MBL isolates were positive for the bla IMP gene. Some strains due to encoding drug resistance genes such as *aac* (6 ') – 1 and *VEB*-1, observed 93% resistance to ciprofloxacin and 67% to amikacin.

The highest antibiotic resistance appertain to penicillin (100%), norofloxacin (90.6%), tetracycline (90.19%), imipenem (~54%) and erythromycin (43.13%), in contrast colisitin (8.3%) had the lowest resistance.

Conclusion: Consider that, the prevalence of *P. aeruginosa* is increasing and gains resistance to different classes of antibiotics, it is necessary to the useful strategies to management and treatment of this bacterium.

Keywords: *pseudomonas aeruginosa*, antibiotic resistance, extended-spectrum β-lactamase, Iran

P/ Phenotypic and antibiotic resistance evaluation in salmonella entrica isolated from diarrhoel samples related to food associated outbreaks in Iran

seyede fatemeh sayadnouri[1]*,Mohammad Mahdi SoltanDalal [2], [1] Saeed Akbarzadeh[3]

1-MSc-Azad University of Medical Sciences – Tehran.

2-Phd- Tehran University - msoltandallal@gmail.com.

3-Phd Pharmacology of Toxicology- University of Medical Sciences.

.**Correspondence***: seyede fatemeh sayadnouri- Email: fatemeh.sayadnouri@gmail.comi

Background and Aim: Nowadays, diarrhea is a major problem among diseases in the world, which sometimes causes morbidity and mortality. A wide range of patients with diarrhea have been identified that the most important incident factor of diarrhea was various salmonella species. For instance S.enterica, which is an enterica Serovar enteritidis species and has been considered as the most significant agent of gastroenteritis in humans. Since numerous Salmonella species have been significantly resistant to the common antibiotics in recent decades, so the aim of this study was to determine the relationship between phenotypic and antibiotic resistance in country's food outbreaks in Iran in order to provide suitable treatment for Salmonella infections.

Methods: This study was conducted in several cities in Iran (Yazd, Karaj, Tehran Qazvin) in period of 2016.Among 460 diarrhea samples isolated from 115 food outbreaks, were identified 27 strains of S. enterica with different serotypes and were exploited based on common tests. To detect antibiotic resistance of these samples into 13 antibiotics utilized standard procedure of CLSI in antibiotics.

Results: Fourteen Salmonella strains (51.7%) S.group C, 5 strains (18.8%) S.group D, 7 strains (25.8%) S. enteritidis and 1 strain (3.7%) were S. group A. In this study, 100 % of the strains were resistant to Amoxicillin (AMX), Co-Trimoxazole (SXT) and Nalidixic acid (NA).Also, other strains were sensitive to Ceftazidime (CAZ), Nitrofurantoin (FM), and Cefalexcin (CFX).

Conclusion: S. paratyphy C is the most common Salmonella isolated, due to the high sensitivity of strains to FM-CFX-CAZ, it can be used as an appropriate drugs for the treatment of Salmonella infections.

Keywords: Salmonella, Antibiotics, Food outbreak, Phetype, Diarrheano

P/ Molecular characteristic gene cassettes in Acinetobacter isolates from intensive care unites patients of Babol Rohani hospital from 2014 – 2015.

fariba akrami [1], Dr. Elaheh Ferdosi Shahandashti [2], Dr Yousef yahyapur[3]

, Dr mahdi rajabnia* [4]

1-Student Department of Microbiology & Immunology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, IR Iran- mashhda.

2- Department of Biotechnology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran

3- Assistant Professor Infectious Diseases Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran - babol .

4- Associate Professor Infectious Diseases Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran- babol

*Correspondence: Dr mahdi rajabnia-Email: ramazan69@gmail.com.

Background and Aim: Acinetobacter baumannii in the past two decades is known as one of the problematic acquired pathogens in hospitals. The success of these bacteria in Multiple diseases is consist of multi drug resistance and compatibility in hospital equipment.

Therefore, this study aimed to trace prevalence of gene cassettes in Acinetobacter isolates from intensive care unites and also determination the antibiotic susceptibility by disk diffusion method.

Methods: In this descriptive study, 35 strains of Acinetobacter were isolated from in ayatollah Rohani hospitalized patients in Babol.Their antibiotic resistance pattern was determined by the disk diffusion method according to the CLSI 2014 and 2006 guidlines. The presence of bacterial resistance genes coding for antibiotic resistance as well as cassettes was analyzed using polymerase chain reaction method.

Results: Out of 35 straines, the most resistance was observed for the cefepim, pipracilin and tobramycin, and the most sensitivity to antibiotic was reported for tikarcilin- kluvunat, ampicillin- sulbactam. Moreover the frequency of gene cassettes was followed aadB 33 (94%), aadA1 2 (5/7%). resistance antibiotic were 100% tobramycin, Ticarcilin-clavulanate 97%,gentamycin 100% and amikacin 98/7%.

Conclusion: High prevalence of gene cassettes among Acinetobater strains isolated from the ICU of Babol hospital indicated the importance role of gene cassettes in multidrug resistance strains. Therefore, unnecessary use of antibiotics are recommended to be avoided.

keyword: Acinetobacter, gene cassette, multi-drug resistant strains, PCR

P/ Molecular identification of *Legionella* spp. isolated from environmental water sources based on PCR of *16S rRNA* gene and DNA sequencing of the macrophage infectivity potentiator gene in Ahvaz, Iran

Mojtaba Moosavian1*, Mina Moradzadeh2, Ataallah Ghadiri3

1- Infectious and Tropical Diseases Research Center, Health Research Institute, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran

2- Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran

3- Department of Immunology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran

Correspondence *: Mojtaba Moosavian –Email: moosavian_m@yahoo.com.

Background and Aim: Classification, sero grouping and subtyping of *Legionella* species based on phenotypic methods have tried to discriminate new species or detect intra-species variability. The aim of the present study was to identify the *Legionella* species by PCR of *16S rRNA* gene and macrophage infectivity potentiator gene (*mip*) sequencing.

Methods: In this study, 116 water samples, which were collected from different sites of hospitals, were inoculated on *Legionella* non-selective and selective media such as BCYE agar and MWY. After extraction of DNA from all positive culture isolates, the *16S rRNA* and *mip* genes were multiplied by PCR and purified by agarose gel electrophoresis. The *mip* gene sequenced and the result were edited and analyzed by jPHYDIT software version 1.

Results*:* Analyzing of *mip* gene sequence showed out of 14 *Legionella* isolates, 6 isolates (42.8%) were positive for *L. pneumophila*, 4 isolates (28.5%) were positive for *L. worsleinsis*, one isolated for each one of *L. dumoffi* and *L. fairfieldensis, (7.1%) and* 2 isolated (14.2%) were positive for *Legionella* Spp. The results also showed that two isolates which were identified as *Legionella* Spp. with acceptance criterion of 98% similarity might *be identified as* a new *Legionella* species.

Conclusions*:* *Our findings show that mip gene sequencing is valid and an effective method for* identification of *Legionella* species.

Keywords: *Legionella, mip* gene, PCR, Sequencing

P/ In vitro Evaluation of Anti-Tumor Effect of Kefir Supernatant on Glioblastoma Cell Line U87

Arghavan Fattahi[1]- Neda Soleimani[*2]

1- BSc microbiology Department of Microbiology and Microbial Biotechnology, Faculty of Life Sciences and Biotechnology, Shahid Beheshti University.

2-Ph.D Assistant Professor Department of Microbiology and Microbial Biotechnology, Faculty of Life Sciences and Biotechnology, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran

Correspondence*: Neda Soleimani- N_soleimani@sbu.ac.ir

Background and Aim: and Background: Kefir is a famous probiotic beverage which is originally produced by fermenting milk with kefir grains. Kefir has been proven to have great health improving impacts such as immunomodulation, antibacterial, and anti-inflammatory effects. Also Many studies have already demonstrated its anti-tumor effects on different cancer cell lines.

The current study focused on evaluating anti-proliferative effect of kefir cell-free fraction on the Glioblastoma cell line (U87) as the most malignant type of diffuse glioma according to WHO.

Methods: U87 cell line was treated with supernatants of kefirs with two different fermentation times (24h and 48h), plus supernatant and pellet obtained directly from homogenized kefir grains. MTT cell proliferation assay was performed to measure cell viability after 24 and 48 hours.

Results: according to MTT assay results, kefir supernatant significantly showed a dose-dependent anti-proliferative effect on the cells and between all of the treatments, kefir supernatant with fermentation period of 48h was the most effective on reducing the cell viability.

Conclusion: results indicate that kefir has anti-proliferative effect on the U87 glioblastoma cell line and can be considered an option for further investigations in order to fully achieve its therapeutic capacity.

Keywords: Kefir, Probiotics, Glioblastoma Cancer, anti-cancer effect, cytotoxicity

P/ Prevalence ،Comparative Analysis of Cultural and PCR Based Assays for Detection 6 species of *Campylobacter* in diarrheal cases

fahimeh azizi[1]*, majid akbari[2], Mohammad arjomandzadegan[2],sara khalili[1]

1- MSc - Arak University of Medical Sciences
2- Phd- Arak University of Medical Sciences.

Correspondence *: fahimeh azizi -fazizi888@gmail.com

Background and Aim: prevalence of *Campylobacter* and Comparative Analysis of Cultural and PCR Based Assays for Detection 6 species of *Campylobacter* that is important cause of diarrhea .

Methods: The samples were examined by cultural in selective media with the filtration method. Positive cultures sample were confirmed by PCR. PCR was performed directly for each stool samples and a multiplex PCR were used to identify the *Campylobacter* species.

Results: from 160 stool samples that was examination, 21.8% was positive by culture method for detection *Campylobacter* genus. Among these positive sample, 14.37% containing *C.jejuni* and 7.49% containing *C. coli*, for confirmation of culture results, PCR assay for detection species performed and results of culture was matched with PCR. From 160 stool samples that was PCR directly for them, 48.75% was positive by PCR. Among these, 24.37%were *C.jejuni* and 18.75% were *C. coli* (coinfection of *C. jejuni* and *C. coli* in 2 samples)، 1.87% were *C.hyointestinalis* and 3.75% unknown species.

Conclusion: *Campylobacter* is one of the main causing diarrhea In the children under 7 years in the region of Arak . In this study in addition *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* for the first time in Iran four other species of *Campylobacter* cause diarrhea in human were studied the results showed that in addition to *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli*, other species of *Campylobacter* causing diarrhea there are in diarrhea faeces.

Keywords: Prevalence, Diarrhea, *Campylobacter*, PCR

P/ Loop-Mediated Isothermal Amplification test for Direct Detection of Clinically-Relevant *Nocardia* Species isolated from BAL samples

Mojtaba Taghizadeh Armaki[1*], Abazar Pournajaf [2]

1-Ph.D. Department of Medical Mycology and Parasitology, School of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.

2-Ph.D. Department of Medical Microbiology, School of Medicine, Iran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.

Correspondence*: Dr M. Taghizadeh Armaki– Email: mojtabataghizade@yahoo.com.

Background and Aim: A loop-mediated isothermal amplification (LAMP) method for rapid detection of the *Nocardia* spp., strains had been developed and assessed in this study.

methods: In the cross-sectional study and in a period of one year, a total of 357 BAL samples were collected from shariati hospital in Tehran, Iran. All samples were tested by partially acid-fast, culture base, PCR methods. The optimal LAMP reaction condition was 65˚C for 45 min, with the recognition limit as 1 pg DNA/tube and 100 CFU/reaction. The amplified LAMP products were visualized via calcein and manganous ions as well as agarose gel electrophoresis.

Results: Out of 357 BAL samples, 0 (0.0%), 4 (1.1%), 9 (2.5%) and 10 (2.8%) Nocardia strains were identified by the direct staining of partial acid fast, microbiological culture-based, PCR and LAMP methods, respectively.

Conclusion: We developed a new LAMP technique for recognition of *Nocardia* which was fast, very sensitive, simple, and low-cost. To the best of our knowledge, this is the first report of the detection of Nocardia species based on LAMP method in BAL samples.

Keywords: Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) - Nocardia- Rapid detection.

P/ The Prevalence Of Bacterial Infections In The Urinary Tract In Diabetic Patients

Fahime omidi*

Lahijan azad University

Correspondence*:Email: omidi_fahime@yahoo.com

Background and Aim: Urinary tract infection is the second most common infection in the human body. Urinary tract infection is an infection most common among diabetic patients. The most common E. coli bacteria that here a urinary tract infection in both sexes and almost all ages, this study examines the pattern of Escherichia coli isolated from urinary tract among diabetic patients to use antibiotics to treat these infections deals.

Methods: Urine cultures were performed using standard methods. All urine samples submitted to the laboratory for culture during a period of 6 months, culture and Eosin methylene blue (EMB), blood agar and differential environment and identify the strain of E.coli, antibiogram pattern of growth inhibition zone in accordance with the standards was. used antibiotic discs company's Padtan Teb and antiserusms polyvalent and monovalan in Mast Diagnostic Kit.

Results: Of 34 strains of Escherichia coli isolated from urine culture diabetic patients with urinary tract infection, many females 22(%64/7) and male 12 cases (%35/3) respectively. The age of patients with UPEC from one year to 72 years. Most cases of infection in the age group (55-63) with 20/59% and 6%, in the group Sny64-72year and the lowest frequency in second place in age groups 1-9 year and 2 percent were seen with a frequency of 10-18 years.

Conclusion: The results of the antibiotic susceptibility test on the bacteria showed that the most effective antibiotic on gram negative bacteria such as Klebsiella and Escherichia coli were 100% sensitive to nitrofurantoin and resistant to ampicillin.

Keyword: urinary tract infections, Escherichia coli, antibiotic resistance patt

P/ Antibiotic resistance of extended spectrum beta-lactamase producing Escherichia coli from urinary tract infections in Babol, northern Iran

Mana baziboroun[1], Masoumeh Bayani[2]*, Tahmineh Biazar[2], Zohreh Eslamdoost[3], Seyyed Mojtaba Mehdipour Mir[3], Soheil Ebrahimpour[4]

1- Infectious Diseases and Tropical Medicine Research Center, Health Research Institute, Babol University of Medical Sciences, Babol, I.R. Iran.

2- Shahid Yahyanejad Hospital, Babol Medical University, Babol, IR Iran.

*Correspondence: Masoumeh Bayani. Email: m_baiany@yahoo.com.

Background and Aim: Esherichia coli (E.coli) is the most common cause of UTI in both inpatients and outpatients. The incidence of community-acquired UTIs duo to extended-spectrum Beta lactamase (ESBL) producing E.coli, has increased worldwide and is a medical problem in the treatment of infections. The aim of this study was to determine the prevalence of ESBL producing E.coli in urine samples of outpatients.

Methods: This cross-sectional study was done from March 2016 to Jun 2017. A total of 3699 urine samples from outpatients attending to yahyanezhad hospital in babol (northern Iran) were processed for bacterial culture using conventional methods. Antimicrobial susceptibility testing for E.coli isolates was performed by disc diffusion method and prevalence of ESBL producing E.coli was assessed by Double Disc Synergy Test (DDST) method.

Results: A total of 3699 tested sample, 201 samples showed growth of pathogens and among them, 106 isolates (52/7%) were E.coli. The rate of ESBLs producing E.coli was 25/4%. The majority (81/5%) of the isolates were female. High level of resistance was seen to ceftriaxone and ciprofloxacin and cefixim (ranging from 61-78%) while meropenem, piperacillin-tazobactam, amikacin and nitrofurantoin showed low level of resistance.

Conclusion: The recent study showed high prevalence of ESBL producing E.coli between outpatients. Among the oral drugs, nitrofurantoin can be used in uncomplicated UTI and parenteral drugs such as carbapenem, aminoglycosides and piperacillin- tazobactam can be the alternative choice for complicated UTI. Our results indicates the fact that physicians should be aware of this increasing resistant among urinary isolates and change their empirical therapy regime accordingly.

Keywords: E.coli, Urinary Tract Infection, ESBL.

P/ Identification of Klebsiella pneumoniae Carbapenemase-producing Klebsiella oxytoca in Clinical Isolates in Tehran Hospitals

Majid Validi[1]*, Mohammad Mehdi Soltan Dallal[2], Masoumeh Douraghi[2], Jalil Fallah Mehrabadi[3], Abbas Rahimi Foroushani[4]

1-Ph.D. Department of Medical Laboratory Sciences, School of Allied Medical Sciences, Shahrekord University of Medical Sciences-

2-Ph.D. Division of Microbiology, Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran-

3-Ph.D. Lister Laboratory of Microbiology, Tehran, Iran

4-Ph.D.Department of Epidemiology and Biostatistics, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.-

Correspondence*: Dr Majid Validi1-Email: validi543@gmail.com.

Background and Aim: Production of carbapenemase, especially Klebsiella pneumoniae carbapenemases (KPC), is one of the antibiotic resistance mechanisms of Enterobacteriaceae such as Klebsiella oxytoca. This study aimed to investigate and identify KPC-producing K. oxytoca isolates using molecular and phenotypic methods.

Methods: A total of 75 isolates of K. oxytoca were isolated from various clinical samples, and were verified as K. oxytoca after performing standard microbiological tests and using a polymerase chain reaction (PCR) method. An antibiotic susceptibility test was performed using a disc diffusion method according to the Clinical and Laboratory Standards Institute guidelines. CHROMagar KPC chromogenic culture media was used to examine and confirm the production of the carbapenemase enzyme in K. oxytoca isolates; in addition, PCR was used to evaluate the presence of blaKPC gene in K. oxytoca strains.

Result: Of a total of 75 K. oxytoca isolates, one multidrug resistant strain was isolated from the urine of a hospitalized woman. This strain was examined to assess its ability to produce carbapenemase enzyme; it produced a colony with a blue metallic color on the CHROMagar KPC chromogenic culture media. In addition, the blaKPC gene was confirmed by PCR.

Conclusion: To date, many cases of KPC-producing Enterobacteriaceae, in particular K. pneumoniae, have been reported in different countries; there are also some reports on the identification of KPC-producing K. oxytoca. Therefore, to prevent the outbreak of nosocomial infections, the early detection, control, and prevention of the spread of these strains are of great importance.

Keywords: Klebsiella oxytoca| bla KPC| PCR| CHROMagarTM KPC

P/ Pathogen Identification in Suspected Cases of Pyogenic Spondylodiscitis

Ahmad Farajzadeh Sheikh,[1,2] Azar D. Khosravi,[1,2] Hamed Goodarzi,[1,2,3],* Roohangiz Nashibi,[2,4] Alireaza Teimouri,[5,6] Azim Motamedfar,[7] Reza Ranjbar,3 Sara Afzalzadeh,[4] Mehrandokht Cyrus,[2] and Mohammad Hashemzadeh

1- Pro Infectious and Tropical Diseases Research Center, Health Research Institute, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences Ahvaz, Iran

2- Pro Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical SciencesAhvaz, Iran

3- PhD Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran -Molecular Biology Research Center, Baqiyatallah University of Medical Science, Tehran, Iran

4- MD Department of Microbiology, School of Medicine,Department of Radiology, Razi Teaching Hospital, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical SciencesAhvaz, Iran; Department of Infectious Diseases, Razi Teaching Hospital, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences Ahvaz, Iran

5- PhD Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical SciencesAhvaz, Iran - - Department of Neurosurgery, Golestan Teaching Hospital, Ahvaz Jundishapur University of Medical SciencesAhvaz, Iran; Department of Neurosurgery, Tehran Medical Science Branch, Islamic Azad UniversityTehran, Iran.

6- MD Department of Radiology, Razi Teaching Hospital, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences Ahvaz, Iran. - - Department of Radiology, Razi Teaching Hospital, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences Ahvaz, Iran.

7- PhD Molecular Biology Research Center, Baqiyatallah University of Medical Science Tehran, Iran ,- Molecular Biology Research Center, Baqiyatallah University of Medical Science Tehran, Iran

Correspondence*: goodarzi200055@yahoo.com

Background and Aim: Pyogenic spinal infection continues to represent a worldwide problem. In approximately one-third of patients with pyogenic spondylodiscitis, the infectious agent is never identified. Of the cases that lead to organismal identification, bacteria are more commonly isolated from the spine rather than fungi and parasites.

Methods: This study applied universal prokaryotic 16S rRNA PCR as a rapid diagnostic tool for the detection of bacterial agents in specimens from patients suspected of pyogenic spondylodiscitis. Gram and Ziehl-Neelsen staining were used as a preliminary screening measure for microbiologic evaluation of patient samples. PCR amplification targeting 16S rRNA gene was performed on DNA extracted from 57 cases including specimens from epidural abscesses, vertebral, and disc biopsies. Positive samples were directly sequenced. MRI findings demonstrated that disc destruction and inflammation were the major imaging features of suspected pyogenic spondylodiscitis cases, as 44 cases showed such features.

Results: The most common site of infection was the lumbar spine (66.7%), followed by thoracic spine (19%), the sacroiliac joint (9.5%), and lumbar-thoracic spine (4.8%) regions. A total of 21 samples amplified the 16S rRNA-PCR product. Sanger sequencing of the PCR products identified the following bacteriological agents: Mycobacterium tuberculosis (n = 9; 42.9%), Staphylococcus aureus (n = 6; 28.5%), Mycobacterium abscessus (n = 5; 23.8%), and Mycobacterium chelonae (n = 1; 4.8%). 36 samples displayed no visible 16S rRNA PCR signal, which suggested that non-bacterial infectious agents (e.g., fungi) or non-infectious processes (e.g., inflammatory, or neoplastic) may be responsible for some of these cases. The L3-L4 site (23.8%) was the most frequent site of infection. Single disc/vertebral infection were observed in 9 patients (42.85%), while 12 patients (57.15%) had 2 infected adjacent vertebrae. Elevated erythrocyte sedimentation rate (ESR) and C-reactive protein (CRP) inflammatory markers were noted in majority of the patients. In conclusion, microbiological methods and MRI findings are vital components for the proper diagnosis of pyogenic spondylodiscitis.

Conclusion: Our findings suggest that molecular methods such as clinical application of 16S rRNA PCR and sequencing may be useful as adjunctive diagnostic tools for pyogenic spondylodiscitis. The rapid turnaround time of 16S rRNA PCR and sequencing submission and results can potentially decrease the time to diagnosis and improve the therapeutic management and outcome of these infections. Although S. aureus and M. tuberculosis were the most common causes of pyogenic spinal infections in this study, other infectious agents and non-infectious etiologies should be considered. Based on study results, we advise that antibiotic therapy should be initiated after a definitive etiological diagnosis.

Keywords: MRI; bacterial agents; biopsy; polymerase chain reaction; pyogenic spondylodiscitis

P/ Association between helicobacter pylori infection in Subjects with Gastritis and serum levels of LL-37, MBL and M–Ficolin

Mehdi Soltanzadeh-Yamchi[1], Mehdi shahbazi[1], Javad Shokri-Shirvani[2], Soheil Ebrahimpour[3], Mousa Mohammadnia Afrouzi[1*]

1- Department of Immunology, School of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, I.R Iran.

2- Department of Internal Medicine, School of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, I.R Iran.

3- Infectious Diseases and Tropical Medicine Research Center, Health Research Institute, Babol University of Medical Sciences, Babol, I.R. Iran.

*Correspondence: .Mousa Mohammadnia-Afrouzi1-Email: mousamohammadnia@yahoo.com.

Background and Aim: Helicobacter pylori (H. pylori) can stimulate immune responses and lead to release of pro-inflammatory factors and antimicrobial peptides as LL-37, MBL and M –Ficolin. The aim of this study was to determine the level of changes in serum levels of the three mentioned factors in people with gastritis and their association with the presence or absence of Helicobacter Pylori.

Methods: Subjects were divided into two groups of 35 individuals with H. pylori and 25individuals without H. pylori. Biopsy and blood samples were collected from each subject. H. pylori positivity was investigated regarding the serum level by enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) kit and its presence in the tissue was examined by histopathology observations and rapid urease test (RUT). LL-37, MBL and M-Ficolin serum levels were measured in each group using the standard ELISA kit.

Results: It was revealed that 58% of the subjects were infected with H. pylori. Subjects with MBL levels lower than 500 ng/ml in the sera were significantly infected with H. pylori and subjects with MBL levels higher than 1000 ng/ml often did not have H. pylori infection. LL-37 had an increased level while M-Ficolin showed no significant change in the presence of H. pylori.

Conclusions*:* Our findings indicated that MBL with a lower presence and LL-37 with a higher presence might be involved in H. pylori infection while M-ficolin seems to be less effective in the infection.

Keywords: Helicobacter pylori**,** LL-37, MBL, M –Ficolin.

P/ Frequency of Class 1 Integron in Escherichia Coli Strains Isolated from Patients with Urinary Tract Infections in North of Iran

Meghdad Bagheri[1], Fatemeh Ahangarkani[2], Ramazan Rajabnia[1], Elaheh Ferdosi Shahandashti[3], Maryam Ramez[1]

1) Infectious Diseases Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran
2) Antimicrobial Resistance Research Center, Department of Infectious Diseases, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran
3) Department of Biotechnology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran

Corresponding author: Maryam Ramez.

Background: Due to the importance of antibiotic resistance in *E.coli* and the possible role of integrons in creating of resistance, this study was Performed to survey of class 1 integron in *E. coli* strains and their resistance to three routinely used antibiotics.

Methods: In this cross-sectional Study, 100 strains of *E. coli* were isolated from patients with Urinary tract infection. After diagnosis of bacteria, genomes were extracted. Then, presence of integron class 1 was evaluated by using PCR. Antibiotic susceptibility testing method, the micro dilution broth was performed according to the standard CLSI2010. Data were analyzed using SPSS16 software.

Result: Out of the total number of 100 *E. coli* cases, 22 cases (22%) had class 1 integron. Resistance against cotrimoxazol, cefixime and ciprofloxacin antibiotics were 67%, 34% and 34% respectively. In 22 *E. coli* cases positive for integron class1 gene, resistance against three antibiotics were 100%, 95.45% and 90.90% respectively, which is statistically significant ($p < 0.05$).

Conclusion: Resistance level against antibiotics in samples containing class 1 integron were significantly higher than those lacking this gene, which may be confirm the present of class 1 integron in creation of clinical strains with resistance to this antibiotics. Using suitable antibiotics may be preventing transmission of resistance genes through integrons.

Key words: *E. coli*, class 1 integron, Urinary Tract Infection, antibiotic resistance.

P/ PCR-mediated identification of methicillin and vancomycin resistant genes in *Staphylococcus aureus* strains isolated from the nasal cavity

Zahra Mahdavi Niaki [1], Majid Alipour [*1]

1- Islamic Azad University, Babol Branch, Department of Cellular and Molecular Biology, Iran

Corresponding author: Majid Alipour: alipourrna@yahoo.com

Background and Aim*: Staphylococcus aureus* is colonized in the human nasal cavity and would contaminate hospital and therapeutic environments. This bacterium has a genetic diversity in terms of resistance to antimicrobial agents. Therefore, the purpose of this study was separation and identification of Methicillin and Vancomycin resistant genes in *Staphylococcus aureus* strains which has been isolated from the nasal cavity.

Methods For achieving this purpose, 189 patients referred to Amol city health center were sampled. *Staphylococcus aureus* identification was performed by using standard methods. Resistance to antibiotics of Vancomycin, Methicillin, Cefpime, Ceftriaxone, Cefixime, nalidixic acid, Cefazolin, Stiffenoxime, Cefotaxime, Ceftazidime, Imipenem and Ciprofloxacin were identified by disk diffusion method and recommendations of the Laboratory and Clinical Standardization Organization (CLSI). Polymerase chain reaction was performed to detect mecA, *vanA* and *femB* genes.

Results: In this study, 32.2% of the patients were carriers of *Staphylococcus aureus* in their nose. In this research, 68.85 percent of the isolates were resistant to Methicillin and only 1.63 percent of them were sensitive. In this study, a 100 percent resistance to Cefixime and Nalidixic acid antibiotics was observed. Subsequently, the highest amounts of resistance belonged to Cefazolin (96.72%) and Cefepime (86.88%). Resistance to Vancomycin was 70.49%. The lowest amounts of resistance were observed in the two antibiotics Ciprofloxacin and Imipenem, with incidences of 6.55% and 9.83% in isolates, respectively. Genetically, no resistance was observed for Vancomycin and none of the tested isolates were carried vanA gene. Of 61 separated *Staphylococcus aureus*, 77.04 percent of them carried mecA gene and 90.16% of them had *femB* gene.

Conclusion: This study showed that the main resistance to Penicillin, Oxacillin and Methicillinin Amol city is due to mecA and femB genes.

P/ An Investigation on Drug Resistance Among klebsiella *pneumoniae* Strains Isolated from North of Iran and the Relationship with the Presence of Different Classes of Integron

Masoomeh Moradian kouchaksaraie[1], Fatemeh Moradian kouchaksaraie[2], Mojtaba darbuyeh[3], Ramazan Rajabnia[2*]

1- M.Sc in Microbiology, Department of Microbiology Science and Research Branch Islamic Azad University, Fars, Iran

2- Infection Diseases Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.

3-Assistant professor, Department of Microbiology Science and Research Branch Islamic Azad University, Fars, Iran.

Background and Aim*: Klebsiella pneumoniae* is an important cause of nosocomial infections. The prevalence of antibiotic resistance is growing among strains of this bacterium. In this research the role of different classes of integron in creating drug resistance in *Klebsiella pneumoniae* has been studied.

Methods: In this descriptive-analytical study, 50 strains of *Klebsiella pneumoniae* were isolated from the ICU of Shahid Beheshti Hospital, Babol and antibiotic susceptibility test was performed on them through disk diffusion method with 11 antibiotics including cefotaxime (CTX), amikacin (AN), ofloxacin (OFX), imipenem (IPM), cefepime (FEP), ticarcillin (TIC), gentamicin (GM), ciprofloxacin (CP), cefazolin (CZ), ceftriaxone (CRO), and ceftizoxim (CT).

Of 50 isolated strains, 21 strains (42%) contained integron gene; 16 strains (32%) had integron class 1 and 5 strains (10%) had integron class 2. No class 3 integron was found among the strains. Also, none of the strains simultaneously carried class 1 and 2 integron. Resistance to the above antibiotics was 66%, 38%, 50%, 50%, 64%, 62%, 60%, 52%, 88%, 60%, and 88%, respectively. Forty samples (80%) were resistant to multiple antibiotics.

Results: The results of this study, showed the high prevalence of integron gene in different strains of *Klebsiella pneumoniae*, isolated from different parts of the ICU's environment and equipment. Also, the rate of antibiotic resistance was high among studied strains that can be a warning for infection with the bacteria.

Conclusion: Based on this study, antibiotics such as amikacin, imipenem, and ofloxacin, with the least amount of resistance, can be effective in the treatment of *Klebsiella pneumoniae* infections.

Keywords: *Klebsiel,la pneumoniae*, antibiotic resistance, integron

P/ Identification of Cyclotide in Viola odorata from Lafor area in the north of Iran

Moazzameh Ramezani[1,*], Ramazan Rajabnia [2]

1 PhD of plant physiology, medical science of Babol University

2 Faculty of medical science of Babol University

Corresponding author: mo.ramezani@yahoo.com

Cyclotides are cyclic cystine knotted macrocyclic plant peptides that have several promising applications. They have different functions in pharmaceutical science such as antibacterial, anti-tumor and anti HIV. This study was undertaken to detect and identify known cyclotides and a comparison between different tissue in Viola odorata from north of Iran. The number of cyclotides in the plant was investigated in varied tissue (leaves, flowers and roots) using liquid chromatography coupled to Fourier transform mass spectrometry (FTMS). Result was shown that 166 cyclotide-like masses were observed which was positively identified based on automated spectrum matching that 8 types was newly identified. Result was shown that among different tissues, roots have maximum cyclotides (78) in plant and leaf has minimum cyclotides. Can conclude that root maybe has important rules in defense against microbial microorganism of soil.

Keywords: cyclotide, Viola odorata, LC Mass.

P/ Bacillus cereus assessment in dried vegetables

Sedighe Ghourchian[1, 2], Masoumeh Douraghi[1], Mohammad Mehdi Soltan Dallal[1, 2]

1. Div. of Microbiology, Dept. of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran
2. Food Microbiology Research Center, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

Corresponding author: Mohammad Mehdi Soltan Dallal

Background and Aim: The bacillus word means small rod and cereus that can be translated to wax-like. *Bacillus cereus* is a gram- positive bacterium, widespread in the nature and almost isolate from soil and plants. *B. cereus* can be responsible for food borne deiseases due to changes in lifestyle. This bacterial species can also contaminate raw and dried foods including dried vegetables.

Methods: The aim of this study is *Bacillus cereus* assessment in the dried vegetables was performed on 140 samples containing 70 unpacked and 70 open dehydrated vegetables. The samples were diluted in peptone water and then cultured on *Bacillus ceruse* selective agar as pour plate. The bacteria colonies were identified by biochemical tests.

Results*: B. cereus* were isolated from44 samples (31.3%) and the colony forming units per milliliter were counted. The contamination rate of was 17.8% and 13.5% for open and packed dried vegetables respectively.

Conclusion: Our finding showed the contamination of unpacked dried vegetables was higher than packed one.

Keywords*: Bacillus cereus*, vegetables. Contamination

P/ Molecular detection of *Helicobacter pylori* in prostate cancer and hyperplasia patients compared with healthy people

Nima Mohammadzadeh [1], Mohammadreza Bojary [1*], Saeed Bayati[1], Masomeh Hallajzadeh[1]

1. Department of microbiology, faculty of medicine, Iran University of medical sciences, Tehran, Iran

Presenter: Nima Mohammadzadeh

Background and Aim: To determine whether *Helicobacter pylori (H. pylori)* is detectable in both benign prostatic hyperplasia (BPH) and prostate cancer (PCa). Epidemiological studies have shown significant associations between infective chronic prostatitis and prostatic carcinoma. Many bacteria have been found in the prostate of patients with chronic prostatitis, BPH, and PCa.

Methods: Tissue samples were obtained from transrectal biopsies of the prostate in the case of BPH (n=70), PCa ((n=120) stage I, II, III, IV) and healthy (n=70), respectively. Detection of *H. pylori* (16s rDNA) in prostate tissue from patients with BPH and PCa was performed using PCR, and the results were confirmed by DNA sequencing.

Results: Of all the samples, 34 samples were positive in PCR testing, of which 18 were identified with 98% of the similarity of Helicobacter pylori. Our results showed that there is a significant relationship between the presence of Helicobacter pylori among healthy people and those with prostate and hyperplasia, but there is no association between PCa and BPH.

Conclusions: This study has revealed that *H. pylori* exists in the prostate. Further studies are needed to clarify its role in contributing to the development of *H. pylori* and prostate cancer.

Keywords: *Helicobacter pylori*, n prostate cancer, hyperplasia.

P/ *Toxigenic Clostridium difficile in Children*

Jalal Mardaneh[*1], Alireza Mohammadzadeh[1], Saeede Bagheri[2], Maryam Baniasadi[3], Masoud Yousefi[4], Majid Validi[5]

1-Microbiology Department, School of Medicine, Gonabad University of Medical Sciences, Gonabad, Iran.
2-Student Research Committee, Gonabad University of Medical Sciences, Gonabad, Iran.
3-Microbiology Laboratory, 22Bahman Hospital, Gonabad University of Medical Sciences, Gonabad, Iran.
4-Department of Microbiology, School of Medicine, Birjand University of Medical Sciences, Birjand, Iran.
5-Department of Medical Laboratory Sciences, School of Allied Medical Sciences, Shahrekord University of Medical Sciences, Shahrekord, Iran.

Background and aim: *Clostridium difficile* is one of the most common nosocomial bacteria in the industrial nations and the major etiological agent of antibiotic-associated diarrhea (AAD). Diarrhoea diseases are a relatively common side effect of antimicrobial treatments. The aim of this study was to assess the detection of pathogenic toxin A/B-positive Clostridium difficile strains among hospitalized chidren with diarrhoea in Gonabad, Iran.

Methods: In current study hospitalized patients submitted to 22Bahman hospital (Gonabad, Iran) and if they had a liquid stool specimen were included. From November 2016 through July 2017, a total of 50 sequential stool samples from hospitalized patients were obtained for inclusion in this study. Stool samples were collected and Clostridium difficile toxin A/B immunoassay was performed according to manufacturer protocol.

Results: A total 50 patients with liquid stool sent for Clostridium difficile toxin A/B assay were enrolled in the study. Maximum number of cases were in the age group of less than 10 years (n=29, 58%). Fifteen (30%) patients had higher than 40 year age. Among the studied patients, 16 (32%) cases were positive for *Clostridium difficile toxin A/B* by immunochromatographic assay. A/B toxin positive patients ages ranged from 5 month to 89 years, of which 1 cases was 38 years (6.25%). Ceftriaxone was the most common drug used for treatment of these patients, seven patients (43.75%) received ceftriaxone as dug of choice.

Conclusion: One of the interesting finding in our study was that 3 *Clostridium* difficile toxin A/B positive patients had not received antibiotic, all these cases were in ≤ 10 years age group. CDI is related to consumption of antibiotics, however the number of cases with diarrheal signs and are recognized as CDI without any prior antibiotic exposure are rising

Keywords: Toxigenic Clostridium difficile, Hospitalized patients, Children.

P/ Identify common bacterias and their antimicrobial susceptibility in children with acute diarrhea

Aynaz khademian[1] , Mohammad Reza Esmaeili Dooki, Rahim Barari Sawadkohi, Zahra Mosaiebnia Gatabi , Mohammad Poornasrollah, Mohaddeseh Mirzapour , Ramazan Rajabnia[3]*

1-Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.

2-Non-Communicable pediatric Diseases Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran

3-Infectious Diseases and Tropical Medicine Research Center, Babol University of Medical Sceinces, Babol, Iran.

4- Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.

***Background and aim*:** Infectious diarrhea is one of common cause of children diarrhea causing mortality and morbidity worldwide. This study was performed to identify the common bacteria and their antimicrobial susceptibility in children with diarrhea.

Methods: Children under 14 years old with acute diarrhea who referred to Amirkola Children's Hospital, Mazandaran, North of Iran, were enrolled during the summer and fall of 2009. From each patient, two fecal specimens were collected. Samples were cultured and bacterial isolation was done by conventional methods. Antimicrobial susceptibility was identified by disk diffusion and micro dilution methods.

Results: One hundred-seventy two patients with the mean age of 41.8±37.6 months were evaluated. The bacteria were isolated in 48 (27.9%) cases. The most common isolated bacteria was E.coli and then shigella in both bloody and nonbloody diarrheal patients. There was a significant difference between bacteria positive specimens and WBC in stool smear (p=0.003). All isolated shigella were susceptible to Ceftizoxime and ciprofloxacin and were resistant to Cefixime. Resistant to Nalidixic acid was seen in 14% of them.

Conclusion: The results show that E.coli was the most frequently isolated pathogen in children with bloody and nonbloody diarrhea. Ceftizoxime is a good antibiotic for shigellosis in children in our area but Cefixime is not appropriate.

Keywords: Diarrhea, Drug, Resistance, Antibiotic, Dysentery.

P/ Antimicrobial resistance pattern of *P. aeruginosa* and *E. cloacae* isolated among intensive care unit patients

Aynaz khademian[3], Masomeh Bayani[1], Sepideh Siadati[2], Ali Asghar Taher[1], Ramzan Rajabnia[1*]

1. Infectious Disease and Tropical Research Center, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.
2. Department of Pathology, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.
3-Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.

Background and Aim: Multidrug resistant (MDR) bacteria are spread throughout the world which causes nosocomial infections, especially in Intensive Care Unit (ICU). This study aimed to investigate the resistance pattern of *Pseudomonas aeruginosa* and *Enterobacter cloacae* isolated from patients in the ICU.

Methods: During 2011-2012, 30 isolates for each *P. aeruginosa* and *E. cloacae* were collected from the patients who acquired nosocomial infection after admition to the ICU at the hospitals affiliated to Babol University of Medical Sciences, Babol, and northern Iran. Antimicrobial susceptibility test was performed for five category antibiotics by microdilution method. The datawere analyzed by SPSS version 20 and $p<0.05$ was considered statistically significant.

Results: The highest resistance rate of *P. aeruginosa* was seen to amikacin (53.3%) followed by ceftazidime (43.3%). Also, 16.7% of *E. cloacae* was resistant to ceftazidime. Among *P. aeruginosa* isolates, 18 (60%) were MDR while no *E. cloacae* isolates were MDR. The significant correlation was only demonstrated between MDR *P. aeruginosa* and the reason of hospitalization (P=0.004).

Conclusion: In conclusion, there was alarming amount of *P. aeruginosa* MDR in patients in the ICU which could lead to a hazardous outcome for the patients. Therefore, new prevention policies regarding to hospital infection should be established. Also, the periodical assessment of bacterial resistance pattern particularly in ICUs should be performed.

Keywords: Intensive care unit, nosocomial infections, P. aeruginosa, E. cloacae

P/ Bacterial agents isolated from patients with otitis externa referred to Ayatollah Rouhani, Babol

Saeid Mahdavi Omran* Keyvn Kiakojori, Seyed Hamd Modares Tonekaboni, Soraya Khafri,

Mehdi Rajabnia, Mojtaba Taghizadeh, Mohsen Karami, Nasim Bagherpour Jamnani,

Infectious Diseases and Tropical Medicine Research Center, Health Research Institute, Department of Medical Parasitology and Mycology, School of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, I.R. Iran.
Department of Ear, Nose and Throat, School of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.
Department of Biostatistics, School of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.
Department of Microbiology, School of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.
Department of Medical Parasitology and Mycology, School of Medicine, Babol University of Medical Sciences, Babol, I. Iran
Student Research Committee, Babol University of Medical Sciences, Babol, Iran.

Background and aim: Bacteria are considered as the most important causes of external ear infections. Regarding the importance of the role of organisms causing external ear infection in the success of treatment and prevention of dissemination to the middle ear, in this study, the bacteria producing this infection in patients referred to Ayatollah Rouhani Hospital in Babol were evaluated.

Methods: In this study, the ears of all patients suspected of external ear infections referring to the ear, nose and throat clinic of the Ayatollah Rouhani Hospital in Babol were evaluated. The ear samples were removed by the sterilized speculum, a portion of them pun on slide and the other part put on sterilized normal saline. The slides were stained by Gram method and the other samples were inoculated into blood agar and chocolate agar media. After bacterial growth at 37 ° C for 48 hours, genus or bacterial species were determined by conventional methods.

Results: A total of 50 patients were enrolled in the study, of which 19 were directly positive for the presence of bacteria. In culture, 38 of them were grown different bacteria. Meanwhile, in 9 plates different types of fungi were seen.

Conclusion: The results showed 76% of external ear infections produced by bacteria.

Keywords: External ear, Bacterial infection, Babol

P/ Evaluation of some factors associated to Bacilli calmette-Guerin (BCG) lymphadenitis in vaccinated infants in Razavi Khorasan Province from 2009 to 2013

Dr hossein Mokhtari*, Dr Fahimeh Alizadeh

1. Assistant professor Department of infectious diseases,mashhad medical science branch,islamicazad university,mashhad, iran -arya hospital
2. Medical doctor medical doctor arya hospital

E.mail: hoinmokhtari@gmail.com

Background and Aim: BCG vaccination is performed as a part of expanded program of immunization. Lymphadenitis is the most common complication of BCG vaccination. The aim of this study was to evaluation of some factors associated to BCG lymphadenitis in vaccinated infants in Razavi Khorasan Province.

Methods: In this retrospective study, 2560 infants with BCG lymphadenitis were evaluated.

Results: Average annual incidence of BCG lymphadenitis in this study was 4.6 per 1000 vaccinations. The prevalence of BCG lymphadenitis was higher in male (57%) and positive correlation between occurrence of BCG lymphadenitis and the infant sex was found. (P-value 0/0001)No positive correlation between occurrence of BCG lymphadenitis and birth weight < 2500 gram was found. (p- Value 0/089)The most cases (77.8%) were appeared within 6 months and few cases (6%) developed after 12 months. The majority of cases with lymphadenitis were in group with gestational age > 37 weeks.

Conclusion: Annual incidence of BCG lymphadenitis in this study was 4.6 per 1000 vaccinations. These results showed that prevalence of BCG lymphadenitis is higher in male. No positive correlation between occurrence of BCG lymphadenitis and birth weight < 2500 gram was found BCG lymphadenitis usually occurs in the first 6 months after vaccination and peak time is 3-4 months after vaccination. Also this complication was seen after 12 months. The most of cases were in the category of gestational age > 37 weeks.

Keywords: BCG vaccination, Lymphadenitis, Infant

P/ Evaluation of microbial flora on the hands of health care workers in Arya hospital of Mashhad on 2013

Dr hossein Mokhtari

Assistant professor Department of infectious diseases, Mashhad medical science branch, Islamic azad university, Mashhad, Iran - arya hospital

E.mail: hoinmokhtari@gmail.com

Background and Aim: Nosocomial infections are a major challenge to the health care systems and results in significant morbidity, mortality and economic burden. Hospitals are the workplaces where number of direct contacts between the hands of health care workers and the patients highly need the best hygiene standards. The objective of this study was to determine the microbial flora on the hands of health care personals in Arya Hospital of Mashhad on 2013.

Methods: In a cross sectional descriptive study all health care workers were screened at the beginning and in the end of each shift in different wards of the hospital. Samples of their hands were cultured on specific media. Bacterial isolated were identified using standards microbiological procedures. Then antimicrobial susceptibility pattern were determined.

Results: A total of 206 samples were cultured. Contamination of hands was observed in 62.2%. Most isolates were coagolase negative staphylococcus (CNS).Most sensitive antibiotics for this organism were vancomycin,imipenem and clindamycin(100%).Methicillin resistance was observed in 28.1%.The beginning of all three shifts were more contaminated than the end. Workers in Delivery Room and Operation Room had the most and the least contamination with 75% and 39.4% respectively.

Conclusion: Health care workers hands were contaminated mostly with coagolase negative staphylococcus .Medical personnels, mainly at the beginning of shift, especially in the Delivery Room. Must follow careful hand washing technique to minimize transmission of diseases.

Keywords: Nosocomial infection, Microbial flora, Hospital

P/ Molecular diagnosis and detection of the antibiotic resistance pattern in methicilin resistant staphylococcus aureus (MRSA) isolated and sequencing of mecA gene from patient hospitalizedin Rasht hospital

Seyedeh adeleh pishvaee *, seyedeh tooba shafighi

Azad University rasht

E.mail: adeleh.pishvaee@gmail.co

Background and Aim: Nowadays Meticillin resistant Staphylococcus aureus (MRSA) is one of the public-health threats due to resistance to agents and anti-microbial drugs Methicillin resistance staphylococcus aureus (MRSA) strains are dangerous pathogens that are resistant to most common antibiotics and can challenge specific treatment of a disease. The aim of this research compared phenotypic whit catheterizations separately method in the determination of Staphylococcus aureus strain to Meticillin Resistant clinical samples of patients in some hospitals of Rasht level.

Methods: This cross-sectional (descriptive-analytical) study was conducted from February 2016 to September 2016. A phenotypic method was performed to identify MRSA strains. Studying the antibiotic resistance pattern of MRSA strains was done using disc diffusion method against seven antibiotics based on CLSI protocol. Data were analyzed by SPSS software.. PCR-sequencing was carried out to assess the mecA mutations in drug resistant isolates. CLC main workbench v3.5 and BLAST softwares was used to compare mecA sequence in resistant isolates with reference gene.

Results: In this study, From a total of 76 strains isolated from patients hospitalized in rasht, 69 strains of S.aureus (90/78%) were detected.The prevalence of Meticillin-Resistant strain in the phenotypic method of 71 % and the PCR methods was 62/31%. Most S. aureus (50/72%) were isolated from wound sampling. As well as between samples, the sample has the highest frequency of MRSA was wound

Conclusion: The findings showed that the prevalence of MRSA was remarkable in the hospital samples. that is a serious warning to the treatment of infections caused by this bacterium.Perhaps because of the high incidence of MRSA from overdosing of antibiotics to more effectively treat infections. As a result, monitoring and developing safe and effective infection control practices in these sectors are of great importance.

P/ Rectovaginal microorganisms in mothers with and without Premature Rupture of membrane

Mostafa Javanian[1], Zahra Akbarian[2]*, Mohsen Haghshenas Mojaveri[2], Azita Ghanbarpour[3]

1. Infectious Disease & Tropical Medicine Research center, Health Research Institute. Babol University of Medical Sciences, Babol, IRAN

2. Non-communicable Pediatric Disease Research center, Health Research Institute, Clinical Research Development Unit of Rouhani Hospital. Babol University of Medical Science, Babol, IRAN

3. Infertility and Reproductive Health Research center Babol University of Medical Sciences, Babol, IRAN

E-mail: z.akbarian@mubabol.ac.ir

Background and Aim: *Chorioamnionitis* or infection of the fetal membranes followed by premature rupture of membrane (PROM) is mainly caused by organisms colonized in mother's rectovaginal area. This complication can cause maternal, fetal and neonatal morbidity and complications. The aim of this study was to evaluate the frequency of rectovaginal bacteria in mothers with and without PROM.

Methods: This study was conducted on all mothers with gestational age of≥26weeks and labor pain. Two cultures (vagina and rectum) were taken and placed in transport media after obtaining consent form, and were transferred to the original culture media within 24 hours for final diagnostic tests

Results: from 511 maternal cultures, 232 (45%) cases had history of PROM for 2-120 hours (9.56±11.76).Of 13 isolated organisms, except staph. Epidermidis, the most common germs were E.Coli, enterobacter cloace and GBS with 54.4%, 37.2% and 11.7%, respectively. E.cloace was significantly more frequent in mothers with PROM (44.4% vs 31.2% P=0.002). Frequency of E.coli and GBS in cases with PROM were 56.5% (vs 54.5% P=0.653) and 14.7% (vs 9.3% P=0.062) respectively.

Conclusion: According to the findings of this study, we suggest that appropriate antibiotic coverage in mothers with PROM and no plane for delivery.

P/ Prevalence of Urinary Tract Infections and Antibiotic Resistance Pattern in Patients Referring to Neka Diagnostic Laboratories

Farzaneh Zare[1], Zahra Miri[1], Farzaneh Mohammadzadeh Rostami [2] *

1. Bachelor of Microbiology, Non-Profit University of Andishesazan, Neka, Iran
2. Instructor of Biology Department, Master of medical Microbiology, profit University of Andishesazan, Neka, Iran

E-mail: frz.rostami@gmail.com

Background and Aim: Urinary tract infections (UTIs) are one of the most common bacterial infections and Escherichia coli is one of the most common causes of urinary tract infections. The purpose of this study was to evaluate the common bacteria and antibiotic resistance in urinary infections in patients referred to Neka Diagnostic Laboratories.

Methods: This cross-sectional study was carried out on 573 patients (489 women and 84 men) from the patients in the Neka medical diagnostic laboratories from January 1995 to April 1996. Morphological study and isolation of isolated bacteria using hot dyeing and differential biochemical tests were performed. Antibiotic resistance of bacteria was determined by disc diffusion agar method. The antibiotics used included: ciprofloxacin, co-trimoxazole, nalidixic acid, norfloxacin, gentamicin, ceftriaxone, cefalotin, ampicemin

Results: UTIs were observed in 573 patients, the most commonly isolated E.coli isolated pathogen, which was isolated in 258 (45%) of the cultures. In the following ranks, Enterobacter (12%), Klebsiella (3.14%), Pseudomonas (1.22%) and Shigella (0.17%) were respectively. Escherichia coli isolates showed the highest resistance to Cotrimoxazole (30.23%) and the lowest resistance to Norfloxacin (0.38%) and the highest susceptibility to Gentamicin (56.58%).

Conclusion: The results of this study indicate an increase in the resistance of E. coli strains to co-trimoxazole and ciprofloxacin antibiotics, which may be due to an overdose of these antibiotics. The report of antibiotic susceptibility to commonly occurring organisms in this area can be taken into consideration by physicians in experimental treatments.

Keywords: Urinary tract infections, Disc diffusion method, Antibiotic resistance, Neka.

P/ Determination of antibiotics resistance in Escherichia coli strains isolated from the patients by Urinary Tract Infections in two cities, Gorgan and Bandar-Gaze

Zahra Arab[1], Fatemeh Tazari[1]*

1. Department of Biology, Faculty of Science, university of Andishesazan, Neka, Iran

E- mail: f.tazari@andishesazan.ac.ir

Background and Aim: Urinary Tract Infections (UTI) is one of the most important and prevalent infections in different ages. Suitable treatment by antibiotics is a promising remedy for several reasons. With respect to the fact that Escherichia.coli is the main cause of this kind of infection, thus, objective of the current study is focused on determination of antibiotics resistant in Escherichia.coli strains. The samples were isolated from some of the patients in Gorgan and Bandar-Gaze.

Methods: This study was conducted over 6 months during autumn and winter. The 320 collected samples were evaluated according to the Gram staining and biochemical tests. Additionally, the antibiogram tests were carried out by CLSI standards, then, the results were analyzed by SPSS.

Results: From 320 samples, 12.83 and 88.16% of affected people belongs to women and men genders, respectively. In the evaluated samples, women in age of under 20 and over 70 years were the minimum and maximum percentage of susceptible groups, respectively by Escherichia coli. Moreover, the isolated strains were shown the maximum resistance toward Amoxicillin (60%) and Cotrimoxazole (93.45%), while Gentamicin (12.73%) and Amikacin (18.62%) were the influential antibiotics from sensitivity point of view.

Conclusions: The results of this study indicated that increasing resistance in Escherichia coli strains to Amoxicillin and Cotrimoxazole can be a sign of irregular prescription and consumption. Therefore, first, using unnecessary antibiotics should be avoided, and the second, more considerations should be taken into account for production of new generation of antibiotics that are more affective and economical.

Keywords: Escherichia coli, UTI affection, antibiotics resistance.

P/ Helicobacter Pylori and Gastric Cancer: Down regulation and up regulation Expression miRNA

Shiva rezaee, Amin Talebi bezmin abadi*, Sakineh Safarnejad

Tarbiat Modares University

E-mail: amin.talebi@gmail.com

Infection with helicobacter pylori can causes inflammation and gastric cancer in duration life. Helicobacter pylori is a risk factor for gastric cancer .helicobacter pylori have virulence factor that can disrupte regulation host Immune response. Clinical consequence of infectin with helicobacter pylori depend on Host genetics, Environmental factors, Gene settings, Virulence factor. Depend on n whit helicobacter pylorifor. MicroRNAs are small, non-coding RNA involved in the regulation of gene expression, playing an important role in inflammation cell proliferation, apoptosis and differentiation. miRNA in many biological processes such as growth, differentiation, angiogenesis, cell cycle regulation and apoptosis are involved. Disorder in miRNA expression can be each of these processes lead to disease. H. pylori by irrgulate miRNA expression can be survive in the gastric environment and cused different disease. But it is not clear connection between miRNA and CagA. In this article we present a comprehensive review about the role of microRNAs in H. pylori gastric carcinogenesis, identifying the microRNAs downregulated and upregulated in the infection and clarifying their biological role in the link between immune host response, inflammation, DNA methylation and gastric carcinogenesis.

Keywords: Helicobacter pylori, MicroRNA, Gastric cancer, Inflammation

P/ The effect of glucose on growth rate and the amount of PRP in culture of revived Hemophilus influenza type b

Farhad Esmaily[1]* ،Atefeh Hadi[2]

1. PhD -Karaj-Hesarak-Razi institute of vaccine and serum -
2. M Sc. Karaj institute of vaccine and serum

E-mail: fesmaily@yahoo.com

Heamophilus influenzae type b is a gram-negative pleomorphic coccobacilli bacterium. The capsular polysaccharide is made of repeated units of ribosilribitol phosphate which is causative agent of meningitis in children under two years old. The aim of this study was too investigate the effect of glucose on growth rate and the amount of PRP produced by Hib.

In this work one bead from cryobank containing Hib which is kept at -70oc was taken and cultured on GC agar and checked for purity. A suspension of bacteria was made and injected into menange of five infant rats. Ultimately the bacteria was isolated from surface of the brain and kept in cryobank at -70oc .One glass bead of the revived bacteria was added to the culture consisting of with and without glucose. The PRP was extracted from the pellet of the culture using various detergents, enzymes and chromatography From ten litters of culture containing glucose 226 µg/ml PRP was extracted while 150 µg/ml PRP was obtained from the culture without glucose. The number of colonies for culture with glucose was 1010 cfu /ml whereas the culture without glucose had 108 cfu/ml. Protein and nucleic acid was estimated under 1% which is the amount recommended by WHO.

Keywords: Hemophilus influenzae type b, polyribosilribitol phosphate, glucose

P/ First report of isolation of *Nocardia elegans* from hospital soil

Masood keikha

M.Sc. Isfahan Medical School

masoud.keykha90@gmail.com E-mail:

Background and Aim: *Nocardia* are Gram-positive, filamentous, aerobic and relatively slow-growing bacteria which are in soil and water. These group of bacteria can enter the human body from the environment via the inhalation and traumatic percutaneous inoculation and cause pulmonary, cutaneous or disseminated organs. *Nocardia elegans* 108553^{T} was first isolated as a novel species in 2005 from sputum of a patient with a pulmonary infection. There have few reports for isolation of this species from clinical and environmental samples. This report was the first report on isolation of *Nocardia elegans* from hospital soil, which represents the environmental resources as a source of risk for people.

Methods: The soil samples were collected from hospital departments for a survey of *Nocardia* species from Isfahan. This strain was isolated using Slip-buried method and subjected to identification by conventional and molecular tests including sequencing analysis of 16S rRNA.

Results: This bacterium was partially acid fast in microscopic evaluation; also able to growth in lysozyme broth. Moreover, urease test was positive but can't hydrolysis hypoxanthin, xhanthin, gelatin, casein and tyrosine. After DNA extraction (Boiling method) from a pure culture of isolate for molecular accurate identification in the species level; analysis of 16S rRNA gene was done. Sequence was analyzed with jPHYDIT software and BLAST in GenBank. This isolate was 99.6% similarities with *Nocardia elegans* DSM 44890 16S rRNA gene sequences.

Conclusion: The current report will contribute to a better understanding of the pathogenesis and path of transmission of *Nocardia* species to human.

Keywords: *Nocardia elegans*; Slip-buried method; 16S rRNA

P/ Genetic Profile Variation in Strains of *Bordetella pertussis*: a bioinformatics study

Masood keikha

M.Sc. Isfahan Medical School

masoud.keykha90@gmail.com

Background and Aim: *Bordetella pertussis* is a strict human pathogen causing severe contagious respiratory infection, whooping cough or pertussis. Although whole-cell pertussis (WP) vaccines successful in reducing the incidence of whooping cough, but this disease has not been eradicated and the re-emergence of the disease is reported worldwide. Antigenic divergence between vaccine strains and circulating clinical isolates are major factors of decreases in vaccine coverage. The aim of this study is determination of the genetic diversity of strains of *Bordetella pertussis* using the bioinformatics search.

Methods: In this study, the first collected *ptxS1* gene sequences of fifteen-two different strains of *Bordetella pertussis* from the NCBI website. Then information transfer to clustalW2 software and sequences had alignmented. In the final, using MEGA 7.0 software, were constructed the phylogenetic relationship strains of *Bordetella pertussis* due to determination of the genetic diversity of this strains.

Results: Based on the phylogenetic tree, strains of *Bordetella pertussis* subdivided to four clusters. Also upper than 70 percent of this strains and vaccine strain were belonged in cluster I. this study show that strains of *Bordetella pertussis* are difference.

Conclusion: Based on the report, strains of *Bordetella pertussis* have genetically different this phenomenon cause lead of decreases in vaccine coverage. So due to genetic diversity of *Bordetella pertussis* strains should use to different vaccines.

Keywords: *Bordetella pertussi*, Vaccination, Whooping cough

P/ First report of isolation of Streptomyces in a patient with mycetoma from Iranshahr, Iran

Masoud keikha [1*], vahid bameri [2]

1- M.Sc. Isfahan Medical School -

2-B.Sc. in Laboratory Khatam-al-anbia Hospital .

Correspondence*: masoud keikha- M.Sc. Isfahan Medical School- masoud.keykha90@gmail.com

Background and Aim: Mycetoma is chronic inflammation disease are relatively rare and most common in tropical climate. The present study was first report of isolation Streptomyces spp. from Iranshahr, Iran.

Methods: A 41-year-old man (a farmer man) presented with a slowly progressive and painful cutaneous swelling in his left foot due to history of preceding trauma was refer to Khatam-al-anbia hospital in Iranshahr city. In beginning, discharged sinuses of the foot of this patients were stained (Gram and *Kinyoun*) and cultured on the Blood agar (BA), Brain Heart Infusion agar (BHI) and Sabouraud dextrose agar (SDA) mediums and incubated on 37ºC.

Results: Microscopic examination of the pus and secretions of the patient's wound was suggestive of branching, gram-positive and partially acid-fast bacteria. After 3 days white, dry, gypsum colonies appearance on the BHI agar which had smell of soil. This microorganism based on staining and slide culture method was identified as Streptomyces spp. The patient was successfully treated with trimethoprim-sulfamethoxazole and penicillin.

Conclusion: This case is reported because of the rare occurrence of mycetoma by Streptomyces spp.

Keywords: actinomycetoma, Streptomyces, *trimethoprim-sulfamethoxazole*

P/ Prevalence of *Sul*, *CTX* and *tet* B genes among *Acinetobacte baumannii* isolates collected from patients referring to Golestan and Imam Khomeini hospitals in Ahvaz, Iran

Mojtaba Moosavian[1, 2], Khadijeh Ahmadi [1, 2], Saeed Shoja[3], Fatemeh Shahi[*2]

1) Infectious and Tropical Diseases Research Center, Health Research Institute. Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran.
2) Department of Microbiology, School of Medicine, Ahvaz Jundishapur University of Medical Sciences, Ahvaz, Iran.
3) Infectious and Tropical Disease Research Center, Hormozgan Health Institute, Hormozgan University of Medical Sciences, Bandar Abbas, IR Iran.

Background and aim: Infections with A. baumannii is one of greatest concern for hospitalized patients, this opportunistic pathogen is capable of causing severe infections in patients with immunosuppression, or severe burns. High level resistances to antibiotics have caused wide spread of A. baumannii in hospitalized patients. So the aims of this study were to investigate of the prevalence of Sul, CTX and tet B genes among A. baumannii isolates collected from patients admitted into Golestan and Imam Khomeini hospitals in Ahvaz.

Materials and Methods: A total of 124 A. baumannii isolates collected from patients that referred to diverse units of Golestan and Imam Khomeini hospitals in Ahvaz were examined. Bacterial identification was carried out by phenotypic and standard biochemical tests. Antibiotic susceptibility was measured by disk diffusion assay and E-Test methods according to CLSI guidelines. The presence of Sul, CTX and tet B genes were evaluated by PCR method.

Results: The most isolates (74.2%) were recovered from ICU. The rate of resistant A. baumannii isolates to rifampin and aztreonam, was 96.8% and 95.2%, respectively, while 99.2% of isolates were susceptible to colistin and polymyxin B. Also, the resistant rate to imipenem, meropenem, ceftazidime, piperacillin/tazobactam, cefepime, and ciprofloxacin was more than 75%. Sul, tet B and CTX genes were detected in 6.42%, 69.28% and 2.85% of the A. baumannii isolates, respectively.

Conclusion: Because of the majority of A. baumannii isolates were resistant to commonly recommended antibiotics, surveillance of antibiotic consumption and proper antibiotic administration are essential for preventing of major outbreaks in the future.

Keywords: Resistance, Acinetobacter baumannii, Sul, tet B, CTX genes

P/ Antimicrobial resistance in pseudomonas aeruginosa in urinary infection

Zakieh rostamzadeh, Hossein Maghsoudi

Associate Professor of Paramedical School and Urmia Medical Sciences Tumor Research Center

Background and aim: p.aeruginosa is a gram-negative opportunist pathogen that cause different infections such as urinary infection. This pathogen can quickly get antimicrobial resistance that this resistance can make serious problems to medical society and because this pathogen is one of most important agents that cause nosocomial infection it can make serious problems for infection control plans.

Necessity of infection control plans and prevention of spreading antimicrobial resistance that make problems to infection control plans and health of patients, show reasons to study about antimicrobial resistance in p.aeruginosa.

Method: 2170 urine samples by clean cash method from hospitalized patients in nephrology, urology, graft and ICU wards were gathered. With standard diagnostic chemical tests 16 p.aeruginosa pathogens were isolated.

Antimicrobial susceptibility test by disc diffusion method performed. Diameter of growth inhibition around each discs were measured and interpreted according to ATCC orders.

Results: results of this study show resistance of p.aeruginosa to cotrimoxazole(SXT) is 100%, nitrofurantoin(FM) 94%, ciprofloxacin(CP) 75%, levofloxacin(LEVO) and imipenem(IPM) 50%, also ceftriaxone(CTX) and meropenem(MERO) is less than 50%.

Conclusion: cotrimoxazole, nitrofurantoin, ciprofloxacin are 3 important antibiotics that are used to remedy infections but high percentage antimicrobial resistance of p.aeruginosa to those antibiotics show serious problems that need to more study and researches.

Keywords: Antimicrobial resistance; pseudomonas aeruginosa; infection control

P/ Synergy of antibiotic combinations against biofilm of Pseudomonas aeruginosa

Mohammad Yousef Memar [1, 2*], Reza Ghotaslou [1, 3], Hossein Ghorbani[1, 3]

1) Infectious and Tropical Diseases Research Center, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran
2) Students' Research Committee, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran
3) Departments of Microbiology, School of Medicine, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

*Corresponding author: Mohammad Yousef Memar,, Email: y.memar@yahoo.com

Background and aim: The combination of different antimicrobial agents and subsequence achieving to the synergic effect may be beneficial in treatment of P. aeruginosa infections. The aim of the present study is determination of antibiotics susceptibility patterns of clinical isolates of P. aeruginosa and effect of different antibiotics combination against multidrug resistant and biofilm producer P. aeruginosa.

Methods: Thirty-six P. aeruginosa clinically isolates were evaluated. The disk diffusion method was performed for the determination of antibiotics susceptibility patterns according to the Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) guidelines. The minimum inhibitory concentration of antimicrobial agents for the test organisms were determined by broth microdilution method. To determine synergic effects of the combinations of agents, the checkerboard assay and fractional inhibitory concentration were used. Biofilm inhibitory concentration was carried out for an inhibitory effect of antibiotics against biofilm.

Results: The high levels of resistance were detected in most antibiotics except colistin and polymyxin. According to the disk diffusion method 58.3% of isolates were MDR. The synergic effect between amikacin/ceftazidime, tobramycin/colistin and ceftazidime/colistin were found in 55.6%, 58.3% and 52.8% of isolates, respectively. A significant synergic effect against biofilm producer isolates was observed in the combination of tobramycin (0.5-1 µg/ml) and clarithromycin (256-512 µg/ml).

Conclusion: The combination of antibiotics has a different activity on biofilm and planktonic form of P. aeruginosa. Consequently, separately detection of antibacterial and antibiofilm effects of the antibiotics combination may be useful in the guide of the antibiotic therapy.

Keywords: Antibiofilm, combination therapy, Pseudomonas aeruginosa, synergic effects

P/ MRSA in the diabetic foot infections: a worsening problem

Naser Alizadeh [1, 2], Reza Ghotaslou[1], Mohammad Yousef Memar[1, 2], Mir Naser Seyyed Mousavi[1]

1. Microbiology Department, Faculty of Medicine, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

2. Students' Research Committee, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

Background and aim: Staphylococcus aureus is one of the most common bacterial pathogens isolated from diabetic foot infections (DFIs). The increasing prevalence of meticillin-resistant S. aureus (MRSA) in patients with diabetes is associated with complications. The aim of this study was to determine the prevalence of S. aureus in DFIs and antibiotic susceptibility patterns of MRSA and non-MRSA isolates.

Methods: Identification of S. aureus and MRSA was performed by the phenotypic and molecular methods. The Kirby-Bauer and agar dilution methods were performed for determination of antibiotic susceptibility patterns.

Results: Thirty-four isolates of S. aureus were isolated from March 2015 to February 2016. The rate of MRSA was 38.23 % according to the disk cefoxitin and oxacillin agar dilution methods, and as by PCR method 12 (35.29 %), isolates were found to have the mecA gene. All MRSA and non-MRSA isolates were susceptible to linezolid and vancomycin. The resistance rate to ceftriaxone was high followed by amoxicillin-clavulanic acid, tetracycline, gentamicin, and erythromycin.

Conclusion: The most common bacterial pathogen isolated from DFIs was S. aureus. To ensure effective treatment, accurate detection of MRSA is critical. Our findings showed that MRSA isolates had high-level resistance to antimicrobial agents and that appropriate antibiotic therapy, based on the antibiotic susceptibility pattern, is essential to ensure a good result.

Keywords Antibiotic susceptibility pattern, Diabetic foot infections, Minimum inhibition concentration, Meticillin-resistant Staphylococcus aureus

P/ Profile of Mycobacterium tuberculosis by ETR-VNTR method in Tabriz, Iran

Naser Alizadeh [1, 2], Reza Ghotaslou[1], Mohammad Yousef Memar[1, 2], Mir Naser Seyyed Mousavi[1]

1. Microbiology Department, Faculty of Medicine, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

2. Students' Research Committee, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

Background and aim: Tuberculosis (TB) is the leading cause of adult deaths among infectious agents. One of the genetic fingerprinting techniques to study the epidemiology of TB is VNTR (Variable Number Tandem Repeat). The purpose of this study was to determine the diversity of Mycobacterium tuberculosis (M. tuberculosis) isolated from patients in Azerbaijan, Iran by ETR-VNTR method.

Methods: We used the ETR-VNTR method to analyses the genotypes of M. tuberculosis isolates. Forty-seven isolates were collected from pulmonary and extra pulmonary TB patients associated with epidemiological data such as HIV, anti-TB drugs use, cigarette smoking, diabetes mellitus, lung cancer, contact with TB patients, BCG vaccine use, cough, housekeeping, fever and other risk factors from April 2013 to February 2015 in Tabriz Research Center of Tuberculosis and Lung Disease. Three loci ETR-A, ETR-B, ETR-C of VNTR patterns were studied. Patient's data were checked to determine the relationships between the epidemiological data and M. tuberculosis diversities.

Results: Among the 47 isolates, 45 separate ETR-VNTR patterns consist of 9 clusters, 24 non-clusters (unique patterns) were found. No locus was observed in two samples. Diabetes and close household contacts identified as important risk factors for TB in our subjects with unique patterns.

Conclusion: Thirty-three distinct patterns were distinguished. In the case of respiratory symptoms in patients with diabetes and close household contacts patients, tuberculosis can be considered as the important differential diagnosis with unique patterns.

Keywords: Mycobacterium Tuberculosis, ETR-VNTR, Risk Factors, Diversity

P/ Frequency of different bacteria and its antibiotics resistance of blood cultures in Imam Reza hospital in Tabriz city 2015

Khalil Azizian [1], Abbas Nikmaram[2], Rasul hosseinpour [1], Mohammad Ali Noshak [1], Javad Khalili Ardali [3], Shole vakillian [4]

1 PhD student of medical bacteriology, bacteriology and virology Department, faculty medicine, Tabriz University of medical science.

2 Microbiology laboratory, Imam Reza hospital, Tabriz

3 PhD of toxicology, faculty pharmacology, Uremia University of medical science.

4 Microbiology laboratory, Imam Khomeini hospital, Saqqez

Background and aim: Presence of bacteria in the blood stream (bacteremia) is a high risk phenomenon that can follow by spread of infection. So in cases with delay treatment, die is probably. Thus, in bacteremia empiric treatment should be started and to this act, the physician need to information about the prevalence and antibiotics susceptibility in his/ her region. In the recent study we evaluated of prevalence of bacteremia and resistance of isolated bacteria from Imam Reza hospital.

Method: In this study information about blood culture in Imam Reza hospital from Mars to July 2015 were investigated. The positive cases detected and antibiotic resistance of these bacteria analyzed.

Result: 1172 patients in this period enrolled to blood culture. Of these patients 202 (17.2%) samples were positive. The majority of patients were male (55%). Proportions of gram positive to gram negative bacteria were 50.5/49.5%. The most prevalent isolated bacteria were *S. epidermis* (37.2%) and followed by *entrobacter* spp (12.3%), *P. auroginosa* (10.3%), *E. coli* (8.95), *S. aureus* (7.9%) and *Acinitobacter* (6.9%). The remains bacteria were *Citrobacter*, *Edwardsiella*, *Enterococcus*, *K. pneumonia*, *S. pneumococcus*. The most sensitivity and resistance to tested antibiotic in *S. epidermis* were vancomycin and penicillin respectively.

Conclusion: Result of this study showed that in most of cases vancomycin is good drug choice and use of penicillin isn't good choice in patient with bacteremia.

Key world: Blood culture, Antibiotic resistance, Bacteremia, Tabriz

P/ Antimicrobial effect of grape seed extract on Enterococcus species isolated from clinical specimens

Ali Sadeghinia

Ph.D Department of Medical Chemistry, Faculty of Pharmacy, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

alisadeghinia19@gmail.com

Background and aim: Enterococci are pathogens bacteria that are frequently isolated from clinical specimens. Common and widespread high-level resistance to antibiotic limits the treatment of patients with Enterococcal infections. The aim of this study was to evaluate the antimicrobial effects of grape seed extract on clinical isolates of Enterococci.

Methods: Clinically specimens were cultured on sheep blood plates and bacterial isolates were identified using standard microbiological and biochemical tests. Disk diffusion assay and micro broth dilution were carried for detection of antibiotic susceptibility pattern and antibacterial effect of grape seed extract respectively.

Results: in the present study 20 Enterococci isolates from urinary tract infections, wound infections and sepsis were evaluated. Results were shown high level of resistance to conventional antibiotics. Vancomycin resistant isolates were collected from 10% of specimens. All isolates were linezolid susceptible. Grape seed extract at a concentration of 1024 µg/mL on some isolates and 2048 µg/mL on some isolates had inhibition effects against Enterococcus.

Conclusion: Grape seed extract has in vitro antibacterial effects on clinical isolates of Enterococcus. Therefore, it is suitable option for new drugs to treat infections caused by this organism.

Keyword: Enterococci, antibiotic resistance, Grape seed extract

P/ Hepatotoxicity of Cephalosporins

Javad Khalili Fard [1], Ali Sadeghi nia [2], Khalil Azizian [3], Rasoul Hosseinpour [3]

[1] Pharmacology and Toxicology Department, Faculty of Pharmacy, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

[2] Medical Chemistry Department, Faculty of Pharmacy, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

[3] Microbiology Department, Faculty of Medicine, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

Background and aim: Several antibiotics are known as potential hepatotoxic chemicals. Cephalosporins are a class of antibiotics derived from the Cephalosporium. With the changes in their structure, a new generation is made. Some types of cephalosporins can increase the risk of hepatic disorder.

Methods: The purpose of this article is to review the liver injury after administration of cephalosporins.

Results: Clinical data on patients revealed that first generation cefazolin can cause liver injury. In addition, in patients who received second generation, cefuroxime liver failure may develop. Third-generation cefixime markedly increase ALT, AST and GGT. On the other hand the fourth generation cefepime prevent oxidative stress in liver. A mechanism for hepatotoxicity is metabolism of chemicals with cytochrome P450 (CYP) enzymes. Among the next generation, ceftaroline is active cephalosporine against methicillin-resistant Staphylococcus aureus. It is proposed that ceftaroline is not a substrate for CYP enzymes because this antimicrobial agent is metabolically stable. Subsequently its administration may not be associated with liver injury.

Conclusion: Although many cases of hepatotoxicity of various cephalosporines hepatotoxicity have been reported but the exact mechanisms of this poisoning must be examine to find the proper antidotes or guidelines for treatment of these toxicity.

Keywords: Cephalosporins, liver injury, hepatotoxicity, cytochrome P450.

P/ Introducing an antibacterial plant product

Mohammad Mahdi Zangeneh[1, 4*], Akram Zangeneh[2, 4], Rohallah Moradi[3, 4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.
[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

[*]Presenter: Mohammad Mahdi Zangeneh.
[*]Corresponding author: Mohammad Mahdi Zangeneh.
[*]Email: m.mahdizangeneh@gmail.com.

Background and Aim: Escherichia coli O157:H7 (EC) is a fast growing bacterium that lead to bacterial infections in human and animals. On the other hand, medicinal plants are considered recent resources for producing components that could treat bacterial infections. The goal of the new study was to evaluate antibacterial activities of Spinacia oleracea (SO) aqueous extract on common pathogen (EC) with Macro-broth dilution and agar well diffusion methods.

Methods: Agar well diffusion method was performed as screen test. Macro-broth dilution method was accomplished to determination of MIC value. EC (No. 25922) was chosen to survey. Serial dilutions were prepared from aqueous extract in 1/2 (0.5 g/ml), 1/4 (0.25 g/ml), 1/8(0.125 g/ml), 1/16 (0.062 g/ml), 1/32 (0.031 g/ml), 1/64 (0.015 g/ml) and 1/128 (0.007 g/ml) ratios in distilled water. Distilled water was used as negative control.

Results: In agar well diffusion method, in 1/2, 1/4, 1/8, 1/16, 1/32 and 1/64 dilutions, inhibitory zones were seen 16, 13, 12, 10, 9 and 8 mm in diameters for EC. 1/32 and 1/4 dilutions were realized for both MIC and MBC about this bacterium, respectively.

Conclusion: Based on the results, SO aqueous extract has a fair antibacterial activities on tested bacterium as representatives of pathogenic bacterium. Thus, SO can be used in the treatment of bacterial infections in human and animals. Additional in vivo researches and clinical trials would be needed to justify.

Keywords: Spinacia oleracea, aqueous extract, antibacterial activities.

P/ Survey a plant product as an antibacterial agent

Akram Zangeneh[1, 4], Mohammad Mahdi Zangeneh[2, 4*], Rohallah Moradi[3, 4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.
[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

[*]Presenter: Mohammad Mahdi Zangeneh.
[*]Corresponding author: Mohammad Mahdi Zangeneh.
[*]Email: m.mahdizangeneh@gmail.com.

Background and Aim: Ashresi date palm (ADP) is a native plant in Iran, which the plant has been used as a tonic, indigestion, antipyretic, anti-inflammatory, antiviral and antifungal agent in Iran. The aim of the recent study was introducing an antibacterial supplement (ADP hydro-alcoholic extract) against Bacillus subtilis (BS) with broth macro-dilution and agar disk diffusion methods.

Methods: Agar disk diffusion method was performed as screen test. Macro-broth dilution method was accomplished to determination of MIC value. BS was chosen to survey. Serial dilutions were prepared from extract in 1/2 (0.5 g/ml), 1/4 (0.25 g/ml), 1/8 (0.125 g/ml), 1/16 (0.062 g/ml), 1/32 (0.031 g/ml) and 1/64 (0.015 g/ml) ratios in distilled water. Distilled water and Cefixime was used as negative and positive controls, respectively.

Results: In agar disk diffusion method, in positive control and 1/2, 1/4, 1/8, 1/16, 1/32 and 1/64 dilutions, inhibitory zones were seen 17, 14, 12, 11, 9, 9 and 8 mm in diameters for BS. In the examined bacterium, MIC and MBC values were 1/32**.**

Conclusion: Our data demonstrate that hydro-alcoholic extract of ADP have great potential as an antibacterial supplement against BS. So, ADP hydro-alcoholic extract can be used in prevention and treatment of infectious diseases caused by resistant microbes.

Keywords: Ashresi date palm, hydro-alcoholic extract, antibacterial agent.

P/ Evaluation of antibacterial activities of Brassica napus oil.

Mohammad Mahdi Zangeneh[1, 2*], Akram Zangeneh[2, 3], Rohallah Moradi[2, 4], Reza Tahvilian[2]

[1]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[4]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.

[*]Presenter: Mohammad Mahdi Zangeneh.
[*]Corresponding author: Mohammad Mahdi Zangeneh.
[*]Email: m.mahdizangeneh@gmail.com.

Background and Aim: Pseudomonas aeruginosa (PA) is a fast growing bacterium that lead to bacterial infections in human. On the other hand, ethno medicinal plants are considered recent resources for producing components that could treat bacterial infections. The aim of the present study was to evaluate antibacterial activities of oil of Brassica napus (BN) against PA (PTCC No. 1707) with agar well diffusion methods and macro-broth dilution.

Methods: Agar well diffusion method was performed as screen test. Macro-broth dilution method was accomplished to determination of MIC value. Serial dilutions were prepared from oil in 1/2 (0.5 g/ml), 1/4 (0.25 g/ml), 1/8(0.125 g/ml), 1/16 (0.062 g/ml), 1/32 (0.031 g/ml), 1/64 (0.015 g/ml) and 1/128 (0.007 g/ml) ratios in DMSO. DMSO was used as negative control.

Results: In agar well diffusion method, in 1/2, 1/4, 1/8, 1/16, 1/32, 1/64 and 1/128 dilutions, inhibitory zones were seen 13, 12, 12, 11, 10, 9 and 8 mm in diameters for PA. 1/16 and 1/8 dilution were realized for MIC and MBC about this bacterium, respectively.

Conclusion: Based on the results, oil of BN has a fair antibacterial activities on tested bacterium. So, BN oil can be used in the prevention and treatment of bacterial infections. Additional in vivo researches and clinical trials would be needed to justify.

Keywords: Brassica napus, oil, antibacterial activities.

P/ In vitro evaluation of antibacterial properties of oil of Cocos nucifera against Escherichia coli O157:H7 (ATCC No. 25922).

Milad Moradi[1, 2], Pouya Zeidabdi[1, 2], Mohammad Mahdi Zangeneh[2, 3*], Akram Zangeneh[1, 2], Rohallah Moradi[2, 4], Reza Tahvilian[2]

[1]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran
[3]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[4]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.

[*]Presenter: Mohammad Mahdi Zangeneh.
[*]Corresponding author: Mohammad Mahdi Zangeneh.
[*]Email: m.mahdizangeneh@gmail.com.

Background and Aim: The recent study was conducted to peruse the antibacterial properties of Cocos nucifera oil. C. nucifera has been used in traditional medicine as an antipyretic, anti-inflammatory, antioxidant, antiviral and antifungal agent.

Methods: Macro-broth dilution method was accomplished to determine MIC amount. Agar disk diffusion method was performed as screen test. Escherichia coli O157:H7 (ATCC No. 25922) was chosen to survey. Serial dilutions were prepared from oil in 0.5, 0.25, 0.125, 0.062, 0.031, 0.015 and 0.007 g/ml concentrations in DMSO. DMSO and Cefixime was used as negative and positive controls, respectively.

Results: In this study, 0.062 and 0.5 g/ml concentrations were realized for MIC and MBC about this bacterium, respectively. In agar disk diffusion method, in positive control, 0.5, 0.25, 0.125 and 0.062 g/ml concentrations, inhibitory zones were seen 34, 11, 10, 9 and 9 mm in diameters for E. coli, respectively.

Conclusion: The results of the new study support the traditional use of this oil in the treatment of bacterial infections caused by E. coli.

Keywords: Cocos nucifera, oil, antibacterial properties.

P/ In vitro evaluation of antibacterial properties of Solanum lycopersicum seed oil with agar disk diffusion method on Staphylococcus aureus.

Akram Zangeneh[1, 4*], Mohammad Mahdi Zangeneh[2, 4], Rohallah Moradi[3, 4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.
[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

[*]Presenter: Akram Zangeneh.
[*]Corresponding author: Akram Zangeneh.
[*]Email: akramzangeneh@yahoo.com.

Background and Aim: Solanum lycopersicum (SL) is a native plant in Iran, which the plant has been used as a tonic, indigestion, anti-inflammatory, antiviral, and antipyretic agent in Iran. The aim of the recent study was introducing an antibacterial product (SL seed oil) against common pathogen (Staphylococcus aureus (SA)) with broth macro-dilution and agar disk diffusion methods.

Methods: Agar disk diffusion method was performed as screen test. Macro-broth dilution method was accomplished to determination of MIC value. SA was chosen to survey. Serial dilutions were prepared from oil in 1 (۱ g/ml), 1/2 (0.5 g/ml), 1/4 (0.25 g/ml), 1/8 (0.125 g/ml), 1/16 (0.062 g/ml), 1/32 (0.031 g/ml) and 1/64 (0.015 g/ml) ratios in DMSO. DMSO and Cefixime was used as negative and positive controls, respectively.

Results: In agar disk diffusion method, in positive control and 1, 1/2, 1/4, 1/8, 1/16 and 1/32 dilutions, inhibitory zones were seen 21, 13, 12, 11, 10, 9 and 8 mm in diameters for SA. In the examined bacterium, MIC and MBC values were 1/32 and 1/4, respectively

Conclusion: Our data indicate that SL seed oil have great potential as an antibacterial product against SA. So, SL can be used in the treatment of infectious diseases caused by resistant microbes.

Keywords: Solanum lycopersicum, seed, oil, antibacterial properties.

P/ Recommending an antimicrobial supplement

Mohammad Mahdi Zangeneh[1, 4], Akram Zangeneh[2, 4*], Rohallah Moradi[3, 4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.
[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

[*]Presenter: Akram Zangeneh.
[*]Corresponding author: Akram Zangeneh.
[*]Email: akramzangeneh@yahoo.com.

Background and Aim: The new study was conducted to peruse the antibacterial potential of aqueous crude extract of Glycyrrhiza glabra. G. glabra has been used in folk medicine as an anti-inflammatory, antioxidant, antipyretic, antiviral and antifungal agent.

Methods: Macro-broth dilution method was accomplished to determine MIC value. Agar well diffusion method was performed as screen test. Pseudomonas aeruginosa (ATCC No. 1707) was chosen to survey. Serial dilutions were prepared from aqueous extract in 0.5, 0.25, 0.125, 0.062, 0.031 and 0.015 g/ml concentrations in distilled water. Distilled water was used as negative control.

Results: In this study, 0.062 and 0.125 g/ml concentrations were realized for MIC and MBC about this bacterium, respectively. In agar well diffusion method, in 0.5, 0.25, 0.125, 0.062, 0.031 and 0.015 g/ml concentrations, inhibitory zones were seen 17, 13, 10, 9, 8, and 8 mm in diameters for P. aeruginosa, respectively.

Conclusion: The results of the present study assert the traditional use of aqueous crude extract of G. glabra in the treatment of bacterial infections. This study also provides a substantial basis for the use of this plant used to control infectious diseases caused by P. aeruginosa.

Keywords: Glycyrrhiza glabra, aqueous crude extract, antimicrobial supplement

P/ Evaluation of antibacterial properties of Strawberry (Fragaria vesca, L.) fruits aqueous extract against Escherichia coli O157:H7 (ATCC No. 25922)

Akram Zangeneh[1, 4*], Mohammad Mahdi Zangeneh[2, 4], Rohallah Moradi[3, 4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.
[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

*Presenter: Akram Zangeneh.
*Corresponding author: Akram Zangeneh.
*Email: akramzangeneh@yahoo.com.

Background and Aim: Strawberry (Fragaria vesca, L.) has been used in folk medicine as antioxidant, anti-inflammatory, antipyretic, antiviral and antifungal agent. The goal of the new study was to evaluate antibacterial properties of Strawberry fruits aqueous extract against Escherichia coli O157:H7 (ATCC No. 25922 (EC)) with macro-broth dilution and agar well diffusion methods.

Methods: Macro-broth dilution method was accomplished to determine MIC value. Agar well diffusion method was performed as screen test. Serial dilutions were prepared from aqueous extract in 0.5, 0.25, 0.125, 0.062, 0.031, 0.015 and 0.007 g/ml concentrations in distilled water. Distilled water was used as negative control.

Results: In this study, 0.062 g/ml concentration was realized for both MIC and MBC about this bacterium. In agar well diffusion method, in 0.5, 0.25, 0.125, 0.062, 0.031, 0.015 and 0.007 g/ml concentrations, inhibitory zones were seen 12, 11, 10, 9, 8, 8, and 8 mm in diameters for EC, respectively.

Conclusion: The present research indicates the antibacterial properties of aqueous extract of Strawberry fruits against EC, suggesting to use as an antibacterial agent. Extraction of active molecules and clinical trial will be the future works to peruse.

Keywords: Strawberry, aqueous extract, antibacterial properties, Escherichia coli O157:H7.

P/ Medicinal Plant: Study on antibacterial effects of *Sinapis arvensis* oil against *Bacillus subtilis*.

Amir Amiri-Paryan[1, 4], Akram Zangeneh[1, 4*], Mohammad Mahdi Zangeneh[2, 4], Rohallah Moradi[3, 4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.
[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

[*]Presenter: Akram Zangeneh.
[*]Corresponding author: Akram Zangeneh.
[*]Email: akramzangeneh@yahoo.com.

Background: Sinapis arvensis has been used in traditional medicine as antipyretic, anti-inflammatory, antioxidant, antifungal, antiviral agent. The recent study was conducted to investigate the antibacterial effects of S. arvensis oil against Bacillus subtilis.

Methods: Agar disk diffusion method was performed as screen test. Macro-broth dilution method was accomplished to determination of MIC value. B. subtilis (ATCC No. 21332) was chosen to survey. Serial dilutions were prepared from oil in 1/2 (0.5 g/ml), 1/4 (0.25 g/ml), 1/8(0.125 g/ml), 1/16 (0.062 g/ml), 1/32 (0.031 g/ml), 1/64 (0.015 g/ml) and 1/128 (0.007 g/ml) ratios in DMSO. DMSO and Cefixime was used as negative and positive controls, respectively.

Results: In agar disk diffusion method, in positive control, 1/2, 1/4, 1/8, 1/16, 1/32 and 1/64 dilutions, inhibitory zones were seen 26, 14, 12, 11, 10, 9 and 8 mm in diameters for B. subtilis, respectively. 1/16 and 1/4 dilution were realized for MIC and MBC about this bacterium, respectively.

Conclusion: The results of this study demonstrate that oil of S. arvensis prevents and destroys B. subtilis. Thus, S. arvensis can be used in the treatment of bacterial infections.

Keywords: Sinapis arvensis, oil, antibacterial effects.

P/ Introducing an antimicrobial product

Maryam Almasi[1, 4*], Mohammad Mahdi Zangeneh[2, 4], Akram Zangeneh[1, 4], Rohallah Moradi[3,4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.
[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

[*]Presenter: Maryam Almasi.
[*]Corresponding author: Maryam Almasi.
[*]Email: maryamalmasi.vet@gmail.com

Background and Aim: Ethno medicinal plants are considered new resources for producing components that could treat microbial infections. The end of the recent study was to assess antibacterial effects of Solanum lycopersicum seed oil against Pseudomonas aeruginosa with Macro-broth dilution and agar well diffusion methods.

Methods: Agar well diffusion method was performed as screen test. Macro-broth dilution method was accomplished to determination of MIC value. P. aeruginosa (PTCC No. 1707) was chosen to survey. Serial dilutions were prepared from oil in 1 (1 g/ml), 1/2 (0.5 g/ml), 1/4 (0.25 g/ml), 1/8(0.125 g/ml), 1/16 (0.062 g/ml), 1/32 (0.031 g/ml) and 1/64 (0.015) ratios in DMSO. DMSO was used as negative control.

Results: In agar well diffusion method, in 1, 1/2, 1/4, 1/8, 1/16 and 1/32 dilutions, inhibitory zones were seen 11, 10, 9, 8, 8 and 8 mm in diameters for P. aeruginosa. 1/8 and 1/2 dilutions were realized for MIC and MBC about this bacterium, respectively.

Conclusion: The results of this study demonstrated that oil of S. lycopersicum seed prevents and destroys P. aeruginosa. Thus, the new research indicates the antibacterial effects of the ethno medical plant on P. aeruginosa, offering to use as an antibacterial agent. Extraction of active molecules will be the future work to peruse.

Keywords: Solanum lycopersicum, seed, oil, Antibacterial product.

P/ Assessment of antibacterial effects of an ethno medicinal plant

Maryam Almasi[1, 4*], Mohammad Mahdi Zangeneh[2, 4], Akram Zangeneh[1, 4], Rohallah Moradi[3,4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.
[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

[*]Presenter: Maryam Almasi.
[*]Corresponding author: Maryam Almasi.
[*]Email: maryamalmasi.vet@gmail.com

Background and Aim: Spinacia oleracea is a native plant in Iran, which the plant has been used as an anti-inflammatory, antioxidant, antiparasitic, antifungal and antiviral agent. In this study, authors describe effects of aqueous extract of S. oleracea against Bacillus subtilis (ATCC No. 21332).

Methods: Macro-broth dilution method was accomplished to evaluate MIC value. Agar disk diffusion method was performed as screen test. B. subtilis was chosen to survey. Serial dilutions were prepared from aqueous extract in 0.5, 0.25, 0.125, 0.062, 0.031, 0.015 and 0.007 g/ml concentrations in distilled water. Distilled water and Cefixime was used as negative and positive controls, respectively.

Results: In this study, 0.125 and 0.031 g/ml concentrations were realized for MIC and MBC about the bacterium, respectively. In agar disk diffusion method, in positive control and 0.5, 0.25, 0.125, 0.062 and 0.031 g/ml concentrations, inhibitory zones were seen 22, 13, 11, 9, 8, and 8 mm in diameters for B. subtilis, respectively.

Conclusion: The results of recent study support the use of aqueous extract of S. oleracea in the control and treatment of bacterial infections. Thus, S. oleracea aqueous extract can be applied as a therapeutic supplement in the developing countries.

Keywords: Spinacia oleracea, aqueous extract, antibacterial effects, Macro-broth dilution method, Agar disk diffusion method, Bacillus subtilis.

P/ In vitro study on antibacterial properties of Ashresi date palm hydro-alcoholic extract

Maryam Almasi[1, 4*], Mohammad Mahdi Zangeneh[2, 4], Akram Zangeneh[1, 4], Rohallah Moradi[3,4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[2]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.
[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.
[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

[*]Presenter: Maryam Almasi.
[*]Corresponding author: Maryam Almasi.
[*]Email: maryamalmasi.vet@gmail.com

Background and Aim: The recent study was conducted to peruse the antibacterial properties of Ashresi date palm hydro-alcoholic extract (ADPAE) with agar well diffusion method against Escherichia coli O157:H7 (ATCC No. 25922 (EC)). ADPAE has been used in folk medicine as anti-inflammatory, antipyretic, antioxidant, antifungal, antiviral agent.

Methods: Agar well diffusion method was performed as screen test. Macro-broth dilution method was accomplished to determination of MIC value. Serial dilutions were prepared from hydro-alcoholic extract in 1/2 (0.5 g/ml), 1/4 (0.25 g/ml), 1/8(0.125 g/ml), 1/16 (0.062 g/ml), 1/32 (0.031 g/ml) and 1/64 (0.015 g/ml) ratios in distilled water. Distilled water was used as negative control.

Results: In agar well diffusion method, in 1/2, 1/4, 1/8, 1/16 and 1/32 dilutions, inhibitory zones were seen 12, 11, 9, 8, and 8 mm in diameters for EC. 1/16 and 1/8 dilutions were realized for MIC and MBC about this bacterium, respectively.

Conclusion: The results of this study indicated that hydro-alcoholic extract of ADPAE inhibits and destroys EC. Thus, ADPAE can be used in the control and treatment of bacterial infections. Additional in vivo researches and clinical trials would be needed to justify

Keywords: Ashresi date palm, hydro-alcoholic extract, antibacterial properties

P/ Ethno medicinal Plant: Evaluation of antibacterial effects of Glycyrrhiza glabra aqueous crude extract with macro-broth dilution and agar disk diffusion methods

Maryam Almasi[1, 4*], Mohammad Mahdi Zangeneh[2, 4], Akram Zangeneh[1, 4], Rohallah Moradi[3,4], Reza Tahvilian[4]

[1]Department of Microbiology section, Pathobiology & Basic Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.

[2]Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Razi University, Kermanshah, Iran.

[3]Department of Chemistry, Payame Noor University, Tehran, Iran.

[4]Research Pharmaceutical Center, School of Pharmacy, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran

[*]Presenter: Maryam Almasi.

[*]Corresponding author: Maryam Almasi.

[*]Email: maryamalmasi.vet@gmail.com

Background and Aim: Ethno medicinal plants are considered recent resources for producing components that could control and treat bacterial infections. The aim of the new study was to evaluate antibacterial properties of Glycyrrhiza glabra aqueous crude extract against Staphylococcus aureus with macro-broth dilution and agar disk diffusion methods.

Methods: Agar disk diffusion method was performed as screen test. Macro-broth dilution method was accomplished to determination of MIC value. Serial dilutions were prepared from aqueous crude extract in 1/2 (0.5 g/ml), 1/4 (0.25 g/ml), 1/8(0.125 g/ml), 1/16 (0.062 g/ml), 1/32 (0.031 g/ml) and 1/64 (0.015 g/ml) ratios in distilled water. Distilled water and Cefixime was used as negative and positive controls, respectively.

Results: In agar disk diffusion method, in positive control and 1/2, 1/4, 1/8, 1/16, 1/32 and 1/64 dilutions, inhibitory zones were seen 34, 25, 16, 15, 11, 9 and 9 mm in diameters for S. aureus. 1/16 and 1/8 dilutions were realized for MIC and MBC about this bacterium, respectively.

Conclusion: The results of this study indicate that aqueous crude extract of Glycyrrhiza glabra prevents and destroys S. aureus. Thus, the new research demonstrates the antibacterial effects of the ethno medical plant on S. aureus, suggesting to use as an antibacterial agent. Extraction of active molecules will be the future work to peruse.

Keywords: Glycyrrhiza glabra, aqueous crude extract, antibacterial effects.

P/ Seroepidemiology of leptospirosis: comparison between microscopic agglutination test and IgM-ELISA in Guilan province, north of Iran

Sobhan Faezi , Afshin Araghian[1] , Leila Modiri[1] , Mohamad Faezi[1] , Ali Elmi[2] , Mojtaba Farahbakhsh[2] , Simin Hosseini[3]

1. Department of Microbiology, Faculty of Basic Sciences, Lahijan Branch, Islamic Azad University, Lahijan, Iran
2. Central Research Laboratory of Modern Technologies of Medical Sciences, Paramedicine Faculty, Guilan University of Medical Sciences, Rasht, Iran
3. Pathobiologist, Reference Laboratory of Rasht, Guilan University of Medical Sciences, Guilan, Iran

Sobhan Faezi - PhD Medical Biotechnology Central Research, Paramedicine Faculty, Guilan University of Medical Sciences, Rasht, Iran - - sobhan.faezi@gmail.com

Background: Leptospirosis as a widespread zoonosis disease is endemic in the Guilan province. Besides economic losses caused by Leptospira to dairy products, the infection related to the organism is considered an important public health problem. This study was aimed to evaluate two serological techniques, MAT and IgM-ELISA for detection of leptospiral antibodies.

Methods: A total of 185 samples were collected from suspected individuals in Guilan province from April 2016 to December 2016. Sera from participants were analyzed for Leptospira IgM antibodies using an available ELISA test and MAT method. The specificity and sensitivity of the tests were calculated and finally compared.

Results: Of the 185 serum samples was examined, 114 (61.6%) and 94 (50.8%) samples were determined to be positive by MAT and IgM-ELISA, respectively. The results also showed that 17.5% of the sera that reacted positive in MAT were negative by IgM-ELISA, and 20.2% of IgM-ELISA positive sera were negative by MAT. We also showed that the MAT had specificity and sensitivity of 100%, when compared to leptospirosis-positive and negative serum samples. The specificity and sensitivity of IgM-ELISA was calculated 78.8% and 82.4% respectively when compared with MAT. Bivariate analysis showed that there are high correlation between the season, community of residence, possible reasons of pollution and leptospirosis ($P < 0.1$).

Conclusion: Rural areas of Guilan especially in rice farming parts are endemic for leptospirosis. Rice farmers are more infected with leptospirosis; infection is highly affected by direct exposure to rodent urine, gender (male) and season (spring).

Keywords: Leptospira; microscopic agglutination test; IgM-ELISA

P/ MSCs can reduce the adhesion and infection of Shigella flexneri

Mahmoudjanlou H, Bakhshi B

Department of Bacteriology, Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

Bachground and Aim: Shigellosis is an acute inflammatory diseases, the symptoms of which can range from mild watery diarrhea to severe inflammatory bacillary dysentery.Although antibiotics are the standard care for shigellosis patients, antibiotic-resistant bacterium is becoming common. Therefore, it is necessary to develop the new therapeutic drugs. MSCs are multipotent cells that can be differentiate into many different cell types. MSCs with having anti-inflammatory and immunomodulatory properties have got important roles in clinical applications and treatment of infectious diseases. Bacterial adhesion is the initial step in colonization and infection.if the MSCs can reduce the adhesion, the first step of infection will be restricted.in this study we studied the capacity of human MSCs on bacterial adhesion.

Methos: Caco2 cells was infected by S.flexneri and incubated for 2 hours at $37^{\circ C}$With and without MSC CM,After incubation,cells washed 2 times with PBS,then 0.1%Triton X100 was added to each well.Serial dilution of these suspensions were plated on BHI agar medium and incubated overnight at $37^{\circ C.}$ And CFU was counted.

Result: Three MOI of S.flexneri was tested for adhesion assay, in each three concentration the level of adherent bacteria in MSC CM groups was lower than groups without MSC CM.The reduction rate at MOI=1,10 and50 was 84%,65% and 56% respectively($p<0.05$)

Conclusion: These results suggest that MSCs significantly reduce the adhesion, which may lead to decrease shigellosis.

Keywords: S.flexneri, shigellosis, MSC, adhesion

P/ Detection and isolation of *Campylobacter* species from children hospitals in Tehran, Iran

Sara Sadat Naghavi Rad[1], Bita Bakhsi[1], ShahinNajar-Peerayeh[1]

1. Dept. of Bacteriology, Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

Corresponding author: b.bakhshi@modares.ac.ir

Background: *Campylobacter* is a leading cause of bacterial gastroenteritis and its prevalence has increased in both developed and developing countries over the last 10 years, especially in children.

Methods: In this study 280 specimens of feces from children with diarrhea were transported to the laboratory in Cary Blair medium. The specimens were cultured for *Campylobacter* species by direct plating on CCDA for 72 h at 42°C under microaerophilic conditions (5% CO_2). The typical colonies were confirmed by microscopy and PCR amplification of *cadF* gene which is specific for genus Campylobacter.

Results: 19 out of 280 (6.78 %) clinical, feca samples were positive for *Campylobacter* Spp. using both cultural and molecular methods.

Conclusion: In the present study, the prevalence of *Campylobacter* species was 6.78 %.

Keywords: Campylobacter**,** CCDA, *cadF*

P/ Detection of CDT toxin genes in *Campylobacter jejuni* strains isolated from children hospitals in Tehran, Iran

Sara Sadat Naghavi Rad[1], Bita Bakhsi[1], ShahinNajar-Peerayeh[1]

1. Dept. of Bacteriology, Faculty of Medical Sciences, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

Corresponding author: b.bakhshi@modares.ac.ir

Background: Campylobacteriosis is a worldwide distributed zoonosis. One of the main virulence factors related to *Campylobacter* spp is the cytolethal distending toxin (CDT), which induces cell cycle arrest in G2 phase and promotes DNA damage together with apoptotic death in human monocytic cells; therefore, its presence is supposed to be associated with the severity of the disease.

Methods: A total of 18 *Campylobacter jejuni* isolates, which were previously identified by cultural and molecular methods, were analyzed for detecting CDT toxin genes. PCR of *cdt* genes was carried out using specific primers.

Results: The prevalence of CDT toxin genes was 100% among *C. jejuni* strains.

Conclusion: Our study provides data on the occurrence of *Campylobacter jejuni* strains that carry the virulence-associated genes of CDT.

Keywords: Campylobacter**,** CDT, PCR

P/ Survey of inducible clindamycin resistance in *Staphylococcus aureus* strains isolated from hospitalized patients in hospitals Tehran

Ali Hashemi [1*], Samin Jaberi [2], Aref Shariati [2], Zohreh Ghalavand [2], Narjes Bostan Ghadiri [2]

[1] Infectious Diseases and Tropical Medicine Research Center, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran
[2] Department of Microbiology, School of Medicine, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, IR Iran

Corresponding Author: Dr. Ali Hashemi, Ph.D Department of Microbiology, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, E-mail: ali.hashemi@sbmu.ac.ir

Background and Aim: The emergence of antibiotic resistance in *S. aureus* has made an important challenge in the treatment of infections caused by this organism. Resistance to clindamycin can be inducible. Inducible clindamycin resistance which may lead to treatment failure. Therefore, the aims of this study were to Identification of inducible clindamycin resistance in *Staphylococcus aureus* strains isolated from hospitalized patients in hospitals Tehran by D-zone test.

Methods: In this study, 80 *S. aureus* isolated from patients hospitalized in Tehran hospitals and their susceptibility to different antibiotics were determined using disk agar diffusion method. Inducible clindamycin resistance in these isolates was identified using D-zone test. The e*rmA*, *ermB* and *ermC* genes were detected by Multiplex PCR technique.

Results: The results showed that 70% of isolates were resistance to Erythromycin and 45% to Clindamycin. Using D zone-test, 15 of isolates were positive. The prevalence of *ermA*, *ermB* and *ermC* genes among the 80 isolates was 4(5%), 6(7.5%) and 8(10%), respectively.

Conclusions: The prevalence of antibiotic resistance in *S. aureus* strains detected in this study is a major concern and highlights the need of infection control measures.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, Erythromycin, Clindamycin, inducible resistance

P/ بررسی خواص ضد میکروبی لاکتوباسیلوس پلانتاروم جداسازی شده از عسل علیه شیگلا فلکسنری

الهه لشنی[1]، ابوالفضل داودآبادی[2]، محمد مهدی سلطان دلال[1*]

۱. بخش میکروب شناسی مواد غذایی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران
۲. گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

نویسنده مسوول*: محمد مهدی سلطان دلال-پست الکترونیک: msoltandallal@gmail.com

سابقه و هدف: عسل به عنوان یک محیط قندی می تواند منبع غنی برای لاکتوباسیلوس ها باشد. لاکتوباسیلوس ها در گروه باکتری های پروبیوتیک بوده و می توانند اثرات سلامت بخش به ویژه در دستگاه گوارش مانند مهار رشد باکتری های بیماریزا از خود نشان دهند. هدف این مطالعه بررسی خواص ضد میکروبی *لاکتوباسیلوس پلانتاروم* جداسازی شده از عسل علیه *شیگلا فلکسنری* می باشد.

مواد و روش ها: تعداد ۸۸ نمونه عسل طبیعی جمع آوری و سپس در محیط MRS براث بعد از آن بر روی محیط MRS آگار کشت داده شدند. ایزوله های مشکوک به *لاکتوباسیلوس* با روش آنالیز توالی ژن 16s rDNAدر سطح گونه شناسایی شدند. در نهایت اثر ضد میکروبی ایزوله های لاکتوباسیلوس پلانتاروم علیه *شیگلا فلکسنری* ATCC 1202 به روش انتشار از چاهک بر روی پلیت نوترینت آگار سنجیده شد.

یافته ها: ۳۷ ایزوله لاکتوباسیلوس شناسایی شدند که ۴ ایزوله آن متعلق به گونه پلانتاروم بود و با روش آنالیز توالی ژن 16s rDNA تایید شد. در مهار رشد شیگلا فلکسنری، *ل. پلانتاروم* H59 اثر مهاری خیلی قوی و *ل. پلانتاروم* H46 و H47 اثر مهاری قوی از خود نشان دادند.

نتیجه گیری: ل. پلانتاروم جدا شده از عسل اثر مهاری خوبی علیه عامل شیگلوز از خود نشان داد. استفاده از عسل طبیعی حاوی پروبیوتیک می تواند در پیشگیری از عفونت های گوارشی از جمله شیگلوز موثر باشد. چرا که این سویه ها با مکانیسم های مختلف از جمله اتصال به دیواره روده و نقش رقابتی در کسب مواد غذایی مانع اتصال، رشد و تکثیر پاتوژن ها می شوند.

واژگان کلیدی: لاکتوباسیلوس پلانتاروم، عسل، شیگلا فلکسنری

P/ بررسی اثر آنتی باکتریایی عصاره های متانولی و آبی گیاهان زنیان و تخم کرفس بر باکتری بیماری زای اشریشیاکلی

هانیه احمدپور کچو[۱]، [۲] دکتر مجتبی معصومی[۲]، دکتر فاطمه توحیدی*[۳] ، پژمان فرهادی[۴]

۱،۲گروه مهندسی شیمی بیوتکنولوژی، دانشکده فنی مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی،

۳*گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل،

۴گروه مهندسی شیمی طراحی فرآیند، دانشکده فنی مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی، کدپستی: ۴۶۳۵۱-۴۳۳۵۸

*Corresponding author's email: tohidif891@mums.ac.ir

سابقه وهدف: زنیان و تخم کرفس معمولا به عنوان یک گیاه که دانه های آنها به عنوان ادویه در بسیاری از کشورهای آسیایی از جمله مصر، هند، پاکستان و ایران استفاده می شود، شناخته شده است که به علت اثرات مطلوب در درمان برخی بیماری‌ها در طب سنتی و قدیمی مورد توجه می‌باشد.

مواد وروش ها: با توجه به مقاومت روز افزون باکتری‌ها نسبت به آنتی بیوتیک‌های مشتق از میکروارگانیسم‌ها، دستیابی به عوامل ضد میکروبی جدید و موثر امری ضروری و اجتناب ناپذیراست لذا به جهت اهمیت استفاده از پتانسیل درمانی، اثربخشی این گیاه دارویی بر روی باکتری ایکولای که مهمترین عامل عفونت ادراری می باشد، مورد بررسی قرار گرفت.

پس از جمع آوری گیاهان، تایید نام علمی آن ها، خشک نمودن در سایه و عصاره گیری به روش ماسراسیون توسط حلال متانول و آب، عصاره ها تغلیظ و خشک گردیدند. بررسی اثرات ضد میکروبی عصاره های حاصل با روش میکرو دایلوشن بر روی میکروارگانیسم اشریشیاکلی انجام شد و و حداقل غلظت مهار کنندگی (MIC) و حداقل غلظت کشندگی (MBC) عصاره‌ها تعیین گردیدند.

یافته ها: در مقایسه غلظت اثر مهارکنندگی نشان داد که عصاره آبی زنیان در ۲۵۰mg/ml، عصاره متانولی زنیان درmg/ml ۳۱,۲۵، عصاره آبی تخم کرفس در ۲۵۰mg/ml و عصاره متانولی تخم کرفس در۲۵۰ mg/ml مانع از رشد باکتری اشریشیاکلی شدند. و همچنین غلظت های مهاری عصاره آبی زنیان در ۵۰۰ mg/ml، عصاره متانولی زنیان در ۶۲,۵ mg/ml، عصاره آبی تخم کرفس در ۵۰۰ mg/ml و عصاره متانولی تخم کرفس در ۲۵۰ mg/ml باعث مرگ باکتری اشریشیاکلی شدند.

نتیجه گیری: با متوجه به مشاهدات، عصاره متانولی زنیان در کمترین غلظت در مقایسه با سایر عصاره ها باعث جلوگیری از رشد و مرگ باکتری اشریشیاکلی شد که میتواند نوید خوبی برای استفاده بیشتراز این داروگیاهی جهت درمان عفونت های ادراری وگوارشی باشد.

واژگان کلیدی: آنتی باکتریایی، عصاره، زنیان، کرفس، اشریشیاکلی

P/ بررسی اثر آنتی باکتریایی عصاره های متانولی و آبی گیاهان گون و گل ماهور بر باکتری بیماریزای اشریشیاکلی

هانیه احمدپور کچو[1]، دکتر مجتبی معصومی[2]، دکتر فاطمه توحیدی[3*]، پژمان فرهادی[4]

[1,2]گروه مهندسی شیمی بیوتکنولوژی، دانشکده فنی مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی، کدپستی: ۴۶۳۵۱-۴۳۳۵۸

[3*]گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، کدپستی: ۴۷۱۷۶-۴۷۷۴۵

[4]گروه مهندسی شیمی طراحی فرآیند، دانشکده فنی مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی، کدپستی: ۴۶۳۵۱-۴۳۳۵۸

*Corresponding author's email: tohidif891@mums.ac.ir

سابقه وهدف: داروهای گیاهی به علت داشتن منشاء طبیعی نسبت به داروهای شیمیایی دارای سازگاری بیشتری با ارگانیسم های زنده از جمله بدن انسان بوده و عوارض جانبی کمتری ایجاد میکنند.

تعداد زیادی از آنتی بیوتیک های سنتزی با ساختارهای شیمیایی متفاوت برای کنترل عفونت های بیمارستانی و بیماری های عفونی انسان در سراسر جهان استفاده میشوند. استفاده طولانی مدت از این آنتی بیوتیک ها باعث ظهور مقاومتهای چند دارویی و باکتری های مقاوم شده و از طرفی با اثرات جانبی باعث بروز مشکلات بالینی فراوانی در بیماران میشوند. این مطالعه به منظور تعیین اثرات ضدباکتریایی عصاره‌های دو گونه گیاهی گون و گل ماهور روی باکتری گرم منفی اشریشیاکلی انجام شد.

مواد وروش ها: پس از جمع آوری گیاهان، تایید نام علمی آن ها، خشک نمودن در سایه و عصاره گیری به روش ماسراسیون توسط حلال متانول و آب، عصاره ها تغلیظ و خشک گردیدند. بررسی اثرات ضد میکروبی عصاره های حاصل با روش میکرو دایلوشن بر روی میکروارگانیسم اشریشیاکلی انجام شد و حداقل غلظت مهار کنندگی (MIC) و حداقل غلظت کشندگی (MBC) عصاره‌ها تعیین گردیدند.

یافته ها: در مقایسه غلظت اثر مهارکنندگی نشان داد که عصاره آبی و متانولی گون ۲۵۰mg/ml و عصاره آبی گل ماهور ۵۰۰mg/ml و عصاره متانولی گل ماهور ۲۵۰mg/ml مانع از رشد باکتری اشریشیاکلی شدند. و همچنین غلظت های مهاری عصاره آبی و متانولی گون در ۵۰۰mg/ml، عصاره متانولی گل ماهور ۵۰۰mg/ml و عصاره آبی گل ماهور ۱۰۰۰mg/ml باعث مرگ باکتری اشریشیاکلی شدند.

نتیجه گیری: خاصیت ضد باکتری گل ماهور و گون متانلی بیشتر از عصاره های آبی آنها بوده و مشاهدات نشان داده که این عصاره ها در غلظت بالا تاثیر به سزایی در ازبین بردن باکتری بیماری زای Ecoli دارند و با بررسی های بیش تر می توان از کاربرد آنها در صنایع دارویی، بهداشتی و غذایی استفاده کرد.

واژگان کلیدی: ضدمیکروبی، عصاره، گل ماهور، گون، اشریشیاکلی

P/ بررسی فعالیت ضدمیکروبی عصاره های متانولی گیاهان گون، گل ماهور، تخم کرفس و زنیان بر روی باکتری های گرم مثبت و منفی

هانیه احمدپور کچو[۱]،دکتر مجتبی معصومی[۲]، دکتر فاطمه توحیدی*[۳]، پژمان فرهادی[۴]

[۱،۲]گروه مهندسی شیمی بیوتکنولوژی، دانشکده فنی مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی، کدپستی: ۴۶۳۵۱-۴۳۳۵۸

*[۳]گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، کدپستی: ۴۷۱۷۶-۴۷۷۴۵

[۴]گروه مهندسی شیمی طراحی فرآیند، دانشکده فنی مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی، کدپستی: ۴۶۳۵۱-۴۳۳۵۸

*Corresponding author's email: tohidif891@mums.ac.ir ،

سابقه وهدف: بیماری‌های عفونی یکی از علل مهم مرگ و میر در سراسر جهان، به ویژه در کشورهای در حال توسعه می‌باشد. گزارش‌های متعدد حاکی از این است که گیاهان پتانسیل بالایی برای سنتز مواد ضد میکروبی مختلف دارند.

امروزه، گسترش روزافزون مقاومت های دارویی درمیان باکتری ها در کنار سمیت و عوارض جانبی داروهای موجود سبب شده است تا توجه بیش تری به سمت داروهای مناسب تر با اثرات سمی و عوارض جانبی کمتر معطوف گردد و برای این منظور، گیاهان دارویی نیز مورد توجه خاصی قرار دارند. هدف پژوهش حاضر بررسی ومقایسه فعالیت ضد میکروبی عصاره‌های متانولی گیاهان گون، گل ماهور، تخم کرفس و زنیان بر روی باکتری های گرم مثبت استافیلوکوکوس و باسیلوس سوبتیلیس و باکتری های گرم منفی اشریشیاکلی و سودوموناس می باشد.

مواد وروش ها: پس از جمع آوری گیاهان، تایید نام علمی آن ها، خشک نمودن در سایه و عصاره گیری به روش ماسراسیون توسط حلال متانول، عصاره ها تغلیظ و خشک گردیدند. بررسی اثرات ضد میکروبی عصاره های حاصل با روش دیسک دیفیوژن میزان قطر هاله ها مشخص شدند و با دیسک آنتی بیوتیکی آمیکاسین مقایسه شدند.

یافته ها: مشاهدات نشان داد که در غلظت mg/ml ۱۰۰ بیش ترین هاله عدم رشد اطراف دیسک دیفیوژن در برابر باکتری استافیلوکوکوس مربوط به عصاره ی گل ماهور بود و کمترین هاله مربوط به عصاره ی تخم کرفس بود. در باکتری باسیلوس سوبتیلیس بیش ترین هاله مربوط به عصاره گون و کمترین مربوط به عصاره ی تخم کرفس بود. همچنین در باکتری اشریشیاکلی بیش ترین هاله مربوط به عصاره ی زنیان که بود و در باکتری سودوموناس بیشترین هاله مربوط به عصاره زنیان و گون بودند. باکتری اشریشیاکلی در مقابل عصاره های گون و تخم کرفس و باکتری سودوموناس در برابر عصاره های گل ماهور و تخم کرفس با غلظت mg/ml ۱۰۰ هیچ حساسیتی از خود نشان ندادند، این در حالی است که همه باکتری های کشت داده شده به دیسک آنتی بیوتیکی آمیکاسین حساس بودند.

نتیجه گیری: نتایج نشان داد که عصاره گیاهان گون و زنیان دارای اثر ضد باکتری قابل توجهی میباشند که می توانند زمینه ای را برای کشف داروهای با منشا گیاهی در تولید آنتی بیوتیک ها، مسکن ها و داروهای درمان بیماری های مختلف به وجود آورند.

واژگان کلیدی: عصاره، فعالیت ضدمیکروبی، دیسک دیفیوژن

P/ بررسی اثر ضدمیکروبی عصاره های متانلی پاغازه، پتنیک و اسفرزه بر باکتری های گرم مثبت و گرم منفی به روش دیسک دیفیوژن

هانیه احمدپور کچو[1]، پژمان فرهادی[2]، دکتر فاطمه توحیدی[3*]

[1،2]گروه مهندسی شیمی، دانشکده فنی مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی، کدپستی: ۴۳۳۵۸-۴۶۳۵۱

[3*]گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، کدپستی: ۴۷۷۴۵-۴۷۱۷۶

*Corresponding author's email: tohidif891@mums.ac.ir

سابقه وهدف: بیماریهای عفونی، یکی از چالش های بزرگ علم پزشکی در قرن بیست و یکم است و به طبع آن، تولید آنتی بیوتیکهای جدید روز به روز افزایش میابد.

به دلیل افزایش بروز بیماری های عفونی جدید و شیوع مقاومت انتی بیوتیکی در باکتری های مولد ان نیاز مبرم به کشف ترکیبات ضد میکروبی جدید احساس می گردد استفاده از منابع گیاهی با توجه به عوارض جانبی کمتر در اولویت قرار دارد. این مطالعه به منظور تعیین اثرات ضد باکتریایی عصاره های متانولی پاغازه، پتنیک و اسفرزه بر روی باکتری های شاخص گرم مثبت استافیلوکوکوس، باسیلوس سوبتیلیس و باکتری های گرم منفی اشریشیاکلی و سودوموناس انجام شد.

مواد وروش ها: پس از جمع آوری گیاهان، تایید نام علمی آن ها، خشک نمودن در سایه و عصاره گیری به روش ماسراسیون توسط حلال متانول، عصاره ها تغلیظ و خشک گردیدند. بررسی اثرات ضد میکروبی عصاره های حاصل با روش دیسک دیفیوژن میزان قطر هاله ها مشخص شدند و با دیسک آنتی بیوتیکی آمیکاسین مقایسه شدند.

یافته ها: مشاهدات نشان داد که در غلظت mg/ml ۱۰۰بیش ترین هاله عدم رشد اطراف دیسک دیفیوژن در برابر باکتری استافیلوکوکوس مربوط به عصاره ی پتنیک بود و کمترین مربوط به عصاره ی پاغازه بود. در برابر باکتری باسیلوس سوبتیلیس بیش ترین هاله مربوط به عصاره پتنیک و کمترین مربوط به عصاره ی اسفرزه بود. و در آخر بیش ترین هاله عدم رشد در برابر باکتری سودوموناس مربوط به عصاره پاغازه بود. هیچ کدام از عصاره ها در مقابل باکتری اشریشیاکلی و عصاره های اسفرزه و پتنیک در مقابل سودوموناس و پاغازه در برابر باسیلوس در غلظت mg/ml ۱۰۰ توانایی تشکیل عدم رشد هاله در اطراف دیسک آنتی باکتریالی حاوی عصاره را نداشتند. این در حالی است که همه باکتری های کشت داده شده به دیسک آنتی بیوتیکی آمیکاسین حساس بودند

نتیجه گیری: نتایج آزمایشات ضد باکتریایی نشان داد هیچ یک از عصاره های بر باکتری گرم منفی اشریشاکلی تاثیر نداشته اما بر باکتری های گرم مثبت موثر بوده است. عصاره پتنیک حساسیت قابل توجهی از خود در مقابل باکتری بیماری زای استافیلوکوکوس از خود نشان داده است که می تواند به عنوان منبع بالقوه برای ترکیبات جدید ضد باکتری در نظرگرفته شود.

واژگان کلیدی: ضدمیکروبی، عصاره متانولی، دیسک دیفیوژن، استافیلوکوکوس

P/ بررسی اثر ضدمیکروبی عصاره های متانولی برگ بِه، کتیرا و پنیرک بر باکتری های گرم مثبت و گرم منفی به روش دیسک دیفیوژن

پژمان فرهادی[1]، هانیه احمدپور کچو[2]، دکتر فاطمه توحیدی[3]*

[1،2]گروه مهندسی شیمی، دانشکده فنی مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی، کدپستی: ۴۳۳۵۸-۴۶۳۵۱

[3]*گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، کدپستی: ۴۷۷۴۵-۴۷۱۷۶

Corresponding author's email: tohidif891@mums.ac.ir

سابقه وهدف: بیماری های عفونی همواره از نگرانی های مهم بشر بوده و پیوسته توجه تعداد زیادی از صاحبان حرفه های مختلف پزشکی و آزمایشگاهی را به خود معطوف کرده است

به دلیل افزایش روزافزون مقاومت آنتی‌بیوتیکی در باکتری‌ها و وجود عوارض جانبی داروها، کاربرد روش‌های کمکی از جمله استفاده از گیاهان دارویی برای درمان اهمیت ویژه‌ای پیدا نموده است. هدف از این تحقیق، بررسی اثرات ضد باکتری عصاره ی گیاهان برگ بِه، کتیرا و پنیرک بر روی باکتریهای اشریشیاکلی، سودموناس، استافیلوکوکوس و باسیلوس سوبتیلیس می باشد.

مواد وروش ها پس از جمع آوری گیاهان، تایید نام علمی آن ها، خشک نمودن در سایه و عصاره گیری به روش ماسراسیون توسط حلال متانول، عصاره ها تغلیظ و خشک گردیدند. بررسی اثرات ضد میکروبی عصاره های حاصل با روش دیسک دیفیوژن میزان قطر هاله ها مشخص شدند و با دیسک آنتی بیوتیکی آمیکاسین مقایسه شدند.

یافته ها: مشاهدات نشان داد که در غلظت۱۰۰ mg/mlبیش ترین هاله عدم رشد اطراف دیسک دیفیوژن در برابر باکتری استافیلوکوکوس مربوط به عصاره های برگ بِه و پنیرک بود.در برابر باکتری باسیلوس سوبتیلیس بیش ترین هاله مربوط به عصاره برگ بِه بود و کمترین مربوط به عصاره ی پنیرک بود. در برابر باکتری اشریشیاکلی و سودوموناس بیش ترین هاله ها مربوط به عصاره ی برگ بِه و پنیرک بودند. هیچ کدام از باکتری ها هیچ گونه حساسیتی از خود به دیسک حاوی عصاره ی کتیرا در غلظت ۱۰۰mg/ml از خود نشان ندادند. این در حالی است که همه باکتری های کشت داده شده به دیسک آنتی بیوتیکی آمیکاسین حساس بودند.

نتیجه گیری: با توجه به مشاهدات، عصاره های برگ بِه و پنیرک به همه ی باکتری های گرم مثبت و منفی حساس بودند که این توانایی را دارند پس از انجام مطالعات تکمیلی جایگزین مناسبی برای آنتی بیوتیکهای تجاری رایج برای درمان عفونتهای ناشی از این باکتری ها باشند.

واژگان کلیدی: عصاره متانولی، برگ بِه، پنیرک، ضدمیکروبی،دیسک دیفیوژن

P/ معرفی فراورده های پروبیوتیک تجاری در بازار دارویی ایران و جهان

دکتر زهرا نظری تلوکی [1*]، زهره نظری تلوکی[1]، مهسا نظری تلوکی۲

۱-علوم پزشکی مازندران شرکت دانش بنیان دارویی در مرکز رشد

۲- دانشجوی پزشکی – دانشگاه علوم پزشکی مازندران-ساری

پست الکترونیک: zahra_nazari_taloki@yahoo.com

سابقه و هدف: پروبیوتیک ها فراورده های تجاری هستند که با هدف رساندن باکتری های زنده مفید به اکوسیستم میکروبی بدن طراحی شدند و علاوه بر ارزش تغذیه ای بالا، با کمک به بازسازی فلور میکروبی، در پیشگیری و بهبود اختلالات متعددی نقش دارند.

مواد و روش ها: با جستجو در سایت های علمی بازار دارویی ایران و جهان فراورده های پروبیوتیکی تجاری شده را مشخص نمودیم.

یافته ها: کپسول واژینال Gynophylus، اولین داروی پروبیوتیک احیا کننده فلور طبیعی واژن، حاوی یک زنجیره مشخص از لاکتوباسیلوس کازئینی رامنوسوس بنام لاکتوباسیلوس دودرلین می باشد که در عفونت های قارچی و باکتریایی واژن موثر است. کپسول خوراکی Mutaflor حاوی زنجیره های E.coli که در سندروم روده تحریک پذیر، یبوست مزمن، و در فاز بهبود کولیت اولسراتیو نقش دارد. ساشه کیدی لاکت برای کودکان، حاوی مقادیر بالایی از سویه های لاکتوباسیل ها، بیفیدوباکترها، استرپتوکوکوس ترموفیلوس، بیفیدوباکتریوم اینفنتیس جهت بهبود قدرت دفاعی بدن در بیماری های عفونی سرماخوردگی، اسهال های عفونی و ناشی از آنتی بیوتیکها و آلرژی های پوستی مفید می باشد. کپسول خوراکی لاکتوفم حاوی لاکتوباسیلوس های اسیدوفیلوس، پلانتاروم، فرمنتوم و گاسری بوده و در عفونت های ادراری تناسلی بانوان و بهبود علائم یائسگی کاربرد دارد. کپسول Yomogi حاوی تعداد حداقل ۱۰ میلیارد سلول زنده خشک شده با سرما از ساکارومایسز بولاردی می باشد که در انواع اسهال و در بهبود زخم معده ناشی از هلیکوباکتر پیلوری موثر است.

نتیجه گیری: بکارگیری پروبیوتیک ها در قالب مکمل های رژیمی معجزه گر، با تغییر مطلوب در توازن میکروبی، اثرات مفیدی بر بدن می گذارند.

واژگان کلیدی: پروبیوتیک، فلور میکروبی، لاکتوباسیلوس ها

P/ بررسی اثر پروبیوتیکی اسپور جدایه‌های بالینی جنس باسیلوس روی رده سلولی سرطان راست روده Ht29/219

دکتر حامی کابوسی، رضا مهدوی*، فاطمه پیروی

دانشگاه آزاد ایت الله املی
نویسنده مسوول:.mahdavureza525@gmail.com

سابقه و هدف: سرطان روده بزرگ پس از سرطان ریه در مکان دوم علل مرگ و میر ناشی از سرطان است می‌باشد. بر اساس تحقیقات انجام شده استفاده از پروبیوتیک ها در کاهش خطر سرطان موثر است.

مواد و روش ها: جداسازی جنس باسیلوس از نمونه مدفوع با روش شوک حرارتی انجام گردید. باکتری جداسازی شده با روش های استاندارد میکروبیولوژیک شناسایی گردیدند. در ادامه جنس *باسیلوس*، از طریق واکنش PCR با پرایمر اختصاصی جنس *باسیلوس* مورد شناسایی و تاییدمولکولی قرار گرفتند. در پایان تعداد اسپورهای ۲ سویه باسیلوس N-14 و باسیلوسlichenforimsB-S که دارای خصوصیات پروبیوتیکی بالاتری بودند برروی رده ی سلولی Ht29/219 اثر داده شدند

یافته ها: در این تحقیق چهار جدایه*باسیلوس* از نمونه های مدفوع بدست آمد. این جدایه ها با روش های میکروبیولوژیک استاندارد، شناسایی گردید ۲جدایه که مقاوت بیشتری نسبت به اسید ونمک های صفراوی داشته اندراانتخاب وجهت تایید نهایی، واکنش pcr با پرایمر اختصاصی جنس *باسیلوس* انجام گرفت

نتیجه گیری: نتایج اثر مهاری غلظت های متفاوت اسپور این سویه ها بر روی رده سلولی t29/219h نشان داد که جدایه جنس باسیلوس lichenforims سویه B-S در زمان ۷۲ ساعت در غلظت۱۰^۸ دارای بالاترین اثر مهاری می باشد.

واژگان کلیدی: پاسپور، پروبیوتیک، باسیلوس،Ht29/219

P/ بررسی اثر آنتی باکتریال عصاره هیدروالکلی گیاه Allium ursinum L و اجزای سازنده آن

حسنیه جرگونی *[۱]، مینا اورنگ [۲]، عباسعلی ده پور[۳]

۱-دانشجو کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد واحد ساری گروه زیست شناسی

۲-- استاد دانشگاه آزاد واحد ساری گروه زیست شناسی.

۳- دکتری استاد دانشگاه آزاد واحد قائمشهر.

نویسنده مسوول*:حسنیه جرگونی پست الکترونیک:h.jargani95@gmail.com

سابقه و هدف: گیاه الزی (سیر جنگلی) با نام علمی (Allium ursinum L) گیاهی از راسته مارچوبه سانان (Asparagales می باشد، که می تواند بعنوان جایگزین مناسب برای عوامل ضدمیکروبی در برابر پاتوژن‌های غذایی و گیاهی دارویی مورد استفاده قرار گیرد. این مطالعه به منظور بررسی اجزای تشکیل دهنده و اثر آنتی باکتریال عصاره هیدروالکلی گیاه الزی انجام گردید.

مواد و روش ها: گیاه الزی با غلظت های25/6 mg/ml، 5/12، 25، 50، 75، و ۱۰۰،عصاره اتیل استات و عصاره متانولی تهیه گردید. خاصیت ضدباکتریایی روی باکتری های Staphylococcus aureus و Pseudomonas aeruginosa به روش دیسک دیفیوژن انجام شد و تاثیر عصاره با آنتی بیوتیک های جنتامایسین و کلرآمفنیکل و آموکسی سیلین مقایسه گرد با بررسی قطر هاله عدم رشد در دیسک ها، حساسیت باکتری های مورد نظر به عصاره ها تعیین شد. ترکیب شیمیایی الزی توسط روش کروماتوگرافی گازی متصل به شناساگر طیف نگار جرمی با دستگاه (GC-MAS) شناسایی شد.ید.

یافته ها: نتایج حاصله نشان داد، عصاره هیدروالکلی بخصوص عصاره متانولی بالاترین اثر با بیشترین قطر هاله عدم رشد، بر باکتری استافیلوکوک اروئوس با قطر ۱۳/۵ میلی متر را دارد. در این گیاه ۶۰ ترکیب موثر شناسایی شد. مهم ترین آن (Phytol با ۱۰/۹۹ ٪، 1/10 % (Octadecatrienoic acid)، stigmast 27/9 %، Stigasta 62/6 ٪، ویتامین E با۲/۷۲ ٪ درصد گزارش شد، که ۲۳ ماده، بالاتر از یک درصد بوده اند.

نتیجه گیری: با توجه به تاثیر گیاه الزی بر روی باکتری ها می توان، آن را بعنوان یک آنتی بیوتیک طبیعی معرفی کرد.

واژگان کلیدی:الزی، آنتی باکتریال، آنتی بیوتیک، عصاره ی هیدروالکلی

P/ بررسی شیوع استافیلوکوکوس اورئوس و تعیین مقاومت آنتی بیوتیکی به متی سیلین (MRSA) و میزان باقیمانده آنتی بیوتیک در شیر خام مزرعه و پاستوریزه

مهران خالدیان[1*]، محمد مهدی سلطان دلال[2]

۱) دانشجوی کارشناسی ارشد

۲) استادیار دانشکده بهداشت گروه پاتوبیولوژی دانشگاه تهران

نویسنده مسوول*: khaledian@gmail.com

سابقه و هدف: در این مقاله به بررسی شیوع استافیلوکوکوس اورئوس و تعیین مقاومت آنتی بیوتیکی به متی سیلین (MRSA) و میزان باقیمانده آنتی بیوتیک در شیر خام مزرعه و پاستوریزه پرداخته شده است

مواد و روش ها: که در آن تعداد ۲۵۰نمونه (۲۰۰نمونه شیر خام و۵۰شیر پاستوریزه) جمع آوری به آزمایشگاه دانشگاه منتقل شد، مقداری از نمونه ها جهت پایش باقیمانده انتی بیوتیک و مقداری از نمونه های دیگر هم برای آزمایشات باکتری شناسی مورد استفاده قرار گرفت.

یافته ها: طبق آزمایشات انجام گرفته ۲۵,۲ درصد از نمونه های مورد تجزیه و تحلیل به استافیلوکوکوس اورئوس آلوده بودند. ایزوله های استافیلوکوکوس اورئوس ۹۳٪ نسبت به پنی سیلین G و۸۲٪ نسبت به اگزاسیلین و ۴۳٪ نسبت به آمیکاسین و ۳۷٪ نسبت به اریترومایسین و ۲۴٪ به سفوکسیتین و۳٪ به کلیندامایسین و ۲٪ به ریفامپیسین مقاوم بودند اما هیچ مقاومتی به کلرامفنیکل نداشتند. از ۲۵۰نمونه شیر ۴۳ نمونه در آزمایش باقیمانده آنتی بیوتیک که با استفاده از کیت هانسن دانمارکی انجام شد دارای باقیمانده آنتی بیوتیک بودند.

نتیجه گیری: درپایان به این نتیجه رسیدیم که استافیلوکوکوس اورئوس بخصوص استافیلوکوکوس های مقاوم به متی سیلین بعنوان یک پاتوژن مهم در مواد غذایی مطرح هستند و همچنین شواهدی وجود دارد که بیانگر شیوع انتقال جدایه های MRSA بین انسان و حیوان و برعکس می باشد و این موضوع اهمیت این جدایه را نشان میدهد و حضور استافیلوکوکوس اورئوس در شیر خام و پاستوریزه بر اهمیت اقدامات پیش گیرانه برای اطمینان از کیفیت شیر از شیردوشی تاکید دارد.

واژگان کلیدی: استافیلوکوکوس اورئوس، متی سیلین، باقیمانده آنتی بیوتیک، مقاومت ضدمیکروبی (MRSA)

P/ بررسی ترکیبات موثر در انواع چای در جلوگیری از پوسیدگی دندان ناشی از استرپتوکوکوس موتانس: مطالعه ی مروری سیستماتیک

آرش رهبر*[۱]، مهران شکری [۲]

۱- دانشجو- کمیته تحقیقات دانشجویی،دانشگاه علوم پزشکی بابل– بابل، ایران.

۲- دکتری- مرکز تحقیقات بیماری های عفونی و گرمسیری،پژوهشکده سلامت،دانشگاه علوم پزشکی بابل،بابل،ایران

واحد توسعه تحقیقات بالینی،بیمارستان آیت الله روحانی،دانشگاه علوم پزشکی بابل،بابل،ایران

گروه بیماری های عفونی،دانشکده پزشکی،دانشگاه علوم پزشکی بابل،بابل،ایران

نویسنده مسوول*: پست الکترونیک: arashrahbar10@gmail.com

سابقه و هدف: چای یکی از معمول نوشیدنی ها با مواد فعال زیستی مانند ترکیبات پلی فنول-فلاونوئیدها است که به آنها کاتچین می گویند. این ترکیبات دارای اثرات چند بعدی، مانند خواص ضد باکتریایی، مهار آمیلاز باکتریایی و بزاق و همچنین مهار تولید اسید می باشد. هدف از این مطالعه، بررسی نقش احتمالی چای در جلوگیری از پوسیدگی دندان می باشد.

مواد وروش ها: با استفاده از کلید واژگان مشخص در پایگاه های:Google Scholar، PubMed، sincedirect از سال ۲۰۱۲ تا کنون را مورد جستجو قرار داده و تعداد ۱۱ مقاله را استخراج و تحلیل کرده ایم، معیار ورود مقالات به این مطالعه، با توجه به نوع مطالعه ها از جمله کار آزمایی بالینی و آزمایشگاهی می باشد.

یافته ها: کاتچین گروهی از فلاونوئیدها است که ترکیبات عمده ی موجود در آن: epicatechin gallate (ECG)، epigallocatechin gallate (EGCG) ، epigallocatechin (EGC)، gallocatechin (GC)،epicatechin می باشد که در چای سبز موجود است. EGCG، GC، EGC و ECG دارای اثرات قوی ضد باکتری است. چای سیاه نسبت به چای سبز، غلظت بسیار کمتری تر از این ترکیبات را دارد. غلظت بالای EGCG باعث آسیب برگشت ناپذیر غشای سیتوپلاسمی باکتریها می شود.

نتیجه گیری: در چندین مطالعه، گزارش شده است که مقدار کاتیچین برای مهار استرپتوکوکوس موتانس با حداقل غلظت، بین ۵۰ و ۱۰۰۰ میکروگرم / میلیلیتر می باشد،که این مقدار غلظت، در مصارف چای خانگی موجود می باشد و باعث آسیب برگشت ناپذیر غشایی در باکتری می شود.

واژگان کلیدی: چای،آنتی باکتریال، کاتچین، استرپتوکوکوس موتانس

/P بررسی تاثیر امواج الکترومغناطیسی فروسرخ بر جلوگیری از رشد باکتری های گرم منفی و گرم مثبت: مطالعه ی مروری سیستماتیک

مهران شکری[۱]،آرش رهبر[۲*]

۱-دکتری- مرکز تحقیقات بیماری های عفونی و گرمسیری،پژوهشکده سلامت،دانشگاه علوم پزشکی بابل،بابل،ایران۲
۲-دانشجو- کمیته تحقیقات دانشجویی،دانشگاه علوم پزشکی بابل– بابل، ایران.

نویسنده مسوول*: آرش رهبر پست الکترونیک: arashrahbar10@gmail.com

سابقه وهدف: امواج فروسرخ از امواج الکترومغناطیسی و در بازه ۳۰۰ گیگاهرتز تا ۴۲۸ تراهرتز و طول موج ۱ میلی‌متر تا ۷۰۰ نانومتر قرار می‌گیرند. لیز فوتوترمال، صرف نظر از مقاومت دارویی باکتری، یک روش موثر برای حذف سریع باکتری های بیماریزا است. در برخی مطالعات تاثیر تابش فروسرخ روی پاستوریزاسیون صورت گرفته است. هدف از این مطالعه بررسی تاثیر امواج الکترومغناطیسی فروسرخ بر جلوگیری از رشد باکتری های گرم منفی و گرم مثبت می باشد.

مواد وروش ها: با استفاده از کلید واژگان مشخص در پایگاه های: Google Scholar، Medline، EMBASE ، sincedirectاز سال ۲۰۰۵ تا کنون را مورد جستجو قرار داده و تعداد ۸ مقاله را استخراج و تحلیل کرده ایم، معیار ورود مقالات به این مطالعه، مطالعات آزمایشگاهی می باشد.

یافته ها: در سه مطالعه که تابش فروسرخ در همراهی با Au-Pt 0.1 NRs و با zno-Ag 1% بود، بالاترین کارایی در لیز فوتوترمال باکتری گرم مثبت و گرم منفی در حدود ۶۷٪ مرگ باکتری ها همراه داشت. در پاستوریزاسیون اشرشیاکلی و استافیلوکوکوس اورئوس، روش فروسرخ از حرارتی بهتر گزارش شد. تابش فروسرخ روی اسپور Bacillus subtilis به مدت۲ روز موجب از بین رفتن آن شد. در تیبیا خرگوش برای ارزیابی بهبودی استخوان در پاسخ به استئومیلیت توسط یک اربیوم فروسرخ نتایج بهبودی گزارش شد.

نتیجه گیری: با توجه به القای حرارتی این امواج، با مکانیسم لیزفتوترمال، در صورت همراهی با سایر عوامل ضد میکروبی می توانند باعث سرعت بخشیدن به مرگ باکتری ها شوند.

واژگان کلیدی: باکتری، امواج الکترومغناطیسی، فروسرخ، آنتی باکتریال

/P بررسی فیمبریه های تیپ ۱ و PAP در اشریشیاکلی یوروپاتوژن مولد عفونت دستگاه ادراری به منظور استفاده از آن برای درمان این عفونت

سینا نوری*

دانشجوی کارشناسی علوم آزمایشگاهی دانشکده ی علوم پزشکی مراغه، کمیته ی تحقیقات دانشجویی مراغه، مراغه، ایران

نویسنده مسئول: - noorisina1996@gmail.com

سابقه هدف: عفونت دستگاه ادراری از شایعترین عفونت ها در سطح جهان می باشد که درمان نامناسب آن عوارض جبران ناپذیری مانند نارسایی مزمن کلیه را به دنبال خواهد داشت. درمان این عفونت با استفاده از آنتی بیوتیک ها صورت می گیرد که مقاومت باکتری ها نسبت به آنتی بیوتیک ها روند رو به رشد دارد. مطالعه ی مروری حاضر به منظور بررسی یکی از عوامل ویرولانس باکتری اشریشیاکلی مولد عفونت ادراری و استفاده از آن در درمان این عفونت صورت گرفته است.

مواد وروش ها: در این بررسی کلید واژه های عفونت دستگاه ادراری، باکتری اشریشیاکلی یوروپاتوژن، فیمبریه ی تیپ ۱، فیمبریه PAP، الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی، Urinari tract infection، Uropathogenic E.Coli، Antibiotic resistance در عنوان و چکیده ی مقالات چاپ شده در پایگاه های علمی معتبر ایرانی IRANMEDEX، MAGIRAN، SIDو بین المللی PUBMED مورد جستجو قرار گرفت و اطلاعات مورد نیاز استخراج شد.

یافته ها: در این مطالعه تعداد ۱۰۰ مقاله به دست آمد که با مطالعه ی چکیده ی مقالات، ۳۲ مقاله برای بررسی جامع و استخراج داده ها انتخاب گردید. نتایج نشان داد که فراوانی فیمبریه تیپ ۱ و فیمبریه PAP بالا بوده و در ۷۰ تا ۹۰ درصد نمونه های ایزوله شده ی E.Coli وجود دارند و عامل اصلی اتصال به سلول یورو اپی تلیال است. همچنین مقاومت آنتی بیوتیکی رو به افزایش است و نمی توان مانع این مقاومت ایجاد شده در باکتری های اشریشیاکلی مولد عفونت ادراری شد.

نتیجه گیری: براساس نتایج حاصله، در درمان عفونت دستگاه ادراری بجای استفاده از آنتی بیوتیک می توان بر روی مهار فیمبریه های تیپ ۱ و PAP و ژن های آن ها تمرکز کرد. هرچند این موضوع نیازمند پژوهش های بیشتر می باشد.

واژه گان کلیدی: فیمبریه ی تیپ ۱، فیمبریه ی PAP، عفونت ادراری، اشریشیاکلی یوروپاتوژن، درمان عفونت ادراری

P/ مطالعه خواص آنتاگونیستی باکتریوفاژهای جدا شده از دریاچه خزر بر انتروباکتریاسه ورودی های فاضلاب سواحل تنکابن

آوا پناهی لزرجانی [1*] مصطفی جعفرپور [2]

۱-کارشناسی ارشد،دانشگاه علوم و تحقیقات گیلان
۲- دکتر، دانشگاه آزاد تنکابن

نویسنده مسوول*: آوا پناهی لزرجانی -ava.panahi@yahoo.com

سابقه وهدف: استفاده از روش فاژ درمانی به عنوان راه حل نوینی جهت درمان عفونتهای حاصل از انواع باکتریهای مقاوم به آنتی بیوتیکها مطرح است. این پژوهش با هدف بررسی خواص آنتاگونیستی باکتریوفاژهای جدا شده از دریاچه خزر بر انتروباکتریاسه ورودی های فاضلاب سواحل تنکابن(اشریشیا کلی، سیتروباکتر فروندی و کلبسیلا پنومونیه) می باشد.

مواد وروش ها: محیط های کشت ائوزین متیلن بلو آگار و نوترینت آگار جهت جداسازی باکتری، مورد استفاده قرار گرفت و بررسی فعالیت فاژی با استفاده از چهار روش دیسک گذاری، کشت دولایه، چاهک گذاری و روش MIC انجام شد.

یافته ها: نتایج نشان داد که در بین روشهای مورد استفاده، روش MIC عملکرد بهتری داشت و OD= ۰/۲۴۶در مورد باکتری سیتروباکترفروندی، OD= ۰/۲۷۰ در مورد باکتری کلبسیلاپنومونیه و OD= ۰/۱۱۶ در مورد باکتری اشریشیا کلی مشاهده گردید. همچنین در روش کشت دو لایه ای برای هیچ یک از نمونه های مورد بررسی، رشد باکتریایی مشاهده نشد.

نتیجه گیری: نتایج این پژوهش حاکی از اثر آنتاگونیستی باکتریوفاژهای جدا شده از آب دریای خزر بر انتروباکتریاسه بود. در نتیجه می توان بیان نمود که باکتریوفاژها از پتانسیل بالایی جهت جایگزینی آنتیبیوتیکها، برخوردار هستند.

واژگان کلیدی: انتروباکتریاسه، باکتریوفاژ، دریاچه خزر، اشریشیا کلی، سیتروباکتر فروندی، کلبسیلا پنومونیه

P/ بررسی شایع ترین باکتریهای گرم منفی والگوی مقاومت آنتی بیوتیکی در بخش مراقبت های ویژه دربیمارستان یحیی نژادبابل درسال۱۳۹۵

زهره اسلام دوست*، سید مجتبی مهدی پور، فهیمه جعفری

کارشناس ارشد میکروبیولوژی، بیمارستان شهید یحیی نژاد، دانشگاه علوم پزشکی بابل

نویسنده مسوول *: زهره اسلام دوست- پست الکترونیک:mehdipour1350@yahoo.com

سابقه وهدف:بخش مراقبت های ویژه مکان حساس و مناسبی برای ایجادوگسترش مقاومت های میکروبی می باشد.پنومونی شایع ترین عفونت اکتسابی بیمارستانی دراین بخش ها و مهم‌ترین عامل مرگ ومیر بیماران می باشد، هدف اصلی این پژوهش تعیین الگوی مقاومت میکروبی باسیل‌های گرم منفی جداشده از بیماران بستری دربخش مراقبت های ویژه بیمارستان یحیی نژادبابل بود.

مواد و روش‌ها: این مطالعه توصیفی – تحلیلی از نوع مقطعی از ۹۵/۱/۱ تا۹۶/۳/۳۱ در بیمارستان یحیی نژاد بابل انجام شد. در این مطالعه۱۳۱ نمونه مورد بررسی قرار گرفتند. باکتری‌ها از نمونه‌های ترشحات تنفسی، با روش استاندارد جدا، سپس با استفاده از روش دیسک دیفیوژن از نظر مقاومت آنتی‌بیوتیکی بررسی شدند.

یافته‌ها: در این بررسی ۱۳۱ مورد کشت مثبت از نمونه‌ها به‌دست آمد. به‌طور کلی ۹۴ مورد باسیل گرم منفی از نمونه‌ها جدا گردید. شایع‌ترین پاتوژن‌ها به‌ترتیب شامل اسنیتوباکتر (۲۵,۵۳٪)، سودوموناس ائروزینوزا (۲۰,۲۱٪)، کلبسیلا (۱۸,۰۸٪)، اشرشیاکلی (۱۱,۷۰٪)، انتروباکتر(۹,۵۷٪)، سیترو باکتر(۸,۵۱٪)، موراکسلا (۳,۱۹٪) و پروتئوس(۳,۱۹٪) بودند.بالاترین مقاومت ها به سفتریاکسون (۷۶,۵۹٪) و کمترین مقاومت درپیپراسیلین تازوباکتام (۵۳,۹٪)مشاهده شد.۴۰مورداز سویه ها به تمام انتی بیوتیک ها مقاومت نشان دادند که ۲۵ مورداز ان ها اسنیتوباکتر و سودوموناس ائروژینوزابودند.برای این سویه ازکلسیتین استفاده شد که حساسیت بالایی را به این انتی بیوتیک نشان دادند. (۱۰,۶۳٪) مثبت و (۶۰,۰۶٪) ان ها مشکوک به کارباپناماز بودند.

نتیجه‌گیری: پیشنهاد می شودشایع ترین باکتریها و الگوی مفاومت انتی بیوتیکی دربخش مراقبت های ویژه شناسایی شده و روش های درمانی مناسب با مشورت متخصصین بیماریهای عفونی اتخاذ گردد.

واژگان کلیدی:عفونت بیمارستانی، باکتریهای گرم منفی،مراقبت های ویژه

P/ بررسی بروز عفونت های بیمارستانی در مرکز آموزشی درمانی شهید یحیی نژا د بابل

سیدمجتبی مهدی پور میر *۱،حسین قربانی۲، نوروزعلی نوری۳،زهره اسلام دوست۴، معصومه علی نژاد کمانگر۵، رضا رزاق نیا۶، پروین حسن جان زاده۷

۱- کارشناس ارشد میکروبیولوژی و سوپروایزر آزمایشگاه، بیمارستان شهید یحیی نژاد، دانشگاه علوم پزشکی بابل

۲-کلنیکال پاتولوژی،دانشگده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل

۳- دکتری علوم آزمایشگاهی،بیمارستان شهید یحیی نژاد، دانشگاه علوم پزشکی بابل

۴- کارشناس ارشد میکروبیولوژی،بیمارستان شهید یحیی نژاد، دانشگاه علوم پزشکی بابل

۵-کارشناس مسئول کنترل عفونت، بیمارستان شهید یحیی نژاد، دانشگاه علوم پزشکی بابل

۶- کارشناس آزمایشگاه، معاونت درمان، دانشگاه علوم پزشکی بابل

۷-کارشناس مامایی، معاونت بهداشتی، دانشگاه علوم پزشکی بابل

نویسنده مسئول*:پست الکترونیک:Mehdipour1350@yahoo.com

سابقه و هدف: عفونتهای بیمارستانی در طی زمان بستری شدن بیمار در بیمارستان ایجاد می شوند.میزان بروز در مطالعات انجام شده در داخل کشور از ۸/۵ تا ۳۹٪ متغیر است و یکی از دلایل عمده مرگ و میر بیماران بستری در بیمارستانها است. مطالعه به منظور تعیین میزان بروز عفونتهای بیمارستانی در مرکز آموزشی درمانی شهید یحیی نژاد صورت گرفت.

مواد وروش ها: مطالعه از نوع توصیفی که به صورت مقطعی در سال۹۴ انجام گرفت. جامعه پژوهش بیماران بستری در بخشهای بیمارستانی بودند. ابزار جمع آوری دادها اطلاعات ثبت شده در نرم افزار NISS بود.نمونه گیری از خون،ادرار، خلط، بافت و زخم بیماران انجام گرفت و بررسی نمونه مستقیم و کشت، عامل آن مشخص شد. اطلاعات بدست آمده در نرم افزار SPSS وارد و تجزیه و تحلیل شد.

یافته ها: از ۱۰۷۵۵ بیمار بستری در طول یکسال ۱۶۳ نفر (۱/۵٪) بیمار مبتلا به عفونت بیمارستانی شناخته شد. ۷۷ نفر (۵۶/۲٪) زن و ۶۰ نفر(۴۳/۸٪)مرد بودند. شایعترین عفونتها، شامل عفونت ادراری ۶۶ مورد (۴۸/۲٪)، حلق ۳۱ مورد (۲۲/۵٪)، برنش ۹ مورد (۱۳/۹٪) بود. بیشترین میزان ابتلا به عفونت در بخش ICU ۳۶ مورد (۲۶٪)، داخلی ۳۱ مورد (۲۲/۵٪)، عفونی ۲۳ مورد (۱۶,۸٪) بود. شایعترین عامل ایجاد کننده عفونت باکتریها بودند به ترتیب اشرشیاکلی ۴۵ مورد (۳۲/۸٪)، سودوموناس وکلبسیلا ۱۵ مورد (۱۰/۹٪)، اسینتوباکتریو ۱۲ مورد (۸/۸٪) گزارش گردید. بین بخشهای بستری و باکتریهای عامل عفونت ارتباط معنی داری مشاهده نشد (p=0.69). بین محل عفونت و باکتریهای عامل عفونت ارتباط معنی داری مشاهده شد (P<0.003).

نتیجه گیری: نتایج به دست آمده از تحقیق در مقایسه با آمارهای موجود نشان میدهد که میزان بروز عفونتهای بیمارستانی در این بیمارستان پایین تر از سایر بیمارستانهای کشور میباشد که ما را به اهمیت بررسی دقیق تر گزارشهای عفونتهای بیمارستانی اعلام شده توسط سرپرستاران و پرستاران بخشها و استاندارد سازی گزارشهای اعلام شده و رفع اشکالات موجود سوق میدهد.

واژگان کلیدی:عفونت بیمارستانی، کنترل عفونت، نرم افزار NISS

/P بررسی خاصیت ضد پمپ افلاکسی عصاره گیاه آرتمیزیا تورنفورشیانا بر روی ایزوله های بالینی مقاوم به سیپروفلوکساسین سالمونلا انتریتیدیس

مرجان خسروانی[۱]، دکترمهدی نوروزی[۲]، دکتر محمد مهدی سلطان دلال[۳و۴*]

۱-گروه زیست شناسی، واحد شیراز، دانشگاه ازاد اسلامی، شیراز، ایران

۲- گروه ویروس شناسی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

۳-مرکز تحقیقات میکروبیولوزی مواد غذایی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

۴- بخش میکروب شناسی، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

نویسنده مسئول*: محمدمهدی سلطان دلال -. پست الکترونیک:: msoltandallal@gmail.com

سابقه و هدف: پمپ افلاکس یکی از مکانیسم های مقاومت آنتی بیوتیکی در سویه های سالمونلا انتریتیدیس می باشد. هدف از این مطالعه بررسی ترکیبات شیمیایی گیاه آرتمیزیا تورنفورشیانا (Artemisia tournefortiana) و ارزیابی فعالیت ضدپمپ افلاکسی آن بر روی پمپ افلاکس acrB و marA در ایزوله های مقاوم به دارو سالمونلا انتریتیدیس بود.

مواد و روش ها: ابتدا عصاره قسمت اندام هوایی گیاه آرتمیزیا تورنفورشیانا تهیه و برای آنالیز GC/MS مورد استفاده قرار گرفت. به دنبال آن، وجود پمپ افلاکس acrB و marA در ۱۶۰ ایزوله بالینی سالمونلا انتریتیدیس با روش کارت ویل و PCR بررسی شد. در نهایت، فعالیت ضدپمپ افلاکسی عصاره گیاه آرتمیزیا تورنفورشیانا با استفاده از اتیدیوم بروماید و روش کمترین غلظت مهارکنندگی (MIC) مورد مطالعه قرار گرفت.

یافته ها: آنالیز GC/MS نشان داد که عصاره گیاه آرتمیزیا تورنفورشیانا دارای ۲۱ ترکیب مهم بوده که بیشترین درصد آن مربوط به Hexadecanoic acid، ethyl ester و Cyclopropane، 1-(1-hydroxy-1-heptyl)-2-methylene-3-pentyl بود. نتایج روش کارت ویل و PCR نشان داد که تعداد ۲۰ ایزوله (۱۲/۵٪) دارای پمپ افلاکس بودند. علاوه بر آن، میزان MIC اتیدیوم بروماید در ترکیب با عصاره گیاه کاهش یافت که نشان دهنده مهار پمپ افلاکس توسط عصاره آرتمیزیا می باشد.

نتیجه گیری: بر اساس فعالیت ضدپمپ افلاکسی عصاره گیاه آرتمیزیا تورنفورشیانا علیه سویه های سالمونلا، به نظر می رسد که عصاره این گیاه می تواند پتانسیل استفاده در صنعت داروسازی را داشته باشد اما مطالعات بیشتری نیاز می باشد.

واژگان کلیدی: آرتمیزیا تورنفورشیانا، سالمونلا انتریتیدیس، پمپ افلاکس

/P بررسی شیوع و عوامل عفونت‌های بیمارستانی در ایران

احمد واحدنصیری*[۱]، علیرضا رضاپور[۲]، علی افکاری[۳]

۱. دانشجوی کارشناسی اتاق عمل، داشنکده علوم پزشکی مراغه، کمیته تحقیقات دانشجویی، مراغه، ایران

۲. دانشجوی کارشناسی پرستاری، دانشکده علوم پزشکی مراغه، کمیته تحقیقات دانشجویی، مراغه، ایران.

۳. دانشجوی کارشناسی پرستاری، دانشکده علوم پزشکی مراغه، کمیته تحقیقات دانشجویی، مراغه، ایران.

نویسنده مسوول*: احمد واحدنصیری پست الکترونیک: Email: ahmad.vahednasiri@yahoo.com

سابقه و هدف: عفونت‌های بیمارستانی یک مشکل جدی برای مراکز بهداشتی درمانی می باشند. لازمه انجام اقدامات پیشگیرانه و کنترل موفقیت‌آمیز عفونت‌های بیمارستانی، داشتن آگاهی از میزان شیوع و عوامل مؤثر در آن است. لذا مطالعه حاضر به بررسی شیوع و عوامل عفونت‌های بیمارستانی در ایران پرداخته است.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه مروری از طریق جستجو در پایگاهای اطلاعاتی (Pubmed)، (SID) و موتور جستوجوگر (Googel scholar) و با بهره بردن از واژهای کلیدی عفونت بیمارستانی، فراوانی و عوامل باکتریال به مقالات دسترسی حاصل شد. ۱۹ مقاله که دسترسی به متن کامل آنها میسر بود از سال ۲۰۰۰ تا ۲۰۱۶ مورد مطالعه قرار گرفت که از ۱۴ مقاله در میان آنها در این مطالعه مروری بهره کامل گرفته شد.

یافته‌ها: بررسی‌ها نشان می‌دهند که بهترین برآورد از میزان شیوع عفونت‌های بیمارستانی در ایران ۳۴/۵۷٪ می‌باشد. شایع‌ترین عفونت‌های بیمارستانی به ترتیب عفونت‌های تنفسی (۴۴/۲۸٪)، عفونت‌های محل جراحی (۳۵/۷۸٪)، عفونت‌های ادراری (۳۰/۴۳٪)، عفونت‌های خونی (۲۳/۸۸٪) و زخم بستر (۱۲/۷۸٪) بود. و شایع‌ترین عوامل عفونی شناخته شده به ترتیب کلبسیلا پنومونیه (۳۶/۲۴٪)، اشرشیاکولای (۳۲/۴۸٪)، سودوموناآئروژینوز (۲۵/۴۲٪)، گونه‌های استافیلوکوک (۲۴/۸۲٪) و باسیل گرم منفی (۱۷/۳٪) بود.

بحث و نتیجه‌گیری: طبق یافته‌ها، باید گفت میزان شیوع انواع عفونت‌های بیمارستانی در ایران نسبتاً بالاست. به منظور کاهش این معضل در ایران انجام برنامه‌های کنترل عفونت نظیر آموزش‌های کاربردی کادر درمان، پایش مداوم عفونت‌های بیمارستانی، اولویت‌بندی بخش‌ها، تامین امکانات مورد نیاز و غیره توصیه می‌گردد.

واژگان کلیدی: عفونت‌های بیمارستانی، شیوع، عوامل مؤثر، ایران

/P بررسی فراوانی ژن‌های rmAe و msrCدر ایزوله‌های انتروکوکوس فکالیس مقاوم به آزیترومایسین و کلاریترومایسین تهیه شده از بیمارستان های شهر بروجرد

سعیده ویس کرمی*[۱]، محسن میرزایی[۲]

۱- کارشناسی ارشد- دانشگاه آزاد اسلامی، بروجرد استان لرستان- خرم آباد.

۲ -استادیار-گروه علوم آزمایشگاهی، واحد بروجرد، دانشگاه آزاد اسلامی، بروجرد

نویسنده مسوول*:سعیده ویس کرمی: پست الکترونیک :.veyskarami0810@gmail.com

سابقه وهدف: انتروکوکوس-ها جز فلور طبیعی دستگاه گوارش انسان بوده و یک پاتوژن فرصت طلب می-باشد که توانایی اکتساب مقاومت دارویی و گسترش در بین بیماران را دارد. بعنوان دومین عامل عفونت ادراری، سومین عامل باکتریمی و عفونت-های اندوکاردیت شناخته شده است. این مطالعه با هدف ارزیابی الگوی مقاومت آنتی-بیوتیکی و نیز تعیین حضور ژن های ermA و msrC استفاده از روش PCR است.

مواد و روش ها: ۱۰۰نمونه انتروکوکوس فکالیس شامل نمونه های ادرار، زخم، خون و مدفوع پس از جمع آوری با استفاده از روش-های بیوشیمیایی تست هویت شدند. مقاومت به آنتی بیوتیک های آزیترومایسین و کلاریترومایسین با استفاده از روش دیسک دیفیوژن بر اساس استاندارد CLSI تعیین گردید.

یافته-ها: تست-های بیوشیمیایی ۱۰۰درصد ایزوله های انتروکوکوس فکالیس را تایید کردند. ۵۹٪ مقاومت برای آزیترومایسین و ۵۸٪ برای کلاریترومایسین بود. ۸۶٪ ژن msrC و ۷۳٪ ermA مشاهده شد.

نتیجه گیری: نتایج حاصل از مطالعه مقاومت بالای انتروکوکوس فکالیس را به آزیترومایسین و کلاریترومایسین و حضور بالای ژن های مقاومت را نشان می-دهد. پیشنهاد می-شود از روش مولکولی PCR برای تشخیص سریع و نهایی مقاومت در کنار روش های دیسک گذاری استفاده شود. تشخیص درست سریع و قطعی تنها راه جلوگیری از افزایش مقاومت به آنتی بیوتیک است.

واژگان کلیدی: انتروکوکوس فکالیس، مقاومت آنتی بیوتیکی، آزیترومایسین، کلاریترومایسین، ermA و msrC

/P بررسی ترکیبات شیمیایی و اثر آنتی باکتریالی عصاره N- هگزانی قارچ لیکو پردون پیریفورم

سیده لیلا رضازاده[۱]، سیده نرگس موسوی کانی[۲]، فریبا اصغرپور[۳]، علی اکبر مقدم نیا[۲]، سهراب کاظمی[۴*]

۱- مرکز تحقیقات علوم اعصاب، پژوهشکده سلامت، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران
۲- گروه فارماکولوژی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران
۳- گروه میکروبیولوژی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران
۴- مرکز تحقیقات بیولوژی سلولی و مولکولی، پژوهشکده سلامت، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

*نویسنده مسوول-پست الکترونیک: kazemi.msm@gmail.com

سابقه و هدف: قارچ ها دارای مواد موثره با خاصیت ضد باکتریالی بوده و می توان با استخراج و بهینه سازی این مواد از آن ها به عنوان یک ماده آنتی باکتریال بیولوژیک برای پیشگیری یا درمان بیماریهای خطرناک و عفونت های مزمن استفاده کرد.

مواد و روش ها: در این تحقیق اندام هوایی قارچ گونه لیکوپردون پیریفرم که در نواحی شمالی ایران قابل کشت است با حلال n-هگزان عصاره گیری شد و برای شناسایی ترکیبات شیمیایی قارچ و ماده موثره آن از دستگاه کروماتوگرافی گازی- طیف سنجی جرمی (GC/MS) استفاده گردید. برای انجام تست آنتی باکتریال از روش های DD، MIC و MBC با غلظت های ۱۲۵- ۱۰۰۰ µg/ml این عصاره، بر روی سویه های Staphylococcus aureus(ATCC 25923)، Escherichia coli (PTCC 1533)، Pseudomonas aeruginosa (PTCC 1707)، Bacillus subtilis (ATCC 6051) استفاده شد.

یافته ها: از آنالیز عصاره n-هگزانی قارچ لیکو پردون پیریفورم با تکنیکGC/MS ترکیب7 (mainlib)، 22- Ergostadienone به مقدار ۹/۸ درصد به دست آمد که به عنوان یک ماده آنتی باکتریال مشخص شده می باشد. این عصاره در روش DD و MIC تنها بر روی سویه استاف اورئوس موثر بوده و در غلظت ۱۲۵ µg/ml توانسته این باکتری را مهار نماید. MBC این ماده در برابر سویه استاف اورئوس ۲۵۰µg/ml بود.

نتیجه گیری: نتایج به دست آمده از این مطالعه نشان داد که قارچ لیکوپردون پیریفورم خاصیت آنتی باکتریال دارد و می توان از آن به عنوان منبع آنتی بیوتیک طبیعی جهت عفونت زدایی و درمان بیماریهای عفونی استفاده کرد.

واژگان کلیدی: لیکوپردون پیریفورم، آنتی باکتریال، استاف اورئوس، GC/MS

P/ بررسی ارتباط حضور ژن بتالاکتامازی TEM و مقاومت آنتی بیوتیکی در نمونه های بالینی پروتئوس در بیمارستان های شهرستان بابل

الهه فردوسی شاهاندشتی[۱*]، آتنا ملکی، مهدی رجب نیا[۳]

۴. گروه بیوتکنولوژی(زیست فناوری) پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل
۵. گروه بیوتکنولوژی میکروبی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی دامغان
۶. گروه میکروب شناسی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل

نویسنده مسوول*: الهه فردوستی شاهاندشتی-پست الکترونیک: atena.malaki@yahoo.com

سابقه و هدف: باکتری پروتئوس در ایجاد عفونت های بیمارستانی مهم و موثر می باشد. مقاومت این سویه ها نسبت به آنتی بیوتیک ها و همچنین نظر به اینکه کار بر روی جداسازی و تعیین الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی و بررسی حضور ژن بتالاکتاماز این سویه کمتر صورت گرفته، ما در این مطالعه توصیفی-تحلیلی، به بررسی این باکتری فرصت طلب پرداختیم.

مواد و روش ها: این مطالعه بر روی ۳۰ نمونه بالینی پروتئوس از بیمارستان های شهرستان بابل انجام شد. تست های حساسیت و مقاومت آنتی بیوتیکی با استفاده از روش دیسک دیفیوژن مطابق با پروتکول CLSI بررسی شد. حضور ژن بتالاکتاماز TEM با استفاده از روش های مولکولی انجام شد.

یافته ها: از ۳۰ نمونه مورد مطالعه، ۷ نمونه (۲۳/۳٪)، حاوی ژنTEM بودند. نتایج حاصل از تست تعیین حساسیت و مقاومت آنتی بیوتیکی به روش دیسک دیفیوژن در سویه های دارای ژنTEM بدین صورت بود که نمونه های حاوی این ژن به آنتی بیوتیک های تتراسایکلین و سفوتاکسیم ۸۵/۷٪ و آمپی سیلین و سفپیم و کوتریماکسازول ۷۱/۴٪ مقاومت نشان دادند.

نتیجه گیری: با توجه به اینکه اکثر سویه های حاوی ژن به آنتی بیوتیک های تتراسایکلین، سفوتاکسیم، کوتریماکسازول، آمپی سیلین و سفپیم مقاومت بالایی نشان دادند، احتمال دارد حضور ژن بتالاکتامازی TEM در مقاومت سویه ها نسبت به آنتی بیوتیک های موردنظر موثر باشد.

واژگان کلیدی: پروتئوس، مقاومت آنتی بیوتیکی، ژن بتالاکتاماز

/P بررسی ارتباط حضور ژن بتالاکتامازی SHV و مقاومت آنتی بیوتیکی در نمونه های بالینی اسینتوباکتر در بیمارستانهای شهرستان بابل

الهه فردوسی شاهاندشتی[۱]، لیلا رنجبر، مهدی رجب نیا*[۳]

۷. گروه بیوتکنولوژی(زیست فناوری) پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل
۸. گروه بیوتکنولوژی میکروبی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی دامغان
۹. گروه میکروب شناسی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل

نویسنده مسوول*: مهدی رجب نیا -پست الکترونیک: ramazan69@yahoo.com

سابقه و هدف: به دلیل اهمیت باکتری اسینتوباکتر در ایجاد عفونت های بیمارستانی و مقاومت آنها نسبت به آنتی بیوتیک ها و همچنین نظر بر اینکه کار بر روی جداسازی وتعیین الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی، بررسی حضور ژن بتالاکتاماز این سویه کمتر صورت گرفته، ما در این مطالعه توصیفی_تحلیلی، به بررسی این باکتری فرصت طلب پرداختیم.

مواد و روش ها: این مطالعه بر روی۳۰ نمونه بالینی اسینتوباکتر از بیمارستان های شهرستان بابل انجام شد که تست های حساسیت و مقاومت آنتی بیوتیکی با استفاده از روش دیسک دیفیوژن مطابق با پروتکل CLSI بررسی شد و حضور ژن بتالاکتامازی SHVبا استفاده از روش های ملکولی استخراج DNA و تکنیک PCR مورد تحقیق قرار گرفت.

یافته ها: از ۳۰ نمونه مورد مطالعه ۴۳٪ نمونه حامل ژن SHV بودند. نتایج حاصل از تست تعیین حساسیت و مقاومت آنتی بیوتیکی به روش دیسک دیفیوژن در اسینتوباکتر دارا و فاقد ژن SHV به این صورت بود که نمونه های حاوی این ژن به آنتی بیوتیک های سیپروفلوکساسین و سفتازیدیم ۱۰۰٪ و پیپراسیلین و آمپی سیلین ۹۰٪ مقاومت نشان دادند.

نتیجه گیری: با توجه به این که اکثر سویه های حاوی ژن به آنتی بیوتیک های سفتازیدیم، سیپروفلوکساسین، آمپی سیلین، پیپراسیلین مقاومت بالایی نشان دادند، احتمال دارد حضور ژن بتالاکتامازی SHV در مقاومت سویه ها نسبت به آنتی بیوتیک های مورد نظر موثر باشد.

واژگان کلیدی: اسینتوباکتر، مقاومت آنتی بیوتیکی، ژن بتالاکتاماز

/P کریسپر سیستم دفاعی در باکتریها و ابزار جدید در ویرایش ژنوم:

مطالعه ی مروری سیستماتیک

آزاده یزدانی چراتی*[۱]، دکتر ابوالفضل داوود آبادی [۲]

۱-گروه میکروب شناسی دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل،بابل

۲- گروه میکروب شناسی دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل،بابل، ایران

سابقه و هدف: کریسپر (خانواده ای از رونوشت های تکراری DNA) نوعی سیستم ایمنی تطبیقی در باکتریها است که آنها را قادر به کشف DNA ویروسها و پلاسمیدها و نابود ی آنها می کند.و در ژنوم ۹۰ ٪ آرکئی ها و ۴۰٪ باکتری هاوجود دارد. هدف از این مطالعه، بررسی مکانیسم کریسپر در سیستم دفاعی باکتریها و استفاده از کریسپر در بریدن وجدا کردن قسمتی از DNA یا ژن معیوب از محتوای ژنتیکی می باشد..

مواد و روش ها: با استفاده از کلید واژگان مشخص در پایگاه های:PubMed،Google Scholar ، sincedirect از سال ۲۰۰۵ تا کنون را مورد جستجو قرار داده و تعداد ۱۰ مقاله را استخراج و تحلیل کرده ایم،

یافته ها: کریسپر نوعی سیستم ایمنی تطابق پذیر در باکتری‌ها است که آن‌ها را قادر به کشف DNA ویروس و بعد نابودیشان می‌کند. ساختمان کریسپر به طور تیپیک شامل چندین ناحیه تکراری (متناوب) DNA می باشد که بوسیله یک سری از توالیهای متغیر که Spacer (جداکننده) نام دارند جدا می شوند، بخشی از سیستم کریسپر، پروتئینی به نام Cas9 است، که قابلیت جستجو، برش زدن و سرانجام از بین بردن DNA ویروس یا پلاسمید را به روشی خاص دارد.

نتیجه گیری: کریسپر بانکهای حافظه ژنتیکی از تهاجم های گذشته در باکتری است و منبعی از RNAهای کوچک که ویروسها و پلاسمیدهای مهاجم را مورد حمله قرار می دهند، کریسپر در ویرایش ژنومی کاربرد دارد تکنیک کریسپر سریع تر، ارزان تر و دقیق تر از شیوه های رایج فعلی در ویرایش ژن است. در سال ۲۰۱۲ و۲۰۱۳ کریسپر به عنوان دومین تکنیک ویرایش ژنومی در صدر خبرها بود. ویرایش ژنی که می تواند آفات یا بیماریهای مربوطه را حذف کند و همچنین برای بهبود اسپرم و جنین اولیه انسان به منظور جلوگیری از بیماریهای ژنتیکی می تواند به کار رود.

واژگان کلیدی:کریسپر،Cas9، ویرایش ژنومی

P/ بررسی نقش ضد میکروبی استافیلوکوکوس های کامنسال بینی در برابر استافیلوکوکوس اورئوس

ساغر صابرآملی*[۱]، دکتر امیر مرتضی ابراهیم زاده نامور [۲]

۱. گروه میکروب شناسی دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل
۲. گروه میکروب شناسی دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل

سابقه و هدف: اکثر عفونت های باکتریایی سیستمیک در نتیجه پاتوژن های هوازی اختیاری، مقاوم به آنتی بیوتیک و تجمع یافته بر سطح بدن انسان رخ می دهند. ناقل استافیلوکوکوس اورئوس وابسته به بینی، مستعد عفونت تهاجمی است، اما مکانیسم هایی که اجازه می دهند یا مانع می شوند تا پاتوژن ها کلونیزه شوند تا حد زیادی ناشناخته اند. از سوی دیگر تولید آنتی بیوتیک های متنوع توسط میکروب های خاک یک پدیده کاملا شناخته شده است در حالیکه چنین فرایند هایی برای میکروبیوتای انسان به ندرت گزارش شده است. هدف از این مطالعه بررسی نقش ضد میکروبی استافیلوکوکوس های کامنسال بینی در برابر استافیلوکوکوس اورئوس است.

مواد و روش ها: برای انجام این مطالعه، مقالات مربوطه با کمک کلید واژگان تعریف شده در پایگاه های Google Scholar، PubMed، sincedirect از سال ۲۰۱۰ تا کنون شناسایی شدند و مورد مطالعه و بررسی قرار گرفتند.

یافته ها: استافیلوکوکوس لوگدوننسیس که از باکتری های کامنسال انسان و یکی از مکان های طبیعی رشد آن بخش داخلی بینی انسان است، دارای توانایی تولید یک آنتی بیوتیک جدید است که لوگدونین نامگذاری شده است و دارای فعالیت ضد میکروبی قوی در برابر دامنه وسیعی از باکتری های گرم مثبت به ویژه برعلیه استافیلوکوکوس اورئوس می باشد. لوگدونین اولین مثال از کلاس جدیدی از آنتی بیوتیک ها با نام آنتی بیوتیک های پپتیدی ماکروسیکلیک تیازولیدین است.

بحث و نتیجه گیری: در مطالعات مختلف نقش ضد میکروبی میکروبیوتای انسان به اثبات رسیده است. لوگدونین یا باکتری های کامنسال تولید کننده لوگدونین می توانند برای پیشگیری از عفونت های استافیلوکوکی با ارزش باشند. علاوه بر این میکروبیوتای انسان باید به عنوان منبعی برای آنتی بیوتیک های جدید مطرح شود.

واژگان کلیدی: استافیلوکوکوس لوگدوننسیس، لوگدونین، استافیلوکوکوس های کامنسال، استافیلوکوکوس اورئوس

P/ اثر ضد میکروبی عصاره برگ سدر بر علیه استافیلوکوکوس اورئوس و سودوموناس آئروژینوزا

ابوالفضل داودآبادی*[۱]، زهرا نیکویی[۲]، داود افشار[۳]، عباس فراهانی[۴]

۱- دانشگاه علوم پزشکی بابل، دانشکده پزشکی، گروه میکروب شناسی

۲- دانشگاه علوم پزشکی بابل، دانشکده دندانپزشکی

۳- دانشگاه علوم پزشکی زنجان، دانشکده پزشکی، گروه میکروب شناسی و ویروس شناسی

۴- دانشگاه علوم پزشکی اهواز، دانشکده پزشکی، گروه میکروب شناسی

نویسنده مسئول*: ابوالفضل داوود آبادی پست الکترونیک: davoodabadi89@gmail.com

سابقه و هدف: استفاده از عصاره های گیاهی می تواند به عنوان یک راهکار درمانی برای مقابله با این باکتریهای مقاوم به آنتی بیوتیک مانند استافیلوکوکوس اورئوس و سودوموناس آئروژینوزا کاربرد داشته باشد.

مواد و روش ها: ابتدا اثر ضد میکروبی عصاره برگ سدر در پنج غلظت (g/mL ۰/۰۵، ۰/۱۵، ۰/۲۵، ۰/۳۵ و ۰/۴۵) با روش انتشار از دیسک بررسی شد. برای تعیین MIC نیزاز روش استاندارد میکرودایلوشن استفاده گردید. آخرین چاهکی که کدورت در آن مشاهده نشد به عنوان کمترین غلظت مهارکنندگی (MIC) در نظر گرفته شد. به منظور تعیین حداقل غلظت کشندگی(MBC) آن، سوسپانسیون باکتریایی چاهک های ماقبل خانه MIC به طور جداگانه بر روی محیط کشت جامد بلاد آگار کشت داده، پس از ۲۴ ساعت کمترین غلظتی از عصاره که باکتری در آن رشد نکرده بود (۹۹/۹٪ عدم رشد) به عنوان حداقل غلظت کشندگی(MBC) در نظر گرفته شد.

یافته ها: قطر هاله عدم رشد عصاره سدر در غلظت های g/mL ۰/۰۵، ۰/۱۵، ۰/۲۵، ۰/۳۵ و ۰/۴۵ برای استافیلوکوکوس اورئوس و سودوموناس آئروژینوزا به ترتیب ۱۷، ۲۰، ۲۰، ۲۰، ۲۰ و ۱۰، ۱۱، ۱۱، ۱۰، ۱۰ میلی متر بود. میزان MIC و MBC بدست آمده برای سودوموناس آئروژینوزا ۲۵۰ میلی گرم و برای استافیلوکوکوس اورئوس ۶۲,۵ میلی گرم در میلی لیتر بدست آمد.

نتیجه گیری: با توجه به نتایج مطالعه فوق به نظر می رسد استفاده از عصاره سدر در درمان بیماریهای ناشی از باکتریهای فوق ممکن است سودمند باشد.

واژگان کلیدی: استافیلوکوکوس اورئوس، سودوموناس آئروژینوزا، عصاره سدر، مقاومت آنتی بیوتیکی

P/ اثر ضد باکتریایی نانوسیلیکون بر روی باکتری های مقاوم به متی سیلین

حسین نجف زاده ورزی*[۱]، داریوش غریبی[۲]، سارا براتی[۳]

۱- - استاد فارماکولوژی - دانشکده دامپزشکی- دانشگاه شهید چمران اهواز- استاد دانشگاه علوم پزشکی بابل

۲- دانشجوی دکتری باکتری شناسی – دانشکده دامپزشکی- دانشگاه شهید چمران اهواز

۳- دانشیار میکروبیولوژی- دانشکده دامپزشکی- دانشگاه شهید چمران اهواز

نویسنده مسوول* حسین نجف زاده ورزی-پست الکترونیک:: najafzadeh@scu.ac.ir

سابقه و هدف: با توجه به مقاومت باکتری ها در برابر آنتی بیوتیک های رایج و نیاز به داروهای جدید، استفاده از فراورده های دارویی که بوسیله نانوتکنولوژی تهیه شدند، می تواند در پیشگیری و درمان عفونت های باکتریایی موثر باشد. در مطالعه حاضر حساسیت استافیلوکوک و سالمونلا به نانو اکسید سیلیکون در شرایط برون تنی ارزیابی گردید.

مواد و روش ها: بدین منظور در محیط مولرهینتون براث باکتری های استافیلوکوک سودواینترمدیوس و استافیلوکوک آرئوس مقاوم به به متی سیلین و سالمونلا تیفی، سالمونلا پاراتیفی و سالمونلا آبورتوس کشت داده شدند. سپس رقت های مختلفی از نانو اکسید سیلیکون به محیط کشت اضافه شد. پس از ۲۴ ساعت انکوباسیون، دانسیته نوری (OD) با استفاده از الایزاریدر قرائت شد. همچنین چند چاهک در پلیت بعنوان کنترل رشد باکتری ها در نظر گرفته شدند. برای مقایسه داده ها در گروه های مختلف از نرم افزار SPSS استفاده شد و تفاوت میانگین ها با آزمون ANOVA و پس آزمون LSD بررسی شد.

یافته ها: نانوذره سیلیکون بصورت وابسته به غلظت از رشد باکتری استافیلوکوک سودواینترمدیوس، استافیلوکوک آرئوس و سالمونلا آبورتوس و سالمونلا پاراتیفی جلوگیری کرده است ($p<0.0001$) در حالی که تاثیر ضد میکروبی بر روی سالمونلا تیفی نداشته است.

نتیجه گیری: بنابراین نانوذره اکسید سیلیکون می توانند بعنوان ضد میکروب در عفونت های تجربی یا بالینی ارزیابی شوند.

واژگان کلیدی: نانوذره سیلیکون، اثر ضد باکتریایی، باکتری های مقاوم به متی سیلین

P/ بررسی خواص ضد میکروبی گونه بومی گل اروانه علیه باکتری های اسینتو باکتر بومانی و استافیلوکوکوس اورئوس در شرایط آزمایشگاهی

منصور خالدی[1*]، مجید اسدی سامانی[2]، دکتر ابوالفضل قلی پور[3]، فاطمه خالدی[4]

۱-دانشجوی کارشناسی ارشد میکروب شناسی پزشکی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، شهرکرد، ایران

۲- دکترای پژوهشی ایمونولوژی، باشگاه پژوهشگران جوان، دانشگاه آزاد اسلامی شهرکرد، ایران

۳-دکترای تخصصی باکتری شناسی پزشکی، مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی، دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، ایران

۴-دانشجوی پزشکی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، شهرکرد، ایران

نویسنده مسئول: منصور خالدی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، شهرکرد، ایران

نویسنده مسوول*:منصور خالدی-mansoor.khaledi@yahoo.com

سابقه و هدف:گیاهان از منابع غنی تهیه دارو از دیرباز بوده اند. از طرفی با توجه به مقاوم شدن برخی از میکروارگانیسم ها به آنتی بیوتیک های موجود، این پژوهش با هدف بررسی خواص ضد میکروبی گیاه گونه بومی گل اروانه علیه باکتری های اسینتو باکتر بومانی و استافیلوکوکوس اورئوس انجام گرفت.

مواد و روش ها: در این پژوهش تجربی آزمایشگاهی ابتدا عصاره های هیدروالکلی این گیاه به روش ماسراسیون تهیه گردید سپس جهت بررسی اثر این گیاه ابتدا سوش استاندارد باکتری استافیلوکوس آرئوس اسینتوباکتربومانی با ATCC 12923 و PTCC 1855 از سازمان پژوهش های علمی و صنعتی ایران تهیه و سپس با استفاده از روش میکرودایلوشن و براساس استاندارد CLSI با سه بار تکرار برای هر نمونه حداقل غلظت مهارکنندگی (MIC) و حداقل غلظت کشندگی (MBC) بدست آورده شد.

یافته ها: براساس یافته های بدست آمده در این مطالعه دوز 1 میلی گرم بر میلی لیتر بعنوان MIC و دوز 4میلی گرم بر میلی لیتر بعنوان MBC برای *Salvia multicaulis Vahl* بر روی باکتری استافیلوکوکوس آرئوس بدست آمد و دوز 2 میلی گرم بر میلی لیتر بعنوان MICو دوز ۱۶ میلی گرم بر میلی لیتر بعنوان MBC برای گیاه مذکور بر روی باکتری اسینتوباکتر بومانی مشخص گردید.

نتیجه گیری: یافته های مطالعه نشان داده است که اثر ضد باکتریایی این گیاه بر روی استافیلوکوس نسبت به اسینتو باکتر بومانی ببشتر می باشد. پیشنهاد می شود اگر این گیاه به صورت سینرژیسم با دیگر گیاهان بر علیه باکتری استفاده شود احتمال می رود که تاثیر بیشتری روی باکتری ها داشته باشد.

واژگان کلیدی: ضد میکروبی، گونه بومی گل اروانه، اسینتو باکتر بومانی، استافیلوکوکوس اورئوس

P/ بررسی خواص پروبیوتیکی لاکتوباسیلوس های جداشده از شیر و ماست سنتی

حسین سلطانمرادی[۱]، ابولفضل داوود آبادی*[۲]

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه علوم پزشکی بابل- دانشگاه علوم پزشکی بابل گروه میکروب شناسی
۲. دکترای باکتری شناسی پزشکی دانشگاه علوم پزشکی –

*Corresponding author's email: davoodabadi89@gmail.com

سابقه و هدف: افزایش مقاومت آنتی بیوتیکی در باکتری‌ها باعث شده است که تحقیقات فراوانی در جهت معرفی روش‌های جایگزین برای مقابله با باکتری‌های بیماریزا صورت پذیرد .امروزه پروبیوتیک ها به عنوان عاملی برای پیشگیری از ابتلا به بسیاری از بیماری های عفونی شناخته شده اند. باکتری های پروبیوتیک، میکروارگانیسم های زنده ای هستند که وقتی در مقادیر متعادل مورد استفاده قرار گیرند برای سلامتی میزبان مفید خواهند بودهدف این مطالعه بررسی خواص پروبیوتیکی لاکتوباسیلوس های جداشده از شیر و ماست سنتیمی باشد.

مواد و روش ها :در این مطالعه مقاومت ۶ ایزوله لاکتوباسیلوس جدا شده از شیر و ماست نسبت به شرایط اسیدی و نمک های صفراوی سنجیده شد.

یافته ها: سویه های ۱-۱۹، ۳-۱، ۲-۲، ۱-۸، ۱-۱۸ و ۴۳۵۶ مورد آزمایش قرار گرفتند.که سویه های ۱-۱۹ و ۴۳۵۶ به ترتیب باcinh، 0.26و ۰,۵۴ بیشترین مقاومت را به بایل (MRS براث حاوی ۰,۳٪ صفرا) پس از ۲۴ ساعت نشان دادند که ازاین بین سویه ی ۱-۱۹ به علت دارا بودن c inh بین بازه ی ۰,۲ تا ۰,۴ مقاومت خوب و سویه ی ۴۳۵۶ مقاومت ضعیفی داشته است.

نتیجه گیری: در تست تحمل اسید درpH=2.5 نیز بیشترین مقاومت مربوط به سویه ۱-۱۸ بوده که پس از سه ساعت کلنی هایش قابل شمارش بود و پس از آن سویه ۱-۸ بوده که پس از ۲,۵ ساعت قابل شمارش بود. سویه های ۲-۲ و ۴۳۵۶ نیز تا یک ساعت قابل شمارش بودند اما مابقی سویه ها پس از گذشت ۰,۵ ساعت غیر قابل شمارش بودند.

واژگان کلیدی: پروبیوتیک، *لاکتوباسیلوس*

P/ تعیین برخی عوامل اپیدمیولوژیک در بیماران مبتلا به وبا مراجعه کننده به مرکز بهداشت استان خراسان رضوی از سال ۱۳۸۱ تا ۱۳۹۱

دکتر حسین مختاری ۱*، دکتر مهدی ولایی۲

۱. استادیار دانشکده پزشکی دانشگاه ازاد اسلامی واحد مشهد - مشهد- بیمارستان اریا
۲. پزشک عمومی - مشهد-بیمارستان اریا

نویسنده مسوول *: پست الکترونیکhoinmokhtari@gmail.com:

سابقه وهدف: وبا بیماری بسیار قدیمی است که بشر از سالیان دور با آن دست به گریبان بوده وبه خاطر ورگ ومیر بالا موضوع مهمی می باشد.میکروب وبا در آب زندگی می کند و در شرایط مناسب مانند گرمای هوا و نور خورشید و نمک مناسب شروع به تکثیر می کند.وبا توسط سروگروپ 01 و 0139 ایجاد بیماری و اپیدمی می کند. علائم وبا به صورت اسهال بدون درد با حجم فراوان و آبکی است.دهیدریشن شدید میتواند باعث مرگ کردد. با توجه به اهمیت این بیماری به بررسی برخی از عوامل اپیدمیولوژیک بیماران مبتلا به وبا مراجعه کننده به مرکز بهداشت استان خراسان درضوی از سال ۱۳۸۱ تا ۱۳۹۱ پرداخته ایم.

مواد و روش ها:این مطالعه از نوع توصیفی مقطعی است عوامل سن، جنس، شغل، سال ابتلا، محل سکونت راه های انتقال عفونت، گروه های خونی و فصل ابتلا ثبت گردید و آنالیز آماری انجام شد.

یافته ها:۱۹۷ بیمار مطالعه شدند.۵۵/۸٪ مذکر و ۴۴/۲٪ مونث بودند.۹۹/۴٪ابتلا در تابستان بودو اکثر بیماران در دهه دوم عمر قرار داشتند (۲۲/۸٪) و ۶۱/۴٪ بیماران ساکن روستا بودند.۴۳/۱٪ بیماران دارای گروه خونیO بودند (بیشترین گروه خونی) و ۱۶/۲٪ گروه خونی ABداشتند (کمترین گروه خونی). بیشترین راه ابتلا از طریق آب آلوده با ۵۸/۴٪بوده است.اکثر بیماران دارای شغل آزاد بودند (۳۲٪).

نتیجه گیری: با توجه به شیوع این بیماری در تابستان ور افراد روستایی توصیه می گردد آموزش های بهداشتی لازم به افراد تحت پوشش مراکز بهداشتی درمانی داده شود. هم چنین نظارت بیشتر بر آب آشامیدنی از ضروریات مقابله با این بیماری می باشد.

واژگان کلیدی: ویبریو کلرا، اپیدمیولوژی، اسهال

P/ بررسی فراوانی ژن PER در ایزوله های کلبسیلا پنومونیه جدا شده از بیمارستانهای سنندج، ایران

پگاه شکیب*[۱]، امجد احمدی [۲]، مروت طاهری کلانی [۳]، رشید رمضانزاده[۴]، سمانه روحی [۱]

۱-دانشجوی دکترای میکروب شناسی پژوهشی، مرکز تحقیقات سلولی-مولکولی و گروه میکروب شناسی و عضو کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی کردستان، سنندج، ایران

۲- دانشجوی کارشناسی ارشد میکروب شناسی، دانشگاه علوم پزشکی کردستان، سنندج، ایران

۲- دانشیار، گروه میکروب شناسی، دانشگاه علوم پزشکی لرستان، خرم آباد، ایران

۴- دانشیار، مرکز تحقیقات سلولی- مولکولی و گروه میکروب شناسی، دانشگاه علوم پزشکی کردستان، سنندج، ایران

Email: shakib.pegah@yahoo.com

سابقه و هدف: بتالاکتام ها از مهمترین داروها برای درمان عفونت های کلبسیلایی محسوب میشود اما امروزه بعلت ایجاد سویه های تولید کننده آنزیم های بتالاکتامازی درمان با این داروها با اختلالاتی روبرو است.از جمله بتالاکتامازها، بتالاکتاماز نوع *PER* را میتوان نام برد که بطور موثری پنی سیلین ها و سفالوسپورین ها را هیدرولیز میکند. این مطالعه باهدف تعیین فراوانی ژن کد کننده ی بتالاکتاماز PE*R* در ایزوله ی کلبسیلا پنومونیه در سنندج با روش PCR انجام شد.

مواد و روش ها: از مهر تا شهریور ۱۳۹۵ تعداد ۵۲ ایزوله کلبسیلا پنومونیه از بیمارستانهای سنندج جمع آوری گردید. بعد از شناسایی با آزمون های بیوشیمیایی، تست تعیین حساسیت آنتی بیوتیکی به روش دیسک دیفیوژن انجام شد. شناسایی ژن PER در ایزوله ها با روش PCR انجام گرفت.

یافته ها: در میان ۵۲ ایزوله بیشترین و کمترین مقاومت آنتی بیوتیکی مربوط به کوتریموکسازول 67.3 % و آمیکاسین 30.76 % بود. ژن PE*R* *تنها* یکی از ایزوله ها مشاهده شد.

نتیجه گیری: شیوع این ژن در ایزوله های کلبسیلا پنومونیه مورد مطالعه خیلی پایین بود ودر نتیجه با انجام صحیح تست های آنتی بیوگرام قبل از مصرف خودسرانه آنتی بیوتیک و استفاده از آنتی بیوتیک های موثر در درمان میتوان از شیوع بیشتر این ژن جلوگیری نمود.

واژگان کلیدی: کلبسیلا پنومونیه، بتالاکتاماز*PER* ، سفالوسپورین ها

/P ترکیبات آنتی باکتریال فعال در گیاهان دارویی موثر بر گونه های مختلف از باکتری های دهان و دندان

زهرا نظری تلوکی*، مهسا نظری تلوکی، زهره نظری تلوکی

علوم پزشکی مازندران شرکت دانش بنیان دارویی در مرکز رشد

پست الکترونی: zahra_nazari_taloki@yahoo.com

سابقه و هدف: امروزه بدلیل ایجاد مقاومت میکروبی به آنتی بیوتیک های شیمیایی و عوارض آنها و عدم درمان موثر، تحقیقات جهت کشف و بکارگیری گیاهان با خواص آنتی باکتریال انتخابی بر باکتری ها بسیار موثر است.

مواد و روش ها: با کلید واژه های مشخص مروری بر تازه ترین مقالات در این زمینه در سایت های معتبر علمی داشتیم.

یافته ها: پلی فنول های برگ چای سبز سبب مهار رشد استرپتوکوک پیوژنز و استافیلوکوک اورئوس و کاتشین آن مانع از فعالیت پروتئازهای باکتری porphyromonas gingivalis می گردد. آلفابیسابول و کاموزولین در بابونه، کامپفرول و میریستین در میخک، مالوالیک اسید در انبه و همچنین نیمبین و نیمبیدین در ساقه چوبی گیاه چریش اثر بازدارنده رشد قوی بر پاتوژن های پریودنتال بویژه باکتری های گرم مثبت و بی هوازی منفی دهان دارند. گلوکوزینولات های موجود در ساقه و برگ گیاه مسواک رشد و تولید اسید توسط استرپتوکوکوس موتانس را مهار می کند، از طرفی تانن گیاه مانع از فعالیت آنزیم گلوکوزیل ترانسفراز باکتری می گردد و بر گونه های استرپتوکوکوس سابدینوس، اکتینومایسیس ویسکوز موثرتر از گونه های S.sanguinis و S.salivarius عمل می کند.

صمغ آکاسیا باعث مهار رشد porphyromonas gingivalis و prevotella intermedia میگردد. آلکالوئید بربرین در زرشک، تانن هلیله سیاه و امله در برابر Actinobacillus actinomycetemcomitans و لاکتوباسیل ها و استرپتوکوک ها موثرند. ژل آلوئه ورا علیه لاکتوباسیل ها، استرپتوکوکوس موتانس و میتیس، peptostreptococcus anaerobius و prevotella intermedia موثر می باشد.

نتیجه گیری: گیاهان دارویی دارای ترکیبات آنتی باکتریال پتانسیل درمانی در پیشگیری و درمان پریودنتیت دارند لذا بعنوان دهانشویه موثر می توانند بکار روند.

واژگان کلیدی: آنتی باکتریال گیاهی، استرپتوکوکوس موتانس، باکتری های بی هوازی دهان

/P تشخیص همزمان ژن مقاومت به متیسیلین و موپیروسین در استافیلوکوکوس اورئوس جداشده از بیماران با روش Multiplex P در بیمارستان داراب

جاسم احمد زادگان[1]، هوشنگ جمالی*

1- گروه میکروبیولوژی، واحد جهرم، دانشگاه آزاد اسلامی، جهرم، ایران

Corresponding Author: Houshang Jamali

E-mail: h.jamali1970@gmail.com

سابقه و هدف: استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین (MRSA) از پاتوژن های مهم بیمارستانی می باشد. یکی از منابع مهم این ارگانیسم در عفونت بیمارستانی، پرسنل بیمارستان می باشند. شناسایی و کنترل پرسنل درمانی کلونیزه شده می تواند میزان بروز استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین را کاهش دهد. موپیروسین یک آنتی بیوتیک موضعی می باشد این آنتی بیوتیک مهارکننده فعالیت اغلب کوکوس های گرم مثبت می باشد. مقاومت به موپیروسین زمان کوتاهی پس از مصرف این آنتی بیوتیک ظهور پیدا می کند. هدف اصلی این تحقیق بررسی فراوانی ناقلین بدون علامت استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین و موپیروسین به روش Multiplex PCR در بین کارکنان بیمارستان فسا می باشد.

مواد و روش ها: در این مطالعه ۱۵۰ نمونه استافیلوکوکوس اورئوس جدا شده از پرسنل بیمارستان بررسی شدند و با کمک روش های بیوشیمیایی و میکروبی تایید شدند. برای تعیین میزان حساسیت سویه ها نسبت به آنتی بیوتیک متی سیلین و موپیروسین از روش دیسک دیفیوژن استفاده گردید. سپس حضور ژن های nuc،mup،mec A با استفاده از Multiplex PCR بررسی شد. از ۱۵۰ فرد مورد مطالعه، ۱۲۰ نفر خانم و ۳۰ نفر مرد بودند.

یافته ها: از بین ۱۵۰ فرد مورد مطالعه، ۵۳ نفر ناقل استافیلوکوکوس اورئوس بودند که شامل ۴۲ زن و ۱۱ مرد بودند. از ۱۱ مرد مورد مطالعه ۴ نفر مقاوم به متی سیلین بودند و هیچ کدام به موپیروسین مقاوم نبودند. از ۴۲ زن مورد مطالعه ۱۱ نفر مقاوم به متی سیلین و۲ نفر مقاوم به موپیروسین بودند.

نتیجه گیری: شیوع استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین و موپیروسین میان پرسنل بیمارستان فسا، در حد متوسط و نسبتاً پایین قرار دارد، کنترل دائمی ناقلین و درمان آنها می تواند از اشاعه این باکتری و عفونت های حاصل از آن جلوگیری نماید.

واژگان کلیدی: شیوع استافیلوکوکوس اورئوس،MRSA ،موپیروسین، متی سیلین،PCR.

P/ مروری بر نقش پروبیوتیک ها در درمان ریشه کنی هلیکوباکترپیلوری

مهسا نظری تلوکی*، دکتر زهرا نظری تلوکی،دکتر زهره نظری تلوکی

*:دانشجوی پزشکی ساری، دانشگاه آزاد ساری

پست الکترونیک:mahsa.nazari24@gmail.com

سابقه و هدف: هلیکوباکترپیلوری شایع ترین عفونت باکتریایی مزمن است که سبب اختلالات گوارشی مثل گاستریت، زخم پپتیک و حتی سرطان معده می شود. پروبیوتیک ها میکروارگانیسم های زنده ای هستند که با تعدیل فلور میکروبی دستگاه گوارش اثرات مفیدی اعمال می کنند و در سال های اخیر به عنوان مکمل درمانی در ریشه کنی این باکتری بکار می روند.

مواد و روش ها: مقالات مرتبط در این زمینه در pubmed و science direct جستجو و اثرات پروبیوتیک ها در پیشگیری و درمان هلیکوباکترپیلوری در کارازمایی های بالینی بررسی شدند.

یافته ها: در بررسی مطالعات، گونه های متعدد از باکتری های پروبیوتیک از جمله لاکتوباسیلوس، بیفیدوباکتریوم، ساکارومایسز به عنوان مکمل به درمان سه گانه (دو انتی بیوتیک + یک مهارکننده پمپ پروتون) هلیکوباکترپیلوری اضافه شدند که موجب افزایش سرعت ریشه کنی و کاهش عوارض جانبی داروها (تهوع، استفراغ، درد معده) و پذیرش بهتر بیماران شدند.

نتیجه گیری: در ارزیابی نقش پروبیوتیک ها در درمان هلیکوباکترپیلوری با توجه به اثربخشی مفید و ایمنی پروبیوتیک ها، می توانند به عنوان درمان مکمل به رژیم درمانی بیماران اضافه شوند.

واژگان کلیدی: هلیکوباکترپیلوری، پروبیوتیک، درمان ریشه کنی

P/ مروری بر نقش هلیکوباکترپیلوری بر تهوع و استفراغ شدید در زنان باردار و بیماری هیپرامزیس گراویدوم

مهسا نظری تلوکی*،دکتر زهره نظری تلوکی، دکتر زهرا نظری تلوکی

*:دانشجوی پزشکی ساری، دانشگاه آزاد ساری

پست الکترونیک:mahsa.nazari24@gmail.com

سابقه و هدف: تهوع و استفراغ از مشکلات رایج سه ماهه اول بارداری است که در ۷۵٪ زنان باردار دیده می شود. فرم شدید تهوع و استفراغ هیپرامزیس گراویدوم می باشد. هلیکوباکترپیلوری یک باکتری گرم منفی است که شیوع این عفونت حدود ۸۰٪ در افراد بزرگسال می باشد. این باکتری مهم ترین عامل التهاب معده، زخم معده و در نهایت سرطان معده است.

مواد و روش ها: مقالات مرتبط در این زمینه در pubmed و science direct جستجو و نقش هلیکوباکترپیلوری بر تشدید تهوع و استفراغ زنان باردار و هیپرامزیس گراویدوم در کارآزمایی های بالینی بررسی شدند.

یافته ها: در این مطالعات، تیتر آنتی بادی های IgM و IgG علیه هلیکوباکترپیلوری در نمونه خون و آنتی ژن این باکتری در نمونه مدفوع زنان باردار اندازه گیری شدند که رابطه معناداری را بین افزایش آنتی بادی ها در خون و آنتی ژن باکتری در مدفوع با تشدید تهوع و استفراغ و هیپرامزیس گراویدوم گزارش کردند.

نتیجه گیری: با توجه به اینکه هلیکوباکترپیلوری می تواند در تشدید تهوع و استفراغ و ایجاد بیماری هیپرامزیس گراویدوم به عنوان یک ریسک فاکتور مطرح باشد، می توان با تشخیص و درمان به هنگام زنان مبتلا به هلیکوباکترپیلوری از بروز این عوارض در بارداری پیشگیری نمود.

واژگان کلیدی: هلیکوباکترپیلوری، تهوع و استفراغ بارداری، هیپرامزیس گراویدوم

P/ مروری برافزایش ریسک بیماری های انسدادی ریه در مبتلایان به عفونت هلیکوباکترپیلوری

مهسا نظری تلوکی*، دکتر زهرا نظری تلوکی،دکتر زهره نظری تلوکی

*:دانشجوی پزشکی ساری، دانشگاه آزاد ساری

پست الکترونیک:mahsa.nazari24@gmail.com

سابقه و هدف: هلیکوباکترپیلوری یک باسیل گرم منفی است. شایع ترین عفونت میکروبی که در کشور ما حدود ۸۰٪ در بین افراد بزرگسال شیوع دارد. این باکتری در اپی تلیوم معده کلونیزه شده و سبب ایجاد گاستریت می شود. بیماری های انسدادی نظیر آسم و COPD از شایع ترین اختلالات ریوی هستند که با انسداد مجاری هوایی سبب علایمی چون تنگی نفس در بیماران می شوند.

مواد و روش ها: مقالات مرتبط در این زمینه در pubmed و science direct جستجو و نقش هلیکوباکترپیلوری در افزایش ریسک ابتلا به آسم و COPD در کارآزمایی های بالینی بررسی شدند.

یافته ها: مطالعات از نوع مطالعه کوهورت بودند که هدف از این مطالعات بررسی میزان ابتلا به بیماری های انسدادی (آسم و COPD) در دو گروه مورد و شاهد بود. گروه مورد افراد مبتلا به هلیکوباکترپیلوری و گروه شاهد افراد سالم از این نظر بودند که از لحاظ اطلاعات دموگرافیک مشابه بودند. این افراد طی چند سال Follow up شدند و در نهایت میزان ابتلا به آسم و COPD در آن ها اندازه گیری شد.

نتیجه گیری: این مطالعات نشان دادند که افراد مبتلا به عفونت هلیکوباکترپیلوری ریسک بالاتری برای ابتلا به بیماری های انسدادی ریه نسبت به افراد سالم از نظر هلیکوباکترپیلوری دارند.

واژگان کلیدی: هلیکوباکترپیلوری، بیماری های انسدادی ریه، آسم، COPD

/P تشخیص مولکولی و تعیین الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی در جدایه های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین(MRSA) جداسازی شده از بیماران برخی بیمارستان های رشت

سیده عادله پیشوایی، دکترسیده طوبی شفیقی

دانشگاه آزاد اسلامی واحد رشت

پست الکترونیک: adeleh.pishvaee@gmail.com

سابقه و هدف: امروزه استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین به دلیل مقاومت به عوامل و داروهای ضد میکروبی به یکی از نگرانی های عمده سلامت عمومی تبدیل شده است. استافیلوکوکوس اورئوس یک عامل بیماری زای فرصت طلب بوده و اغلب، بیماری بدون علامت ایجاد می کند. سویه های بیمارستانی مقاوم به متی سیلین(MRSA)، پاتوژن های خطرناکی هستند که به اغلب آنتی بیوتیک های رایج مقاوم شده و میتوانند درمان اختصاصی بیماری را به چالش بکشند. هدف از این تحقیق مقایسه نتایج روش فنوتیپی(انتشار از دیسک) با نتایج روش ژنوتیپی(PCR) در تعیین سویه های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین در نمونه های بالینی بیماران برخی بیمارستان های سطح رشت است.

مواد و روش ها: این مطالعه مقطعی- توصیفی از فروردین ماه لغایت شهریور ماه ۱۳۹۵ انجام شد. از نمونه های بالینی مختلف خون، زخم، مایع مفصلی و ادرار جداسازی استافیلوکوکوس اورئوس صورت گرفت و با انجام آزمایشات بیوشیمیایی مختلف تایید شد. پس از تعیین هویت سویه های MRSA به روش فنوتیپی، بررسی الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی جدایه های MRSA با روش انتشار دیسک با استفاده از ۷ آنتی بیوتیک، بر اساس پروتکل CLSI انجام گردید. کلیه نمونه ها مورد استخراج DNA قرار گرفت و برای ژن mecA در شرایط بهینه PCR انجام شد و نتایج با نرم افزار SPSS 20 تجزیه و تحلیل گردید.

یافته ها: در این مطالعه، از مجموع ۷۶ باکتری جدا شده از بیماران در بیمارستان های سطح رشت، ۶۹(۹۰/۸) جدایه، استافیلوکوکوس اورئوس تشخیص داده شد. فراوانی سویه های مقاوم به متی سیلین در روش فنوتیپی ۷۱ ٪ و در روش PCR ۶۲/۳٪ بود. بیشترین جدایه های استافیلوکوک اورئوس (۵۰/۷٪) از نمونه زخم بود. همچنین بین نمونه ها، نمونه زخم دارای بیشترین فراوانی MRSA(۶۲/۸٪) بود. جدایه های MRSA بیشترین حساسیت آنتی بیوتیکی را نسبت به ونکومایسین و بیشترین مقاومت را نسبت به باسیتراسین نشان دادند.

نتیجه گیری: نتایج مطالعه حاضر نشان می دهد که میزان شیوع استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین در نمونه های بیمارستانی قابل توجه است. این امر می تواند به عنوان یک هشدار در درمان عفونت های ناشی از این باکتری مطرح باشد. شاید دلیل شیوع بالای MRSA استفاده بیش از حد از آنتی بیوتیک ها به منظور درمان عفونت باشد. در نتیجه نظارت بیشتر و همچنین گسترش شیوه های صحیح و نتیجه بخش کنترل عفونت، لازم و ضروری به نظر می رسد.

واژه های کلیدی: استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین، انتشار دیسک، ژن mecA

/P تاثیر مکمل روی بر رشد و ابتلای به عفونت های حاد تنفسی و اسهال در شیرخواران با وزن کم هنگام تولد

سیداحسان اسدی*[۱]، علی قدیمی فر[۲]

۱-کارشناس ارشد پرستاری،مرکز درمانی نور،اصفهان،ایران(نویسنده مسئول)

۲-کارشناس علوم ازمایشگاهی،دانشگاه آزاد اصفهان،اصفهان،ایران

سابقه و هدف: اسهال و عفونت های تنفسی دو عامل مهم مرگ و میر و ابتلا در نوزادان است. این مطالعه با هدف ارزیابی تاثیر روی بر ابتلا و رشد کودکان LBW در اولین شش ماه زندگی طراحی و اجرا گردید.

مواد و روش ها: مطالعه از نوع کارآزمایی بالینی شاهد دار تصادفی شده به روش دوسوکور بود. نوزادان LBW55 میلی گرم روزانه بمدت شش ماه روی یا دارونما در کلیه دریافت نمودند. فرم های مخصوص تکمیل شد. شاخص های تن سنجی در هفته، ۴، ۲۰، ۱۶، ۱۲، ۸ و ۲۴ از طریق ویزیت خانگی توسط پرسشگران آموزش دیده اندازه گیری شد.

یافته ها: مشخصات تن سنجی دو گروه دریافت کننده روی یا دارونما مشابه بودند. میانگین افزایش وزن در گروه روی بطور معنی داری بالاتر از گروه دارونما بود. (p=0.039)همچنین میانگین افزایش قد و دور سر نیز بالاتر بود(p=0.001) ..(p=0.03) میانگین اپیزودهای عفونت های تنفسی فوقانی در گروه روی کمتر از گروه دارونما بود. (میانگین وقوع در گروه روی۱/۱و در گروه دارونما۴ بود) و از تفاوت معنی داری از نظر آماری داشت. (p=0.005) وقوع عفونت های حاد تنفسی تحتانی در ۹ مورد گروه دارونما و ۶ مورد گروه روی دیده شد اما معنی دار نبود. وقوع اسهال هم فقط در گروه دارونما مشاهده شد.

نتیجه گیری: با توجه به نتایج مطالعه دریافت روی در شش ماه اول زندگی در کودکان با وزن کم هنگام تولد منجر به رشد بهتر و ابتلا کمتری به عفونت های حاد تنفسی و اسهال می گردد.

واژگان کلیدی: مکمل روی، وزن کم هنگام تولد، رشد، ابتلا به عفونت های حاد تنفسی، اسهال

P/ اثر ضد باکتریایی عصاره متانولی و اسانس گیاه مرزه بختیاری بروی باکتری های بیماریزای انسانی

زهرا نوروزی[۱]، محمد اهنجان[۲]

۱. کمیته تحقیقات دانشجویی دانشگاه علوم پزشکی مازندران دانشکده پزشکی
۲. مرکز تحقیقات عفونتهای بیمارستانی دانشگاه علوم پزشکی مازندران دانشکده پزشکی

پست الکترونیک:zahranorozi888@yahoo.com

سابقه وهدف: از جمله معضلات شایع در دنیای پزشکی مسأله مقاومت باکتری‌ها در برابر آنتی بیوتیک‌ها بوده بنابراین یافتن ترکیبات ضد میکروبی جدید با کمترین اثرات جانبی امری لازم و ضروری می‌باشد با توجه به وجود ترکیبات بیولوژیکی فعال در گیاه مرزه بختیاری و استفاده‌هایی که از این گیاه در طب سنتی بعمل می‌آمد به نظر می‌رسد که این گیاه دارای قابلیت ضد باکتریایی قابل ملاحظه‌ای باشد. هدف از این مطالعه بررسی ضد باکتریایی عصاره متانولی و اسانس گیاه مرزه بختیاری بر روی سویه‌های استافیلوکوکوس‌آرئوس، اشریشیاکلی و اسنتوباکتر بومانی می‌باشد.

مواد و روش ها: این مطالعه اثرات ضد میکروبی عصاره متانولی گیاه مرزه بختیاری پس از استخراج با روش سوکسله بر روی سویه‌های فوق الذکر آزمایش شد. غلظت های میلی‌گرم در لیتر 12.5، 25، 50و 150 ،100از عصاره متانولی توسط حلال دی متیل سولفوکساید تهیه گردید سپس اثرات ضدمیکروبی آنها با روش‌های انتشار چاهک بررسی شد. تجزیه و تحلیل اطلاعات حاصل با استفاده از آزمون آنالیز واریانس و کای اسکوئر در سطح $p\langle 0/01$ صورت گرفت.

یافته ها: نشان دادند که عصاره متانولی گیاه مرزه بختیاری از رشد باکتری‌های استافیلوکوکوس‌آرئوس و اشریشیاکلی جلوگیری می‌کند که با افزایش غلظت اثر ضد باکتریایی آنها نیز افزایش می‌یابد، ولی روی اسنتو باکتر بی‌اثر بود. هچنین غلظت $1000\mu g/ml$ اسانس برگ‌های این گیاه اثر مهارکنندگی بر استافیلوکوکوس‌آرئوس و اشریشیاکلی نشان داد.

نتیجه گیری: نتایج حاصله نشان داد عصاره واسانس گیاه مرزه بختیاری دارای اثر ضد باکتریایی است.

واژه های کلیدی: مرزه بختیاری، آنتی باکتریال، عصاره گیاهی

P/ بررسی فراوانی و الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی باکتریهای مولد عفونت ادراری در شهر گرگان در سال ۱۳۹۵

زهراعرب[۱]، فرزانه محمدزاده رستمی[۲*]

۱. کارشناسی میکروبیولوژی، دانشگاه غیرانتفاعی اندیشه سازان، نکا، ایران
۲. مربی گروه زیست شناسی، کارشناس ارشد میکروب شناسی پزشکی، دانشگاه غیرانتفاعی اندیشه سازان، نکا، ایران
نویسنده مسئول: فرزانه محمّدزاده رستمی
پست الکترونیک: frz.rostami@gmail.com

سابقه و هدف: عفونت های دستگاه ادراری یکی از شایع ترین عفونت های باکتریایی است که به عنوان دومین عامل عفونت در انسان شناخته شده که اگر اقدامات درمانی صحیح برای آنها انجام نشود عواقب خطرناکی را به همراه خواهد داشت. همچنین امروزه افزایش روبه رشد مقاومت باکتری ها به آنتی بیوتیک های مصرفی از جمله چالش های علم پزشکی است. هدف از این مطالعه بررسی باکتری های شایع عفونت ادراری و الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی آنها می باشد.

مواد وروش ها: این مطالعه توصیفی-مقطعی بر روی ۵۱۹نمونه ادرار کشت مثبت، در سال ۱۳۹۵ صورت گرفت. پس از تشخیص هویت سویه ها، بررسی حساسیت میکروبی با روش استاندارد دیسک دیفیوژن انجام و نتایج با استفاده از نرم افزارSPSS مورد آنالیز قرار گرفت.

یافته ها: از مجموع نمونه ها، ۴۰۳ (۷۷/۶٪) مربوط به زنان و ۱۱۶ (۲۲/۳٪) مربوط به مردان بود.شایع ترین پاتوژنهای شناسایی شده شامل اشرشیاکلی (۵۷٪)، استافیلوکوکوس اورئوس (۲۱/۵٪)، کلبسیلا (۷٪) بود. همچنین بیشترین میزان مقاومت نسبت به آنتی بیوتیک های سفیکسیم وآموکسی سیلین وکمترین میزان مقاومت نسبت به نیتروفورانتوئین و سیپروفلوکساسین مشاهده شد.

نتیجه گیری: در این مطالعه، سیپروفلوکساسین و نیتروفورانتوئین موثرترین آنتی بیوتیکهای موثر بر روی پاتوژنهای ادراری بودند که نشانگر ارزشمند بودن آنها در درمان عفونت ادراری میباشد .از طرفی افزایش مقاومت به AMX، CFM میتواند نشانه استفاده بی رویه و نامناسب از آن هاباشد .در نتیجه لازم است توجه بیشتری در امر، شناسایی پاتوژنهای مولد عفونتهای ادراری، استفاده مناسب از آنتی بیوتیکها وانجام مطالعات دوره ای برای شناسایی الگوهای مقاومت دارویی شود.

واژگان کلیدی: مقاومت آنتی بیوتیکی، عفونت های ادراری، دیسک دیفیوژن، گرگان

P/ تعیین و بررسی فراوانی اسهال شیگلایی و میزان مقاومت آنتی بیوتیکی آن در افراد مبتلا به اسهال حاد، مراجعه کننده به بیمارستانهای شهر کرج در سال ۱۳۹۵-۱۳۹۴

سودابه عینی پور[۱]، سحر عزیزی[۲]

۱-کارشناس ارشد انگل شناسی پزشکی،

۲-کارشناس ارشد میکروب شناسی پزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد البرز

پست الکترونیک:soodabeh.einipour92@gmail.com

سابقه و هدف:: یکی از عوامل مهم مرگ و میر کودکان در کشورهای در حال توسعه و حتی کشورهای پیشرفته را اسهال می باشد و از طرفی میزان مرگ و میر کودکان یک شاخص مهم بهداشتی است که از روی آن می توان بهداشت یک جامعه را ارزیابی نمود.لذا برای بهبود بهداشت و کنترل عوامل ایجاد کننده اسهال نیاز به مطالعه ارگانیسم های مولد اسهال است

مواد و روش ها: این مطالعه مقطعی روی 393 نمونه اسهال حاد صورت انجام گرفت،برای جدا سازی شیگلا کشت نمونه مدفوع روی محیط های انتخابی و افتراقی انجام شد .پس از جدا سازی شیگلا و تعیین گونه ی آن، جهت تعیین مقاومت آنتی بیوتیکی آنها از روش دیسک دیفیوژن استفاده شد .

یافته ها: از مجموع 393 نمونه مدفوع مورد مطالعه، ۱۷۰ مورد شیگلا جدا شد شامل ۵۰/۸٪ شیگلا فلکسنری، ۴۲/۲ % شیگلا سونئی و ۷٪ شیگلا دیسانتری یافت شد. بیشترین مقاومت آنتی بیوتیکی نسبت به کوتریموکسازول (۸۰٪)، آموکسی سیلین (۵٪)و تتراسیکلین (۴۵٪) و کمترین مقاومت نیز نسبت به نورفلوکساسین (۲/۳٪) و سیپرو فلوکساسین (۳/۸٪) بود.

نتیجه گیری: نتایج نشان می دهد که مقاومت زیادی نسبت به داروهای رایج مصرفی برای شیگلوزیس (آمپی سیلین و کوتریموکسازول) وجود دارد. در صورت عدم استفاده از یک آنتی بیوتیک در یک برهه زمانی مقاومت نسبت به آن کاهش می یابد لذا می توان برای کاهش میزان مقاومت نسبت به آنتی بیوتیک ها به طور متناوب در بازه های زمانی چند ساله داروی مورد استفاده را تغییر داد.

واژگان کلیدی: شیگلا، آنتی بیوتیک، اسهال حاد

P/ بررسی و جداسازی باکتری های نمک دوست دریاچه میقان شهرستان اراک

فرزانه محمّدزاده رستمی [۱*]، میلاد شاه صفی [۲]

1.مربی گروه زیست شناسی، کارشناس ارشد میکروب شناسی پزشکی، دانشگاه غیرانتفاعی اندیشه سازان، نکا، ایران

2.گروه میکروب شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه آزاد اسلامی اراک، ایران

پست الکترونیک:frz.rostami@yahoo.com

سابقه وهدف: نظر به تنوع بالا، کاربردهای بیوتکنولوژیک و نقش موثر میکروارگانیسم‌ها در ایجاد و حفظ تعادل زیست بوم، کسب اطلاعات و توجه به تنوع زیستی میکروارگانیسم ها بسیار حائز اهمیت است.این پژوهش با هدف بررسی تنوع زیستی باکتری های نمک دوست دریاچه میقان اراک انجام شد.

مواد و روش ها: نمونه‌برداری از چهار منطقه مختلف دریاچه انجام شد و تنوع میکروارگانیسم‌ها با روش‌های مبتنی بر کشت مورد بررسی قرار گرفت.جداسازی با محیط کشت‌های MGM وMH وSWN وNutrient agar با غلظت های نمک ۰-۲-۵ -۷,۵ -۱۰-۱۵-۲۰درصد انجام شد. پس ازگرماگذاری، کلنی‌های ظاهرشده بر اساس شکل ظاهری، پیگمان، اندازه، حاشیه وسرعت رشد،شناسایی و با روش‌های کشت متوالی‌خالص سازی شدند و برای ملاحظه رفتاری تولید آنزیم‌های هیدرولازی خارج سلولی، روی محیط کشت‌های طراحی‌شده بر اساس نیازمندی‌های این جدایه‌ها کشت داده شدند. پس ازگرماگذاری و رشد کافی کلنی‌ها، فعالیت آمیلازی، پروتئازی، لسیتینازی، ریبونوکلئازی و لیپازی این باکتری ها مورد ارزیابی قرار گرفت.

یافته ها: در مجموع ۷۴ باکتری نمک دوست از دریاچه میقان جداسازی شد که از این میان ۲۴ جدایه دارای فعالیت آمیلازی و ۸ جدایه دارای فعالیت لیپازی و ۶۸ جدایه ها دارای فعالیت پروتئازی، ۶۱ جذایه دارای فعالیت لسیتینازی، ۳ جدایه دارای فعالیت ریبونوکلئازی بودند.

نتیجه گیری: علاوه بر انواع کاربردها، کشف و شناسایی هر گونه جدید میتواند به منزله شناخت قابلیت های فیزیولوژیک مختلف و مسیرهای بیوشیمیایی ناشناخته ای باشد که مطالعه آنها میتواند محققین را در شناخت بیشتر این ارگانیسم ها و در نتیجه طراحی محیط های کشت مناسب‌تر به‌منظور جداسازی گونه های جدید یاری دهد.

واژگان کلیدی: تنوع زیستی، جداسازی، هالوفیل، آنزیم‌های هیدرولازی، کویر میقان

P/ ضرورت ریشه کنی عوامل عفونی پاتوژن ونیمه کومنسال: الگوی هلیکوباکتر پیلوری

امین طالبی بزمین ابادی[1]*،سکینه صفرنژاد[2]، شیوا رضایی[2]

۱) دانشیار تربیت مدرس
۲) دانشجو تربیت مدرس

amin.talebi@gmail.com

سابقه و هدف: بی شک عوامل باکتریایی به کمک آنتی بیوتیک ازبین خواهند رفت؛ اماچالش پیشرو، افزایش روزافزون مقاومت آنتی بیوتیکی است. عفونت هلیکوباکتر پیلوری شایع ترین بیماری باکتریال معده –روده ای در سرتاسر جهان است. هلیکوباکترپیلوری باسیل گرم منفی وساکن معده بیش از ۵۰٪ مردم دنیا می باشد. بررسی های ژنتیکی دلالت بر آن دارد که هلیکوباکترپیلوری از اعضای قدیمی میکروبیوم دستگاه گوارش انسان است، بنابراین اینگونه استنباط می شود که بایستی باکتری را به نوعی کومنسال در نظر گرفت، اما شواهد بالینی ناشی از عفونت با این باکتری، پاتوژن بودن آن را تایید می کند. بررسی الگوی بیماریزایی وریشه کنی هلیکوباکتر پیلوری به عنوان پاتوژن نیمه کومنسال. با استفاده از مطالعات گذشته نگر وآینده نگر اهمیت ریشه کنی هلیکوباکتر پیلوری را مورد بحث قرار می دهیم.در مورد هلیکوباکتر پیلوری، مقاومت بالای آنتی بیوتیکی به دلیل موتاسیون های نقطه ای در ژنوم باکتری، موجب شکست های متوالی رژیم های درمانی با آنتی بیوتیک شده است. با توجه به آنچه تاکنون روی داده، واکسن بعنوان موثرترین راه ریشه کنی هلیکوباکترپیلوری است هرچندتاکنون واکسن موفق پیشگیرانه ای برای آن گزارش نشده است.

P/ ارتباط بین میکروبیوتای معدی و هلیکوباکترپیلوری

امین طالبی بزمین ابادی[1]*، شیوا رضایی[2]

۱) دانشیار تربیت مدرس
۲) دانشجو تربیت مدرس

amin.talebi@gmail.com

سلامتی انسان تحت تاثیر متقابل بین میکروبیوتای معدی وترکیبات و سلول های روده است میکروبیوتای معده در سطح جنس داینامیک است و با فاکتورهایی مانند عادات غذایی، استفاده ازداروها، التهاب موکوس معده والبته کلونیزاسیون با هلیکوباکترپیلوری، تحت تاثیر قرارمی گیرد. هلیکوباکترپیلوری نیچ خاصی میسازد که اجازه میدهد باکتریها در معده زنده بمانند و کلونیزه شوند. هدف: عفونت هلیکوباکترپیلوری برمتابولیک اثرگذاشته و منشامیکروبی اسیدهای چرب، پروفایل لیپیدی و متابولیسم کربوهیدارتها و اسید امینه ها را در میزبان، تغییر می دهد.همچنین درمان با مهارکننده های پمپ پروتون (PPI) میکروبیوتای معده را با فراهم کردن شرایط رشد بیش ازحدباکتریایی درمعده، تغییر می دهد.ازانجایی که ارتباط بین عفونت هلیکوباکترپیلوری و تغییر در میکروبیوتای معده و کولون هنوزمورد بحث باقی مانده است، مطالعات بیشتر روی تاثیر ارتباطات بین کلونیزاسیون کومنسال ها و میکروبیوتا- میزبان- محیط هنوز برای فهم چگونگی تاثیرات میکروبیوتای معده و سلامتی انسان ضروری است. اینکه چرا شدت عفونت هلیکوباکترپیلوری در میکروبیوتای معده اشفتگی ایجادمیکندو گستردگی میکروبیوتای معده اثر عفونت هلیکوباکترپیلوری را تعدیل میکند یا اینکه چگونه اینها برهمکنش دارند تا متابولیسم میزبان را تنظیم کنند تاکنون مشخص نیست اما روشن است که تعامل اینها روی ریسک بیماریهای خاص معده، شامل کنسر معده تاثیر میگذارد. بنابراین مطالعات بیشتر ضروری است تا تقارن هلیکوباکترپیلوری-میکروبیوتا-متابولیسم میزبان را شناسایی کند و بسنجد که ایا ریشه کنی هلیکوباکترپیلوری یا اصلاح میکروبیوتا ی معدی می تواند اختلالات متابولیک انسان را درمان یا کنترول کند.

واژگان کلیدی: هلیکوباکتر پیلوری، میکروبایوتا

P/ دستورالعمل های دارویی مناسب دارویی جهت ریشه کنی باکتری هلیکوباکتر پیلوری

امین عطایی[1*] رامین عطایی[2]

۱- دانشگاه علوم پزشکی بابل، دانشکده پزشکی،
۲-دانشگاه علوم پزشکی مازندران-دانشکده داروسازی – گروه سم شناسی

پست الکترونیک: ataieamin@yahoo.com

انتخاب درمان دارویی جهت ریشه کنی باکتری هلیکو باکتر پیلوری در یک منطقه جغرافیایی به فاکتورهای متعددی مانند در دسترس بودن داروهای آنتی میکروبیال و شکل مقاومت آنتی بیوتیکی و هزینه درمانی بستگی دارد. در یک بیمار خاص احتمال موفقیت درمان به فاکتورهای متعددی در بیمار و باکتری بستگی دارد.اما تحمل پذیرش دارو توسط بیمار و مقاومت باکتریایی به انتی بیوتیک یک نقش مهم را بازی می کند. پذیرش بیمار به یک رژیم دارویی جهت ریشه کنی میکروب همچنین به ترکیب دارویی تحمل و عوارض جانبی مرتبط وابسته است. طی دو دهه گذشته مصرف همزمان چند انتی بیوتیک مدنظر بوده است.شامل درمان سه دارویی-رژیم درمانی بدون بیسموت و رژیم چهار دارویی همراه با بیسموت می باشد. در این مقاله مروری توانستیم گایدلاین های جدیدی جمع آوری نموده که در خط اول درمان ریشه کنی هلیکوباکتر بکار می روند. که شامل رژیم سه دارویی همراه با کلاریترومایسین- درمان بدون بیسموت و درمان چهارداروی با بیسموت می باشد. بر اساس شواهد بالینی گایدلاین های موجود سبب پیشرفت انکارناپذیر در کنترل عفونت هلیکوباکتر پیلوری شده اند لیکن فاکتورهای بیشماری در اثر بخشی رژیم های خاص دارویی دخیل می باشند که می بایست به انها پرداخته شود.

واژگان کلیدی: هلیکوباکتر پیلوری – مقاومت باکتریایی- بیسموت – پذیرش بیمار-کلاریترمایسین

P/ فراوانی سویه های کلستریدیوم دیفیسیل تولید کننده توکسین در بیماران اسهالی بیمارستان های بابل

الناز زارع میرزایی[۱]، ابوالفضل داودآبادی[۱]* مهدی رجب نیا[۱]، فرزین صادقی[۱]، الهه فردوسی شاهاندشتی[۲]،
ثریا خفری[۳]، محمود صادقی[۴]

۱. گروه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران
۲. گروه بیوتکنولوژی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران
۳. گروه آمار زیستی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران.
۴. گروه عفونی دانشگاه علوم پزشکی بابل
*نویسنده مسئول:دکتر ابوالفضل داوود آبادی Email: davoodabadi89@gmail.com

سابقه و هدف. کلستریدیوم دیفیسیل یک باکتری بی هوازی بوده و یکی از عوامل مهم عفونت های بیمارستانی می باشد. دو فاکتور ویرولانس اصلی این باکتری توکسین های A و B هستند.. روش های تشخیصی مختلفی برای شناسایی عفونت این باکتری استفاده میشود که ما در این مطالعه به بررسی فراوانی سویه های ک. دیفیسیل تولید کننده توکسین در بیماران اسهالی بیمارستانهای بابل با روش PCR پرداختیم.

مواد و روش ها. نمونه های مدفوع تهیه شده از بیماران با دو روش بررسی شدند. در روش اول نمونه های مدفوع در محیط انتخابی کلستریدیوم دیفیسیل کشت داده شده و باکتری بر اساس ویژگی هایی مانند رنگ کلنی، بوی خاص کشت باکتری، رنگ آمیزی گرم و سایر تست ها شناسایی شدند. در روش دوم نمونه های مدفوع به طور مستقیم توسط PCR از نظر وجود ژن های توکسین A و B و gdh مورد بررسی قرار گرفتند.

یافته ها. از ۱۰۰ نمونه جمع آوری شده از بیماران دارای اسهال با سابقه مصرف آنتی بیوتیک، نتیجه کشت هفت نمونه مثبت بود این هفت نمونه از نظر ژن gdh مثبت بودند و بین آنها، در یک نمونه وجود tcdB تأیید شد (۱٪). در روش stool PCR، شش نمونه از نظر ژن gdh مثبت شد که در بین این شش نمونه، دو نمونه از نظر وجود ژن توکسین ها تأیید گردیدند (۲٪).

نتیجه گیری. فراوانی سویه های کلستریدیوم دیفیسیل تولید کننده توکسین در بیماران اسهالی بیمارستان های بابل با دو روش کشت و روش PCR مسقیم بر روی مدفوع پایین می باشد.

واژگان کلیدی: کلستریدیوم دیفیسیل، فراوانی، PCR

P/ بررسی عفونت های بیمارستانی در بیمارستان مهدیه تهران سال ۱۳۹۶

سوگند نیری*، فرزانه محمدزاده رستمی

موسسه غیرانتفاعی اندیشه سازان

ایمیل: sogand.nayeri@gmail.com

سابقه و هدف: عفونتهای بیمارستانی شامل آن دسته از عفونتهایی است که بیمار در زمان بستری بدان مبتلا میگردد. چنین عفونتهایی نسبت به درمان مقاوم بوده و گاهی منجر به مرگ بیماران میشوند. مطالعه حاضر با هدف تعیین میزان عفونتهای بیمارستانی در بیماران بستریشده بیمارستان مهدیه شهر تهران انجام گرفت.

مواد و روش ها: این مطالعه از نوع توصیفی- مقطعی در سال ۱۳۹۶ بر روی ۱۳۳۳۶ نفر از بیماران بستری در بخشهای بیمارستان انجام گرفته است. پرسشنامه طراحیشده سیستم ملی پایش عفونتهای بیمارستانی NNIS و طبق الگوریتم تشخیص عفونت بیمارستانی برای عفونتهای اصلی (تنفسی، ادراری، خونی، عمل جراحی و سوختگی) صورت گرفته است.

یافته ها: تحقیق در مورد ۱۳۳۳۶ نفر بیمار بستری در سال ۱۳۹۶ بوده است. ۸۵ بیمار (میانگین شیوع ۰/۶۳٪) که شامل ۶۳ نفر مرد و ۲۲نفر زن مبتلا به عفونت بیمارستانی بودند بیشترین میزان عفونت به ترتیب به عفونت عمل جراحی با ۴۵/۹٪ و تنفسی با ۳۳/۲٪ بوده است و عفونت ادراری با بروز ۶/۲٪. و سوختگی ۳/۲٪ و عفونت خونی (بدون مورد گزارش شده است)؛ کمترین میزان عفونت را داشتند. بیشترین میزان عفونت در بخش مراقبت های ویژه ۴۰ مورد (۶/۰۳٪) بخش سوختگی ۱۳ مورد (۲/۵۶٪) و کمترین آن در بخش جراحی اعصاب ۱ مورد (۰/۰۴٪) گزارش شد.

نتیجه گیری: آگاهی اقشار جامعه از عفونت های بیمارستانی و عوامل ایجادکننده ی آن و نیز شیوه ی برخورد با این عوامل میتواند در کاهش عفونت های بیمارستانی مؤثر باشد.

P/ بررسی تنوع گونه ها و الگوی مقاومت آنتی بیوتیکی انتروکوکوس های جدا شده از سبزی های خشک عرضه شده تهران

مریم عباس پور[1*]، دکتر محمد مهدی سلطان دلال[1,2]، زهرا رجبی[1]

۱. بخش میکروب شناسی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران
۲. مرکز تحقیقات میکروبیولوژی مواد غذایی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران

mary.abbaspour2013@gmail.com

سابقه و هدف: انتروکوک ها کوکسی های گرم مثبتی هستند که به صورت فراوان از حیوانات و گیاهان و سبزیجات جدا شده اند.این مطالعه با هدف ارزیابی شیوع سویه های انتروکوک و تعیین حساسیت آنتی بیوتیکی انتروکوک های جدا شده از۷ نوع سبزی خشک که به صورت تصادفی از فروشگاه های تهران جمع آوری شده انجام شده است.

مواد و روش ها: در یک مطالعه توصیفی، در ۱۳۹۴، تعداد ۱۴۰ نمونه سبزی خشک باز و بسته بندی جمع آوری شد. نمونه ها از نظر وجود انتروکوک با انجام رنگ آمیزی گرم، تستهای بیوشیمیایی مانند کاتالاز، و ایجاد کلنی های سیاهرنگ روی بایل اسکولین آزید تایید هویت شدند و با استفاده از آزمون های بیوشیمیایی تا حد گونه شناسایی شدند. تعیین حساسیت آنتی بیوتیکی جدایه ها نسبت به شش آنتی بیوتیک به روش دیسک دیفیوژن انجام شد.

یافته ها: از ۱۴۰ نمونه سبزی خشک۸۴(۶۰٪) انتروکوک جدا گردید. مهمترین جدایه *E. faecium* با۷۲/۶٪) بود. سایر گونه ها بترتیب اهمیت عبارت بودند از: *E.durans* ،*E. gallinarum* ،*E. faecalis* ،*E. avium* و *E. casseliflavus* ۹۳ ٪ مقاوم به جنتامایسین،۴۸٪ مقاوم به ونکومایسین،۳۲٪ مقاوم به اریترومایسین،۱۵٪ مقاوم به تتراسایکلین،۴٪ مقاوم به کلرامفنیکل و ۴٪ مقاوم به آمپی سیلین بودند.

نتیجه گیری:نتایج به دست آمده در این مطالعه نشان دهنده آلودگی سبزی های خشک جمع آوری شده در شهر تهران می باشد.با توجه به یافته ها، برای جلوگیری از آلودگی میکروبی مواد غذایی، آموزش افراد، رعایت اصول بهداشتی و نظارت در آماده سازی، ذخیره سازی و عرضه مواد غذایی ضروری می باشد.

واژه های کلیدی: سبزی خشک، انتروکوکوس، مقاومت آنتی بیوتیکی، تهران

P/ تاثیر آنتی بیوتیک متی سیلین بر کودکان مبتلا به بیماری مننژیت باکتریال استافیلوکوکوس اورئوس

علیرضا رهنما*، محمدرضا ترکمانی، زهرا جهانی، فاطمه نخعی مقدم، عاطفه شیخ نژاد

* علوم پزشکی گلستان

پست الکترونیک: alirezarahnama2015@gmail.com

سابقه و هدف: سالیانه ۹۵٪ مرگ ومیر کودکان به علت مننژیت در کشورهای در حال توسعه به وقوع می پیوندد. هدف از این مطالعه بررسی تاثیر متی سیلین بر کودکان مبتلا به مننژیت در اثر باکتری استافیلوکوکوس اورئوس است. استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به پنی سیلین سویه ی خاصی از باکتری ها هستند که به بیشتر انتی بیوتیک ها مقاوم هستند.

مواد و روش ها: برای انجام مطالعه از معیار های مشخصی، برای ورود مقالات مرتبط با موضوع، از جمله مقالات مروری، مداخله ای، متاآنالیز، مروری نظام مند از ابتدای سال ۲۰۰۰ تا سال ۲۰۱۷ میلادی استفاده شد. مقالات مرتبط با عنوان این مطالعه بوسیله کلیدواژه های فارسی و انگلیسی در پایگاه های معتبر جستجو گردید.

یافته ها: مننژیت حاد باکتریایی نیاز به درمان سریع آنتی بیوتیک های داخل وریدی و داروهای کورتیزونی برای اطمینان از بهبود و کاهش عوارض آن همچون ورم مغزی یا تشنج دارد. انتخاب داروی مناسب احتمال مرگ و میر را تا حدود بسیار زیادی کاهش خواهد داد و این میزان را به حدود ۱۰٪ کاهش میدهد.

نتیجه گیری: متی سیلین بر استافیلوکوکوس هایی موثر است که به پنی سیلین مقاوم می باشند. در نتیجه مانع از ساختن دیواره پپتیدوگلیکان باکتری شده و حتی توانایی تخریب آنرا نیز خواهد داشت.

واژگان کلیدی: متی سیلین،مننژیت،استافیلوکوکوس اورئوس،کودکان

P/ باکتری ها، دوست یا دشمن: کاربرد درمانی باکتری ها در سرطان

شکوه جاهدی[1]، ندا سلیمانی [2]*

1. student shahid beheshti tehran ،Department of Microbiology and Microbial Biotechnology, Faculty of Life Sciences and Biotechnology, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran.
2. assistant professor shahid beheshti tehran ،Department of Microbiology and Microbial Biotechnology, Faculty of Life Sciences and Biotechnology, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran.

n_soleomani@sbu.ac.ir

سرطان نوعی از بیماریست که در آن سلول های غیر طبیعی به صورت کنترل نشده تکثیر یافته و می توانند بافت های مجاور را درگیر کنند. امروزه اثرات جانبی بالای روش های روتین درمان سرطان برای بیماران، بسیار رنج آور و گاها غیر قابل تحمل است. بنابرین نیاز به روش های جدید که امکان هدف گیری هرچه دقیق تر بافت های توموری را داشته باشد، کاملا احساس می شود. از بین روش های موجود، درمان به وسیله باکتری ها هم از گذشته های دور مورد توجه بوده است. اما به دلیل برخی موضوعات از جمله سمیت برای میزبان موفقیت کمتری داشته است. برای فایق آمدن به این موانع و پیشرفت هرچه بیشتر این نوع درمان، به شیوه های متعدد باکتری هارا مورد استفاده قرار می دهند. ازجمله این روش ها مهندسی ژن باکتری ها برای تقلیل سمیت آنها و هم چنین اختصاصیت بیشتر آن هاست. هم چنین برای اثر بخشی هرچه بیشتر و بهتر درمان های موجود، استفاده همزمان از باکتری جهت درمان سرطان و همزمان با روش های روتین هم مورد توجه بوده و موفقیت هایی مشاهده شده است. هدف این مطالعه، بررسی کاربردهای باکتری ها به عنوان ابزاری جدید برای درمان سرطان می باشد.

واژگان کلیدی: تومور، کاربرد باکتری ها، درمان سرطان

P/ بررسی علل و عوامل باکتریال ایجاد کننده پنومونی بیمارستانی در ایران

احمد واحدنصیری[۱]، آرین امین‌زاده[۲]، علی افکاری هفدران[۳]

۱. دانشجوی کارشناسی اتاق عمل، داشنکده علوم پزشکی مراغه، کمیته تحقیقات دانشجویی، مراغه، ایران.

۲. دانشجوی کارشناسی علوم آزمایشگاه، دانشکده علوم پزشکی مراغه، کمیته تحقیقات دانشجویی، مراغه، ایران.

۳. دانشجوی کارشناسی پرستاری، دانشکده علوم پزشکی مراغه، کمیته تحقیقات دانشجویی، مراغه، ایران.

ahmad.vahednasiri@yahoo.com

سابقه و هدف: پنومونی بیمارستانی شایع‌ترین عفونت بیمارستانی در ایران و از دلائل اصلی مرگ و میر می‌باشد که به فور در بیماران بستری در بیمارستان‌ها دیده می‌شود. هدف از مطالعه حاضر بررسی علل و عوامل باکتریال ایجاد کننده پنومونی بیمارستانی در ایران می‌باشد.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه مروری از طریق جستجو در پایگاهای اطلاعاتی (SID)، (Pubmed) و موتور جستجوگر (Googel scholar) و با بهره بردن از واژهای کلیدی پنومونی بیمارستانی، ونتیلاتور و عوامل باکتریال به مقالات دسترسی حاصل شد. ۱۳ مقاله که دسترسی به متن کامل آنها میسر بود از سال ۲۰۰۵ تا ۲۰۱۶ مورد مطالعه قرار گرفت که از ۷ مقاله در میان آنها در این مطالعه مروری بهره کامل گرفته شد.

یافته‌ها: طبق بررسی‌ها شایع‌ترین عوامل عفونی ایجاد کننده پنومونی‌های بیمارستانی در ایران به ترتیب استافیلوکوک‌های کوآگولاز منفی، اشرشیاکلی، استافیلوکوک اورئوس، سودوموناآئروژینوزا، استاف ساپروفیتیکوس، کلبسیلا، انتروباکتر، استرپتوکوک ویریدانس و استاف اپیدرمیس بودند. لوله‌گذاری تراشه، ساکشن راه‌هوایی و استفاده از ونتیلاتور عمده عللی بودند که منجر به پنومونی بیمارستانی در ایران شده بودند.

نتیجه‌گیری: پنومونی بیمارستانی شایع‌ترین عفونت بیمارستانی در ایران می‌باشد و با توجه به فراوانی عوامل باکتریال ایجاد کننده این نوع عفونت بیمارستانی، رعایت استانداردهای کنترل عفونت به ویژه در هنگام انجام مداخلات بر روی راه‌هوایی، برای پیشگیری از پنومونی بیمارستانی و کاهش این معضل توصیه می‌گردد.

کلید واژها: پنومونی بیمارستانی، علل، عوامل باکتریال، ایران

P/ بررسی وضعیت اپیدمیولوژیک بروسلوز در شمال و شمال‌غرب ایران

احمد واحدنصیری[۱]، پرنیا سیدحاتمی[۲]، علی افکاری هفدران[۳]، مهرداد آشوبار[۴]، رعنا رحیمی [۵]

۱و۲و۴. دانشجوی کارشناسی اتاق عمل، دانشکده علوم پزشکی مراغه، کمیته تحقیقات دانشجویی، مراغه، ایران.

۳. دانشجوی کارشناسی پرستاری، دانشکده علوم پزشکی مراغه، کمیته تحقیقات دانشجویی، مراغه، ایران.

۵. دانشجوی کارشناسی بهداشت عمومی، دانشکده علوم پزشکی مراغه، کمیته تحقیقات دانشجویی، مراغه، ایران.

ahmad.vahednasiri@yahoo.com

سابقه و هدف: باوجود اینکه بروسلوز در اغلب کشورهای توسعه یافته کنترل شده است ولی هنوز این بیماری در ایران به صورت بومی وجود دارد. هدف از مطالعه حاضر بررسی وضعیت اپیدمیولوژیک بروسلوز در شمال و شمال غرب ایران می‌باشد.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه مروری با استفاده از پایگاه‌های اطلاعاتی (PubMed) و (SID) و موتور جستوجوگر (Google scholar) و با به‌کارگیری از کلید واژه‌های اپیدمیولوژی، بروسلوز و ایران، مقالات مرتبط با موضوع مورد شناسایی قرار گرفتند. ۱۷ مقاله که دسترسی به متن کامل آنها میسر بود از سال ۲۰۱۳ تا ۲۰۱۷ مورد مطالعه قرار گرفت که از ۱۱ مقاله از میان آنها در این مقاله بهره کامل گرفته شد.

یافته‌ها: طبق مطالعات انجام شده استان‌های آذربایجان‌غربی، آذربایجان‌شرقی و مازندران به ترتیب در رتبه‌های ۱ تا ۳ ابتلا به بروسلوز در مناطق شمال و شمال‌غرب کشور بودند. استان‌های گلستان، زنجان، اردبیل وگیلان به ترتیب در رتبه‌های ۴ تا ۷ از نظر میزان ابتلا به بروسلوز قرار داشتند. به طور کلی تمام مطالعات به بالا بودن میزان ابتلای مردان نسبت به زنان اشاره داشتند. همچنین مصرف شیر غیرپاستوریزه محلی مهم‌ترین روش انتقال این بیماری در مطالعات بود.

نتیجه‌گیری: با وجود روند رو به کاهش ابتلاء به بروسلوز، همچنان متوسط بروز این بیماری به خصوص در استان‌های شمال و شمال‌غرب بالاست. با توجه به نتایج به دست آمده مبنی بر مصرف فرآورده‌های لبنی غیرپاستوریزه به عنوان مهم‌ترین روش انتقال بیماری، آموزش مردم در خصوص رفتارهای بهداشتی مؤثر در پیشگیری از بیماری از جمله عدم مصرف مواد غذایی غیر پاستوریزه، پیشنهاد می‌گردد.

کلید واژها: اپیدمیولوژی، بروسلوز، ایران

P/ بررسی شیوع عفونت هلیکوباکتر پیلوری در شهرستان خرم آباد در سال ۱۳۹۶

احمد واحد نصیری، آرین امین زاده، علی افکاری هفدران، پرنیا سید حاتمی، مرتضی بیرام زاده

دانشکده علوم پزشکی مراغه تبریز

پست الکترونیک: Ahmad.vahednasiri@yahoo.com

سابقه و هدف: هلیکوباکتر پیلوری مهم‌ترین عامل التهاب معده و سوء هاضمه در انسان است که گسترش جهانی دارد. شیوع این عفونت در نقاط مختلف جهان و حتی در نواحی گوناگون یک کشور می‌تواند متفاوت باشد. هدف از مطالعه حاضر بررسی شیوع عفونت هلیکوباکتر پیلوری در شهرستان خرم آباد می‌باشد.

مواد و روش‌ها: در مطالعه مقطعی حاضر ۸۷۳ نفر از جامعه به روش تصادفی چند مرحله‌ای انتخاب شدند. اطلاعات مورد نیاز با استفاده از پرسشنامه و انجام آزمایش از افراد اخذ شد. تعیین عفونت از طریق آزمایشات سرولوژی و به روش ELISA انجام گرفت. در نهایت داده‌ها با استفاده از نرم افزار SPSS 2013 تجزیه و تحلیل گردیدند.

یافته‌ها: در بین افراد مورد بررسی ۵۳۵ نفر مرد (۶۱\۲۸٪) و ۳۳۸ نفر زن (۳۸\۷۱٪) بودند. میانگین سنی افراد مورد مطالعه ۳۷\۴۲ سال و حداقل و حداکثر سن افراد به ترتیب ۱۳ و ۷۰ سال بود. میزان شیوع عفونت هلیکوباکتر پیلوری (۲۵\۷۷٪) به دست آمد. همچنین عواملی چون مصرف دخانیات، سن بالای ۳۵ سال و شاغل بودن با عفونت هلیکوباکتر پیلوری رابطه معنی داری داشتند.

نتیجه‌گیری: شیوع عفونت هلیکوباکتر پیلوری در شهرستان خرم آباد یک موضوع قابل توجه می‌باشد؛ با این وجود میزان شیوع این عفونت در افراد بالای ۱۳ سال در مقایسه با نقاط پر شایع، چندان بالا نمی‌باشد. همچنین باتوجه به اصلاح پذیر بودن عوامل مرتبط با عفونت هلیکوباکتر پیلوری، اصلاح سبک زندگی برای کاهش شیوع این عفونت توصیه می‌گردد.

واژگان کلیدی: هلیکوباکتر پیلوری، شیوع، خرم آباد

P/ آیا گروه Lactobacillus delbrueckii برای زندگی در مجاری گوارشی جانوران تکامل همراه داشته اند؟

مسلم پاپی زاده۱، محمدرضا پور شفیع۲*

گروه میکروب شناسی، انستیتو پاستور ایران، تهران، ایران

* Corresponding author: pour62@yahoo.com

سابقه و هدف: گونه های گروه *Lactobacillus delbrueckii* عمدتاً از جانوران جداسازی می شوند. جایگاه فیلوژنیک این گروه در جنس *Lactobacillus* موضوع این مطالعه بوده و با مطالعه منابع جداسازی سویه های تایپ گروه *Lactobacillus delbrueckii*، ارتباط هم تکاملی احتمالی آنها برای زندگی در دستگاه گوارش جانوران مطالعه شد.

مواد و روشها: توالی ژن 16S rRNA از سویه های تایپ جنس *Lactobacillus* در دیتابیس cbrc.jp و با استفاده از برنامه MAFFT مورد alignment قرار گرفتند. اجرای فیلوژنی در دیابیس CIPRES Science Gateway v. 3.3 و با استفاده از برنامهMrBayes v3.2.1 executed on XSEDE و به صورت دو اجرای موازی انجام شد. مدل جایگزینی نوکلئوتیدی GTR + I + Gبوده و تعداد زنجیره ها، تعداد چرخه ها و فرکانس نمونه به ترتیب ۴، ۵۰۰۰۰۰۰۰ و ۱۰۰۰ بود. توپولوژی شاخه *Lactobacillus delbrueckii* بررسی شده و روابط هم تکاملی این شاخه با جانوران با بررسی منابع جداسازی، فنوتایپ و ژنومیکس آنها بررسی گردید.

یافته ها: گروه *Lactobacillus delbrueckii* یک شاخه پایه ای را در درخت فیلوژنی *Lactobacillus* تشکیل می دهند. فرکانس جداسازی گونه های این شاخه از مجاری گوارشی جانوران بسیار بیشتر از سایر گروه های فیلوژنیک این جنس می باشد به طوری که ۸۹٪ از ۳۱ گونه این گروه از نمونه های مختلف مرتبط با جانوران مهره دار و بی مهره و بویژه مجاری گوارشی جداسازی شده اند.

نتیجه گیری: گونه های این گروه اختصاصاً از نمونه های دستگاه گوارش و یا واژینال مهره داران گزارش شده و یک ارتباط هم تکاملی میان این گروه و جانوران بسیار محتمل است.

واژگان کلیدی: Lactobacillus delbrueckii group، Co-evolutionary relationship، Probiotics، Phylogeny، Gut microbiome، Gastrointestinal tract (GIT)

P/ اطلاعات میکروبیو-اکولوژی و فیلوژنتیک گروه Lactobacillus salivarious را به دو دسته تقسیم می کند

مسلم پاپی زاده[1]، محمدرضا پور شفیع[2]*

گروه میکروب شناسی، انستیتو پاستور ایران، تهران، ایران

* Corresponding author: pour62@yahoo.com

سابقه و هدف: گروهLactobacillus salivarious در حال حاضر مشتمل بر ۲۵ گونه می باشد که از منابع بسیار متنوعی جداسازی می شوند. اکولوژی و فیلوژنی این گروه در جنس Lactobacillus در این مطالعه بررسی شده و با مطالعه منابع جداسازی سویه های تایپ این گروه، بررسی آماری و توپولوژی نتایج آنالیز فیلوژنیک، و فیزیولوژی احتمال تغییرات تاکسونومیک در این گروه مورد بحث قرار گرفته است.

مواد و روشها: توالی ژن 16S rRNA از سویه های تایپ گروه salivarious Lactobacillus (۲۵ گونه) و جنس Lactobacillus (۲۰۵ گونه) با استفاده از برنامه MAFFT مورد alignment قرار گرفتند. اجرای فیلوژنی در دیابیس CIPRES Science Gateway v. 3.3 و با استفاده از برنامهMrBayes v3.2.1 executed on XSEDE و به صورت دو اجرای موازی انجام شد. با مطالعه منابع جداسازی، فنوتایپ و ژنومیکس دسته بندی گونه ها در گروه فوق الذکر انجام شده و همخوانی اطلاعات حاصل با نتایج فیلوژنی بررسی گردید.

یافته ها: با انطباق اطلاعات میکروبیواکولوژی و ژنومیکس مشخص گردید که گونه های گروه Lactobacillus salivarious در دو زیرشاخه با حمایت آماری بالا قرار می گیرند که به صورت بسیار جالبی این زیر شاخه ها با اطلاعات فنوتایپ و اکولوژی نیز حمایت می گردند.

نتیجه گیری: اطلاعات فیلوژنی، فنوتایپ و میکروبیواکولوژی پیشنهاد می دهد که گروه Lactobacillus salivarious به دو گروه تقسیم شود. یک گروه که مشتمل بر گونه تایپ گروه (Lactobacillus salivarious) هم می شود از منابع جانوری و عمدتاً حفره گوارشی جداسازی شده اند و گروه دیگر عمدتاً از منابع گیاهی جداسازی شده اند.

واژگان کلیدی: Lactobacillus salivarious group، Ecology، Phylogeny، Gastrointestinal tract (GIT)

P/ بررسی اثر ضد میکروبی بذر ورث علیه باکتری های اسینتو باکتر بومانی و استافیلوکوکوس اورئوس در in vitro

منصور خالدی[۱]، مجید اسدی سامانی*[۲]، دکتر ابوالفضل قلی پور[۳]، فاطمه خالدی[۴]

۱-دانشجوی کارشناسی ارشد میکروب شناسی پزشکی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، شهرکرد، ایران

۲- دکترای پژوهشی ایمونولوژی، باشگاه پژوهشگران جوان، دانشگاه آزاد اسلامی شهرکرد، ایران

۳-دکترای تخصصی باکتری شناسی پزشکی، مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی، دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، ایران

۴-دانشجوی پزشکی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی شهرکرد، شهرکرد، ایران

نویسنده مسئول: مجید اسدی سامانی، باشگاه پژوهشگران جوان، دانشگاه آزاد اسلامی شهرکرد، ایران

نویسنده مسوول *: E-mail: biology_2011@yahoo.com

سابقه و هدف: از آن جا که مقاومت های دارویی به یکی از معضلات بهداشت جهانی بدل شده است لزوم به کار گیری روش های جدید مبارزه با این باکتری های مقاوم احساس می گردد. گیاهان دارویی به عنوان یکی از منابع غنی برای طراحی انتی بیوتیک ها یکی از این راهکار ها هستند.

مواد و روش ها: این پژوهش تجربی آزمایشگاهی برای تهیه عصارهٔ هیدرو الکلی، با روش ماسراسیون با ۲ بار تکرار عصاره گیری گیاه انجام شد. سپس باکتری استافیلوکوس آرئوس و اسینتوباکتربومانی با ATCC 12923 و PTCC 1855 از سازمان پژوهش علمی و صنعتی ایران تهیه و Broth Microdilutio سوسپانسیونی آن تهیه گردید. برای تعیین اثر ضد میکروبی عصاره ها از روش براث میکرودایلوشن (n) در پلیت ۹۶ چاهک استریل، مطابق استاندارد نیم مک فارلند (CFU/ml۱۰۵) استفاده شد.

یافته ها: براساس یافته های بدست آمده در این مطالعه دوز 1 میلی گرم بر میلی لیتر بعنوان MICو دوز 8میلی گرم بر میلی لیتر بعنوان MBC برای *Reseda lutea* بر روی باکتری استافیلوکوکوس آرئوس بدست آمد و دوز ۲mg بر میلی لیتر بعنوان MICو دوز ۱۶ میلی گرم بر میلی لیتر بعنوان MBC برای گیاه مذکور بر روی باکتری اسینتوباکتر بومانی مشخص گردید.

نتیجه گیری: یافته های مطالعه نشان داده است که اثر ضد باکتریایی این گیاه بر روی استافیلوکوس نسبت به اسینتو باکتر بومانی کمی بالاتر است با این حال لزوم پژوهش های بیشتر در مورد این گیاه به منظور استخراج ترکیبات موثره آن و بررسی اثرات آن بر روی انواع عوامل بیماری زا پیشنهاد می گردد.

واژگان کلیدی: ضد میکروبی، بذر ورث، اسینتو باکتر بومانی، استافیلوکوکوس اورئوس

بررسی اپیدمیولوژیک و بالینی در بیماران مبتلا به سل ریوی در شهرستان بابل، در طی سال های ۱۳۹۴-۱۳۹۰

سهیل ابراهیم پور[۱]، معصومه بیانی[۱]، رحمت اله نجفی[۱]، عارفه بابازاده[۱]، مهران شکری [1]*

۱- مرکز تحقیقات بیماریهای عفونی و گرمسیری، پژوهشکده سلامت، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران.

*نویسنده مسول: مهران شکری، مرکز تحقیقات بیماریهای عفونی و گرمسیری، پژوهشکده سلامت، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

ایمیل: mh.shokri90@gmail.com

سابقه و هدف: سل، بیماری عفونی مسری و مزمنی است که باعث گرفتاری ارگان های مختلف بدن به خصوص ریه ها می شود. سل ریوی، شایع ترین شکل بیماری است. امروزه این بیماری یکی از معضلات بهداشتی محسوب می شود. بنابراین مطالعه حاضر با هدف ارزیابی اپیدمیولوژیکی و تظاهرات بالینی بیماران مبتلا به سل ریوی انجام گرفته است.

مواد و روش ها: در این مطالعه توصیفی – تحلیلی، پرونده تمامی بیماران مبتلا به سل ریوی که طی سالهای ۱۳۹۰ تا ۱۳۹۴ در بیمارستان آیت اله روحانی بابل بستری شده بودند، بررسی گردید. سپس اطلاعات حاصله مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت.

یافته ها: از ۲۰۷ بیمار شرکت کننده در بررسی حاضر، 136(65.7%)نفر مردو 104(50.2%)نفر از جمعیت شهری بودند. 61(29.5%) نفر ازآنها سن بالای ۷۰ سال داشتند. 76(37.3%) بیمارنیز سیگاری بودند. شایع ترین علایم بالینی به ترتیب سرفه در 126(60.9%) مورد، هموپتزی 35(16.9%) و تنگی نفس 20(9.7%) بوده است. در ضمن دیابت با 11.3% شایع ترین بیماری زمینه ای در بین افراد مبتلا بوده است.

نتیجه گیری: با توجه به پایین بودن نسبی سن افراد مبتلا به سل در مطالعه حاضر، در مقایسه با مطالعات دیگر انجام گرفته در منطقه به نظر می رسد که برای مبارزه مؤثرتر با بیماری مذکور باید اقدامات بیماریابی و آموزشی این گروه جمعیتی در اولویت برنامه های بهداشتی قرار گیرد. در ضمن با توجه به شیوع قابل توجه سل ریوی در مبتلایان به دیابت، غربالگری بیماران دیابتی و سلی از نظر وجود این دو بیماری توصیه می گردد.

واژگان کلیدی: سل ریوی، یافته های اپیدمیولوژی، یافته های بالینی

P/ اثرات ضدباکتریایی عصاره متانولی میوه گیاه وایه (*Ammimajus*)

داود بخشی[۱]، علی اکبر مقدم نیا[۲]، سیدعلی اصغر سفیدگر[۳]، پروین سجادی کبودی[۴*]، سهراب کاظمی[۲]

۱- گروه علوم باغبانی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

۲- گروه فارماکولوژی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

۳- گروه قارچ شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

۴- گروه پزشکی اجتماعی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

نویسنده مسوول:پروین سجادی کبودی. ایمیل: psajadi@yahoo.com

سابقه و هدف: گیاهان دارویی نه تنها اساس، بلکه در برخی موارد به عنوان تنها عامل درمان بسیاری از بیماری ها مورد استفاده قرار می گیرد. گزارشات زیادی از اثرات ضدباکتری گیاهان وجود دارد. لذا هدف از این مطالعه، بررسی اثرات ضدمیکروبی عصاره متانولی میوه گیاه وایه (*Ammimajus*) می باشد.

مواد و روش ها: مطالعه به صورتتجربی بر روی عصاره متانولی میوه گیاه وایه با غلظت های (۰/۵، ۱ و ۲ درصد) انجام گرفت. خواص ضدباکتریایی میوه این گیاه نیز بوسیله روش دیسک دیفیوژن (تعیین هاله عدم رشد) و چاهک بر باکتری های استافیلوکوک اورئوس و اشرشیاکلی مورد سنجش قرار گرفت.

یافته ها: در روش چاهک کمترین غلظت (۰/۵ درصد) قطر هاله ای برابر با ۹±۰/۰۰۰ میلی متر و بالاترین غلظت (۲ درصد) قطر هاله ای برابر با ۱۲/۳±۰/۵۷میلی متر ایجاد نمود. در واقع غلظت های ۰/۵ تا ۲ درصد عصاره متانولی گیاه بر روی باکتری استافیلوکوک اورئوس هاله عدم رشد ایجاد نمود در حالی که غلظت های مختلف این عصاره بر روی باکتری اشرشیاکلی اثر مهارکنندگی نداشت. نتایج بدست آمده از آزمون های انتشار دیسک نیز نشان داد که غلظت های مختلف ۰/۵ تا ۲ درصد این عصاره بر روی باکتری استافیلوکوک ارئوس اثر ضدمیکروبی داشته ولی بر روی باکتری اشرشیاکلی اثری نداشته است.

نتیجه گیری: نتایج تحقیق نشان داد که عصاره متانولی گیاه*Ammimajus* اثر ضدمیکروبی بر روی باکتری استافیلوکوک اورئوس نسبت به باکتری اشرشیاکلی دارد.

واژه های کلیدی: عصاره گیاه وایه، استافیلوکوس ارئوس، اشرشیاکلی

P/ اثرات ضدباکتریایی عصاره N هگزانی میوه گیاه وایه (*Ammimajus*) بر روی استافیلوکوک اورئوس و اشرشیاکلی

علی اکبر مقدم نیا[۱]، داود بخشی[۲]، سیدعلی اصغر سفیدگر[۳]، پروین سجادی کبودی[۴*]، سهراب کاظمی[۱]

۱-گروه فارماکولوژی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

۲- گروه علوم باغبانی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

۳- گروه قارچ شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

۴- گروه پزشکی اجتماعی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران

نویسنده مسوول:پروین سجادی کبودی، گروه پزشکی اجتماعی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، ایران.

ایمیل: psajadi@yahoo.com

سابقه و هدف: امروزه با توجه به مقاومت روزافزون باکتریهای بیماری زا نسبت به آنتی بیوتیک ها و عوارض جانبی کم گیاهان دارویی بویژه گیاه وایه (*Ammimajus*) به عنوان جایگزین داروهای شیمیایی و آنتی بیوتیک ها، باعث شده که غربالگری اسانس ها و عصاره های گیاهی مورد توجه خاص قرار گیرد. لذا هدف از بررسی حاضر، بررسی اثرات ضدباکتریایی عصاره Nهگزانی میوه گیاه وایه بر روی باکتری های استافیلوکوک اورئوس و اشرشیاکلی می باشد.

مواد و روش: مطالعه به صورت تجربی با استفاده از عصاره Nهگزانی میوه گیاه وایه (*Ammimajus*) با غلظت های (۰/۵، ۱ و ۲ درصد) به روش میکرودایلوشن حداقل غلظت مهارکنندگی باکتری(MIC)، حداقل غلظت کشندگی (MBC) بر روی باکتریهای استافیلوکوک ارئوس و اشرشیاکلی انجام گرفت.

یافته ها: عصاره N هگزانی گیاه وایه در غلظت های ۰/۵ تا ۲ درصد بر روی باکتریهای استافیلوکوک ارئوس و در غلظت های ۰/۵ تا ۱ درصد بر روی باکتریهای اشرشیاکلی اثر مهارکنندگی نداشته ولی با افزایش غلظت (۲ درصد) در جهت معکوس از نظر آماری معنی دار بود. ($P<0.002$) همچنین این عصاره به روش Coloni Count در غلظت های ۰/۵ تا ۲ درصد بر روی باکتریهای استافیلوکوک ارئوس، اشرشیاکلی با $P<0.001$ اثر ضد میکروبی از خود نشان داد.

نتیجه گیری: نتایج این تحقیق نشان داد که غلظت های مختلف عصاره N هگزانی گیاه Ammimajus دارای اثر مهارکنندگی بر روی هر دو باکتری دارد.

واژه های کلیدی: عصاره، *Ammimajus*، استافیلوکوک ارئوس، اشرشیاکلی

P/ بررسی عوامل باکتریال عفونت های ادراری بیمارستانی و مقاومت آنتی بیوتیکی آنها

پرنیا سید حاتمی، احمد واحد نصیری

کارشناسی دانشکده پرستاری مراغه تبریز

پست الکترونیک: hatami.parnia@gmail.com

سابقه وهدف: عفونت دستگاه ادراری یکی از شایع ترین عفونت های باکتریایی می باشد که به عنوان دومین عامل عفونت شناخته میشود.عفونت های ادراری معمولا در زنان نسبت به مردان بیشتر رخ میدهد.عامل ٪۴۵-۴۰ عفونت بیمارستانی عفونت ادراری است.به طور معمول ٪۱۰-۵ بیماران دچار عفونت بیمارستان میشوند.هدف از این مطالعه بررسی عوامل باکتریال عفونت های ادراری بیمارستانی است.

مواد و روش کار: در این مطالعه مروری، با جست و جو در پایگاه های اطلاعاتی (pubmed)، (SID) و موتور جستجوگر Google Scholar و با بهره جستن از کلید واژه های عوامل و مقاومت آنتی بیوتیکی و با استفاده از عملگر (AND) به مقالات دسترسی حاصل شد. در این مطالعه عوارض عفونت و نحوه جلوگیری از آن مورد مطالعه و بررسی قرار گرفت.

یافته ها: معمول ترین پاتوژن عفونت ادراری اشرشیای کلای،باسیل گرم منفی بیمارستانی و انتروکوک می باشد.عوارض عفونت ادراری شامل باکتری اوری،باکتریمی،پیلونفریت، سپسیس و نارسایی مولتی ارگان و مرگ می باشد. برای جلوگیری از عفونت مجاری ادراری باید در صورت نیاز سوند زده شود و روش سپتیک برای سوند زدن رعایت شود..مصرف آنتی بیوتیک در بیماران در ۴ روز اول سوند گذاری عفونت را کم میکند ولی سبب افزایش ریسک میکروب مقاوم و قارچ میشود.

نتیجه گیری: نتایج این مطالعه نشان داد که در افراد مبتلا به عفونت‌های مکرر، می‌توان از دوز پایین آنتی بیوتیکها به‌عنوان اقدام پیشگیرانه استفاده کرد. در موارد غیرپیچیده،عفونت‌های دستگاه ادراری را می‌توان به راحتی با مصرف آنتی بیوتیک در یک دوره کوتاه درمان کرد، اگرچه مقاومت در برابر بسیاری از آنتی بیوتیک‌های مورد استفاده برای درمان این بیماری در حال افزایش است.

واژه های کلیدی: عفونت های ادراری بیمارستانی،عوامل،مقاومت آنتی بیوتیکی

P/ جداسازی لیستریا مونوسایتوژنز از مرغ های مصرفی در سطح شهر اهواز تایید آن با روشPCR

فاطمه بیرانوند[1]، محمد رعایایی[2]، علی فضل آرا[3]

۱. کارشناسی ارشد ، دانشگاه شهید چمران اهواز دانشکده علوم
۲. استاد، دانشگاه شهید چمران اهواز دانشکده علوم
۳. استاد دانشگاه شهید چمران اهواز دانشکده دامپزشکی

سابقه و هدف :جنس لیستریا دارای شش گونه است .که از این بین لیستریا مونوسایتوژنز باعث بیماری لیستریوز می شود .که بین انسان و دام مشترک است. در این بیماری مواد غذایی به عنوان ناقل برای انتقال لیستریا مونوسایتوژنز عمل می کنند. لیستریا مونوسایتوژنز گرم مثبت، کوچک، انتهای گرد و منظم و هوازی تا بی هوازی اختیاری است. هدف از این پژوهش بررسی میزان حضور لیستریا مونوسایتوژنز در مرغ های مصرفی در سطح شهر اهواز است.

مواد و روش: در این پژوهش درطی ۵ ماه پنجاه نمونه مرغ از فروشگاه های سطح شهر اهواز جمع آوری شد. و لیستریا مونوسایتوژنز با روش مبتنی بر کشت وتست های بیوشیمیایی و روش PCR مورد بررسی قرار گرفت.

یافته ها: از این ۵۰ نمونه بررسی شده دو مورد با توجه به تست های بیوشیمیایی انجام شده (سوکروز، مانیتول، اکسیداز، کاتالاز، آسکولین و....) لیستریا مونوسایتوژنز تشخیص داده شدند. که با انجام PCR مورد تایید قرار گرفتند. البته سایر نمونه های مشکوک با انجام روش PCR در حال بررسی است.

نتیجه گیری: باتوجه به اینکه برنامه کنترلی مناسبی برای لیستریا مونوسایتوژنز و همچنین اطلاعات کافی از بیماری لیستریوزیس در دست نیست. و لیستریا مونوسایتوژنز در مرغ، گوشت، آبزیان، در محیط های فرآوری مواد غذایی شیوع قابل توجهی دارد .و چون لیستریا مونوسایتوژنز تهدیدی جدی برای سلامت عموم است .بنابراین با شناسایی این باکتری شاید بتوان راهکاری جهت پیشگیری از این باکتری و بیماری لیستریوزیس پیدا کرد.

واژگان کلیدی: لیستریا مونوسایتوژنز،لیستریوزیس،PCR

P/ جداسازی باکتریوفاژ اختصاصی علیه پاتوتایپ انتروپاتوژنیک اشریشیا کلی (*EPEC*) از فاضلاب بیمارستانی

آزاده واحدی[1]، زهرا رجبی[2]، دکتر محمد مهدی سلطان دلال[1،2*]

۱) بخش میکروب شناسی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران

۲) مرکز تحقیقات میکروبیولوژی مواد غذایی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، ایران

*نویسنده مسئول: دکتر محمد مهدی سلطان دلال: مرکز تحقیقات میکروبیولوژی مواد غذایی/ بخش میکروب شناسی مواد غذایی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران

Email address: msoltandallal@gmail.com

سابقه و هدف: *Enteropathogenic E. coli* (*EPEC*) یکی از عوامل مهم اسهال کودکان در سراسر جهان به خصوص در جوامع در حال توسعه می باشد. مصرف بی رویه آنتی بیوتیک از دلایل اصلی افزایش مقاومت دارویی در بین پاتوژن های روده ای در ایران است. باکتریوفاژها ویروس هایی با عملکرد اختصاصی علیه باکتری ها هستند که توانایی از بین بردن آن ها را دارند و در سال های اخیر به عنوان جایگزین درمانی برای باکتری های مقاوم به آنتی بیوتیک ها مطرح شده اند. از این رو این مطالعه با هدف جداسازی باکتریوفاژ اختصاصی علیه پاتوتایپ انتروپاتوژنیک اشریشیا کلی (*EPEC*) از فاضلاب بیمارستانی انجام شده است.

مواد و روش ها: به منظور جداسازی سویه بومی *EPEC* از نمونه های طغیان، تست های بیوشیمیایی اولیه و روش PCR مورد استفاده قرار گرفتند. از نمونه های فاضلاب بیمارستانی و تست دو لایه آگار (Double layer agar) نیز جهت جداسازی فاژ اختصاصی *EPEC* استفاده گردید. در روش ارزیابی نقطه ای (Spot test) نیز از باکتری های *EHEC*، *Shigella flexneri*، *Salmonella entritids*، *Yersinia enterocolitica (ATCC 9610)* جهت تعیین اختصاصی بودن فاژ استفاده شد.

یافته ها: باکتری *EPEC* با انجام تست های مربوطه جداسازی شد و فاژ *EPEC* نیز با خالص سازی نمونه فاضلاب بیمارستانی و مشاهده پلاک های شفاف اختصاصی *EPEC* شناسایی گردید.

نتیجه گیری: متاسفانه با مصرف بیش ازحد، نادرست و ناکافی آنتی بیوتیک ها در بیماران مبتلا به عفونت *EPEC* در آینده بروز باکتری مقاوم به آنتی بیوتیک مشاهده خواهد شد،که این خود زنگ خطری برای درمان عفونت با این باکتری می باشد لذا لزوم جایگزین کردن روش درمانی جدیدی برای این باکتری باید مد نظر قرار گیرد.

واژگان کلیدی: باکتریوفاژ، *EPEC*، *اشریشیا کلی*، فاضلاب

P/ عنوان: بهینه سازی و استفاده از محیط کشت انتقالی تغییر یافته برای جداسازی کمپیلوباکتر ژژونی و کمپیلوباکتر کلی

دکتر سعید شمس*، بی تا بخشی

دانشگاه تربیت مدرس، دانشکده علوم پزشکی، گروه باکتری شناسی پزشکی

پست الکترونیک: sshamsmed@gmail.com

سابقه و هدف: کمپیلوباکتر ژژونی وکلی از پاتوژن های مهم انسانی بوده و کمپیلوباکتریوزیز را ایجاد می کنند. تشخیص بیماری از روی علائم امکانپذیر نمی باشد. کشت، استاندارد طلایی بوده ولی به دلیل سخت رشد بودن باکتری بطور معمول در آزمایشگاه انجام نمی شود. هدف از این تحقیق ارائه یک محیط انتقالی تغییر یافته و نکات مهم در افزایش ایزولاسیون باکتری می باشد.

مواد و روش ها: جهت انتقال نمونه ها، محیط انتقالی کری بلیر با ۱/۶ گرم در لیتر آگار پایه mCCDA (به جای آگار-آگار) و ۱۰ گرم/لیتر پیرووات سدیم استفاده شد. کشت همزمان بر روی محیط انتخابی mCCDA (با آنتی بیوتیک های مشخص) و محیط بروسلا آگار خوندار صورت گرفت. پلیت های در فواصل زمانی ۲۴، ۴۸ و ۷۲ ساعت از نظر بررسی ظاهر کلنی مورد ارزیابی قرار گرفتند. جهت تائید از روش های بیوشیمیایی استفاده شد.

یافته ها: از ۲۸۳ نمونه مورد بررسی، ۱۹ مورد کمپیلوباکتر (۷ درصد) جداسازی شد. کمپیلوباکترها روی محیط mCCDA فقط ۴۲٪ ایزوله شده اند و سهم بروسلا آگار ۲۶٪ بود. نتایج نشان می دهد استفاده از هر دو محیط درصد موارد مثبت را افزایش می دهد. همچنین موارد جداسازی باکتری بر روی هر دو محیط همزمان ۳۲٪ بوده است.

نتیجه گیری: در مقایسه با مطالعات مشابه، نتایج نشان می دهد که رعایت اصول نمونه گیری و انتقال با استفاده از محیط انتقالی تغییر یافته و استفاده از دو محیط کشت بطور همزمان می توان میزان ایزولاسیون باکتری را افزایش دهد.

واژگان کلیدی: کمپیلوباکتر ژژونی، کمپیلوباکتر کلی، محیط انتقالی کری بلیر، mCCDA

P/ بررسی گونه های سوسری خانگی و آلودگی آنها به عوامل باکتریایی در سطح شهر کرج

عباس بهرامی[1]، شیوا حاتمی[2]، مهلا علیزاده[3]

۱ - گروه انگل شناسی قارچ و حشره شناسی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی البرز، کرج، ایران

۲ –کارشناس آزمایشگاه میکروب شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی البرز، کرج، ایران

۳ -دانشجوی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی البرز، کرج، ایران

سابقه و هدف: سوسری ها حشراتی هستند که به علت زندگی در محل های کثیف و عادت همه چیز خواری، از مواد گوناگونی تغذیه می کنند و می توانند ناقل مکانیکی تعدادی از عوامل بیماریزا مانند تخم کرم های انگل، تک یاخته ها، باکتری ها، قارچ ها و ویروس ها به انسان باشند. در محیط های بیمارستانی سوسری ها به عنوان ناقلین مهم عوامل بیماریزای باکتریایی و عفونت های بیمارستانی شناخته شده اند. شناخت بیشتر نقش سوسری ها در انتقال عوامل بیماریزا و ارائه روشهای مبارزه با آنها میتواند از افزایش بیماریهای اسهالی بکاهد.

مواد و روش ها: در این تحقیق نمونه گیری و صید سوسری ها از اماکن مسکونی در سطح شهر کرج به روش صید با دست انجام شد. در روش صید با دست، پس از مشاهده سوسری با استفاده از دستکش استریل آن را گرفته و در ظروف شیشه ای یا پلاستیکی در بدار استریل به آزمایشگاه حمل می شدند. قابل ذکر است جهت جلوگیری از اختلاط آلودگی سوسری ها با هم از هر ظرف فقط برای انتقال یک سوسری استفاده شد. پس از انتقال نمونه ها به آزمایشگاه و بیهوشی هر یک از آنها توسط محلول کلروفرم، ابتدا با مشاهده دقیق زیر لوپ و بر اساس مشخصات ظاهری سوسری ها و مطابقت با کلید تشخیص جنس و گونه آنها تشخیص داده و ثبت گردید. سپس هر کدام از سوسری ها در داخل شیشه های استریل محتوی 2 سی سی سرم فیزیولوژی استریل شستشو و از سوسپانسیون حاصل کشت انجام می گیرد. جهت بررسی آلودگی داخلی نیز با شکافتن دستگاه گوارش هر سوسری از محتویات روده و معده نمونه گیری انجام شده و از سوسپانسیون حاصل کشت انجام میگیرد.

یافته ها: از تعداد ۴۲ سوسری صید شده در این مطالعه تعداد ۳۵ سوسری (۸۳,۳٪) از گونه سوسری آمریکایی (***Periplanet americana***) و تعداد ۷ سوسری (۱۶,۷٪) از گونه سوسری آلمانی (***Blattella germanica***) بودند. از میان سوسری های آمریکایی صید شده تعداد ۱۱ سوسری (۳۱,۴٪) آلوده به انواع باکتریهای بیماریزا بودند و در میان سوسری های آلمانی تعداد ۳ عدد (۴۲,۸٪) آلوده به انواع باکتریهای بیماریزا در سطح داخلی و خارجی خود بودند. باکتری های جدا شده از سطح خارجی و داخلی سوسری های آمریکایی عبارتند از: اشرشیا کلی (۳۶,۷٪)، ا استرپتوکوکوس (۱۸٪)، سالمونلا (۱۸٪)، کلبسیلا (۱۸٪)، استافیلوکوکوس اورئوس (۹٪)، استافیلوکوکوس اپیدرمیس (۹٪) و کلستریدیوم (۹٪). باکتری های جدا شده از سطح خارجی و داخلی سوسری های آلمانی عبارتند از: استافیلوکوکوس اورئوس (۲۸,۶٪)، استافیلوکوکوس ساپروفیتیکوس (۲۸,۶٪)، اشرشیا کلی (۱۴,۳٪) و پروتئوس (۱۴,۳٪).

نتیجه گیری: در مناطق شهری سوسریها نقش مهمی در انتقال و جابجایی عوامل بیماریزای باکتریایی دارند. این حشرات با انتقال عوامل عفونی از منبع عفونت به روی مواد غذایی و روف غذا نقش مهمی در انتقال مکانیکی عوامل بیماریزا دارند. بنابراین کنترل سوسری ها در محیط بیمارستان ها و کاهش جمعیت آنها باعث کاهش انتقال عوامل بیماریزا و کاهش میزان عفونتهای بیمارستانی در بین بیماران و افراد سالم می شود.

P/ گیاهان دارویی موثر بر پاتوژن های مقاوم به چند دارو (MDR)

مهسا نظری تلوکی، دکتر زهرا نظری تلوکی*، دکتر زهره نظری تلوکی

علوم پزشکی مازندران شرکت دانش بنیان دارویی در مرکز رشد

zahra_nazari_taloki@yahoo.com

سابقه و هدف:: افزایش پیشرونده در مقاومت پاتوژن ها به آنتی بیوتیک هایی که بطور معمول تجویز می گردند، و کاهش شمار ترکیبات آنتی باکتریال که جدید کشف می گردند، مشکل جدی در درمان بیماری های عفونی ایجاد نموده است وگیاهان دارویی با خواص ضد میکروبی می توانند گزینه های مناسب درمان باشند.

مواد و روش ها: با کلید واژه های مشخص مروری بر تازه ترین مقالات در این زمینه داشتیم.

یافته ها: در مطالعات گیاه نعناع فلفلی فعالیت ضد باکتری و اثرات مهار رشد قوی بر استرپتوکوکوس پیوژنز مقاوم به چند دارو، استافیلوکوک اورئوس و استافیلوکوکوس اپیدرمیدیس مقاوم به متی سیلین، انتروکوکوس فائکالیس، اشرشیا کلای مقاوم به کارباپنم و کلبسیلا پنومونیه نشان داد. دارچین و میخک و ریحان فعالیت آنتی باکتریال قوی علیه آسینتوباکتر بومانی مقاوم به چند دارو داشتند. در بررسی خصوصیات آنتی باکتریال حبه های سیر و ریزوم زنجبیل علیه پاتوژن های بیمارستانی، بیشترین اثر مهاری سیر به ترتیب علیه سودومونا آئروژنوزا، اشرشیا کلا و گونه های باسیلوس و بیشترین اثر مهاری زنجبیل به ترتیب علیه گونه های باسیلوس، اشرشیا کلا و سودومونا آئروژنوزا بود. سیاهدانه اثرات ضد میکروبی قوی علیه باکتری های گرم مثبت و منفی مقاوم به چند دارو داشته و رشد باکتری های گوارشی مانند سالمونلا و هلیکوباکتر پیلوری را مهار می نماید.

نتیجه گیری: عصاره گیاهان مختلف پتانسیل خوبی علیه عفونت ها و پاتوژن های مقاوم به چند دارو دارند و می توانند برای شایع ترین پاتوژن های انسانی بعنوان درمان هایی جدید جایگزین شوند.

واژگان کلیدی: پاتوژن های مقاوم به چند دارو، گیاهان دارویی، خواص آنتی باکتریال

P/ The level of awareness of mother to take care of chronic Tuberculosis children in health institutions in Larestan.

Foroutani M. *, Sobhani M.

Department of nursing, Larestan University of Medical Science,larestan,IRAN.

Department of nursing, Larestan University of Medical Science,larestan,IRAN.

Background and Aim: Tuberculosis (TB) is an infectious disease that causes weakness for patient and bring him to the chronic step. In order to reduce the period of disease and prevention is necessary to take care of patient carefully. It is depended to knowledge and awareness about diseases.

Methods: In this study that has been done in the style of descriptive; we survey the level of 165 mother's awareness about Tuberculosis-who approach the health institutions of township, in a six month period by a checklist. The questions of questionnaire has been valued and graded in three steps; low (4 grades), average (8 grades) and good (12 grades). The data is analyzed by SPSS (version 11.5).

results: The results of investigation show; the level of mother's awareness about TB and taking care of TB, for 111 person(67.3 %)was low, 35 person(21.2%) was average and in 19 person(11.5%) was good. Anova test shows a significant relationship between mother's awareness low and their education (P<0.002 F=6.371). 15 of mothers (78/9%) who had good awareness, had high education. Statistical test did not show a significant relationship between mother's awareness and their age.

Conclusion: The knowledge about illness is the first step in taking care of a patient. The researches show, awareness about illness, will be better monitoring. In order, TB is important disease and mother's awareness is weak, that is consequent; the mothers have not high education or they are non-medicine education. It is necessary to teach some information about infection disease in university course and mass media try to inform people.

Keywords: awareness, mothers, Tuberculosis, larestan.