

Ürosepsis Etkeni Olan *Escherichia coli* İzolatlarının Virülans Genlerinin Araştırılması

Toplum kaynaklı sepsislerin çoğu üriner sistem kaynaklı (ürosepsis) sepsislerdir. Üriner sistem enfeksiyonlarının %90'da ise en sık görülen organizma *Escherichia coli*'dir. Gastrointestinal sistem dışında *Escherichia coli* (*E. coli*) izolatları sahip oldukları virülans faktörleri ve yer aldıkları filogenetik grupları ile diyarejenik ve kommensal *Escherichia coli* izolatlarından farklıdırlar ve Ekstraintestinal patojenik *Escherichia coli* (EİPEC) olarak adlandırılırlar. EİPEC izolatlar bu virülans faktörler ile üriner sisteme kolonize olabilmekte ve konakçı savunmasının üstesinden gelerek sepsis gibi ciddi enfeksiyonlara yol açabilmektedir. Ancak EİPEC izolatlarının belirli patotiplerinin yayılma ve hastalığa neden olma potansiyeli tam olarak anlaşılmamıştır. Bu çalışmada; ürosepsis etkeni olarak izole edilen *E. coli* suşlarının ve sağlıklı gönüllünün fekal örneklerinden izole edilen *E. coli* izolatlarının virülans faktör genlerinin ve patojenite adalarının varlığının araştırılması, filogenetik gruplarının belirlenmesi ve sonuçların antibiyotik duyarlılık sonuçları ile karşılaştırılması amaçlanmıştır.

Anahtar Kelimeler: *Escherichia coli*, antibiyotik direnç, filogenetik grup, virülans faktör, patjenite adaları

İNGİLİZCE ÖZET

Investigation of virulence genes of *Escherichia coli* isolates causing urosepsis

Most of the community-acquired sepsis cases are urinary tract related (urosepsis). The most common organism seen in 90% of the urinary tract infections is *Escherichia coli*. *Escherichia coli* (*E. coli*) strains other than those in the gastrointestinal tract are different from diarrheagenic and commensal *Escherichia coli* isolate in terms of their virulence factors and phylogenetic groups they belong to, and are called extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC). ExPEC strains may colonize the urinary tract due to these virulence factors and can lead to serious infections such as sepsis by overcoming the host defense. In this study, it was aimed to investigation of the presence of virulence factor genes and pathogenicity islands of *E. coli* isolates causing urosepsis and *E. coli* isolated from fecal samples of healthy volunteers, determination of phylogenetic groups and to compare it with the results of antibiotic susceptibility.

Key words: *Escherichia coli*; antibiotic resistance; phylogenetic groups; virulence factors, pathogenicity islands