บทคัดย่อ

222808

Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) เป็นแบคทีเรียสำคัญที่ก่อโรคติดเชื้อในโรงพยาบาลตติยภูมิ ความรุนแรงของการติดเชื้ออาจส่งผลให้ผู้ป่วยเสียชีวิตได้ การควบคุมและการป้องกันการติดเชื้อดังกล่าว จำเป็นต้องอาศัยข้อมูลส่วนหนึ่งด้านวิทยาการระบาดระดับโมเลกุล ในระยะเวลา 10 ปีที่ผ่านมา เทคนิคด้านอณูชีวโมเลกุล โดยเฉพาะอย่างยิ่ง polymerase chain reaction (PCR) ได้รับการประยุกต์เพื่อวัตถุประสงค์ด้านวิทยาการระบาดของโรคติดเชื้อมากขึ้น และเป็นเทคนิคที่เป็นไปได้สูงที่จะนำมาใช้ในห้องปฏิบัติการจุลชีววิทยาในประเทศไทย การศึกษานี้คณะผู้วิจัยได้ประยุกต์ใช้เทคนิคจำแนกสายพันธุ์บนพื้นฐานของ PCR เพื่อตรวจวิเคราะห์ชนิดของ SCC*mec*, variable number of tandem repeat ในตำแหน่ง hypervariable region downstream ของ *mecA* (HVR), *spa* gene, *agr* type และยีนก่อโรค 11 ชนิด คือ *sea, seb, sec, sed, see, seh, seg, sei, seo, tst-1* และ *lukSF-PV* เพื่อระบุสายพันธุ์สำคัญที่แพร่ระบาด ลักษณะด้านพันธุกรรมของสายพันธุ์ที่แพร่ระบาด หอผู้ป่วยที่ตรวจพบผู้ป่วยติดเชื้อแต่ละสายพันธุ์ และพลวัตของ MRSA ในโรงพยาบาลมหาวิทยาลัย โดยศึกษาในตัวอย่างเชื้อ 296 ตัวอย่างที่แยกได้จากผู้ป่วย 142 รายระหว่างเดือนตุลาคม 2550 – มีนาคม 2551 ผลการศึกษาพบว่า ชนิดของ SCC*mec* ที่พบมากที่สุด คือ type-III SCC*mec*, type-IIIA, type-II คิดเป็น 56.8%, 34.5%, 6.1% ตามลำดับ และพบ type-III DCS และ type-I variant จำนวนเท่ากันคือ 1.4% HVR, *spa* และ *agr* typing จำแนกตัวอย่าง MRSA ได้เป็น 13, 6 และ 3 ชนิดตามลำดับ และยีนก่อโรคที่พบมากที่สุดคือ staphylococcal enterotoxin A (87.5%) เมื่อนำลักษณะพันธุกรรมทั้งหมดผนวกรวมกัน สามารถระบุสายพันธุ์สำคัญ คือ สายพันธุ์ที่พบ type-III SCC*mec*-HVR15-*spa* 7-*sea* (37.2%) และ type-IIIA SCC*mec*-HVR7-*spa*7-*sea* (13.2%) หอผู้ป่วยที่พบ MRSA สายพันธุ์หลัก (major clone) คือ หอผู้ป่วยอายุกรรม และหอผู้ป่วยระยะวิกฤต การวิเคราะห์การตรวจพบผู้ป่วยติดเชื้อกับช่วงเวลาที่ศึกษา แสดงให้เห็นถึงพลวัตของ MRSA ตามหอผู้ป่วยต่าง ๆ ในภาพที่ชัดเจนขึ้นกว่าการใช้วิธีจำแนกสายพันธุ์ด้วยฟีโนทัยป์ สาระที่ได้จากการวิจัยสามารถนำไปประยุกต์ใช้กับการควบคุมและป้องกันการติดเชื้อในโรงพยาบาล และเป็นแนวทางในการพัฒนาเทคนิคจำแนกสายพันธุ์ด้วย PCR อย่างรวดเร็ว เหมาะสมกับห้องปฏิบัติการในประเทศไทย

Abstract

222808

Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, a well-known nosocomial pathogen in tertiary healthcare facilities, can cause severe life-threatening symptoms. Nowadays, prevention and control of the outbreak related to the hospital-acquired infection needs molecular information to distinguish and definitely define a real etiology. For the last decade, molecular techniques have been developed and applied to an epidemiological study for infection disease. Among them, polymerase chain reaction-based typing techniques are most feasible to be used as molecular tools in clinical microbiology laboratory in Thailand. In this study, PCR-based typing methods, including SCC*mec* typing, variable numbers of tandem repeats typing of hypervariable region downstream of *mecA* (HVR) locus and *spa* gene, and determination of 11 virulence genes (*sea, seb, sec, sed, see, seh, seg, sei, seo, tst-1, lukSF-PV*) were applied in order to determine genetic background, major endemic clones, and dynamicity of MRSA in a University Hospital. A total of 296 MRSA isolated from 142 patients of Srinagarind Hospital during October, 2007 through March, 2008 were characterized by the PCR-based typing methods described earlier. Five SCC*mec* types were identified as type-III (56.8%), type-IIIA (34.5%), type-II SCC*mec* (6.1%), type-III DCS (1.4%), and type-I variant (1.4%), respectively. HVR, *spa* and *agr* typing differentiated MRSA into 13, 3, and 3 types. The most prevalence of virulence gene detected among these isolates was sea encoding stacphylococcal enterotoxin A. Combination of all genetic markers could identify three major clones, type-III SCC*mec*-HVR15-*spa7*-*sea* (37.2%), type-IIIA SCCmec-HVR7-*spa7*-*sea* (13.2%), respectively. Medical wards and medical intensive car unit were identified as endemic area of these two clones. Mapping of appearance of certain MRSA strains in various wards against 6 month interval revealed dynamicity of the principal clone. Research information in this study may be applied to infection control measure and lead to development of suitable PCR-typing techniques for MRSA in clinical laboratory.