

บกคดย่อ

ชื่อโครงการ

ภาษาไทย :

ระบาดวิทยาของแบคทีเรียวงศ์ Enterobacteriaceae ที่ผลิต Extended Spectrum  $\beta$ -lactamases ในประเทศไทย

ภาษาอังกฤษ:

Molecular Epidemiology of Extended Spectrum  $\beta$ -lactamases-producing Enterobacteriaceae in Thailand

ชื่อผู้วิจัย

ผศ. ดร. พรพรรณนิกา เนียมทรัพย์

หน่วยงานที่สังกัด

คณะวิทยาศาสตร์การแพทย์

หมายเลขโทรศัพท์

0-5526-1000 ต่อ 4795

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยสาขา วิทยาศาสตร์การแพทย์

งบประมาณแผ่นดิน ประจำปี 2548

จำนวนเงิน 400,000 บาท ระยะเวลาทำการวิจัย 1 ปี

ตั้งแต่ 1 ตุลาคม พ.ศ. 2547 ถึง 30 กันยายน พ.ศ. 2548

บกคดย่อ

ภาษาไทย

**T167110**

การศึกษาแบคทีเรียใน Family Enterobacteriaceae ที่ลดความไวต่อยา third generation cephalosporins ทั้งหมด 101 ไอโซเลท (15 *Enterobacter cloacae*, 51 *Escherichia coli*, 34 *Klebsiella pneumoniae* และ 1 *Klebsiella* sp.) ซึ่งแยกมาจากผู้ป่วยในโรงพยาบาลที่เป็นสมาชิกของศูนย์เฝ้าระวังเชื้อดื/o ยาต้านจุลชีพแห่งชาติในระหว่างเดือนเมษายน พ.ศ. 2547 ถึงเดือนพฤษภาคม พ.ศ. 2548 ผลการศึกษาโดยวิธี double disk method และ combined disc method พบว่าเชื้อทุกไอโซเลทสร้างเอนไซม์ ESBL เมื่อทำการศึกษาความไวต่อยา 5 ชนิด คือ cefotaxime, ceftazidime, ceftriaxone, aztreonam และ imipenem พบว่าแต่ละไอโซเลಥีดื/o ยาอย่างน้อย 1 ชนิดหรือมากกว่า นอกจากนี้ยังพบว่ามีเชื้อถึง 45% ที่ต้องต่อยา 4 ชนิดคือ cefotaxime, ceftazidime, ceftriaxone, aztreonam อย่างไรก็ตามเชื้อทุกไอโซเลทยังคงไวต่อยา imipenem การศึกษาการแพร่กระจายโดย PFGE analysis พบว่ามีการแพร่กระจายของเชื้อในโรงพยาบาลเดียวกันแต่ไม่พบว่ามีการแพร่กระจายระหว่างโรงพยาบาล การวิเคราะห์ Plasmid mediated ESBL พบว่า ESBL ที่พบมากคือ TEM ซึ่งพบมากในเชื้อทั้ง 3 สปีชีส์ ส่วน SHV-type ESBL นั้นพบมากใน *K. pneumoniae* ส่วน BlaCTX และ BlaOXA-encoding genes พบน้อยโดยตรวจพบใน 7 และ 3 ไอโซเลทดามลำดับ และจะพบใน *E. coli* และ *K. pneumoniae* แต่จะไม่พบใน *Ent. cloacae* การหาลำดับเบสและการต่อમิโนของ CTX-ESBL และ OXA-ESBL พบว่ามีความใกล้ชิดกับ CTX-M27 และ OXA-10 ตามลำดับ ซึ่งทั้ง CTX-M27 และ OXA-10 เป็นเอนไซม์ที่ทำให้เชื้อดื/o ต่อ ceftazidime หรือ cefotaxime ในแบคทีเรียอื่นๆ การศึกษาวิจัยในครั้งนี้แสดงให้เห็นว่า ESBLs นั้นพบได้ทั่วไปในแบคทีเรีย Family Enterobacteriaceae ซึ่งทำให้เกิดการดื/o ยาสูง และการมี ESBL-encoding gene มากกว่า 1 ยีนในแบคทีเรียอาจเป็นสาเหตุให้การรักษาโรคไม่ได้ผลในอนาคต

## ການຫາອັງກຸນ

**TE167110**

One hundreds and one isolates of Enterobacteriaceae resistant to third generation cephalosporins (15 *Enterobacter cloacae*, 51 *Escherichia coli*, 34 *Klebsiella pneumoniae* and 1 *Klebsiella* sp.) were isolated from septicaemic patients from hospitals in Thailand, during April-June 2005. All isolates expressed ESBL phenotypes as judged by double disk and combined disc methods. Susceptibility testing showed that each isolate was resistant to one or more expanded spectrum  $\beta$ -lactams (cefotaxime, ceftazidime, ceftriaxone or aztreonam). 45 % of bacterial isolates were found to resist to all 4 antibiotics tested. Fortunately, all isolates remained susceptible to imipenem. PFGE analysis revealed identical genotype pattern among bacteria isolated from the same hospital, suggesting the clonal spread within the hospital. Plasmid mediated TEM-type ESBL was common among isolates whereas SHV- type ESBL was frequently found in *K. pneumoniae*. BlaCTX and BlaOXA- encoding genes were detected only in plasmids of *E. coli* and *K. pneumoniae* isolates. Sequencing of CTX-ESBL and OXA-ESBL revealed that they are closely related to CTX-M27 and OXA-10, respectively, the enzyme which were responsible for resistant to third generation cephalosporins in other organisms. These findings suggested that ESBLs are widespread among bacteria in the Family Enterobacteriaceae, resulting in high level resistant to antibiotics. The presence of multiple ESBL-encoding genes in a single isolate raised a serious concern as this may cause treatment failure in the future.