

مقدمه:

استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) یکی از عوامل مهم عفونت‌های بیمارستانی و جامعه‌زاد به‌ویژه در بیماران بستری در بخش مراقبت‌های ویژه (ICU) است.

هدف از این مطالعه بررسی ارتباط بین تایپینگ ژنتیکی SCCmec، الگوهای MLVA و وجود ژن‌های ویروالانس و *agr* در ایزوله‌های MRSA جدا شده از بیماران مبتلا به کووید-۱۹ بستری در ICU بود.

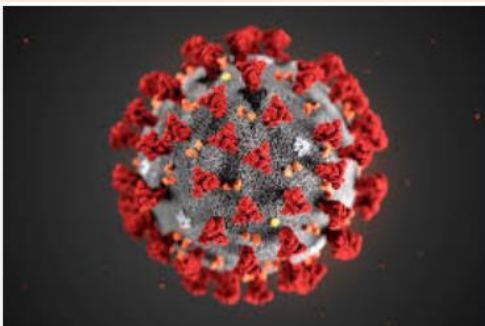
مواد و روش‌ها:

در این مطالعه، ایزوله‌های *S. aureus* از بیماران کووید-۱۹ بستری در ICU جمع‌آوری و از منابع نمونه شامل کشت خون (BC) و آسپیراسیون تراشه (TA) جدا شدند.

تأیید گونه و شناسایی MRSA با آزمون PCR برای ژن *mecA* انجام شد.

تایپینگ مولکولی با استفاده از روش MLVA بر اساس هشت جایگاه VNTR و تعیین ساب‌تایپ (I-V) SCCmec و ژن‌های ویروالانس شامل *pvl*، *fnbA*، *fnbB*، *hlaA*، *hlaB*، *clfA* و *agr* صورت گرفت.

نتایج با استفاده از نرم‌افزارهای آماری و تحلیل‌های فیلوژنتیک بررسی شدند.





دانشگاه علوم پزشکی همدان مرکز تحقیقات بیماری های عفونی



عنوان مطالعه:

بررسی تنوع ژنتیکی و الگوی ژن های
ویروانس سویه های استافیلوکوکوس
اورئوس مقاوم و حساس به متی سیلین
ایزوله شده از بیماران کووید-۱۹
بستری در ICU در بیمارستان آموزشی

مجریان طرح:

دکتر محمدیوسف علیخانی (استاد باکتری
شناسی پزشکی)

دکتر محمدرضا عربستانی (استاد باکتری
شناسی پزشکی)

نتیجه گیری:

نتایج مطالعه بیانگر همزمانی حضور کلون های
CA- و HA-MRSA (SCCmec-I/II/III)
MRSA (SCCmec-IV) در بیماران ICU پس از
همه گیری کووید-۱۹ است.

همبستگی بین نوع SCCmec و ژن های
ویروانس نشان می دهد که ترکیب MLVA،
SCCmec و فاکتورهای ویروانس ابزار مؤثری در
ردیابی اپیدمیولوژیک و پایش کلون های MRSA
است.

یافته ها:

از مجموع ۱۴ ایزوله MRSA، بیشترین شیوع
مربوط به (۷ ایزوله) SCCmec-II، سپس (۵)
ایزوله (۳ ایزوله) SCCmec-I، (۳ ایزوله) SCCmec-III و
(۲ ایزوله) SCCmec-IV بود.

ایزوله های SCCmec-I و II عمدتاً با ژن های
چسبندگی (*fnbA/B*, *clfA/B*) و *agr* همراه
بودند که با ویژگی های HA-MRSA همخوانی
دارد، در حالی که SCCmec-IV غالباً دارای
ژن *pvl* بود و در چندین خوشه MLVA
مشاهده شد که بیانگر منشاء متفاوت و
احتمال انتقال افقی است.

ایزوله های SCCmec-III از کشت خون جدا
شدند و فاقد ژن *pvl* بودند، که نشانگر
سویه های کلاسیک بیمارستانی (ST239-
III) با مقاومت بالا است.

تحلیل دندروگرام MLVA نشان داد که برخی
خوشه ها با نوع SCCmec همپوشانی دارند
($p \approx 0.33$).