

بررسی فنوتیپ و ژنوتیپ مقاومت آمینوگلیکوزیدی در سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین جدا شده از عفونت‌های بیمارستانی

علی‌گودرزی^۱، محمدرضا ذوالفقاری^۲، محسن رضازاده^۳، علیرضا آموزنده نوباوه^۴، محمد ارجمندزادگان^۵، احسان‌اله غزنوی راد*^۶

تاریخ دریافت 1392/07/07 تاریخ پذیرش 1392/09/12

چکیده

پیش زمینه و هدف: آمینوگلیکوزیدها عوامل باکتری کش قدرتمندی هستند که اغلب به صورت ترکیبی همراه با بتالاکتام‌ها یا گلیکوپپتیدها در درمان عفونت‌های استافیلوکوکوس مصرف می‌شوند. هدف اصلی تحقیق حاضر بررسی فنوتیپ و ژنوتیپ مقاومت آمینوگلیکوزیدی در ایزوله‌های استافیلوکوکوس اورئوس جدا شده از عفونت‌های بیمارستانی است.

مواد و روش‌ها: طی مدت هشت ماه از ۹۸ ایزوله استافیلوکوکوس اورئوس جدا شده از نمونه‌های کلینیکی، ۵۳ مورد به عنوان MRSA ایزوله گردید. حساسیت این ایزوله‌ها نسبت به آمینو گلیکوزیدها به روش دیسک دیفیوژن بررسی و MIC تعیین گردید. در نهایت ژن‌های $\text{ant}(4')\text{-Ia}$ ، $\text{aph}(3')\text{-IIIa}$ ، $\text{aac}(6')\text{/aph}(2')$ با روش PCR ارزیابی شدند.

نتایج: ۲۶/۴ و ۷۷/۳ درصد ایزوله‌ها نسبت به جنتا میسین و نتیل میسین مقاوم بودند. بر طبق نتایج حاصل ۷۷/۳ درصد ایزوله‌ها دارای ژن $\text{aac}(6')\text{/aph}(2')$ و ۱۶/۹ درصد ایزوله‌ها دارای ژن $\text{aph}(3')\text{-IIIa}$ و ۱/۸ درصد ایزوله‌ها دارای ژن $\text{ant}(4')\text{-Ia}$ بودند. همچنین ۱۶/۹ درصد ایزوله‌ها دارای هر دو ژن $\text{aac}(6')\text{/aph}(2')$ و $\text{aph}(3')\text{-IIIa}$ بودند و ۱/۸ درصد ایزوله‌ها دارای هر سه ژن بودند.

نتیجه گیری: شیوع بالای ژن‌های مقاومت آمینوگلیکوزیدی و همچنین میزان بالای حداقل غلظت بازدارندگی رشد در ایزوله‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین در این بیمارستان نشان دهنده فشار انتخابی آنتی‌بیوتیکی ناشی از مصرف بالای آمینوگلیکوزیدها در این بیمارستان است و این نکته حائز اهمیت باید مورد توجه کمیته کنترل عفونت بیمارستان قرار گیرد.

واژگان کلیدی: استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین، مقاومت آمینوگلیکوزیدی، ژنوتیپ

مجله پزشکی ارومیه، دوره بیست و چهارم، شماره یازدهم، ص ۸۹۳-۸۸۳ بهمن ۱۳۹۲

آدرس مکاتبه: اراک، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی اراک، تلفن: ۰۹۱۸۶۹۲۸۲۳۷

Email: ghaznaviehs@yahoo.com

مقدمه

دهه ۸۰ میلادی میکروارگانسیم‌های گرم مثبت به خصوص استافیلوکوکوس اورئوس‌ها به عنوان یکی از عوامل اصلی عفونت‌های بیمارستانی مطرح هستند. در سال ۱۹۶۰ اولین

عفونت‌های بیمارستانی یک معضل جهانی هستند و عوامل متعددی در بروز این عفونت‌ها دخالت دارند. میکروارگانسیم‌های مختلفی عامل این عفونت‌ها هستند و از

^۱ دانشگاه آزاد اسلامی، واحد قم، گروه میکروبیولوژی، قم، ایران

^۲ دانشگاه آزاد اسلامی، واحد قم، گروه میکروبیولوژی، قم، ایران

^۳ گروه میکروب شناسی و ایمنی شناسی دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی اراک، اراک، ایران

^۴ گروه میکروب شناسی و ایمنی شناسی دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی اراک، اراک، ایران

^۵ گروه میکروب شناسی و ایمنی شناسی دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی اراک، اراک، ایران

^۶ استادیار گروه باکتری شناسی دانشکده پزشکی دانشگاه علوم پزشکی اراک ایران (نویسنده مسئول)

بیمارستانی می‌باشد این ارگانیزم عامل بیماری‌های شدید و مرگ‌ومیر در سراسر جهان است و در حال حاضر برخوردار از مقاومت چند دارویی است که درمان عفونت‌های ناشی از استافیلوکوکوس اورئوس را دچار مشکل نموده است (۱). به گونه‌ای که دستورالعمل موسسه استانداردهای آزمایشگاه‌های بالینی CLSI مقاومت به متی‌سیلین را ۳۵/۹ درصد در سال ۱۹۹۲ و ۶۴/۴ درصد در سال ۲۰۰۳ گزارش نموده است. این باکتری سبب ایجاد طیف وسیعی از بیماری‌ها از جمله اندوکاردیت، استئومیلیت، پنومونی، سندرم شوک سمی، کورک یا دمل و غیره می‌شود. مقاومت به متی‌سیلین مستقل از تولید آنزیم بتا لاکتاماز می‌باشد و شیوع آن در کشورها و در زمان‌های مختلف متفاوت می‌باشد. علت بروز این مقاومت آنتی‌بیوتیکی کسب ژن کروموزومی (mecA) در این سویه‌ها است که سویه‌های MRSA را به وجود می‌آورد. همچنین امروزه مقاومت چندگانه‌ای را نسبت به طیف وسیعی از آنتی‌بیوتیک‌ها از جمله بتالاکتام‌ها آمینوگلیکوزیدها، تتراسایکلین‌ها، فلوروکوئینولون‌ها و ماکرولیدها کسب نموده‌اند (۲).

بیمارستانی می‌باشد این ارگانیزم عامل بیماری‌های شدید و مرگ‌ومیر در سراسر جهان است و در حال حاضر برخوردار از مقاومت چند دارویی است که درمان عفونت‌های ناشی از استافیلوکوکوس اورئوس را دچار مشکل نموده است (۱). به گونه‌ای که دستورالعمل موسسه استانداردهای آزمایشگاه‌های بالینی CLSI مقاومت به متی‌سیلین را ۳۵/۹ درصد در سال ۱۹۹۲ و ۶۴/۴ درصد در سال ۲۰۰۳ گزارش نموده است. این باکتری سبب ایجاد طیف وسیعی از بیماری‌ها از جمله اندوکاردیت، استئومیلیت، پنومونی، سندرم شوک سمی، کورک یا دمل و غیره می‌شود. مقاومت به متی‌سیلین مستقل از تولید آنزیم بتا لاکتاماز می‌باشد و شیوع آن در کشورها و در زمان‌های مختلف متفاوت می‌باشد. علت بروز این مقاومت آنتی‌بیوتیکی کسب ژن کروموزومی (mecA) در این سویه‌ها است که سویه‌های MRSA را به وجود می‌آورد. همچنین امروزه مقاومت چندگانه‌ای را نسبت به طیف وسیعی از آنتی‌بیوتیک‌ها از جمله بتالاکتام‌ها آمینوگلیکوزیدها، تتراسایکلین‌ها، فلوروکوئینولون‌ها و ماکرولیدها کسب نموده‌اند (۲).

لذا با توجه به حضور مداوم و گسترش سویه‌های مقاوم به متی‌سیلین استافیلوکوکوس اورئوس در بیمارستان مرکزی آموزشی اراک که در بررسی‌های اولیه نسبت به آمینوگلیکوزیدها هم از خود مقاومت نشان داده‌اند و با تاکید بر نقش آمینوگلیکوزیدها در درمان ترکیبی عفونت‌های استافیلوکوکی هدف این تحقیق بررسی فنوتیپ و ژنوتیپ مقاومت نسبت به آمینوگلیکوزیدها و تعیین فراوانی ژن‌های *ant(4)-Ia*، *aph(3)-IIIa* و *aac(6)/aph(2)* که از مهم‌ترین عوامل مقاومت به آمینوگلیکوزیدها هستند در سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین جمع‌آوری شده از نمونه‌های بالینی است.

آمینوگلیکوزیدها اغلب به صورت ترکیب با بتالاکتام‌ها و گلیکوپپتیدها در درمان عفونت‌هایی مانند اندوکاردیت باکتریایی که توسط انتروکوک‌ها و استافیلوکوک‌ها ایجاد می‌شود کاربرد دارند. این آنتی‌بیوتیک‌ها با اتصال به زیر واحد ریبوزومی 30s باعث تداخل در سنتز پروتئین‌های باکتری می‌شوند. سه مکانیزم مقاومت شامل تغییر در جایگاه ریبوزومی اتصال دارو، کاهش در نفوذپذیری دارو و غیرفعال سازی آنزیمی دارو، مسئول مقاومت به آمینوگلیکوزیدها هستند. در این میان غیرفعال‌سازی آنزیمی آمینوگلیکوزیدها^۱ اصلی‌ترین مکانیزم مقاومت به این داروها در گونه‌های استافیلوکوکی است. این آنزیم به سه رده مختلف بر اساس فعالیت تغییر دهنده‌گی‌شان طبقه بندی می‌شوند که شامل آمینوگلیکوزید استیل ترانسفرازها^۲ آمینوگلیکوزیدفسفریل ترانسفرازها^۳ و آمینوگلیکوزید نوکلئوتیدیل ترانسفرازها^۴ هستند (۳). در میان کوکسی‌های گرم مثبتی چون استافیلوکوک‌ها، انتروکوک‌ها و استرپتوکوک‌ها پنج نوع از آنزیم‌های تغییردهنده آمینوگلیکوزیدها وجود دارد که از این بین سه آنزیم

مواد و روش‌ها

جمع‌آوری و تشخیص باکتری‌ها:

در یک مطالعه مقطعی^۵ ۹۸ ایزوله استافیلوکوکوس اورئوس، از نمونه‌های بالینی نظیر زخم، ریه، خون، مایع مغزی نخاعی، ادرار و مایع مفصل از بیمارستان ولی عصر (عج) اراک طی مدت هشت ماه (مهر ۱۳۹۰ لغایت اردیبهشت ۱۳۹۱) جمع‌آوری شد و سپس برای تعیین هویت ایزوله‌ها از رنگ‌آمیزی گرم و آزمون‌های بیوشیمیایی معمول نظیر آزمایش کاتالاز، کوآگولاز، ترمونوکلئاز مقاوم به حرارت و DNase استفاده شد و به این ترتیب ایزوله‌های گرم مثبت، کاتالاز مثبت، کوآگولاز مثبت و DNase مثبت به عنوان ایزوله‌های استافیلوکوکوس اورئوس شناسایی شدند (۵). در نهایت از تمامی ایزوله‌ها در محیط LB Broth تهیه شده از شرکت (Germany, Merck) حاوی ۲۰ درصد گلیسرول استوک (Glycerol stock) کشت ذخیره تهیه و در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد.

¹ Aminoglycosid-modifying enzymes: AMEX

² Aminoglycosid -acetyltransferase: AACs

³ Aminoglycosid- phosphotranferases: APHs

⁴ Aminoglycosid- Nucleotidytransferases: ANTs

⁵ cross sectional

جدول شماره (۱): تفکیک نمونه‌های MRSA بر اساس بخش بیمارستانی که نمونه از آن جدا شد

نمونه بخش	MRSA	خون	ریه	زخم	CSF	ادرار	مایع مفصل
ارتوپدی	۳ (۵۵٫۶٪)	۰	۰	۱	۰	۰	۲
اتاق عمل	۳ (۵۵٫۶٪)	۰	۱	۲	۰	۰	۰
عفونی	۱۹ (۳۵٫۸٪)	۴	۶	۷	۰	۲	۰
جراحی	۱۵ (۲۸٫۳٪)	۳	۴	۶	۰	۲	۰
ICU	۱۰ (۱۸٫۸٪)	۲	۲	۳	۲	۱	۰
نورولوژی							
اورژانس	۳ (۵۵٫۶٪)	۰	۰	۱	۰	۲	۰

برای تعیین مقاومت ایزوله‌ها به جنتامیسین از روش تعیین حداقل غلظت بازدارنده^۲ استفاده شد. در این روش (رقیق‌سازی در آگار: Agar dilution method) رقت‌های متوالی از صفر تا بیش از ۵۱۲ میکروگرم در میلی‌لیتر از آنتی‌بیوتیک مورد نظر که در این جا جنتامیسین می‌باشد (Germany, Merck) با غلظت ثابتی 10^4 cfu/spot (Colony-forming unit/spot) از سوسپانسیون باکتری که کدورت نهایی معادل $0/5$ مک فارلند را دارد در میکروپلیت مجاور می‌شود، بعد از ۲۴ ساعت انکوباسیون کدورت یا OD (Optical Density) چاهک‌ها با دستگاه الیزاریدر (Statfax USA) بررسی و با OD قبل از انکوباسیون مقایسه می‌شود و پایین‌ترین غلظتی که مانع از رشد باکتری شده باشد به عنوان MIC در نظر گرفته می‌شود و طبق تعریف $MIC \geq 16 \mu g/ml$ به عنوان سویه مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) در نظر گرفته شد (۶).

استخراج ژنوم:

برای استخراج DNA از ایزوله‌های استافیلوکوکوس اورئوس از کیت‌های استخراج (Bioflux) ساخت کشور کره جنوبی استفاده شد.

تایید ژنتیکی ایزوله‌ها:

برای تایید از یک پرایمر Sa442 به عنوان مارکر ژنتیکی استافیلوکوکوس اورئوس استفاده گردید، سپس بررسی از نظر وجود ژن *mecA* به عنوان مارکر ژنتیکی استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) بروی تمامی ایزوله به روش PCR صورت گرفت. برای اطمینان از درست بودن کار در آزمایش‌های PCR و الکتروفورز از نمونه استاندارد ATCC25923 به عنوان کنترل مثبت برای سویه استافیلوکوکوس اورئوس و همچنین از

تعیین استافیلوکوکوس‌های مقاوم به متی‌سیلین (MRSA):

برای تعیین سویه‌های MRSA ابتدا از روش انتشار دیسک بر روی آگار استفاده شد. جهت تشخیص فنوتایپی ایزوله‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین از دیسک ۳۰ میلی‌گرمی سفوکسیتین و اگزاسیلین ۱ میلی‌گرمی (Mast UK) طبق دستورالعمل CLSI استفاده گردید. در صورتی که قطر هاله ایجاد شده نسبت به دیسک اگزاسیلین بیشتر از ۲۱ میلی‌متر (< 21) و نسبت به دیسک سفوکسیتین (< 13) بیشتر از ۱۳ میلی‌متر بود نمونه را به عنوان استافیلوکوکوس اورئوس حساس به متی‌سیلین (MSSA)، و در صورتی که قطر هاله نسبت به دیسک اگزاسیلین کمتر از ۲۱ میلی‌متر (> 21) و نسبت به دیسک سفوکسیتین کمتر از ۱۳ میلی‌متر (< 13) بود نمونه استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) در نظر گرفته شد (۶).

تعیین حساسیت آنتی‌بیوتیکی ایزوله‌ها:

برای تعیین مقاومت ایزوله‌ها نسبت به خانواده آمینوگلیکوزیدی حساسیت آن‌ها نسبت به جنتامیسین و نتیل میسین از خانواده آمینوگلیکوزیدها مطابق روش انتشار از دیسک کربی - بائر^۱ با استفاده از دیسک‌های آنتی‌بیوتیک (Mast UK) و با رعایت استانداردهای (Clinical and Laboratory Institute) (۶)، بر روی ۱۵۳ ایزوله استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین صورت گرفت.

سپس قطر ناحیه مهار رشد باکتری اندازه‌گیری شد و پس از مقایسه با جدول استاندارد ایزوله‌ها به سه صورت مقاوم، نیمه حساس و حساس دسته بندی شدند.

تعیین MIC به روش میکرو دایلوژن برات برای جنتامیسین:

² Minimum Inhibitory Concentration: MIC

¹ Kirby-Bauer Disk Diffusion Method

اهمیت بالینی و درمانی برخوردارند از سه جفت پرایمر اختصاصی (ژن فن‌آوران، ایران) که در سال ۲۰۰۶ توسط Nurittin و همکاران به کار برده شده استفاده گردید واکنش PCR برای ۵۳ ایزوله MRSA صورت گرفت. برای اطمینان از درست بودن کار در آزمایش‌های PCR و الکتروفورز از نمونه استاندارد ATCC۴۳۳۰۰ به‌عنوان کنترل مثبت برای ژن‌های مقاومت آمینوگلیکوزیدی استفاده گردید(۸).

نمونه استاندارد ATCC۷۰۰۶۹۸ به عنوان کنترل مثبت برای سویه‌های MRSA استفاده شد(۷).
واکنش PCR:
برای تکثیر ژن‌های ant(4')-Ia , aph(3')-IIIa و aac(6')/aph(2') که از شایع‌ترین آنزیم‌های تغییردهنده در گونه‌های مختلف استافیلوکوک‌ها هستند و همچنین سبب غیرفعال‌سازی آنتی‌بیوتیک‌های آمینوگلیکوزیدی می‌شوند که از

جدول شماره (۲): توالی آغازگرهای مورد استفاده به همراه اندازه محصولات قطعات PCR

منابع	سایز	توالی	ژن
			Sa442
		:F	
۷		AATCTTTGTCGGTACACGATATTCTTCACG	
	۱۰۸	:R	
		CGTAATGAGATTTTCAGTAGATAATAACAACA	
		:F	mecA
۸		TCCAGATTACAACCTCACCAGG	
	۱۶۲	:R	
		CCACTTCATATCTTGTAACG	
		:F	aac(6')/aph(2')
۸		GAA GTA CGC AGA AGA GA	
	۴۹۲	:R	
		ACA TGG CAA GCT CTA GGA	
		:F	aph(3')-IIIa
۸		AAA TAC CGC TGC GTA	
	۲۴۲	:R	
		CAT ACT CTT CCG AGC AA	
		:F	ant(4')-Ia
۸		AAT CGG TAG AAG CCC AA	
	۱۳۵	:R	
		GCA CCT GCC ATT GCT A	

الکتروفورز با استفاده از ژل آگارز ۱درصد از یکدیگر جدا شدند و سپس در زیر نور ماورا بنفش در طول موج ۲۶۰ نانومتر توسط دستگاه ترنس ایلو میناتور مشاهده شدند. برای تعیین اندازه محصولات از یک نشانگر مولکولی ۱۰۰ جفت بازی(سینا کلون، ایران) استفاده شد.

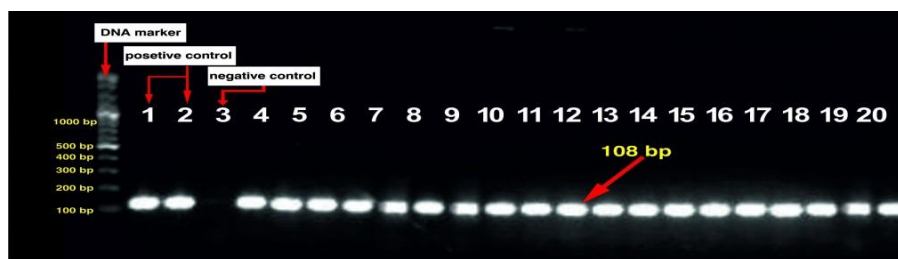
مخلوط نهایی واکنش در حجم نهایی ۵۰ میکرولیتر: شامل ۰/۱ میکرولیتر از غلظت ۱۰۰ میکرومولار هر آغازگر، ۲۵ میکرولیتر مسترمیکس و ۲ میکرولیتر DNA الگو که با ۲۲/۸ میکرولیتر آب دیونیزه به ۵۰ میکرولیتر رسید. برنامه دستگاه ترموسایکلر در جدول شماره ۳ آمده است(۸،۷). محصولات PCR توسط

جدول شماره (۳): مراحل واکنش PCR برای شناسایی ژن‌های مقاومت آمینوگلیکوزیدی و Sa442 و mecA

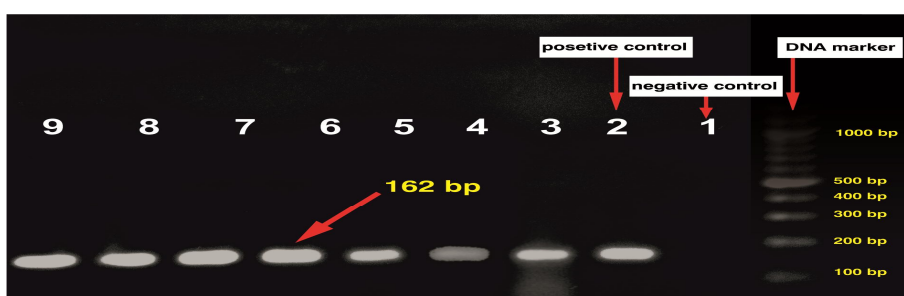
تکثیر نهایی	تکثیر	اتصال	واسرشتگی	واسرشتگی اولیه	پرایمر
۷۲ °C- ۵min	۷۲ °C - ۳۰s	۵۵ °C - ۳۰s	۹۵ °C - ۳۰ s	۹۶ °C - ۳min	Sa442
					Cycle
۷۲ °C- ۴min	۷۲ °C - ۱min	۵۳ °C - ۳۰s	۹۴ °C - ۳۰s	۹۵ °C - ۴min	mecA
					۳۰cycle
۷۲ °C- ۷min	۷۲ °C - ۱min	۵۴ °C - ۱min	۹۵ °C - ۲min	۹۵ °C - ۵min	aac(6)/aph(2')
					۳۰Cycle
۷۲ °C- ۷min	۷۲ °C - ۱min	۵۴ °C - ۱min	۹۵ °C - ۲min	۹۵ °C - ۵min	aph(3')-IIIa
					۳۰Cycle
۷۲ °C- ۷min	۷۲ °C - ۱min	۵۴ °C - ۱min	۹۵ °C - ۲min	۹۵ °C - ۵min	ant(4')-Ia
					۳۰Cycle

نتایج

از ۹۸ ایزوله بالینی مورد بررسی ۵۳ ایزوله به روش فنوتیپی به عنوان MRSA شناسایی شدند که تمامی این ۵۳ ایزوله از نظر وجود ژن mecA و sa44 مثبت شناسایی گردیدند.



شکل شماره (۱): الکتروفورز ژل آگاروز ۱ درصد برای محصول تکثیر یافته ژن Sa442 (قطعه ۱۰۸ جفت بازی) به وسیله PCR ردیف ۱: کنترل مثبت ATCC 25923 ردیف ۲: کنترل مثبت ATCC ۷۰۶۹۸ ردیف ۳: کنترل منفی ردیف ۴ تا ۲۰: سویه‌های بالینی



شکل شماره (۲): الکتروفورز ژل آگاروز ۱ درصد برای محصول تکثیر یافته ژن mecA (قطعه ۱۶۲ جفت بازی) به وسیله PCR ردیف ۱: کنترل منفی ردیف ۲: کنترل مثبت ATCC ۷۰۶۹۸ ردیف ۳ تا ۹: سویه‌های بالینی

مقاومت آمینوگلیکوزیدی با استفاده از روش آنتی‌بیوگرام بررسی گردید که از ۵۳ ایزوله MRSA مورد مطالعه تعداد ۱۴ ایزوله

حساسیت ایزوله‌های استافیلو کوکوس اورئوس نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های جنتامیسین و نتیل میسین به عنوان شاخص

ایزوله‌ها فنوتیپ مقاومت سطح بالا نسبت به جنتا مایسین (High-) MIC بیشتر یا مساوی ۱۲۸ میکرو گرم در میلی لیتر نشان دادند، که از این بین ۲۴/۳ درصد ایزوله‌ها MIC برابر ۵۱۲ میکرو گرم در میلی لیتر، ۷/۳ درصد ایزوله‌ها MIC برابر ۲۵۶ میکرو گرم در میلی لیتر و ۹/۷ درصد ایزوله‌ها MIC برابر ۱۲۸ میکرو گرم در میلی لیتر داشتند.

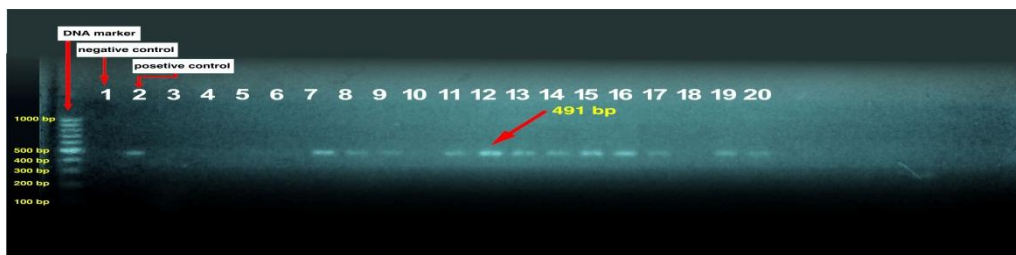
(۲۶/۴ درصد) مقاوم به نتیل مایسین، ۴۱ ایزوله (۷۷/۳ درصد) مقاوم به جنتا مایسین بودند و تعداد ۱۴ ایزوله (۲۶/۴ درصد) مقاومت به هر دو آنتی‌بیوتیک را دارا بودند.

نتایج تعیین MIC که به روش میکرو دایلوژن برات با استفاده از پودر آنتی‌بیوتیکی جنتا مایسین برای ۴۱ ایزوله مقاوم به جنتا مایسین صورت گرفت نشان داد که ۷۵/۳ درصد سویه‌ها نسبت به جنتا مایسین مقاومت نشان دادند، همچنین ۴۱/۳ درصد

جدول شماره (۴): نتایج تعیین MIC ایزوله‌ها نسبت به جنتا مایسین

MIC	MIC \geq 16 $\mu\text{g/ml}$	MIC \geq 32 $\mu\text{g/ml}$	MIC \geq 64 $\mu\text{g/ml}$	MIC \geq 128 $\mu\text{g/ml}$	MIC \geq 256 $\mu\text{g/ml}$	MIC \geq 512 $\mu\text{g/ml}$
۴۱ ایزوله مقاوم	۱۴/۶٪	۷/۳٪	۲/۱٪	۹/۷٪	۷/۳٪	۲۴/۳٪
به جنتا مایسین	(۱۶ ایزوله)	(۳ ایزوله)	(۵ ایزوله)	(۱۴ ایزوله)	(۳ ایزوله)	(۱۰ ایزوله)

فراوانی ژن‌های *ant(4)-Ia*, *aph(3)-IIIa* و *aac(6)/aph(2)* برای ۵۳ ایزوله MRSA به روش PCR تعیین شد. بر طبق نتایج حاصل ۱۴ ایزوله (۷۷/۳ درصد) دارای ژن *aac(6)/aph(2)* و ۹ ایزوله (۱۶/۹ درصد) دارای ژن *aph(3)-IIIa* و ۱۱ ایزوله (۱/۸ درصد) دارای ژن *ant(4)-Ia* بودند. همچنین ۹ ایزوله (۱۶/۹ درصد) دارای هر دو ژن *aac(6)/aph(2)* و *aph(3)-IIIa* بودند و ۱۱ ایزوله (۱/۸ درصد) دارای هر سه ژن بود.



شکل شماره (۳): الکتروفورز ژل آگاروز ۱ درصد برای محصول تکثیر یافته ژن *aac(6)/aph(2)* (قطعه ۴۹۱ جفت بازی) به وسیله PCR ردیف ۱: کنترل منفی ردیف ۲: کنترل مثبت ATCC ۴۳۳۰۰ ردیف ۲ تا ۲۰: سویه‌های بالینی



شکل شماره (۴): الکتروفورز ژل آگاروز ۱ درصد برای محصول تکثیر یافته ژن *aph(3)-IIIa* (قطعه ۲۴۲ جفت بازی) به وسیله PCR ردیف ۱: کنترل منفی ردیف ۲: کنترل مثبت ATCC 43300 ردیف ۲ تا ۲۰: سویه‌های بالینی



شکل شماره (۵): الکتروفورز ژل آگاروز ۱ درصد برای محصول تکثیر یافته ژن 'ant(4)-Ia' (قطعه ۱۳۵ جفت بازی) به وسیله PCR ردیف ۱-کنترل مثبت ATCC43300 ردیف ۲-کنترل منفی ردیف ۲ تا ۲۳ سوبه‌های کلینیکی

بحث

همسایه در خاور میانه (بجز عراق) نشان دهنده این است که میزان شیوع استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) در منطقه استان مرکزی بالاتر است (۱۱). ولی در مقایسه با گزارش‌های بین‌المللی شیوع MRSA در این مطالعه با میزان شیوع MRSA در کشورهای آرژانتین و مکزیک و آمریکای لاتین مساوی است. ولی از کشور استرالیا بالاتر می‌باشد، اما از میزان شیوع در ایالات متحده آمریکا کمتر است. عواملی که می‌تواند بر روی میزان شیوع استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) در کشورهای مختلف مؤثر باشد شامل سیاست‌های مختلف در اجرا برنامه کنترل عفونت، میزان و چگونگی تجویز آنتی‌بیوتیک، جمعیت، نوع یا تایپ سوبه غالب و در نهایت به نوع متدولوژی آزمایشگاهی جهت تشخیص استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) بستگی دارد (۱۲).

آمینو گلیکوزیدها با وجود داشتن سمیت کلیوی و سمیت شنوایی و مشکلاتی که در ارتباط با افزایش مقاومت میکروارگانیسم‌ها نسبت به این داروها وجود دارد هم چنان در درمان عفونت‌های جدی استافیلوکوکی با اهمیت می‌باشند و نقش مؤثری را در درمان و پیشگیری عفونت‌های ناشی از استافیلوکوک‌ها دارا هستند. مهارکننده‌های سنتز دیواره سلولی مانند بتالاکتام‌ها، انتقال آمینوگلیکوزیدها را افزایش می‌دهند، بنابراین سبب افزایش اثرگذاری آمینوگلیکوزیدها می‌شوند. آمینوگلیکوزیدها ویژگی‌های متعددی دارند که می‌توان به فعالیت باکتری کشی وابسته به غلظت، اثر پس از مصرف آنتی‌بیوتیک^۱ و آثار هم افزایی با دیگر آنتی‌بیوتیک‌ها نظیر بتالاکتام‌ها و گلیکو پپتیدها اشاره کرد. معمول‌ترین مکانیسم مقاومت به آمینوگلیکوزیدها در استافیلوکوک‌ها تغییر و اصلاح آن‌ها توسط آنزیم‌های تغییر دهنده آمینوگلیکوزیدها است به صورتی که این آنتی‌بیوتیک‌ها دیگر توانایی اتصال به ریبوزوم را ندارند. ژن‌های کد

استافیلوکوک اورئوس یکی از مهم‌ترین عوامل عفونت در جامعه بوده و یکی از مشکلات اساسی سلامت جامعه در دنیا مقاومت دارویی است. بروز مقاومت به آنتی‌بیوتیک‌های مختلف در سوبه‌های استافیلوکوکوس اورئوس مشکلات فراوانی در بیماری‌های ناشی از این ارگانیسم در نقاط مختلف جهان از جمله ایران ایجاد کرده است. جهت درمان مناسب و کنترل عفونت‌های بیمارستانی نیاز به دانستن الگوی مقاومت استافیلوکوکوس اورئوس می‌باشد. به نظر می‌رسد همه گیرشناسی استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) در حال تغییر باشد، به طوری که موارد MRSA جدا شده، دیگر به بیماران بستری در بیمارستان‌ها یا افراد با عوامل خطر زمینه‌ای محدود نمی‌شود. با این حال هنوز مشخص نشده است که سوبه‌های MRSA در جامعه، نوظهور هستند یا از عواقب تحصیل افقی ژن مقاومت به متی‌سیلین (موسوم به *mecA*) می‌باشند (۹).

عسگری و همکاران در سال ۲۰۱۲ مقاله مروری منتشر کردند که در آن شیوع استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) را در کلیه مقالات منتشر شده در ایران بررسی نمودند. بر طبق یافته‌های این تحقیق تاکنون ۲۶۹۰ مقاله و یا خلاصه مقاله در ارتباط با MRSA در ایران منتشر شده است که در این مقالات ۷۴۶۴ نمونه استافیلوکوکوس اورئوس مورد بررسی ژنتیکی (*mecA*) قرار گرفته است. بر طبق تحقیق صورت گرفته شیوع MRSA از ۲۰-۹۰ درصد متفاوت بوده است ولی میانگین شیوع آن در تهران ۵۲ درصد یافت گردید (۱۰). نتایج این تحقیق نیز نشان داد که شیوع استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) در بیمارستان مرکزی آموزشی ولیعصر (عج) اراک به سطح ۵۴ درصد رسیده است. مصرف بی رویه آنتی‌بیوتیک‌ها در جامعه و اختلافات سطح اجتماعی و اقتصادی مردم ساکن در این منطقه می‌تواند دلایل میزان شیوع بالای MRSA باشد. مقایسه شیوع MRSA در این مطالعه با کشورهای

^۱ Post-antibiotic effect: PAE

ایزوله بالینی صورت گرفت، ژن ant(4')-Ia با فراوانی ۸۴/۵ درصد بیشترین شیوع را داشت و ژن‌های aph(3')-IIIa و aac(6')/aph(2') هر کدام با فراوانی ۶۱/۷ درصد و ۸/۹ درصد در کل ایزوله‌ها شناسایی شد اما در این تحقیق نتایج متفاوتی با آنچه اشاره شد به دست آمد به طوری که ژن ant(4')-Ia بیشترین فراوانی را داشته است پس می‌توان نتیجه‌گیری کرد که ژن‌های مختلف ایجاد کننده مقاومت آمینوگلیکوزیدی می‌توانند در کلون‌های مختلف MRSA در مناطق جغرافیایی مختلف متفاوت باشند (۱۷).

آقای یادگار در سال ۸۷ شیوع ژن ant(4)-Ia را در میان ایزوله‌های بالینی استاف اورئوس مقاوم به متی‌سیلین به روش PCR را انجام داده و مشخص نمود با این روش ۵۸ درصد سویه‌ها از نظر ژن ant(4)Ia مثبت بوده‌اند (۱۸). در تحقیق فوق ژن ant(4)-Ia بیشترین فراوانی را داشت در حالی که در مطالعات ما ژن aac(6')/aph(2') بیشترین فراوانی را داشت، شاید بتوان نتیجه گرفت که ژن aac(6')/aph(2) میزان مقاومت آمینوگلیکوزیدی بیشتری را کد می‌کند. همچنین در منطقه جغرافیایی مثل ایران در استان‌های مختلف، ژن‌های متفاوتی می‌توانند علت بروز مقاومت باشند که می‌تواند بیانگر این مسئله باشد که مصرف آنتی‌بیوتیک‌های مختلف از خانواده آمینوگلیکوزید و همچنین مدت زمان استفاده در بیماران مختلف، شاید به نوعی در بیان ژن‌های مقاومت تأثیر داشته باشد. یا باکتری اولیه که در آن منطقه وارد شده حاوی کدام دسته از ژن‌ها بوده که می‌توان از روش‌هایی چون PFGE جهت دستیابی به این تفاوت‌ها و شباهت‌ها استفاده نمود.

بنابراین با توجه به افزایش شیوع مقاومت نسبت به آمینوگلیکوزیدها به موازات مصرف بالینی بیش از اندازه و بی‌رویه این داروها و افزایش سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین تشخیص سریع و به موقع سویه‌های مقاوم به منظور انتخاب گزینه‌های درمانی مناسب و جلوگیری از گسترش مقاومت امری ضروری به نظر می‌رسد.

نتیجه گیری

شیوع واقعی MRSA وابستگی زیادی به ناحیه جغرافیایی دارد بنابراین عاقلانه است که به دلیل تغییر الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی در استافیلوکوکوس اورئوس، بررسی‌های دوره‌ای این تغییرات هر ۳ تا ۴ سال یک‌بار انجام گیرد که ما باور داریم که در حال حاضر یک فرصت مداخله مؤثر در محدود کردن شیوع سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) در سطح مراکز بهداشتی وجود دارد اما به طور قطع این فرصت در آینده وجود نخواهد داشت.

کننده این آنزیم‌ها یا روی پلاسمیدها یا روی کرموزوم قرار دارند (۱۳).

مقاومت به نئوماکسین، توبراماکسین، آمیکاسین جنتامایسن و کانامایسن در استافیلوکوک‌ها توسط آنزیم ANT(4)-I که به وسیله ژن ant(4')-Ia کد می‌شود واسطه‌گری می‌شود، این ژن اغلب روی پلاسمیدهای کوچک حمل می‌شود که این پلاسمیدها سپس به درون پلاسمیدهای کانژوگاتیوی (Conjugative) مانند pSA41 و در نهایت درون منطقه mec از کرموزوم‌های استافیلوکوکوس اورئوس که احتمالاً نتیجه حوادث نوترکیبی واسطه‌گری شده توسط IS2576 (IS257-mediated recombination events) است الحاق می‌شوند. پلاسمید pUB110 که ژن ant(4')-Ia را حمل می‌کند درون SSCmec الحاق شده است همچنین پلاسمید الحاقی حمل کننده ترانس پوزون Tn4001 که کد کننده ژن aac(6')/aph(2') هستند در SCCmec IVc گزارش شده‌اند (۱۴).

مطالعات متعددی ارتباط بین مقاومت به آمینو گلیکوزیدها و مقاومت به متی‌سیلین را نشان داده‌اند. نتایج مطالعات انجام شده در سایر کشورها نشان داد که ژن aac(6')/aph(2') فراوان‌ترین ژن کد کننده آنزیم‌های AME در ایزوله‌های بالینی MRSA در کشورهای اروپایی است. همچنین طی مطالعه‌ای که توسط چوی و همکاران در سال ۲۰۰۳ در کره جنوبی انجام شد نتایج مشابهی بدست آمد به این صورت که ژن aac(6')/aph(2') با فراوانی ۶۵ درصد شایع‌ترین ژن در میان ایزوله‌های مورد مطالعه بود و بعد از آن ژن‌های ant(4')-Ia و aph(3')-IIIa به ترتیب با فراوانی ۴۱ درصد و ۹ درصد شناسایی شدند (۱۵). نتایج به دست آمده در این تحقیق نیز حاکی از شیوع بالای ژن aac(6')/aph(2') نسبت به دو ژن ant(4')-Ia و aph(3')-IIIa می‌باشد.

همچنین طی مطالعه‌ای که توسط فتح‌اله‌زاده و همکاران در سال ۲۰۰۹ در ایران صورت گرفت با استفاده از روش PCR فراوانی ژن‌های AME تعیین و به این صورت گزارش شد که ژن aac(6')/aph(2') با فراوانی ۸۳ درصد دارای بیشترین شیوع پس از آن ژن‌های aph(3')-IIIa و ant(4')-Ia هر کدام به ترتیب با فراوانی ۷۱ و ۲۶ درصد در کل ایزوله‌ها شناسایی شدند (۱۶). نتایج تحقیق فتح‌اله‌زاده با مطالعه‌ای صورت گرفته طی این تحقیق مطابقت دارد، پس می‌توان نتیجه‌گیری نمود که این ژن هم اکنون ژن غالب کد مقاومت آمینوگلیکوزیدی با درجه بالا در بیمارستان‌های منطقه مرکزی ایران می‌باشد.

همچنین در سال ۲۰۰۱ ایدا (Ida) و همکاران طی تحقیقی که در ژاپن انجام دادند نتایج متفاوتی با آنچه که در کشورهای اروپایی به دست آمده بود گرفتند. در این بررسی که روی ۳۸۱

همچنین کمیته کنترل عفونت بیمارستانی نیز باید اقدامات مداخله‌ای مناسبی را در جهت کنترل تجویز آنتی‌بیوتیک‌ها اتخاذ نموده و علاوه بر این با بهبود فرایندهای بهداشتی از گسترش این سویه‌های مقاوم جلوگیری نماید.

همچنین با توجه به نقش مؤثر آمینوگلیکوزیدها به صورت ترکیبی با سفالوسپورین‌ها جهت درمان عفونت‌های ناشی از استافیلوکوکوس اورئوس این آنتی‌بیوتیک‌ها از اهمیت بسزایی در بیمارستان برخوردار می‌باشند لذا بررسی مقاومت در آن‌ها می‌تواند راه مؤثری جهت انتخاب درمان مناسب در این گونه‌ها عفونت‌ها باشد.

References:

1. Askarian M, Zeinalzadeh A, Japoni A. Prevalence of nasal carriage of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and its antibiotic susceptibility pattern in healthcare workers at Namazi Hospital, Shiraz, Iran. *IJID* 2009; 13: 241-7.
2. Novick PR, Schelievert P, Ruzin A. Pathogenicity and resistance islands of staphylococci. *Microbes Infect* 2001; 3(7): 585-94.
3. Mingeot-Leclercq MP, Glupczynski Y, Tulkens PM. Aminoglycosides: activity and resistance. *Antimicrob Agents Chemother* 1999 ; 43(4): 727-37.
4. Ida T, Okamoto R, Shimauchi C, Okubo T, Kuga A, Inoue M. Identification of aminoglycoside-modifying enzymes by susceptibility testing: epidemiology of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* in Japan. *J Clin Microbiol* 2001; 39(9): 3115-21.
5. MacFadin JF. Biochemical tests for identification of medical bacteria. Philadelphia: Lippincott, Williams and Wilkins; 2000.
6. Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) Performance standards for antimicrobial susceptibility testing; 17th informational supplement, CLSI document M100-S20. CLSI, Wayne, PA; 2010.
7. Martineau F, Picard FJ, Roy PH, Ouellette M, Bergeron MG. Species-specific and ubiquitous-DNA-based assays for rapid identification of *Staphylococcus aureus*. *J Clin Microbiol* 1998;36(3):618-23.
8. Ardic N, Sareyyupoglu B, Ozyurt M, Haznedaroglu T, Ilga U. Investigation of aminoglycoside modifying enzyme genes in methicillin-resistant staphylococci. *Microbiol Res* 2006;161(1):49-54.
9. Salmenlinna S, Lyytikäinen O, Vuopio-Varkila J. Community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, Finland. *Emerging Infect Dis* 2002;8(6):602-7.
10. Askari E, Soleymani F, Arianpoor A, Tabatabai SM, Amini A, Naderinasab M. Epidemiology of mecA-Methicillin Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in Iran: A Systematic Review and Meta-analysis. *Iran J Basic Med Sci* 2012;15(5):1010-9.
11. Grundmann H, Aires-de-Sousa M, Boyce J, Tiemersma E. Emergence and resurgence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* as a public-health threat. *Lancet* 2006;368(9538):874-85.
12. Simor AE, Loeb M. Epidemiology of healthcare-associated *Staphylococcus aureus* infections. In: Crossley KB, Jefferson KK, Archer GL, Fowler VG, editors. *Staphylococci in Human Disease*. 2nd ed. Oxford, UK: Wiley-Blackwell; 2009. P. 290-309.
13. Chandrakanth PK, Raju S, Patil SA. Aminoglycoside- resistance mechanisms in multidrug – resistant *Staphylococcus aureus* clinical isolates. *Curr Microbiol* 2008; 56(6): 558-62.
14. Stewart PR, Dubin DT, Chikramane SG, Inglis B, Matthews PR, Poston SM. IS257 and small plasmid insertions in the mec region of the

- chromosome of *Staphylococcus aureus*. *Plasmid* 1994; 31(1): 12-20.
15. Choi SM, Kim SH, Kim HJ, Lee DG, Choi JH, Yoo JH, Kang JH, et al. Multiplex PCR for the Detection of genes encoding aminoglycoside modifying enzymes and methicillin resistance among *Staphylococcus*.
 16. Fatholahzadeh B, Emaneini M, Feizabadi MM, Sedaghat H, Aligholi M, Taherikalani M, et al. Characterisation of genes encoding aminoglycoside-modifying enzymes among methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from two hospitals in Tehran, Iran. *Int J Antimicrob Agents* 2009;33(3):264-5.
 17. Ida T, Okamoto R, Shimauchi C, Okubo T, Kuga A, Inoue M. Identification of aminoglycoside-modifying enzymes by susceptibility testing: epidemiology of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Japan. *J Clin Microbiol* 2001;39(9):3115-21.
 18. Yadegar A, Sattari M, Mozafari NA, Goudarzi GR. Prevalence of the genes encoding aminoglycoside-modifying enzymes and methicillin resistance among clinical isolates of *Staphylococcus aureus* in Tehran, Iran. *Microb Drug Resist* 2009;15(2):109-13.

PHENOTYPIC AND GENOTYPIC DETERMINATION OF AMINOGLYCOSIDE RESISTANCE IN METHICILLIN RESISTANT *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* ISOLATED FROM NOSOCOMIAL INFECTIONS

Ali Guodarzi¹, Mohammad Reza Zolfaghari², Mohsen Rezazadeh³, Alireza Amouzandeh-Nobaveh⁴,
Mohammad Arjmandzadegan⁵, Ehsanollah Ghaznavi-Rad^{6*}

Received: 30 Sep , 2013; Accepted: 3 Dec , 2013

Abstract

Background & Aims: Aminoglycosides are powerful bactericidal agents used in combination with betalactams or gelicopeptids, particularly in the treatment of staphylococcal infections. The main objective of this study was to investigate phenotypic and genotypic properties of aminoglycoside resistance in methicillin resistant *S. aureus*.

Materials & Methods: During 8 months, out of 98 *Staphylococcus* isolates recovered from clinical samples, 53 cases were identified as MRSA. The sensitivity of these isolates to aminoglycosides investigated through disk diffusion method and MIC is determined. Presence of ant (4')-Ia, aph(3')-IIIa and aac(6')/aph(2') genes were investigated through PCR method.

Results: 77.3 and 26.4 percent of isolates were resistant to gentamicin and netilmicin, respectively. According to the PCR result, 77.3 percent of isolates have aac(6')/aph(2') genes, 16.9 percent have aph(3')-IIIa genes and 1.8 percent of them have ant(4')-Ia genes. 16.9 percent of isolates have both aac(6')/aph(2') and aph(3')-IIIa and 1.8 have all three kinds of genes.

Conclusions: High MIC levels to aminoglycosides and high prevalence of aminoglycosides resistant genes were determined in *S. aureus* isolated from different wards indicates the aminoglycosides selection pressure resulted from high consumption of aminoglycosides in this hospital, which is an important point to be considered in the infection control policy.

Keywords: MRSA, Aminoglycoside resistance, Genotype

Address: Department of Medical Microbiology, Faculty of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran **Tel:** 09186928237

Email: ghaznaviehs@yahoo.com

SOURCE: URMIA MED J 2014; 24(11): 893 ISSN: 1027-3727

¹ Department of Microbiology, Islamic Azad University, Qom Branch, Qom, Iran

² Department of Microbiology, Islamic Azad University, Qom Branch, Qom, Iran

³ Department of Medical Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran

⁴ Department of Medical Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran

⁵ Department of Medical Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran

⁶ Assistant Professor, Department of Medical Microbiology, Faculty of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, Iran (Corresponding Author)