



ระบบวิทยาของเชื้อ methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* โดยวิธี coagulase gene polymorphism

Epidemiologic Study of methicillin-resistant
Staphylococcus aureus by Coagulase Gene
 Polymorphism



การวิจัยนี้ได้รับทุนอุดหนุนจากมหาวิทยาลัยหัวเฉียวเฉลิมพระเกียรติ
 ปีการศึกษา 2546

ชื่อเรื่อง	ระบบวิทยาของเชื้อ methicillin-resistant <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA) โดยวิธี coagulase gene polymorphism
ผู้วิจัย	อสยา จันทร์วิทยานุธิติ, สมหญิง งามอุรุเลิศ, พรทิพย์ พึ่งม่วง, วัชรินทร์ รังษีภานุรัตน์
สถานที่	มหาวิทยาลัยหัวเฉียวเฉลิมพระเกียรติ
ปีที่พิมพ์	2548
สถานที่พิมพ์	มหาวิทยาลัยหัวเฉียวเฉลิมพระเกียรติ
แหล่งที่เก็บรายงานฉบับสมบูรณ์	มหาวิทยาลัยหัวเฉียวเฉลิมพระเกียรติ
จำนวนหน้างานวิจัย	57 หน้า
คำสำคัญ	ระบบวิทยา, methicillin-resistant <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), antibiogram, coagulase gene typing, polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP)
ลิขสิทธิ์	มหาวิทยาลัยหัวเฉียวเฉลิมพระเกียรติ

บทคัดย่อ

ศึกษาระบบวิทยาของเชื้อ methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) จำนวน 129 สายพันธุ์ ที่แยกได้จากผู้ป่วยที่เข้ารับการรักษาตัวในโรงพยาบาลทั้งสิ้น 17 แห่ง 4 ภูมิภาคได้แก่ ภาคกลาง ภาคเหนือ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือและภาคตะวันออก ในช่วงเดือนพฤษภาคม 2546 ถึงเดือนมีนาคม 2547 โดยวิธี antibiogram, coagulase gene typing และวิธี polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) พน coagulase gene type I, II, III, IV ที่มี PCR product ขนาด 492 ± 20 , 654 ± 20 , 735 ± 20 และ 816 ± 20 base pair คิดเป็นร้อยละ 1.5, 2.3, 82.2 และ 14 ตามลำดับ พน PCR-RFLP 4 pattern ได้แก่ A, B, C, D ที่มีขนาดของ PCR product ที่ถูกตัดด้วยเอนไซม์ AluI ดังนี้ PCR-RFLP pattern A มีขนาด 220 ± 20 , 220 ± 20 , 81 base pair, PCR-RFLP pattern B มีขนาด 400 ± 20 , 220 ± 20 , 81 base pair, PCR-RFLP pattern C มีขนาด 420 ± 20 , 220 ± 20 , 81 base pair และ PCR-RFLP pattern D มีขนาด 510 ± 20 , 220 ± 20 , 81 base pair ซึ่งมีจำนวนร้อยละที่พบสอดคล้องกันกับวิธี coagulase gene typing และจากการทดสอบความไวของเชื้อต่อสารต้านจุลชีพ 10 ชนิด สามารถจำแนกเชื้อตามแบบแผนการต้อยา (antibiogram) ได้ทั้งสิ้น 9 แบบแผน โดยพน antibiogram 1,2 มากที่สุด จากการศึกษาที่ให้เห็นว่าเชื้อ methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) สายพันธุ์ที่เป็น antibiogram 1-2, coagulase gene type III, PCR-RFLP pattern C เป็นสายพันธุ์ที่มีการแพร่ระบาด (epidemic strain) ส่วนสายพันธุ์อื่นๆ ที่เหลือจะเป็นสายพันธุ์ที่มีการระบาดนานๆ ครั้ง (sporadic strain)

Research Title Epidemiologic study of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) by coagulase gene polymorphism

Researchers Isaya Janwithayanuchit, Somying Ngam-urulert, Porntip Puengmueng, Watcharin Rangsipanuratn

Institution Huachiew Chalermprakiet University

Year of Publication 2005

Publisher Huachiew Chalermprakiet University

Sources Huachiew Chalermprakiet University

No. of Pages 57 pages

Keywords epidemiologic study, methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), antibiogram, coagulase gene typing, polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP)

Copyright Huachiew Chalermprakiet University

ABSTRACT

Epidemiologic study of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolates were determined by antibiogram, coagulase gene typing and polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP). A total of 129 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) strains were isolated from 17 hospitals of 4 parts of Thailand (Central, North, North-East and East regions) during November 2003 – March 2004. Coagulase gene typing of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) strains generated 4 different genotypes I, II, III, IV of which PCR products located at 492 ± 20 , 654 ± 20 , 735 ± 20 and 816 ± 20 base pair with the percentage of 1.5, 2.3, 82.2 and 14, respectively. And also coagulase gene PCR-RFLP study illustrated 4 patterns (A, B, C, D) of which *Alu*I digested PCR products located at 220 ± 20 , 220 ± 20 , 81 base pair (pattern A), 400 ± 20 , 220 ± 20 , 81 base pair (pattern B), 420 ± 20 , 220 ± 20 , 81 base pair (pattern C), and 510 ± 20 , 220 ± 20 , 81 base pair (pattern D), respectively with the percentage values compatible with those of coagulase gene typing method. Additionally, antimicrobial susceptibility testing using panel 10 antimicrobial agents showed 9 different antibiograms. The result indicated that antibiogram 1-2, coagulase gene type III, PCR-RFLP pattern C were the epidemic strains while the rest were involved as sporadic strains.

กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณหัวหน้ากลุ่มงานพยาธิวิทยาคลินิก โรงพยาบาลปทุมธานี โรงพยาบาลสัวร์คปรัชารักษ์ โรงพยาบาลครนายนก โรงพยาบาลอ่างทอง โรงพยาบาลสิงห์บุรี โรงพยาบาลครพิงค์ เชียงใหม่ โรงพยาบาลเพชรบูรณ์ โรงพยาบาลเชียงรายปราสาทฯ โรงพยาบาลค่ายประจักษ์ศิลปาคม โรงพยาบาลศูนย์ขอนแก่น โรงพยาบาลสีชรา โรงพยาบาลสกลนคร โรงพยาบาลศูนย์อุดรธานี โรงพยาบาลสรพสิทธิประสงค์ อุบลราชธานี โรงพยาบาลครพนม โรงพยาบาลพระปกเกล้า จันทบุรี โรงพยาบาลศูนย์ชลบุรี โรงพยาบาลเจ้าพระยาอภัยภูเบศร์ ที่กรุณาเอื้อเพื่อเชื้อ methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ที่ใช้ในงานวิจัยครั้งนี้ ขอขอบคุณผู้ช่วยศาสตราจารย์บุญญา มาตรฐาน ที่ให้โอกาส และให้การสนับสนุนในการทำวิจัยนี้ และขอขอบคุณมหาวิทยาลัยหัวเฉียวเฉลิมพระเกียรติ ที่ให้ทุนอุดหนุนงานวิจัยงานนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

อิสยา จันทร์วิทยานุชิต
สมหญิง งามอุรุเลิศ[†]
พรพิพิญ พึงมอง
วัชรินทร์ รังษีภานุรัตน์
กันยายน 2548