

ชื่อชุดโครงการ

การศึกษาเชื้อแบคทีเรียก่อโรคที่แยกได้จากแหล่งต่างๆ ที่มีผลต่อสุขภาพ

Study of health affected pathogenic bacteria isolated from various sources

ชื่อโครงการเดี่ยว

การตรวจหา *Stenotrophomonas maltophilia* ในโรงพยาบาลสงขลานครินทร์

Detection of *Stenotrophomonas maltophilia* in Songklanagarind Hospital

คณะนักวิจัย และหน่วยงานต้นสังกัด

ดร.กาญจนา ศรีนิตวิรวงศ์

ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

สัดส่วนการทำวิจัย 70 %

ดร.กมนนัทธ์ ศิงฆมานันท์

ภาควิชาชีวเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

สัดส่วนการทำวิจัย 15 %

นาง ณิชฌิษา อิงวิยะ

ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

สัดส่วนการทำวิจัย 15 %

บทคัดย่อ

Stenotrophomonas maltophilia เป็นเชื้อก่อโรคฉวยโอกาสที่สำคัญ โดยเฉพาะในผู้ป่วยที่มีระบบภูมิคุ้มกันบกพร่อง ผู้ป่วยมะเร็ง และผู้ป่วยที่พักรักษาตัวในโรงพยาบาลเป็นเวลานาน การศึกษาในครั้งนี้ได้ทำการคัดแยก *S. maltophilia* โดยการเก็บตัวอย่างจากสิ่งแวดล้อมภายในโรงพยาบาลสงขลานครินทร์ บริเวณหออภิบาลผู้ป่วย (ICU) หออายุรกรรม (MED) หอผู้ป่วยโรคทางเดินหายใจ (RCU) และตัวอย่างอาหารพร้อมรับประทานสำหรับผู้ป่วยทั่วไป ระหว่างเดือนตุลาคม พ.ศ. 2557 ถึงมกราคม พ.ศ. 2558 เพื่อศึกษาแบบแผนความไวต่อยาต้านจุลินทรีย์โดยวิธี disk diffusion และหาค่าความเข้มข้นต่ำสุดของยา co-trimoxazole, ciprofloxacin, ceftazidime และ piperacillin/ tazobactam ในการยับยั้งเชื้อโดยวิธี E-test ตรวจหายีนคือต่อยา sulfonamide (*sul1*, *sul2* และ *sul3*), trimethoprim (*dfrA9*, *dfrA10* และ *dfrA20*) และ class 1 integron โดยวิธี PCR เปรียบเทียบกับ *S. maltophilia* จำนวน 64 isolates ที่แยกจากสิ่งส่งตรวจของผู้ป่วยและศึกษาความสัมพันธ์ของเชื้อ โดยวิธี pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) ผลการศึกษาสามารถแยก *S. maltophilia* จากสิ่งแวดล้อมภายในโรงพยาบาล จำนวน 157 isolates โดยพบเชื้อส่วนใหญ่บริเวณอ่างล้างมือ คิดเป็น 75% รองลงมาคือ น้ำดื่มและน้ำประปา คิดเป็น 41.7 และ 16.7% ตามลำดับ ผลจากการศึกษาแบบแผนความไวต่อยาต้านจุลินทรีย์พบว่า *S. maltophilia* ที่แยกจากสิ่งส่งตรวจผู้ป่วยส่วนใหญ่มีเปอร์เซ็นต์การคือยาต้านจุลินทรีย์สูงกว่าเชื้อที่แยกได้จากสิ่งแวดล้อมในโรงพยาบาล ผลการหาค่า MIC พบว่า *S. maltophilia* ที่แยกจากสิ่งส่งตรวจผู้ป่วยคือต่อยา co-trimoxazole 6.3% และมีค่า MIC₅₀/ MIC₉₀ เท่ากับ 0.064/0.064 µg/ml ส่วน *S. maltophilia* ที่แยกจากสิ่งแวดล้อมพบว่าเชื้อคือต่อยา co-trimoxazole คิดเป็น 10.8% โดยมีค่า MIC₅₀/MIC₉₀ เท่ากับ 0.047/0.094 µg/ml นอกจากนี้พบว่า *S. maltophilia* ที่แยกจากสิ่งส่งตรวจผู้ป่วยให้ผลบวกต่อยีน *sul1* จำนวน 4 isolates ส่วน *S. maltophilia* ที่แยกจากสิ่งแวดล้อมให้ผลบวกต่อยีน *sul1* จำนวน 7 isolates, *sul2* จำนวน 3 isolates และให้ผลบวกทั้งยีน *sul2* และ *sul3* จำนวน 1 isolate อย่างไรก็ตาม จากการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้ไม่พบเชื้อที่ให้ผลบวกต่อยีน *dfr* ผลจากการศึกษาลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อดูความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของ *S. maltophilia* ที่แยกจากสิ่งแวดล้อมภายในโรงพยาบาลและสิ่งส่งตรวจผู้ป่วย โดยวิธี PFGE สามารถจำแนกความแตกต่างของลายพิมพ์ดีเอ็นเอได้เป็น 9 clusters ทั้งนี้เชื้อจากทั้งสองกลุ่มมีความหลากหลายสูงและมีลักษณะลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ไม่สัมพันธ์กัน

Abstract

Stenotrophomonas maltophilia has emerged as an important opportunistic pathogen, especially in immunocompromised hosts, malignancy and prolonged hospitalization. In this study, *S. maltophilia* isolates were collected from various environmental sources of intensive care unit (ICU), medical ward (MED), respiratory care unit (RCU) including ready to eat food obtained from the hospital nutritional food center at Songklanagarind Hospital, Thailand during October 2015 to January 2016. Antimicrobial susceptibility was determined by disk diffusion and minimal inhibitory concentration (MIC) to co-trimoxazole, ciprofloxacin, ceftazidime and piperacillin/ tazobactam was evaluated by E-test. Sulfonamide resistance genes (*sul1*, *sul2* and *sul3*), trimethoprim resistance genes (*dfrA9*, *dfrA10* and *dfr20*) and class1 integron were investigated by PCR and the results were compared to those of 64 *S. maltophilia* obtained from clinical isolates. In addition, genotypic relationships between environmental and clinical isolates of *S. maltophilia* were determined by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). In this study, the majority of *S. maltophilia* isolates from environmental sources were from sink drains (75%), followed by drinking water (41.7%) and tap water (16.7%). Using disk diffusion technique, clinical isolates were more resistant to antibiotics than the environmental isolates. MIC by E-test indicated that 6.3% and 10.8% of clinical and environmental isolates were resistant to co-trimoxazole respectively. MIC₅₀/MIC₉₀ of clinical and environmental isolates were 0.064/0.064 and 0.047/0.094 µg/ml respectively.

Moreover, four clinical isolates were positive for *sul1* gene whereas 7, 3 and 1 environmental isolates were positive for *sul1*, *sul2* and both *sul2* and *sul3* genes respectively. However, none of the trimethoprim resistance genes was detected in any *S. maltophilia* isolates. Genetics relatedness among clinical and environmental isolates performed by PFGE was classified into 9 clusters with high genetic diversity. DNA profiles of *S. maltophilia* obtained from clinical and environmental isolates were unrelated.