

บทคัดย่อ

เชื้อสแตฟีโลคอคคัส ออเรียสที่ดื้อต่อยาเมทิซิลลิน (Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*; MRSA) เป็นเชื้อที่ก่อให้เกิดโรคติดเชื้อในผู้ป่วยโดยเกิดจากทั้งชนิดที่มีจุดกำเนิดการดื้อยาในโรงพยาบาล (Hospital-acquired MRSA; HA-MRSA) และในชุมชน (Community-acquired MRSA; CA-MRSA) นอกจากนี้ยังพบเชื้อ MRSA ที่มีจุดกำเนิดการดื้อยาจากในปศุสัตว์ด้วย (Livestock-acquired MRSA; LA-MRSA) ที่แพร่กระจายมายังมนุษย์ได้อีกด้วย อย่างไรก็ตาม ยังไม่มีการศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและรูปแบบการดื้อยาชนิดต่าง ๆ ของเชื้อทั้งสามกลุ่มที่ก่อโรคในสัตว์ คนสุขภาพดี และผู้ป่วยในโรงพยาบาลของประเทศไทย การศึกษานี้จึงมีวัตถุประสงค์ในการประเมินระบาดวิทยาเชิงโมเลกุลและรูปแบบความไวต่อยาของเชื้อ MRSA ที่พบจากผู้ป่วยในโรงพยาบาล หมูและคนงานในฟาร์มหมูทั่วไป รวมถึงหมูและคนงานจากฟาร์มหมูอินทรีย์ การศึกษานี้คาดหวังว่าจะได้ข้อมูลเบื้องต้นสำหรับประกอบการวางแผนการควบคุมการแพร่กระจายของเชื้อ MRSA โดยใช้วิธีการทดสอบความไวของเชื้อต่อยา การเปรียบเทียบประเภทชิ้นส่วนพันธุกรรมเคลื่อนที่ *SCCmec* ที่มีผลต่อการดื้อยาของ MRSA และการเปรียบเทียบจีโนมของ MRSA ที่ระบาด ผลการทดสอบพบว่า เชื้อในจีนัสสแตฟีโลคอคคัสที่ดื้อต่อยาเซฟฟอกซิตินซึ่งใช้เป็นตัวคัดเลือกเชื้อดื้อยาเมทิซิลลินในฟาร์มเลี้ยงหมูทั่วไปร้อยละ 75 และ MRSA ร้อยละ 12.5 โดยสัดส่วนนี้มากกว่าฟาร์มหมูอินทรีย์ซึ่งพบร้อยละ 15 และ 0 ตามลำดับ และยังพบ MRSA ในโรงพยาบาล 4 ตัวอย่าง นอกจากนี้ยังมีความแตกต่างของชนิด *SCCmec* ของเชื้อจีนัสสแตฟีโลคอคคัสและ MRSA ระหว่างในฟาร์มเลี้ยงหมูทั่วไป ฟาร์มเลี้ยงหมูอินทรีย์ และ โรงพยาบาล *SCCmec* ชนิดที่พบมากที่สุด ในฟาร์มเลี้ยงหมูทั่วไปเป็นชนิด LA-*Staphylococci* [*SCCmec* XII(9C2)] ในฟาร์มเลี้ยงหมูอินทรีย์เป็นชนิด CA-*Staphylococci* [*SCCmec* IX(1C2)] และในโรงพยาบาลเป็นชนิด CA-*Staphylococci* [IVj(2B)] เป็นที่น่าสังเกตว่า MRSA จากฟาร์มเลี้ยงหมูทั่วไป และโรงพยาบาลมี *SCCmec* ที่พบใน MRSA ชนิดที่แตกต่างกัน เป็นไปได้ว่า CA-MRSA ของแต่ละชนิดจะเกิดขึ้นเฉพาะในแต่ละแหล่ง อย่างไรก็ตาม MRSA ในคนสุขภาพดีทั่วไปในชุมชนจังหวัดนครปฐมควรจะถูกศึกษาเพิ่มเติมในอนาคต

Abstract (บทคัดย่อ)

Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) is a causative microorganism of the infectious disease in hospital (HA-MRSA), and community (CA-MRSA). Also, it can colonize in livestock (LA-MRSA), and spread to humans. However, their genetic relatedness and drug-resistance pattern among animal, healthy human, and hospital had not been revealed in Thailand. This study aimed to evaluate the molecular epidemiology, and drug susceptibility pattern of epidemic MRSA among hospitalized patients, a general and an organic pig farms. This study expected the preliminary data for planning the control of MRSA outbreak by using antimicrobial susceptibility, SCCmec typing, and whole genome comparison. Surprisingly, the result showed that the general pig farm had 75% of cefoxitin-resistant *Staphylococci* and 12.5% of MRSA. In contrast, the organic one had 15% of cefoxitin-resistant *Staphylococci* and none of MRSA. Only 4 isolates of MRSA were discovered from patients. Moreover, there were significantly different SCCmec types of *Staphylococci* and that of MRSA between the general pig farm, the organic pig farm and the hospital. The most common SCCmec type from the general pig farm was LA-*Staphylococci* [SCCmec XII(9C2)], that from the organic pig farm was CA-*Staphylococci* [SCCmec IX(1C2)], that from the hospital was CA-*Staphylococci* [IV](2B)]. Interestingly, MRSA in the general pig farm and the hospital belonged to the different community-acquired SCCmec elements. It is possible that CA-MRSA types were emerged in each community. In the future, MRSA should be more studied in healthy humans in Nakorn Pathom province.
