البحث الثانى:

عنوان البحث باللغة العربية:

تسلسل الجينوم الكامل لعزلات كليبسيلا نوموني المقاومة للأدوية المتعددة: دراسة تجريبية متعددة المراكز

تاريخ النشر: 2021
مكان النشر: European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases

الملخص العربى

تعتبر Klebsiella pneumoniae المقاومة للأدوية المتعددة (MDR) أحد مسببات الأمراض المعدية الشائعة. أجرينا تسلسل الجينوم الكامل (WGS) لـ 39 عزلة بكتيرية عشوائيًا ومتنوع جغرافيًا .MDR K pneumoniae من تسعة مستشفيات مصرية. تم توثيق الخصائص السريرية والمقاومة المظهرية للمضادات الحيوية وفرط اللزوجة المخاطية. تم تفسير بيانات WGS واختبارها من الناحية الوبائية لوجود مقاومة للمضادات الحيوية وجينات حدة الميكروب. استنادًا إلى بيانات WGS ، حددنا 18 نوعًا من التسلسل الجيني متعدد المواقع (MLST) ، والنوع الأكثر شيوعًا هو ST101 (23.1٪) يليه ST147 (17.9٪). حددت تحليلات علم الوراثة أعدادًا صغيرة من العزلات وثيقة الصلة في عدد قليل من المراكز ، لذلك قمنا في الغالب بتوثيق عدوى المستشفى المستقل أو اكتساب العدوى من مصادر خارج المستشفى. كان جين المقاومة المكتسبة الأكثر شيوعًا هو blaCTX-M-15 ، وتم اكتشافه في 27 عزلة (69.2٪). كانت جينات Carbapenemase التي تمت مواجهتها هي blaNDM-1 (n = 13) و blaNDM-5 (n = 1) و blaOXA-48 (n = 12) و blaOXA-181 (n = 2) و blaKPC2 (n = 1). سبع سلالات .(18٪) تحتوي على أكثر من جين واحد من إنزيم carbapenemase . أثناء البحث عن الجينات المرتبطة بعوامل الضراوة ، تم تحديد ستة عشر نمط من نوع wzi منهم wzi137 و wzi64 و wzi50 الأكثر شيوعًا في ST101 و ST147 و ST16 على التوالي. كان اليرسينياباكتين أكثر عوامل الضراوة شيوعًا (69.2٪). تم توثيق اللزوجة المخاطية المفرطة لـ 6 عزلات من أصل 39 عزلة.

هذه هي الدراسة الجينومية الأولى لـ MDR K. pneumoniae من مصر. كشفت الدراسة عن انتشار واضح للنسخ العالمية المعروفة وما يرتبط بها من مقاومة مضادات الميكروبات وعوامل الضراوة

(المفرطة). يبدو أن الوضع الإكلينيكي في مصر يعكس السيناريو الموثق في العديد من البلدان الأخرى ويتطلب اهتمامًا وثيقًا.