

## *Phenotypic Changes of Oxacillin Resistance in Methicillin-resistant Staphylococcus aureus Strains by Successive Passaging*

Mohammad Modoodi Yaghoobi<sup>1</sup>,  
Narjes Noori Goodarzi<sup>1</sup>,  
Javad Hamedi<sup>2</sup>,  
Mohammad Azarsa<sup>3</sup>,  
Mohammadreza Afradi<sup>1</sup>,  
Rahil Mashhadi<sup>4</sup>,  
Mohammad Reza Pourmand<sup>5</sup>

<sup>1</sup> MSc in Medical Microbiology, Department of Pathobiology, School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

<sup>2</sup> Professor, Department of Microbial Biotechnology, School of Biology, Center of Excellence in Phylogeny of Living Organisms, University of Tehran, Tehran, Iran

<sup>3</sup> Assistant Professor, Department of Microbiology, Khoy University of Medical Sciences, Khoy, Iran

<sup>4</sup> MSc in Molecular and Cellular Biology, Urology Research Center, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

<sup>5</sup> Professor, Department of Pathobiology, School of Public Health, Biotechnology Research Center, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

(Received October 9, 2019 ; Accepted March 15, 2020)

### **Abstract**

**Background and purpose:** Rotational use of antibiotics can decrease antibiotic resistance in *Staphylococcus aureus* strains. The present study aimed to evaluate the alteration of oxacillin resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) strain carrying SCCmec III cassette in long-term evolutionary experiments in an antibiotic-free medium.

**Materials and methods:** In a cross-sectional study, 10 MRSA isolates were identified between September to December 2018 by conventional microbiology methods from clinical isolates of a university hospital. Then, SCCmec typing was carried out using Multiplex PCR. One strain was included in the evolutionary experiment as ancestor and was cultivated for up to 900 generations. Minimum inhibitory concentration (MIC) of oxacillin of the evolved strains was evaluated. The selected strains were compared with the ancestral strain in terms of growth characteristics such as generation time and competitive cultivation.

**Results:** Out of ten MRSA isolates, six and four were found to harbor SCCmec type III and SCCmec type IV, respectively. One strain with SCCmec III was randomly selected as ancestral strain. The ancestor was resistant to oxacillin while the evolved strains were susceptible. Generation times in the evolved strains were 6-8 minutes shorter than those in the ancestral strain. The evolved strains, with the ratio of 1% in competition experiment, accounted for 20-48% of the final population.

**Conclusion:** Compared to the ancestor, the evolved strains presented higher fitness in the oxacillin-free environment. The current study indicates the powerful effect of antibiotic rotation strategy on reducing methicillin resistant MRSA.

**Keywords:** methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, reversibility, SCCmec

J Mazandaran Univ Med Sci 2020; 30 (185): 23-32 (Persian).

\* Corresponding Author: Mohammad Reza Pourmand<sup>1</sup>- School of Public Health, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran (E-mail: mpourmand@tums.ac.ir)

## ارزیابی تغییرات فنوتیپی مقاومت به آگراسیلین در استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین در کشت های متوالی

محمد مودودی یاقوتی<sup>1</sup>

نرجس نوری گودرزی<sup>1</sup>

جواد حامدی<sup>2</sup>

محمد آذرسا<sup>3</sup>

محمد رضا افرادی<sup>1</sup>

راحیل مشهدی<sup>4</sup>

محمد رضا پورمند<sup>5</sup>

### چکیده

**سابقه و هدف:** مصرف چرخشی آنتی بیوتیک ها در بیمارستان می تواند موجب کاهش مقاومت آنتی بیوتیکی به استافیلوکوکوس اورئوس شود. هدف از مطالعه حاضر بررسی تغییرات مقاومت به آگراسیلین در سویه استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین (MRSA) حامل کاست کروموزومی SCCmec III در آزمایش های تکاملی متوالی در محیط کشت عاری از آنتی بیوتیک بود.

**مواد و روش ها:** در یک مطالعه مقطعی از شهریورماه تا آذرماه سال 1397 تعداد 10 جدایه MRSA از نمونه های بالینی بیمارستان بخش های یک بیمارستان دانشگاهی به کمک روش های رایج میکروبی شناسی شناسایی شدند. سپس تایپینگ SCCmec به روش Multiplex PCR بر روی آن ها انجام شد. یک سویه به عنوان سویه نیا وارد آزمایش های تکاملی شد و تا حدود 900 نسل کشت داده شد. پس از تعیین حداقل غلظت مهاري (MIC) آگراسیلین ویژگی های رشد مانند زمان تکثیر (Generation time) و کشت های رقابتی سه سویه انتخابی با سویه نیا، مورد ارزیابی قرار گرفتند.

**یافته ها:** از 10 جدایه بالینی MRSA، 6 سویه با ویژگی SCCmec تایپ III و 4 سویه با ویژگی SCCmec تایپ IV مشخص گردید. سویه نیا نسبت به آگراسیلین مقاوم و سویه های تکامل یافته حساس بودند. نتایج زمان تکثیر در سه سویه تکامل یافته با 6-8 دقیقه کاهش همراه بود. جمعیت سویه های تکامل یافته از 1 درصد، در انتها به 20 تا 48 درصد از جمعیت کل افزایش یافت.

**استنتاج:** سویه های تکامل یافته نسبت به سویه نیا صلاحیت رشد بالاتری در محیط عاری از آنتی بیوتیک پیدا کردند. نتایج این مطالعه نشان دهنده تاثیر مثبت راهبرد مصرف چرخشی آنتی بیوتیک بر کاهش سویه های MRSA است.

**واژه های کلیدی:** استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین، برگشت پذیری، SCCmec

### مقدمه

استافیلوکوکوس اورئوس عامل مهم بیماریزای انسانی است و مقاومت آن در برابر طیف گسترده ای از آنتی بیوتیک ها در طی دهه های گذشته افزایش یافته است. این پاتوژن طیف وسیعی از عفونت های اکتسابی

E-mail: mpourmand@tums.ac.ir

**مؤلف مسئول:** محمد رضا پورمند: تهران، خ پورسینا، دانشگاه علوم پزشکی تهران، دانشکده بهداشت

1. کارشناس ارشد میکروبی شناسی پزشکی، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

2. استاد، بخش زیست فناوری میکروبی، دانشکده زیست شناسی و قطب تبارزایی موجودات زنده، دانشگاه تهران، ایران

3. استادیار، بخش میکروبی شناسی، دانشکده علوم پزشکی خوی، خوی، ایران

4. کارشناس ارشد بیولوژی سلولی و مولکولی، مرکز تحقیقات اورولوژی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

5. استاد، گروه پاتوبیولوژی، دانشکده بهداشت، مرکز تحقیقات زیست فناوری، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

تاریخ دریافت: 1398/7/17 تاریخ ارجاع جهت اصلاحات: 1398/7/20 تاریخ تصویب: 1398/12/25

در یک محیط داشته باشد، به همان اندازه شایستگی بالاتری دارد (7,6). طبق نظریه انتخاب طبیعی در یک جمعیت، ژنوتیپی غالب خواهد شد که دارای توانایی بالاتر برای زندگی در آن محیط باشد. در محیط میکروبی نیز، میکروب‌ها جهت حفظ جمعیت خود در حال رقابت می‌باشند که فاکتور اصلی انتخابی آن‌ها شایستگی باکتری می‌باشد. بنابراین میکروارگانیسمی تکامل خواهد یافت که صفات غیر ضروری خود را جهت افزایش شایستگی تغییر دهد. مقدار هزینه و انرژی مصرفی برای هر صفت مقاومت باکتری با عنوان هزینه شایستگی (Fitness Cost) بیان می‌شود (8). در مطالعات بسیاری مشاهده شده است که کسب مقاومت آنتی‌بیوتیکی برای ارگانیسم هزینه شایستگی به همراه داشته و بار اضافه‌ای بر ارگانیسم تحمیل می‌کند و باعث کاهش سرعت رشد باکتری می‌شود (9)، به گونه‌ای که شایستگی سویه مقاوم کاهش یافته و ممکن است سویه‌های حساس در رقابت برای رشد در محیط فاقد آنتی‌بیوتیک بر سویه مقاوم پیروز گردند (10).

یکی از رویکردهای معرفی شده جهت کنترل مقاومت‌های آنتی‌بیوتیکی مصرف چرخشی آنتی‌بیوتیک یا Drug rotation است. مصرف چرخشی آنتی‌بیوتیک به منزله حذف و محدود کردن تجویز یک کلاس از آنتی‌بیوتیک‌ها در یک بازه زمانی مشخص می‌باشد. مصرف چرخشی آنتی‌بیوتیک‌ها از جمله راهبردهای کاهش میزان مقاومت در بیمارستان‌ها می‌باشد که با توجه به تفاوت صلاحیت سویه‌های مقاوم و حساس طراحی می‌شود. آنتی‌بیوتیک‌ها باعث ایجاد یک فشار انتخابی و انتخاب کلون‌های مقاوم در محیط رشد میکروبی می‌گردند. در صورت کاهش مصرف یک آنتی‌بیوتیک، باکتری‌های دارای شایستگی بیش‌تر بر باکتری‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک غالب می‌شوند و بنابراین شیوع مقاومت آنتی‌بیوتیکی کاهش می‌یابد (11). در نتیجه حذف و کاهش تجویز یک آنتی‌بیوتیک ممکن است منجر به موثر واقع شدن همان آنتی‌بیوتیک در آینده شود (12).

از جامعه و بیمارستان ایجاد می‌کند. سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین (MRSA)، در مقایسه با سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس حساس به متی‌سیلین (MSSA) دارای عوارض شدیدتر و میزان مرگ و میر بالاتری می‌باشد (2,1). پیش از کشف و استفاده از پنی‌سیلین، 80 درصد عفونت‌های استافیلوکوکوس اورئوس منجر به مرگ می‌شد (3). در اوایل دهه 1940 میلادی میزان مرگ و میر ناشی از این پاتوژن با استفاده از پنی‌سیلین G به طور چشمگیری کاهش یافت. اما سویه‌های مقاوم به سرعت در سال 1942 ظاهر شدند، به طوری که در حال حاضر بیش از 90 درصد سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس به پنی‌سیلین مقاوم هستند (4). در اوایل عصر آنتی‌بیوتیک، استافیلوکوکوس اورئوس تقریباً به همه کلاس‌های آنتی‌بیوتیکی حساس بود. با این حال با گذشت زمان، سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس به بسیاری از آنتی‌بیوتیک‌ها مقاوم شدند و در دهه 1960 کلون‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین ظهور پیدا کردند (5). شاید بتوان این پاتوژن را الگوی تکامل و تطابق باکتری‌ها با شرایط اکولوژیک جدید در عصر مصرف بالای آنتی‌بیوتیک‌ها به شمار آورد. بطوری که تقریباً مقاومت به تمامی آنتی‌بیوتیک‌های مصرفی در نیم قرن گذشته در این باکتری مشاهده می‌شود.

کسب مقاومت آنتی‌بیوتیکی در باکتری، با هزینه‌های فیزیولوژیک بسیاری همراه است. ویژگی مقاومت آنتی‌بیوتیکی باعث حفظ و بقای باکتری در حضور آنتی‌بیوتیک می‌شود، اما در محیط عاری از آنتی‌بیوتیک باعث کاهش صلاحیت باکتری و کاهش سرعت رشد در مقایسه با سویه‌های وحشی حساس خواهد شد. شرایط محیطی به نفع میکروارگانیسمی خواهد بود که بتواند به طور بهینه‌تر از منابع انرژی موجود استفاده کند. توانایی میکروارگانیسم برای زنده ماندن و تکثیر در هر محیط تحت عنوان شایستگی (Fitness) آن سویه تعریف می‌شود. هرچه یک سویه توانایی رشد و تکثیر بالاتری

M-PCR1 و M-PCR2 انجام شد که در M-PCR1 از یک جفت پرایمر برای شناسایی *mecA* و 3 جفت پرایمر برای شناسایی ژنهای *ccr* (جدول شماره 1) و در واکنش M-PCR2 از 4 جفت پرایمر برای شناسایی *mec gene complex A* و *mec gene complex B* (جدول شماره 2) استفاده شد (15).

جدول شماره 1: پرایمرهای استفاده شده در واکنش M-PCR1

سایز محصول (جفت باز)	جایگاه اتصال	توالی پرایمر
286	<i>mecA</i>	F: 5' TGCTATCCACCCTCAAACAGG 3' R: 5' AACGTTGTAACCAACCCCAAGA 3'
695	<i>ccrA1B1</i>	F: 5' AACCTATATCATCAATCAGTACGT 3' R: 5' ATTGCCTTGATAATAGCCITCT 3'
937	<i>ccrA2B2</i>	F: 5' AAAGGCATCAATGCACAAACACT 3' R: 5' ATGCCTTGATAATAGCCITCT 3'
1791	<i>ccrA3B3</i>	F: 5' AGCTAAAAGCAAGCAATAGAAT 3' R: 5' ATGCCTTGATAATAGCCITCT 3'

جدول شماره 2: پرایمرهای استفاده شده در واکنش M-PCR2

سایز محصول (جفت باز)	جایگاه اتصال	توالی پرایمر
1965	ClassA <i>mec</i> gene complex	F: 5' ATATACCAAACCCGACAAGTACA 3' R: 5' CATAACTCCCATTCTGCAGATG 3'
2827	ClassB <i>mec</i> gene complex	F: 5' ATATACCAAACCCGACAAGTACA 3' R: 5' ATGCTTAATGATAGCATCCGAATG 3'
804	ClassC <i>mec</i> gene complex	F: 5' ATATACCAAACCCGACAAGTACA 3' R: 5' TGAGGTTATTCAGATATTTCGATGT 3'

## ترسیم منحنی رشد

جهت به دست آوردن منحنی رشد، جمعیت باکتری‌ها در زمان‌های متوالی مشخص اندازه‌گیری شد. منحنی رشد با استفاده از لگاریتم تعداد باکتری‌های زنده در واحد زمان رسم گردید. برای این منظور از کشت شبانه در محیط کشت BHI-agar، سوسپانسیون با کدورت برابر با استاندارد 0/5 مک فارلند تهیه شد. سپس در یک فلاسک 200 میلی‌لیتری حاوی 100ml محیط کشت BHI-broth، 500µl از سوسپانسیون اولیه تلقیح و در دمای 37 درجه سانتی‌گراد با دور 200 در دقیقه در انکوباتور شیکردار انکوبه گردید. در زمان‌های صفر تا 13 ساعت OD (optical density) در طول موج 600nm در کووت‌های 1 میلی‌لیتری در اسپکتروفتومتر

آزمایش‌های تکاملی بلند مدت، یکی از روش‌های آزمایشگاهی است که برای بررسی تکامل و تطبیق در جمعیت‌های میکروبی در شرایط مشخص نظیر حضور یا عدم حضور عوامل آنتی‌میکروبیال انجام می‌شود (13). در این آزمایش‌ها در شرایط کنترل شده آزمایشگاهی در محیط عاری از آنتی‌بیوتیک، سویه‌های مقاوم تکامل می‌یابند و فنوتیپ‌های جدید ایجاد می‌شوند. هدف از مطالعه حاضر بررسی برگشت‌پذیری مقاومت به آگراسیلین در سویه استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین حامل *SCCmec III* در آزمایش‌های تکاملی متوالی در محیط عاری از آنتی‌بیوتیک بود.

## مواد و روش‌ها

## سویه‌های باکتریایی

در یک مطالعه مقطعی از شهریورماه تا آذرماه سال 1397 تعداد 10 جدایه استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین از نمونه‌های کشت خون، زخم و... بیماران بستری در بخش‌های یک بیمارستان دانشگاهی به کمک روش‌های رایج میکروبی‌شناسی (نظیر رنگ آمیزی گرم، تست‌های کاتالاز، کوآگولاز، تخمیر مانیتول بر روی محیط مانیتول سالت آگار و آزمون حساسیت به دیسک سفوکسیتین) جدا سازی شدند (14). از سویه COL به عنوان استاندارد MRSA استفاده شد. پس از تعیین هویت، تایپینگ *SCCmec* بر روی جدایه‌های MRSA انجام گرفت.

تعیین تایپ *SCCmec*

استخراج ژنوم از سویه‌های MRSA بر طبق دستورالعمل کیت Roche High Pure PCR Template Preparation Kit (Catalog Number 11796828001) با اضافه کردن 5 میکرولیتر لیزوزیم با اضافه کردن 10 mM Tris-HCl ; pH 8.0 انجام پذیرفت. از ژنوم استخراج شده برای واکنش‌های multiplex-PCR استفاده گردید. برای تعیین تایپ *SCCmec* دو واکنش

از نمونه‌ها با 0/3ml گلیسرول ذخیره و در دمای 80- درجه سانتی گراد نگهداری شد (17-19).

تست های رقابتی بین سویه نیا و سویه‌های تکامل یافته برای تست بررسی رقابت بین سویه نیا و سویه‌های تکامل یافته، جمعیت سویه نیا با هر یک از سویه‌های تکامل یافته حاصل از کشت‌های متوالی تکاملی به صورت جداگانه مخلوط شد. بدین جهت جمعیت سویه نیا و هر یک از سویه‌های تکامل یافته با نسبت 100 به 1 در یک فلاسک با 5ml محیط BHI-broth تلقیح گردید. پس از 2 کشت متوالی با شرایط کشت‌های متوالی تکاملی، نسبت دو جمعیت باکتری نیا و تکامل یافته با کشت بر روی محیط‌های BHI-agar و BHI-agar دارای 4µg/ml اگزاسیلین محاسبه گردید (20).

#### تست حساسیت آنتی بیوتیکی

حداقل غلظت مهارى (MIC) آنتی بیوتیک اگزاسیلین برای سویه نیا و سویه‌های تکامل یافته به روش MIC Test Strips با نوارهای اگزاسیلین (Liofilchem, Italy) بر روی محیط مولر هینتون آگار انجام گرفت. داده‌ها بر اساس CLSI تفسیر گردید (21).

#### یافته‌ها

پس از تعیین تایپ ده جدایه MRSA، جدایه‌ای با ویژگی SCCmec III به عنوان سویه نیا انتخاب گردید. SCCmec این سویه دارای A mec gene complex و ccrAB3 بود که تصاویر شماره 1 و 2 الگوی الکتروفورز برای واکنش‌های M-PCR1 و M-PCR2 را به ترتیب نشان می‌دهد.

#### کشت های متوالی تکاملی

پس از کشت سویه فوق منحنی رشد برای سویه نیا (A1) رسم گردید (تصویر شماره 3). در تصویر شماره 3 نقطه mid-log و زمان تکثیر مشخص شده است. پنج

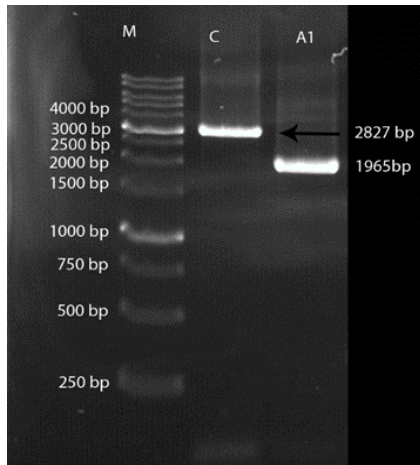
تعیین و ثبت شد. همچنین جمعیت باکتری‌های زنده به صورت cfu/ml اندازه‌گیری گردید. نمونه‌های غلیظ‌تر جهت عبور نکردن از محدوده خطی اسپکتروفتومتر رقیق شدند و سپس OD در عدد عکس رقت ضرب شد. جهت اندازه‌گیری cfu/ml در هر مرحله محیط کشت در رقت‌های 1:1، 1:10، 1:100، 1:1000، 1:10000 و 1:100000 در سرم فیزیولوژی تهیه و سپس 10µl از هر رقت در محیط BHI-agar کشت داده شد. نقطه mid-log از منحنی رشد به عنوان فواصل زمانی در کشت‌های متوالی تکاملی در نظر گرفته شد. زمان تکثیر با استفاده از فاز لگاریتمی منحنی‌های رشد محاسبه گردید (جدول شماره 3) (16).

جدول شماره 3: زمان تکثیر در سویه نیا و سویه‌های تکامل یافته

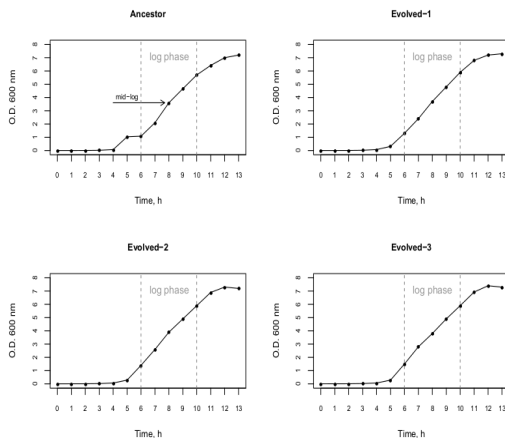
سویه	زمان تکثیر
A	44 دقیقه و 46 ثانیه
E1	38 دقیقه و 52 ثانیه
E2	36 دقیقه و 46 ثانیه
E3	36 دقیقه و 35 ثانیه

#### کشت های متوالی تکاملی

سویه MRSA مورد نظر بر روی BHI-agar به صورت شبانه کشت داده شد و یک کلنی به عنوان سویه نیا انتخاب گردید. از این سویه سوسپانسیون با کدورت برابر با استاندارد 0/5 مک فارلند تهیه شد. آزمایش تکاملی در 5 خط کشت متوالی انجام شد. در پنج فلاسک 50ml حاوی 5ml محیط کشت BHI-broth با 25µl از این سوسپانسیون تلقیح و در انکوباتور شیکر دار با دمای 37 درجه سانتی گراد و 200 دور در دقیقه انکوبه شد. هر 8 ساعت مقدار 25µl از این فلاسک به فلاسک جدید با همان شرایط پاساژ داده شد. این شرایط تضمین رشد در فاز لگاریتمی برای هر فاصله زمانی 8 ساعت را مهیا می‌کند. بعد از 30 روز از 90 کشت متوالی فلاسک‌های نهایی بر روی پلیت BHI-agar کشت و یک کلنی به عنوان سویه‌های تکامل یافته (evolved) در نظر گرفته شد (E1-E2-E3-E4-E5). در هر پاساژ 1ml



تصویر شماره 2: ژل الکتروفورز محصول M-PCR2 در شرایط غلظت آگارز 0.8 درصد، ولتاژ 85 ولت، زمان 45 دقیقه. M، مارکر سائز مولکولی. C، سویه ی COL، که باند حاصل محصول 2827 جفت بازی *mec* gene complex B می باشد. A1، باند حاصل محصول *mec* gene complex A می باشد

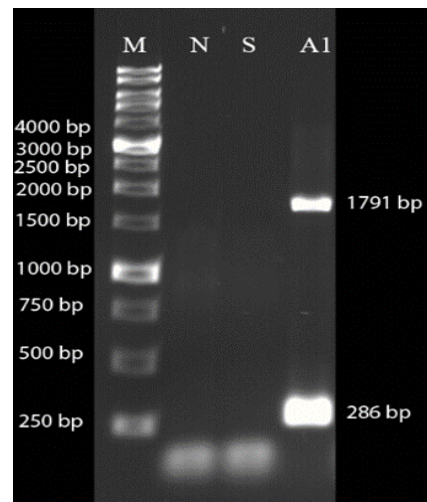


تصویر شماره 3: منحنی رشد سویه نیا (Ancestor) و سویه های تکامل یافته (Evolved 1-3)

تست های رقابتی بین سویه های تکامل یافته و سویه نیا

رقابت رشد بین جمعیت های سویه نیا با هریک از سویه های تکامل یافته مشاهده و ثبت گردید. نتیجه این رقابت در محیط کشت BHI آگار فاقد آگراسیلین و محیط کشت BHI آگار حاوی آگراسیلین در جدول شماره 4 آورده شد. در این جدول سه سویه تکامل یافته منتخب که به نسبت 1 درصد از سویه نیا وارد کشت های

دودمان به طور مستقل تا حدود 900 نسل تکثیر یافتند. در نودمین کشت هر کدام از 5 دودمان کشت روی محیط BHI-agar کشت داده شدند و در هریک از جمعیت های تکامل یافته یک کلنی به عنوان سویه تکامل یافته انتخاب گردید (E1-5). منحنی رشد برای سویه های تکامل یافته به مانند سویه نیا ترسیم شد. همچنین زمان تکثیر برای سویه های تکامل یافته محاسبه گردید (جدول شماره 3). با توجه به جدول تمامی سویه های تکامل یافته، کاهش در زمان تکثیر را نشان می دهند. نتایج MIC آگراسیلین نیز برای سویه های نیا و تکامل یافته در جدول نشان داده شده است. با توجه به این که تمامی سویه های تکامل یافته MIC کم تر از 2  $\mu\text{g/ml}$  را نشان دادند، همگی سویه های تکامل یافته در دسته حساس به متی سیلین قرار گرفتند. در ادامه از 5 سویه تکامل یافته، 3 سویه که دارای MIC نزدیک تر بودند جهت آزمایش های رقابتی با سویه نیا انتخاب شدند.



تصویر شماره 1: ژل الکتروفورز محصول M-PCR1 در شرایط غلظت آگارز 0.8 درصد، ولتاژ 85 ولت، زمان 45 دقیقه. M، مارکر سائز مولکولی. N، نمونه ی کنترل بدون دی ان ای. S، نمونه استافیلوکوکس اورئوس حساس به متی سیلین. A1، سویه ی مورد آزمون، که دو باند مشاهده شده از بالا به پایین به ترتیب *ccrAB3* و *mecA* می باشد.

رقابتی شدند، 47/6 درصد و کل جمعیت میکروبی را به خود اختصاص دادند.

جدول شماره 4: نتایج کشت رقابتی سویه‌های تکامل یافته منتخب E1, E2, E3 و سویه نیا A1

سویه تکامل یافته	نسبت تعداد سویه نیا به سویه	تعداد کل باکتری در محیط BHI پس از 16 ساعت کشت (cfu/ml)	تعداد کل باکتری در محیط Oxacillin-BHI پس از 16 ساعت کشت (cfu/ml)
E1	$\frac{40 \times 10^7}{40 \times 10^7}$	$23 \times 10^8$	$12 \times 10^8$
E2	$\frac{40 \times 10^7}{40 \times 10^7}$	$23 \times 10^8$	$15 \times 10^8$
E3	$\frac{40 \times 10^7}{40 \times 10^7}$	$25 \times 10^8$	$20 \times 10^8$

## بحث

در مطالعه حاضر تغییرات مقاومت به آگراسیلین در سویه استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی سیلین حامل کاست کروموزومی SCCmec III در آزمایش‌های تکاملی متوالی در محیط کشت عاری از آنتی‌بیوتیک مورد بررسی قرار گرفت.

مرگ‌ومیر ناشی از عفونت‌های MRSA در سال‌های اخیر رو به افزایش است. شیوع این سویه‌ها در ایران از 34/6 درصد بین سال‌های 2009 تا 2012 به 56 درصد بین سال‌های 2013 تا 2016 افزایش یافته است. افزایش شیوع MRSA در سال‌های اخیر در کشور نمایانگر نیاز به اقدامات موثر در مقابله با این سویه‌ها می‌باشد (22). سویه MSSA با کسب یک کاست کروموزومی حامل ژن *mecA* به یک سویه مقاوم به متی سیلین تبدیل می‌شود (23). تا کنون 13 تایپ ژنتیکی SCCmec کشف و مورد تایید کارگروه بین‌المللی طبقه‌بندی کاست‌های کروموزومی استافیلوکوکوسی (IWG-SCC) قرار گرفته است (24). این تایپ‌ها از نظر پراکندگی در بین سویه‌های MRSA، الگوی تقریباً مشخصی دارند. به طوری که بررسی‌ها نشان داده است سویه‌های بیمارستانی (HA-MRSA) بیش‌تر در تایپ‌های I، II و III و سویه‌های اکتسابی از جامعه (CA-MRSA) بیش‌تر در تایپ‌های IV، V و VII قرار می‌گیرند (15). علاوه بر این، پراکندگی ژنتیکی تایپ‌های SCCmec از نظر منطقه

جغرافیایی جهانی نیز می‌تواند متفاوت باشد. به عنوان مثال واریانت غالب در کشور سوئیس IV و V (25)، در ژاپن IIa (26) و در ایران III (27) می‌باشد. در کشور ما گزارش‌های متعددی از وضعیت پراکندگی این تایپ‌ها منتشر شده است، به عنوان نمونه در مطالعه افشاری و همکاران در سال 2017، 71/4 درصد سویه‌های MRSA دارای تایپ III و 28/6 درصد دارای تایپ IV بودند (28). در گزارش دیگری توسط اوحیدیان و همکاران در سال 2015، از میان 135 نمونه مورد بررسی، 55/8 درصد سویه‌های MRSA دارای کاست تایپ III بودند (27).

در مطالعه دیگری موسویان و همکاران با بررسی 29 جدایه از بیمارستان‌های امام خمینی و گلستان اهواز، کاست تایپ III را با 55/17 درصد شایع‌ترین تایپ گزارش کرده‌اند (29). این گزارش‌ها نشان دهنده شیوع نسبتاً بالای تایپ III در ایران می‌باشند. با توجه به غالب بودن تایپ III در مطالعه حاضر و سایر پژوهش‌های پیشین در ایران، یک سویه دارای تایپ III به عنوان سویه نیا انتخاب گردید.

در مصرف چرخشی آنتی‌بیوتیک فرض بر این می‌باشد که با حذف یک آنتی‌بیوتیک سویه‌های حساس با غلبه بر سویه‌های مقاوم، باعث جایگزینی و غالب شدن جمعیت خود می‌شوند. تکامل و انتخاب اصلح در محیط میکروبی عامل محرک اصلی آن می‌باشد (30). در این مطالعه امکان برگشت پذیری مقاومت استافیلوکوکوس اورئوس به متی سیلین مورد بررسی قرار گرفت. پنج نمونه کشت انتهایی از نظر مقدار حداقل غلظت مهاري آگراسیلین که نماینده‌ای از مقاومت به متی سیلین می‌باشد، در بازه حساس قرار گرفتند. مشابه با این مطالعه، در مطالعه گلدر و همکاران تاثیر محیط عاری از آنتی‌بیوتیک تتراسایکلین بر روی باکتری اشیریشیا کلی در کشت‌های متوالی مورد بررسی قرار گرفت. در پژوهش آن‌ها سویه‌های اشیریشیا کلی انتهایی نسبت به تتراسایکلین حساس شدند (20).

جهت رشد در محیط فاقد آنتی‌بیوتیک کاهش می‌یابد. بنابراین در رقابت بین سویه‌های حساس و مقاوم، سویه‌های فاقد ژن‌های مقاومت شایستگی بیش تری برای رشد در محیط عاری از آنتی‌بیوتیک خواهند داشت که این مسئله در فاکتورهای نظیر زمان تکثیر و کشت‌های رقابتی نمود پیدا کرد.

در مطالعه حاضر برگشت‌پذیری مقاومت به متی‌سیلین به روش فنوتیپی مورد بررسی قرار گرفت. توصیه می‌شود در مطالعات آتی این تغییرات با استفاده از روش‌هایی نظیر Whole Genome Sequencing صورت گیرد.

سویه‌های تکامل یافته نسبت به سویه نیا صلاحیت رشد بالاتری در محیط عاری از آنتی‌بیوتیک پیدا کردند. نتایج به دست آمده از این مطالعه نشان دهنده تاثیر مثبت راهبرد مصرف چرخشی آنتی‌بیوتیک بر کاهش سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین است. این مسئله می‌تواند نشان دهنده تاثیر احتمالی حذف آنتی‌بیوتیک آگراسیلین در بالین بر کاهش شیوع سویه‌های MRSA باشد.

## سپاسگزاری

این مقاله حاصل بخشی از پایان نامه کارشناسی ارشد میکروبی‌شناسی پزشکی و طرح تحقیقاتی 35224 و با کد اخلاق IR.TUMS.SPH.REC.1396.2903 می‌باشد که با حمایت دانشگاه علوم پزشکی تهران اجرا شده است.

## References

1. Sadeghi Y, Salami SA, Kananizadeh P, Mozghani SH, Pourmand MR. Real-time PCR followed by high-resolution melting analysis—a new robust approach to evaluate Scmec typing of methicillin-resistant staphylococcus aureus. *Future Microbiol* 2019; 14(2): 155-164.
2. Pourmand MR, Yousefi M, Salami SA, Amini M. Evaluation of expression of NorA efflux pump in ciprofloxacin resistant staphylococcus aureus against hexahydroquinoline derivative by real-time PCR. *Acta Med Iran* 2014; 52(6): 424-429.
3. Deurenberg RH, Vink C, Kalenic S, Friedrich AW, Bruggeman CA, Stobberingh

در مطالعه حاضر کاهش زمان تکثیر (Generation Time) در سویه‌های تکامل یافته می‌تواند این مسئله را توجیه کند که احتمالاً ژن‌های مقاوم به متی‌سیلین از نظر مصرف انرژی و هزینه برای باکتری مقرون به صرفه نمی‌باشد. از طرفی افزایش جمعیت سویه‌های حساس به سویه نیا در کشت‌های رقابتی می‌تواند تاییدی بر این مسئله باشد. سویه‌های حساس در طی زمان می‌توانند منجر به حذف جمعیت مقاوم شوند.

در مطالعه‌ای دیگر بر روی اشیریشیا کلی با مقاومت سطح بالای استرپتومایسین که همراه با موتاسیون‌های نقطه‌ای در ژن *rpsL* بود، کاهش شایستگی باکتری در محیط عاری از آنتی‌بیوتیک نسبت به سویه‌های وحشی گزارش شد. در توجیه این موضوع گزارش گردید که کاهش سرعت در مرحله طویل سازی (elongation) در ترجمه پروتئین علت این مسئله می‌باشد (31). در مطالعه‌ای دیگر علت کاهش شایستگی در کسب پلاسمیدهای حامل ژن‌های مقاومت، ایجاد فشار اضافی بر باکتری در همانندسازی پلاسمید و بیان ژن‌های آن‌ها بیان شده است (32). تمامی این موارد بیانگر این مسئله است که حذف و کاهش آنتی‌بیوتیک در محیط می‌تواند باعث کاهش سویه‌های مقاوم و جایگزینی سویه‌های حساس در جمعیت شود. تغییرات ژنتیکی به وجود آمده در سویه نیا در این پژوهش می‌تواند دلیلی بر این موضوع باشد که SCCmec همانند مطالعاتی که عنوان شد فشار قابل ملاحظه‌ای بر باکتری وارد می‌کند. با حضور ژن *mecA* و بروز مقاومت آنتی‌بیوتیکی، شایستگی باکتری

- EE. The molecular evolution of methicillin-resistant staphylococcus aureus. *Clin Microbiol Infect* 2007; 13(3): 222-235.
4. Peacock SJ, Paterson GK. Mechanisms of methicillin resistance in staphylococcus aureus. *Annu Rev Biochem* 2015; 84(1): 577-601.
  5. Pourramezan N, Moghadam SO, Pourmand MR. Methicillin-resistant Staphylococcus aureus tracking spread among health-care workers and hospitalized patients in critical wards at a university hospital, tehran, Iran . *New Microbes New Infect* 2019; 27: 29-35.
  6. Marvasi M, Choudhury M, Vala NB, Teplitski M. Fitness of antibiotic-resistant bacteria in the environment: a laboratory activity. *J Microbiol Biol Educ* 2017; 18(1). pii18.1.15.
  7. Pope CF, McHugh TD, Gillespie SH. Methods to determine fitness in bacteria. 2<sup>th</sup> ed. *Antibiotic Resistance Protocols*: Springer 2010: 642. 113-121.
  8. Wisner MJ, Lenski RE. A comparison of methods to measure fitness in Escherichia coli. *Plos One* 2015; 10(5): e0126210.
  9. Andersson DI, Hughes D. Antibiotic resistance and its cost: is it possible to reverse resistance? *Nat Rev Microbiol* 2010; 8(4): 260-271.
  10. Hernando-Amado S, Sanz-García F, Blanco P, Martínez JL. Fitness costs associated with the acquisition of antibiotic resistance. *Essays Biochem* 2017; 61(1): 37-48.
  11. Andersson DI. The biological cost of mutational antibiotic resistance: any practical conclusions? *Curr Opin Microbiol* 2006; 9(5): 461-465.
  12. Roemhild R, Schulenburg H. Evolutionary ecology meets the antibiotic crisis: Can we control pathogen adaptation through sequential therapy? *Evol Med Public Health* 2019; 2019(1): 37-45.
  13. Dragosits M, Mattanovich D. Adaptive laboratory evolution—principles and applications for biotechnology. *Microb Cell Fact* 2013; 12(1): 64.
  14. Yousefi M, Pourmand MR, Fallah F, Hashemi A, Mashhadi R, Nazari-Alam A. Characterization of Staphylococcus aureus biofilm formation in urinary tract infection. *Iran J Public Health* 2016; 45(4): 485-493.
  15. Ji Y. Methicillin-resistant staphylococcus aureus (MRSA) protocols. 2<sup>th</sup> ed: Springer 2007:1085.
  16. Madigan MT, Martinko JM, Parker J. Brock biology of microorganisms. 10<sup>th</sup> ed: Prentice hall .Upper Saddle River, NJ. Harlow 1997.
  17. Somerville GA, Beres SB, Fitzgerald JR, DeLeo FR, Cole RL, Hoff JS, et al. In vitro serial passage of staphylococcus aureus: changes in physiology, virulence factor production, and agr nucleotide sequence. *J Bacteriol* 2002; 184(5): 1430-1437.
  18. Elena SF, Wilke CO, Ofria C, Lenski RE. Effects of population size and mutation rate on the evolution of mutational robustness. *Evolution* 2007; 61(3): 666-674.
  19. Abdo Z, Stein M, Wojtowicz A, Pepin KM. The ABCs of Experimental Evolution. *ISRN Comput Biol* 2013; 2013.
  20. De Gelder L, Ponciano JM, Abdo Z, Joyce P, Forney LJ, Top EM. Combining mathematical models and statistical methods to understand and predict the dynamics of antibiotic-sensitive mutants in a population of resistant bacteria during experimental evolution. *Genetics* 2004; 168(3):1131-1144.
  21. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. 29<sup>th</sup> ed. CLSI Supplement M100. Wayne PA: Clinical and Laboratory Standards Institute 2019: 39(1).
  22. Dadashi M, Nasiri MJ, Fallah F, Owlia P, Hajikhani B, Emaneini M, et al. Methicillin-

- resistant staphylococcus aureus (MRSA) in Iran: a systematic review and meta-analysis. *J Glob Antimicrob Resist* 2018; 12: 96-103.
23. Ito T, Katayama Y, Hiramatsu K. Cloning and nucleotide sequence determination of the entire mec DNA of pre-methicillin-resistant staphylococcus aureus N315. *Antimicrob Agents Chemother* 1999; 43(6): 1449-1458.
24. Johnston PR, Dobson AJ, Rolff J. Genomic signatures of experimental adaptation to antimicrobial peptides in staphylococcus aureus. *G3 (Bethesda)* 2016; 6(6):1535-1539.
25. Valsesia G, Rossi M, Bertschy S, Pfyffer GE. Emergence of scmec type iv and scmec type v methicillin-resistant staphylococcus aureus containing the Panton-Valentine leukocidin genes in a large academic teaching hospital in central Switzerland: external invaders or persisting circulators? *Journal of Clinical Microbiology* 2010; 48(3):720-727.
26. Aung MS, Urushibara N, Kawaguchiya M, Sumi A, Shinagawa M, Takahashi S, et al. Clonal diversity and genetic characteristics of methicillin-resistant staphylococcus aureus isolates from a tertiary care hospital in japan. *Microbial Drug Resistance* 2019; 25(8): 1164-1175.
27. Ohadian Moghadam S, Pourmand MR, Mahmoudi M, Sadighian H. Molecular characterization of methicillin-resistant Staphylococcus aureus: characterization of major clones and emergence of epidemic clones of sequence type (ST) 36 and ST 121 in Tehran, Iran. *FEMS Microbiol Lett* 2015; 362(8): fnv043.
28. Ghaderi Afshari S, Akhavan Sepahi A, Goudarzi H, Satarzadeh Tabrizi M, Goudarzi M, Hajikhani B, et al. Distribution of scmec types in methicillin-resistant staphylococcus aureus isolated from burn patients. *Arch Clin Infect Dis* 2017; 12(2): e62760.
29. Moosavian M, Shahin M, Navidifar T, Torabipour M. Typing of staphylococcal cassette chromosome mec encoding methicillin resistance in staphylococcus aureus isolates in ahvaz, Iran. *New Microbes New Infect* 2017; 21: 90-94.
30. Merz LR, Warren DK, Kollef MH, Fraser VJ. Effects of an antibiotic cycling program on antibiotic prescribing practices in an intensive care unit. *Antimicrob Agents Chemother* 2004; 48(8): 2861-2865.
31. Schrag SJ, Perrot V. Reducing antibiotic resistance. *Nature* 1996; 381(6578): 120-121.
32. Brill WJ. Safety concerns and genetic engineering in agriculture. *Science* 1985; 227(4685): 381-384.