

DOI: 10. 12138/j. issn. 1671-9638. 20195354

· 论 著 ·

2017—2018年江西地区耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的分子流行特征

曾 凌¹, 邓 琼¹, 刘 洋², 张 杰³, 曾 婷³, 曹先伟¹

(1. 南昌大学第一附属医院医院感染管理科, 江西 南昌 330006; 2. 南昌大学第一附属医院检验科, 江西 南昌 330006; 3. 南昌大学江西医学院, 江西 南昌 330006)

[摘要] 目的 了解江西各地区耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)的分子特征及主要流行克隆型别,探讨流行克隆可能的竞争优势,为后续的机制研究提供资料。方法 收集2017年1月—2018年12月江西省11个地市11所三甲医院临床分离的MRSA,同时应用mecA + femB双重PCR法鉴定为MRSA菌株后纳入研究,应用spa分型、SCCmec分型、PFGE和MLST进行分子分型,采用PCR方法检测杀白细胞素(PVL)毒力基因。结果 spa分型主要为t437(74株,占31.22%)、t030(32株,占13.50%);不同地区的spa型存在很大差异,南昌地区以t030为主,其余地区以t437为主。SCCmecIVa为优势型别(占66.67%),SCCmecIII占15.19%;除南昌地区以SCCmecIII为主要型别外(占59.38%),其余各地区均以SCCmecIVa为主要优势型别。经PFGE分型和MLST,优势克隆型别为ST239、ST59、ST1和ST338;优势克隆群为CC239、CC59和CC1。共检出32株(13.19%)PVL阳性菌,其中鹰潭地区PVL检出率最高(29.63%, 8/27),其次为景德镇地区(26.32%, 5/19)。结论 ST59-MRSA-IVa-t437为江西地区的主要优势流行克隆型,且各地区之间存在一定程度的克隆播散。ST239-MRSA-III-t30为次要优势流行克隆型,主要在南昌地区多见,其他地区散发。江西地区PVL阳性菌株的主要型别为ST59-MRSA-t437-IVa型。

[关键词] 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌; MRSA; 分子特征; 克隆群; 毒力

[中图分类号] R181.3⁺2

Molecular epidemiological characteristics of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Jiangxi Province from 2017 to 2018

ZENG Ling¹, DENG Qiong¹, LIU Yang², ZHANG Jie³, ZENG Ting³, CAO Xian-wei¹

(1. Department of Healthcare-associated Infection Management, The First Affiliated Hospital of Nanchang University, Nanchang 330006, China; 2. Department of Laboratory Medicine, The First Affiliated Hospital of Nanchang University, Nanchang 330006, China; 3. Jiangxi Medical College, Nanchang University, Nanchang 330006, China)

[Abstract] **Objective** To understand the molecular characteristics and main epidemic clone types of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in different regions of Jiangxi Province, explore the possible competitive advantages of epidemic clone, provide information for the subsequent study on mechanism. **Methods** Clinical isolates of MRSA from 11 hospitals in 11 cities of Jiangxi Province between January 2017 and December 2018 were collected, MRSA strains identified by mecA + femB double polymerase chain reaction (PCR) were included in study, molecular typing was performed by spa, SCCmec, pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) and multilocus sequence typing (MLST), virulence genes of Pantone-Valentine leukocidin (PVL) were detected by PCR method. **Results** The main types of spa were t437 (74 strains, 31.22%) and t030 (32 strains, 13.50%); there were significant differences in spa types among different regions, except for t030 in Nanchang region, t437 was the dominant type in other regions. SSCmec IVa was the dominant type (66.67%), SCCmec III accounted for 15.19%; except for

[收稿日期] 2019-08-10

[基金项目] 江西省科学技术厅重点项目(20152ACG70015);江西省研究生创新专项基金资助项目(YC2017-S087)

[作者简介] 曾凌(1993-),女(汉族),江西省赣州市人,医师,主要从事医院感染管理相关研究。

[通信作者] 曹先伟 E-mail: ndyfygk@163.com

SCCmec III in Nanchang (59.38%), SCCmec IVa was the dominant type in other regions. The dominant clone types detected by PFGE and MLST were ST239, ST59, ST1 and ST338; and the dominant clone groups were CC239, CC59 and CC1. A total of 32 strains (13.19%) of PVL-positive bacteria were detected, the highest detection rate of PVL was found in Yingtan region (29.63%, 8/27), followed by Jingdezhen region (26.32%, 5/19).

Conclusion ST59-MRSA-IVa-t437 is the predominant epidemic clone type in Jiangxi, and there is a certain degree of clonal dissemination among different regions. ST239-MRSA-III-t30 is the secondary dominant epidemic clone type, which is mainly found in Nanchang and sporadic in other regions. The main type of PVL-positive strains in Jiangxi is ST59-MRSA-t437-IVa.

[Key words] methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*; MRSA; molecular characteristic; clone group; virulence

耐药菌的出现与流行已成为全球一个不容忽视的严重公共卫生问题,越来越多的病原菌对常用抗菌药物产生耐药性,且耐药水平不断上升。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, MRSA)临床分离率高,耐药谱广,可造成区域性暴发流行,治疗非常困难,导致患者住院时间明显延长,医药费用大幅度增加,病死率增高^[1-2]。杀白细胞素(Panton-Valentine leukocidin, PVL)是坏死性细胞毒素,具有广泛的溶胞作用,除可促进脓肿形成外,还可引起严重甚至致命性肺炎^[3]。不同地区的 MRSA 流行株呈现规律性分布,主要流行克隆株有一定的地区差异,且可随时间发生变迁,对当地分离菌株进行分子分型,了解菌株间的亲缘关系,明确当地流行克隆,对临床合理诊治感染,以及减少和控制耐药细菌的传播有重要意义。本研究采用分子分型技术,研究江西省 MRSA 的分子流行病学特点,揭示 MRSA 的遗传进化规律,并对 PVL 毒力基因进行检测,比较不同克隆间毒力因子的差异,探讨流行克隆可能的竞争优势,并为后续的机制研究提供资料。

1 材料与方法

1.1 菌株来源 收集 2017 年 1 月—2018 年 12 月江西省 11 个城市 11 所医院临床 MRSA 菌株。所有标本均为无菌体液(血、尿、关节液、脑脊液、封闭的腹腔积液等)、高质量呼吸道标本(深部痰、支气管灌洗液等),以及伤口分泌物等。为更好的体现 MRSA 感染的流行病学特征,仅纳入同一患者首次分离的菌株。所有菌株除采取常规手工鉴定以及全自动细菌鉴定系统 VITEK 2 Compact 进行鉴定外,同时经 *mecA* + *femB* 双重 PCR 法双阳性者确认为 MRSA。

1.2 主要仪器与试剂 PCR 仪(Bio-Rad), VITEK

浊度仪(BioMerieux), 脉冲场凝胶电泳仪(Bio-Rad), EDTA(北京鼎国), 蛋白酶 K(上海生工), 溶葡萄球菌酶(上海生工), Sma I 限制性内切酶(Takara), 琼脂糖(Biowest), Ex Taq DNA 聚合酶(Takara)。

1.3 引物设计与合成 *spa* 分型、SCCmec 分型、多位点序列分型(MLST)及 PVL 基因所使用的引物参考文献[4-5]设计,引物合成及扩增产物测序由上海生工生物工程技术有限公司完成。

1.4 方法

1.4.1 药敏试验 鉴定仪为法国 VITEK 2 Compact 全自动细菌鉴定药敏仪,采用微量稀释法做体外药物敏感性试验,参照美国临床实验室标准化协会(M100-S27)规定的标准和 EUCAST 标准判断药物的敏感性。金黄色葡萄球菌 ATCC 25923 作为质控菌株。

1.4.2 *spa* 分型 *spa* 分型主要是基于 *spa* 基因 X 区重复序列的多态性,参照文献^[6],采用 PCR 方法扩增 *spa* 目标序列并测序,截取重复序列区域,登录官方网站(<http://www.ridom.de/spaserver/>),得到该菌株的 *spa* 型别。

1.4.3 SCCmec 分型 采用多重 PCR 方法^[7]扩增 SCCmec 目标序列,在紫外凝胶成像仪下观察是否出现目的条带,依据条带位置确定分型。

1.4.4 脉冲场凝胶电泳(PFGE)分型和多位点序列分型(MLST) 综合应用 PFGE 和 MLST 对菌株进行同源性分析。用 SmaI(Bio-Rad Laboratories, CA, USA)消化整个染色体 DNA,并在 CHEF Mapper XA System 中分离限制性片段。通过 Dice 相似系数和未加权配对组匹配算法(UPGMA)进行聚类分析,MLST 是以 7 个管家基因(*arcC*、*gmk*、*aroE*、*glp*、*pta*、*tpi*、*ygil*)为基础进行型别分析。参照文献^[8],采用 PCR 方法扩增 MLST 的 7 对目标序列并测序,确认测序结果质量后将得到的结果序

列提交至官方网站(<http://www.mlst.net/>),确定每一株菌的等位基因谱,并得到该菌株的 MLST 型别。

1.5 数据分析 应用 WHONET 5.6 对数据进行分析。

2 结果

2.1 MRSA 来源与分布 2017 年 1 月—2018 年

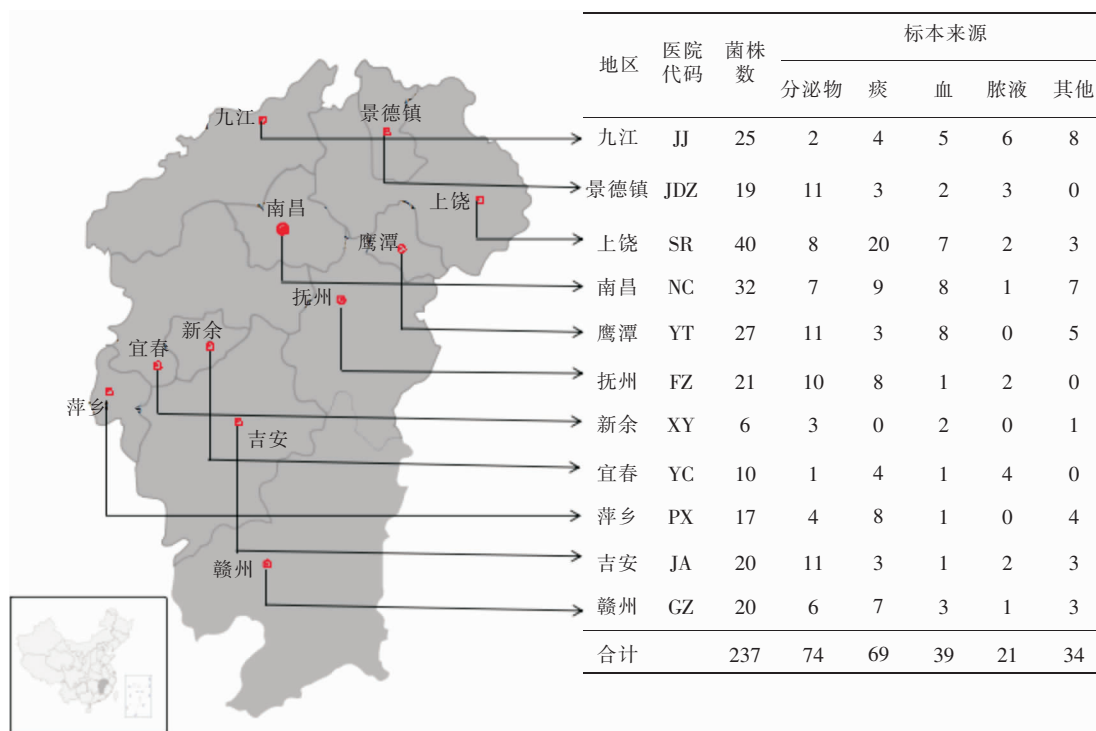


图 1 江西省 MRSA 地区及标本来源分布

Figure 1 Distribution of MRSA strains and specimen sources in different regions of Jiangxi Province

2.2 *spa* 分型结果 对 237 株 MRSA 进行 *spa* 分型,共分为 40 个型别,发现新的 *spa* 基因型 3 株。其中主要型别为 t437(74 株,占 31.22%)、t030(32 株,占 13.50%)、t114(20 株,占 8.44%)、t172(15 株,占 6.33%)、t441(14 株,占 5.91%)、t062(11 株,占 4.64%)。不同地区 MRSA 分离株的 *spa* 型别存在差异,除南昌地区以 t030 为主,其余地区均以 t437 为主,其他 *spa* 型别散在分布于各地区。

2.3 SCCmec 基因分型结果 对 237 株 MRSA 分离株进行 SCCmec 基因分型,结果表明 SCCmecIVa 为优势型别共 158 株,占 66.67%;SCCmec III 共 35 株,占 14.77%;SCCmec II 共 32 株,占 13.50%;SCCmec V 共 8 株,占 3.38%;未分型菌株 4 株。从

12 月江西省 11 所医院共收集临床分离 MRSA 250 株,经 *mecA* + *femB* 双重 PCR 扩增和综合药敏结果确认后,纳入本研究的 MRSA 237 株,其中,南昌 32 株,九江 25 株,景德镇 19 株,上饶 40 株,鹰潭 27 株,抚州 21 株,新余 6 株,宜春 10 株,萍乡 17 株,吉安 20 株,赣州 20 株。标本类型中,主要为分泌物,占 31.22%(74 株),痰占 29.11%(69 株),血占 16.46%(39 株)。见图 1。

各地区分布来看,南昌地区以 SCCmec III 为主要型别,占 59.38%(19/32);其余各地区均以 SCCmecIVa 为主要优势型别。

2.4 PFGE 分型和 MLST 结果 对 237 株 MRSA 进行 PFGE 分型,经聚类分析,结果为 A~V 21 个聚类组,从每一聚类组中抽取代表菌株进行 MLST 分析,优势型别为 ST239、ST59、ST1 和 ST338 克隆,分别占 44.30%(105 株)、32.07%(76 株)、4.64%(11 株)和 2.53%(6 株),其他克隆型别散在分布,同时发现 3 株新的 ST 克隆型别。

通过 eBURST 软件聚类分析,21 种不同型别的克隆分为 9 个克隆群(clonal complex, CC)。ST239 属于 CC239 克隆群,是最优势的克隆群,

占 44.30%(105 株);ST59 属于 CC59 克隆群,同时还包括 ST1778、ST2207、ST338、ST545、ST925、ST3191 克隆型,占 42.19%(100 株);ST1 属于 CC1 克隆群,同时还包括 ST726 和 ST2125,占 6.33%(15 株);ST4 和 ST45 型同属于 CC4 克隆型,占 1.69%(4 株);其余 ST7、ST5、ST409、ST70、ST1232 分别属于不同克隆群。见图 2。

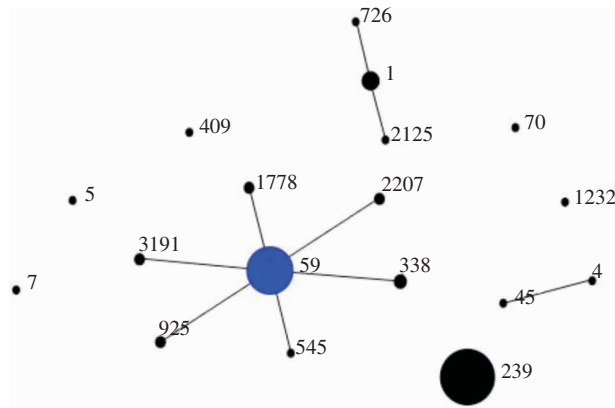


图 2 21 种 ST 型别的聚类分析(eBURST)

Figure 2 Cluster analysis on 21 kinds of ST (eBURST)

2.5 PVL 毒力因子检测结果 237 株 MRSA 中,检出 PVL 32 株,检出率为 13.50%。地区分布显示,鹰潭地区 PVL 检出率最高,为 29.63%,其次景德镇地区为 26.32%,吉安地区为 25.00%。分子分型显示,PVL 阳性菌株中 spa 型别主要为 t437 型,占 59.38%(19/32),且 19 株 t437 型菌株 SCCmec 分型均为 IVa,其中 16 株为 ST59,江西地区 PVL 阳性菌株的主要型别为 ST59-MRSA-IVa-t437 型,见表 1、2。

2.6 MRSA 分子特征 各种分型方法综合分析显示,ST59-MRSA-IVa-t437 为江西地区的主要优势流行克隆型,且各地区之间存在一定程度的克隆播散。ST239-MRSA-III-t030 为次要优势流行克隆型,主要在南昌地区多见,其他地区散发,详见表 3。

3 讨论

研究^[9-10]表明,MRSA 医院感染主要是由少数流行菌株引起,这些菌株一旦在医院定植,即可造成医院或地区,甚至不同国家之间的暴发流行。控制流行的重要策略在于明确流行环节,切断传播途径,终止耐药菌株在人群中的传播。因而,掌握分子特征对于鉴别菌株间的亲缘性,有效控制感染意义

表 1 各地区 PVL 毒力因子阳性情况

Table 1 Positive result of virulence factor of PVL in different regions

地区	总菌株数	PVL 阳性数	检出率(%)
九江	25	4	16.00
景德镇	19	5	26.32
上饶	40	2	5.00
南昌	32	2	6.25
鹰潭	27	8	29.63
抚州	21	1	4.76
新余	6	0	0.00
宜春	10	1	10.00
萍乡	17	1	5.88
吉安	20	5	25.00
赣州	20	3	15.00
合计	237	32	13.50

表 2 32 株 PVL 毒力基因阳性株各分型分布(株)

Table 2 Distribution of types of 32 positive strains of PVL virulence gene (Strain)

spa 型	SCCmec 型	ST
t437(n=19)	IVa(19)	ST59(16)、ST925(2)、ST338(1)
t441(n=3)	IVa(3)	ST338(2)、ST2207(1)
t030(n=2)	III(2)	ST239(2)
t034(n=2)	III(2)	ST1232(2)
t027(n=2)	IVa(2)	ST239(2)
t10794(n=2)	IVa(2)	ST239(2)
t1212(n=1)	IVa(1)	ST1778(1)
t1751(n=1)	IVa(1)	ST1778(1)

重大。为鉴别流行菌株,追踪传染源,国内外广泛采用的方法是对临床分离菌株进行分型研究,以确定菌株之间的同源性,从而为制定感染控制策略提供依据。

spa 分型以 spa 基因的高变区 X 区为目标基因,具有分辨率高、分型能力强、检测速度快、结果命名标准化的优点,结果可相互比较,但对于极少数菌株分型可能有误差。SCCmec 分型针对可移动元件分型,结果有国际标准,不同实验室的结果可进行比较。SCCmec 分型的主要方法是多重 PCR 法或实时荧光定量 PCR 法,其中多重 PCR 因为无需特殊设备和相对较低的成本,应用更广,且对常见的 SCCmec 分型有较好的效果^[10]。PFGE 分型可较准确地分辨某地区某时期内流行菌株间同源性关系及各

表 3 237 株 MRSA 主要分子分型结果(株)

Table 3 The main molecular typing of 237 MRSA strains (Strain)

CC	ST	spa	SCCmec 型	PVL	地区
CC239(<i>n</i> = 105)	ST239(105)	t030(32)	Ⅲ (30)、Ⅴ (2)	2	NC(22)、FZ(5)、PX(3)、JDZ(2)
		t062(9)	IVa(9)		GZ(3)、SR(3)、YT(3)
		t2460(6)	Ⅱ (6)	0	JDZ(1)、FZ(5)
		t002(5)	Ⅱ (5)	0	JDZ(1)、YT(4)
		t037(4)	Ⅱ (1)、IVa(3)		NC(4)
		t437(16)	IVa(16)		SR(16)
		其他(33)	Ⅱ (14)、Ⅲ (2)、IVa(15)、Ⅴ (2)	4	GZ(2)、SR(5)、YT(7)、JDZ(2)、JA(7)、JJ(7)、XY(3)
CC59(<i>n</i> = 94)	ST59(76)	t437(46)	IVa(46)	16	GZ(4)、SR(11)、YT(7)、JDZ(1)、JA(4)、JJ(10)、FZ(2)、XY(2)、YC(5)
		t441(8)	IVa(8)		YT(2)、JDZ(2)、JJ(4)
		t172(14)	IVa(14)		GZ(1)、SR(1)、YT(4)、NC(2)、PX(5)、JJ(1)
		其他(8)	Ⅲ (1)、IVa(7)		GZ(2)、FZ(2)、JDZ(2)、JA(2)
	ST338(6)	t437(2)	IVa(2)	1	JDZ(2)
		t062(2)	IVa(2)		NC(2)
		t441(2)	IVa(2)	2	GZ(2)
	ST925(4)	t437(2)	IVa(2)	2	YC(2)
		t18105(2)	IVa(2)		NC(2)
	ST1778(4)	t1751(2)	IVa(2)	1	JDZ(2)
		t1212(2)	IVa(2)	1	YT(2)
	ST2207(4)	t3424(1)	IVa(1)		GZ(1)
		t441(3)	IVa(3)	1	YT(2)、GZ(1)
CC1(<i>n</i> = 15)	ST1(11)	t114(7)	Ⅲ (1)、IVa(6)		YT(2)、JA(3)、JJ(2)
		t2007(2)	IVa(2)		GZ(2)
		t559(2)	Ⅲ (1)、IVa(1)		JDZ(2)
	ST726(2)	t114(2)	IVa(2)		SR(2)
	ST2125(2)	t114(2)	IVa(2)		JDZ(2)
CC4(<i>n</i> = 4)	ST4(2)	t230(2)	IVa(2)		GZ(2)
	ST45(2)	t230(2)	IVa(2)		SR(2)

注:除 CC239、CC59、CC1、CC4 几个主要的克隆群外,其余 ST7、ST5、ST409、ST70、ST1232 分别属于不同克隆群。仅列出 MRSA 的主要分子分型结果,一些散在的分型未列出

医院间相互传播情况,但不适用于长时间的全球流行病学监测。而 MLST 的应用很好地解决了此问题,其以 7 个管家基因(*arcc*、*aroe*、*glp*、*gmk*、*pta*、*tpi*、*yqil*)为基础,结果定义国际化,可相互比较,适用于宏观进化的研究,但此方法价格昂贵,分型能力稍低。此外,对特殊菌株可采取全基因组测序分型,进行全基因组比较,但此方法价格昂贵,技术要求高,分析比较复杂^[11]。

目前,全球 MRSA 主要流行克隆型包括 ST239-Ⅲ型(巴西/匈牙利克隆)、ST247-IA(伊伯利亚克隆)、ST45-IV(柏林克隆)等^[12-14],亚洲地区 MRSA 流行趋势与其他地区不同,不同国家和地区之间差异也很大。如 ST45-MRSA-IV 克隆,也称为柏林流行株,常引起血流感染或呼吸道疾病病例暴发,而在中国大陆却少见报道。ST59-MRSA-IVa-t437 为江西地区主要优势流行克隆型,且各地

区之间存在一定程度的克隆播散。ST239-MRSA-III-t030 为次要优势流行克隆型,主要在南昌地区多见,其他地区散发,该结果与熊祝嘉等^[9]对全国 6 个地区 7 所医院 114 株样本的分型结果基本相符。spa 是金黄色葡萄球菌的重要毒力因子,能帮助细菌逃避宿主的免疫反应。2009 发现 spa-t030 克隆成为优势克隆型别后,相关研究进一步发现 ST239-MRSA-III-t030 具特定耐药谱,且其生存能力更强^[15]。但仍需要警惕 ST59 的克隆播散,ST59-t437 克隆型别的 MRSA 比 ST239-t030-MRSA 更易导致基因结构的变化,降低药物敏感性^[16]。同时 ST59 菌株在美国、新加坡、中国台湾地区及香港地区的 CA-MRSA 中广泛传播^[17]。ST59-MRSA 在中国的南方儿科患者中也普遍存在^[18],江西地区的流行克隆株,可能是中国香港、台湾地区传播至中国内陆地区所致^[19]。而 ST59 一直被认为是中国地区 CA-MRSA 最常见克隆,加拿大的一项研究^[20]显示,医院感染从 2007—2011 年短短 5 年 CA-MRSA 的比例翻了一倍。深圳市 9 所医院研究^[7]显示,28.9% 的 HA-MRSA 菌株是 CC59-MRSA-IV/V-t437 克隆,是典型的 CA-MRSA 的特征。亚洲各国面临同样处境,研究^[14,20]显示,ST59-MRSA-IV-t437 克隆在中国台湾地区以及韩国的医院均有报道。

不同国家、地区 MRSA SCCmec 优势型别也存在明显差异。亚洲地区,日本和韩国以 SCCmec II 型为优势型别,我国香港和台湾地区均以 SCCmec III 型为优势型别^[21]。本研究结果表明,江西地区以 SCCmecIVa 为优势型别,占 66.67%;SCCmec III 和 SCCmec II 分别占 15.19%、13.50%;从各地区分布来看,除南昌地区以 SCCmec III 为主要型别外(占 59.38%),其余各地区都是以 SCCmecIVa 为主要优势型别。SCCmec III 型以 HA-MRSA 为主,SCCmecIVa 以 CA-MRSA 为主,考虑南昌地区医院为省级医院,收治的患者多为各地区的重症患者,更易发生医院感染,而下级医院收治患者病情较轻,感染更多来自社区。CA-MRSA 菌株中由于 SCCmec 元件相对较小,其负载的耐药基因较少,更有利于传播,造成大范围的流行。另外本研究未见 SCCmec I 型菌株,近年来也尚未见到相关研究报道,推测可能 I 型菌株为最早的流行菌株,流行时间长,已被 II、III 型菌株取代^[22]。

本研究 237 株 MRSA PVL 阳性率为 13.50%。研究^[23]显示,携带 PVL 毒素的致病性金黄色葡萄球菌与皮肤及软组织感染、坏死性肺炎、坏死性筋膜

炎等严重坏死性疾病密切相关,且致死率较高。2000 年以前,未发现 HA-MRSA 中携带 PVL,PVL 曾被认为是 CA-MRSA 的特有生物学标记^[24]。但近年研究发现,HA-MRSA 中也可检出 PVL 基因,而 CA-MRSA 菌株也可不携带 PVL 基因^[24-25]。本研究中 PVL 阳性株无明显 CA-MRSA 或 HA-MRSA 偏向,表明 PVL 并非是 CA-MRSA 的特有生物学标记,在 HA-MRSA 中 PVL 检出越来越常见,有产生高耐药、高毒力菌株的趋势,值得关注。从城市分布来看,鹰潭地区 PVL 阳性率最高,景德镇地区检出率次之,吉安地区检出率第三,呈现由东部向四周降低的趋势。因此,要加强对东部地区 MRSA PVL 阳性菌株的研究。

由此可见,不同型别的 MRSA 耐药情况和耐药机制并不完全一致,更加突出了对 MRSA 进行分子学分型的重要性,临床医生在选择抗菌药物时应注意不同型别菌株的耐药情况,在耐药率逐渐升高的情况下,有效控制患者病情显得尤为重要。本研究中,虽然选取了 11 个地级市 11 所三甲医院,尽量保证菌株的代表性与可比性,MRSA 克隆分布的不均一性仍然存在一些不可控性,一方面可能与独特的地理位置密切相关;另一方面,不同城市的经济发展水平与医疗资源的配置也不同,而且流动人口也可能导致 MRSA 的克隆分布不均一。

[参 考 文 献]

- Velázquez-Meza ME, Mendoza-Olazarán S, Echániz-Aviles G, et al. Chlorhexidine whole-body washing of patients reduces methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and has a direct effect on the distribution of the ST5-MRSA-II (New York/Japan) clone[J]. J Med Microbiol, 2017, 66(6): 721-728.
- Hata E. Bovine mastitis outbreak in Japan caused by methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* New York/Japan clone [J]. J Vet Diagn Invest, 2016, 28(3): 291-298.
- Lima DF, Brazão NB, Folescu TW, et al. Panton-Valentine leukocidin (PVL) gene carriage among *Staphylococcus aureus* strains with SCCmec types I, III, IV, and V recovered from cystic fibrosis pediatric patients in Brazil[J]. Diagn Microbiol Infect Dis, 2014, 78(1): 59-62.
- Groves MD, Crouch B, Coombs GW, et al. Molecular epidemiology of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from Australian Veterinarians[J]. PLoS One, 2016, 11(1): e0146034.
- He C, Xu S, Zhao H, et al. Leukotoxin and pyrogenic toxin superantigen gene backgrounds in bloodstream and wound *Staphylococcus aureus* isolates from eastern region of China

- [J]. BMC Infect Dis, 2018, 18(1): 395.
- [6] Udo EE, Boswih SS, Al-Sweih N. High prevalence of toxic shock syndrome toxin-producing epidemic methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* 15 (EMRSA-15) strains in Kuwait hospitals[J]. New Microbes New Infect, 2016, 12: 24 - 30.
- [7] Hu L, Li Y, Lu Y, et al. Clinical characteristics, virulence factors and molecular typing of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infections in Shenzhen City, China[J]. Epidemiol Infect, 2016, 144(14): 3037 - 3045.
- [8] Lin YT, Hung WC, Tsai JC, et al. Wide dissemination of SC-CfusC in fusidic acid-resistant coagulase-negative staphylococci and implication for its spread to methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Taiwan[J]. Int J Antimicrob Agents, 2018, 51(6): 875 - 880.
- [9] 熊祝嘉, 肖盟, 王贺, 等. 中国 7 所教学医院耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的分子流行病学及耐药性研究[J]. 中国感染与化疗杂志, 2012, 12(1): 22 - 26.
- [10] Takadama S, Nakaminami H, Takii T, et al. Identification and detection of USA300 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* clones with a partial deletion in the *ccrB2* gene on the type IV SCCmec element [J]. Diagn Microbiol Infect Dis, 2019, 94(1): 86 - 87.
- [11] 陈斌泽, 李泽慧, 冯强生, 等. 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌耐药机制与分子分型研究进展[J]. 检验医学与临床, 2016, 13(19): 2824 - 2827.
- [12] Drougka E, Foka A, Koutinas CK, et al. Interspecies spread of *Staphylococcus aureus* clones among companion animals and human close contacts in a veterinary teaching hospital. A cross-sectional study in Greece[J]. Prev Vet Med, 2016, 126: 190 - 198.
- [13] Omuse G, Van Zyl KN, Hoek K, et al. Molecular characterization of *Staphylococcus aureus* isolates from various health-care institutions in Nairobi, Kenya; a cross sectional study [J]. Ann Clin Microbiol Antimicrob, 2016, 15(1): 51.
- [14] Shin E, Hong H, Park J, et al. Characterization of *Staphylococcus aureus* faecal isolates associated with food-borne disease in Korea[J]. J Appl Microbiol, 2016, 121(1): 277 - 286.
- [15] Jain S, Chowdhury R, Datta M, et al. Characterization of the clonal profile of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* isolated from patients with early post-operative orthopedic implant based infections [J]. Ann Clin Microbiol Antimicrob, 2019, 18(1): 8.
- [16] Li S, Sun S, Yang C, et al. The changing pattern of population structure of *Staphylococcus aureus* from bacteremia in China from 2013 to 2016: ST239 - 030-MRSA replaced by ST59-t437[J]. Front Microbiol, 2018, 9: 332.
- [17] Song Q, Wu J, Ruan P. Predominance of community-associated sequence type 59 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in a paediatric intensive care unit [J]. J Med Microbiol, 2018, 67(3): 408 - 414.
- [18] Liang B, Mai J, Liu Y, et al. Prevalence and characterization of *Staphylococcus aureus* isolated from women and children in Guangzhou, China [J]. Front Microbiol, 2018, 9: 2790.
- [19] 程航, 曾方银, 胡启文, 等. 广州地区耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的分子分型及耐药性分析[J]. 第三军医大学学报, 2013, 35(8): 696 - 701.
- [20] Scicluna EA, Shore AC, Thürmer A, et al. Characterisation of MRSA from Malta and the description of a Maltese epidemic MRSA strain [J]. Eur J Clin Microbiol Infect Dis, 2010, 29(2): 163 - 170.
- [21] Singh A, Prasad KN, Rahman M, et al. High frequency of SCCmec type V and agr type I among heterogeneous vancomycin-intermediate *Staphylococcus aureus* (hVISA) in north India [J]. J Glob Antimicrob Resist, 2017, 8: 110 - 114.
- [22] Bartels MD, Nanuashvili A, Boye K, et al. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in hospitals in Tbilisi, the Republic of Georgia, are variants of the Brazilian clone [J]. Eur J Clin Microbiol Infect Dis, 2008, 27(8): 757 - 760.
- [23] Cihanoglu N, Adaleti R, Nakipoglu Y. Investigation of fibronectin binding protein (FBP) and panton valentine leukocidin (PVL) virulence factors in clinical methicillin sensitive and resistant *Staphylococcus aureus* strains [J]. Clin Lab, 2019, 65(1), doi: 10.7754.
- [24] Ding YL, Fu J, Chen J, et al. Molecular characterization and antimicrobial susceptibility of *Staphylococcus aureus* isolated from children with acute otitis media in Liuzhou, China [J]. BMC Pediatr, 2018, 18(1): 388.
- [25] 叶千红, 吴许文, 李沛樟. 澳门特别行政区医院金黄色葡萄球菌耐药性分析及杀白细胞素基因的检测 [J]. 中华医院感染学杂志, 2017, 27(24): 5525 - 5529.

(本文编辑:左双燕)

本文引用格式:曾凌, 邓琼, 刘洋, 等. 2017—2018 年江西地区耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的分子流行特征 [J]. 中国感染控制杂志, 2019, 18(9): 835 - 841. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20195354.

Cite this article as: ZENG Ling, DENG Qiong, LIU Yang, et al. Molecular epidemiological characteristics of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Jiangxi Province from 2017 to 2018 [J]. Chin J Infect Control, 2019, 18(9): 835 - 841. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20195354.