

Prevalence and Antibiotic Susceptibility Patterns of Bacterial Isolates from Wound Cultures in Hospitalized Patients at Shahid Ganji Hospital, Borazjan, Bushehr Province, Iran, 1404

Vida Arvan¹, Yalda Malekzadegan^{2*}, Behdokht Jamali^{2*}

1. M.Sc., Department of Microbiology, Faculty of Basic Sciences, Kherad Institute of Higher Education, Bushehr, Iran.

2. Assistant Professor, Department of Microbiology, Faculty of Basic Sciences, Kherad Institute of Higher Education, Bushehr, Iran.

* Corresponding author1: malekzadeganyalda@gmail.com, Orcid: 0000-0002-4461-9900

* Corresponding author2: behdokht.jamali2023@gmail.com, Orcid: 0000-0003-3879-4662

Received: 11/04/2026 Revised: 15/04/2026 Accepted: 20/04/2026

Abstract

Wound infections are among the most significant challenges facing healthcare systems worldwide, contributing substantially to prolonged hospital stays, increased healthcare costs, clinical complications, and mortality. In recent decades, the emergence and global dissemination of antimicrobial resistance among bacterial pathogens associated with wound infections have become a major public health concern. The widespread and, in many cases, inappropriate use of antibiotics has facilitated the development and spread of difficult-to-treat bacterial strains, particularly multidrug-resistant (MDR) organisms. Therefore, identifying the most common bacterial pathogens involved in wound infections and evaluating their antimicrobial susceptibility profiles are essential for selecting appropriate therapeutic strategies, reducing unnecessary antibiotic consumption, and improving infection control measures. Since the distribution of bacterial pathogens and their susceptibility patterns vary among different geographical regions, regional epidemiological investigations are necessary to provide valuable insights for effective treatment planning and the implementation of infection prevention policies.

The present study was conducted to investigate the most prevalent bacteria isolated from wound cultures, determine their antimicrobial susceptibility and resistance patterns, and identify multidrug-resistant (MDR) isolates among hospitalized patients at Ganji Hospital in Borazjan during the year 2025–2026. The findings of this study may provide valuable epidemiological data on wound infections and antibiotic resistance in the region and contribute to the development of evidence-based treatment protocols, infection prevention strategies, and antimicrobial stewardship programs.

Methods: In this study, the required sample size was determined in consultation with a biostatistician, and a total of 30 hospitalized patients were enrolled. After obtaining written informed consent, wound and infection site specimens were collected. The study procedures included field, library, and bioinformatics investigations; determination of inclusion and exclusion criteria; specimen collection from wound and infection sites; Gram staining; differential and biochemical identification tests; antimicrobial susceptibility testing (antibiogram); evaluation of the obtained results; and finally, statistical analysis of the collected data.

Results: Data analysis indicated the probable predominance of specific bacterial strains associated with wound infections in patients with diabetic wounds. The results showed that *Escherichia coli* and *Klebsiella* spp. were the predominant bacterial isolates, each representing 4 cases (40%) of the positive samples. *Pseudomonas aeruginosa* and *Enterobacter* spp. were less frequently detected, with each accounting for 1 case (10%).

Keywords: Wound infections; Antimicrobial susceptibility patterns; Multidrug-resistant organisms (MDR)

بررسی شیوع و الگوی حساسیت آنتی‌بیوتیکی باکتری‌های جدا شده از نمونه‌های کشت زخم در بیماران بستری در بیمارستان شهید گنجی برازجان، استان بوشهر، ایران، در سال ۱۴۰۴

ویدا آرون^۱، یلدا ملک زادگان^{۲*}، بهدخت جمالی^{۲*}

۱. کارشناسی ارشد، گروه میکروبیولوژی، علوم پایه، مؤسسه آموزش عالی خرد، بوشهر، ایران.

۲. استادیار، گروه میکروبیولوژی، علوم پایه، مؤسسه آموزش عالی خرد، بوشهر، ایران.

* نویسنده مسئول ۱: malekzadeganyalda@gmail.com, orcid: 0000-0002-4461-9900

* نویسنده مسئول ۲: behdokht.jamali2023@gmail.com, orcid: 0000-0003-3879-4662

تاریخ بارگزاری: ۱۴۰۵/۰۱/۲۲ تاریخ بازنگری: ۱۴۰۵/۰۱/۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۱/۳۱

چکیده

عفونت‌های زخم از مهم‌ترین چالش‌های نظام سلامت در سراسر جهان محسوب می‌شوند و نقش قابل‌توجهی در افزایش مدت بستری بیماران، هزینه‌های درمانی، بروز عوارض بالینی و مرگ‌ومیر ایفا می‌کنند. در دهه‌های اخیر، گسترش روزافزون مقاومت آنتی‌بیوتیکی در میان عوامل باکتریایی مولد عفونت‌های زخم، به یکی از مهم‌ترین تهدیدهای سلامت عمومی تبدیل شده است. استفاده گسترده و گاه غیرمنطقی از آنتی‌بیوتیک‌ها موجب ظهور و انتشار سویه‌های مقاوم و به‌ویژه باکتری‌های دارای مقاومت چنددارویی (MDR) شده که درمان عفونت‌ها را با دشواری‌های فراوانی مواجه ساخته است.

شناخت عوامل باکتریایی شایع در عفونت‌های زخم و آگاهی از الگوی حساسیت و مقاومت آنتی‌بیوتیکی آن‌ها، نقش اساسی در انتخاب درمان مناسب، کاهش مصرف غیرضروری آنتی‌بیوتیک‌ها و کنترل گسترش مقاومت میکروبی دارد. از آنجا که الگوی

شیوع میکروارگانیزم‌ها و مقاومت دارویی در مناطق جغرافیایی مختلف متفاوت است، انجام مطالعات بومی برای تدوین راهبردهای درمانی و کنترل عفونت ضروری به‌نظر می‌رسد.

مطالعه حاضر با هدف بررسی شایع‌ترین باکتری‌های جدا شده از کشت زخم، تعیین الگوی حساسیت و مقاومت آنتی‌بیوتیکی آن‌ها و شناسایی ایزوله‌های دارای مقاومت چنددارویی در بیماران بستری در بیمارستان شهید گنجی برازجان در سال ۱۴۰۴ انجام خواهد شد. نتایج این پژوهش می‌تواند اطلاعات ارزشمندی در زمینه اپیدمیولوژی عفونت‌های زخم و مقاومت آنتی‌بیوتیکی در منطقه فراهم کرده و در تدوین پروتکل‌های درمانی، برنامه‌های کنترل عفونت و مدیریت مصرف آنتی‌بیوتیک‌ها مورد استفاده قرار گیرد.

روش‌ها

در این پژوهش با مشاوره کارشناس آماری تعداد نمونه‌ها برای بیماران (۳۰ نفر) جهت انجام آزمایش مشخص شد و بعد از اخذ رضایت‌نامه کتبی، نمونه‌گیری از محل زخم و عفونت صورت گرفت. مراحل انجام مطالعه شامل انجام مطالعات میدانی، کتابخانه‌ای و بیوانفورماتیک، تعیین شاخص‌های ورود و خروج مطالعه، نمونه‌برداری از محل بروز زخم و عفونت، انجام رنگ‌آمیزی گرم، انجام تست‌های تشخیصی-افتراقی و بیوشیمیایی، انجام تست آنتی‌بیوگرام، بررسی نتایج حاصل و در نهایت انجام آنالیزهای آماری می‌باشد.

نتایج: آنالیز داده‌ها حاکی از احتمال بروز سویه خاصی از باکتری‌ها و عفونت‌زایی در محل زخم بیماران دیابتی است. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده شایع‌ترین عوامل جدا شده، *E. coli* و *Klebsiella spp* بودند که هر کدام ۴ مورد (۴۰ درصد) از نمونه‌های مثبت را تشکیل می‌دادند. پس از آن، *Pseudomonas aeruginosa* و *Enterobacter spp* هر کدام با یک مورد (۱۰ درصد) قرار داشتند.

کلمات کلیدی: عفونت زخم، حساسیت و مقاومت آنتی‌بیوتیکی، مقاومت چندگانه MDR.

مقدمه

زخم نوعی آسیب است که باعث از بین رفتن پیوستگی در پوست، بافت‌ها و غشاهای مخاطی می‌شود. براساس مدت زمان بهبود، زخم‌ها به دو دسته زخم‌های حاد و زخم‌های مزمن طبقه‌بندی می‌شوند. زخم‌های حاد، زخم‌های پوستی یا جراحی هستند و زخم‌های مزمن شامل زخم‌های فشاری، زخم‌های پا، سوختگی‌های شدید و زخم‌های دیابتی می‌شوند. زخم‌های حاد اغلب به‌طور کامل و بدون عوارض در عرض چهار هفته، پس از سرعت بهبودی مورد انتظار یا قابل بیش‌بینی، بهبود می‌یابند؛ در مقایسه با زخم‌های حاد کنترل زخم‌های مزمن دشوارتر است و زمان التیام کند و همچنین تداوم و پیشرفت غیرطبیعی در التیام دارند و می‌توانند عوارضی جدی ایجاد کنند، به‌طوری‌که نیاز به برداشتن بافت باشد. زخم‌های مزمن در سالمندان بالای ۵۰ سال رایج هستند. زخم‌های جراحی و زخم‌های دیابتی گران‌ترین زخم‌ها به‌شمار می‌روند [۱]. عفونت‌های زخم از جمله عوارض شایع بستری بیماران در بیمارستان‌ها بوده و می‌توانند منجر به افزایش طولانی‌مدت بستری، هزینه‌های درمانی و حتی مرگ‌ومیر شوند. همچنین می‌توانند باعث ایجاد جای زخم‌های بدشکل شوند که می‌تواند به‌ویژه برای زنان جوان از نظر زیبایی مشکل‌ساز باشد [۲].

SSI (Surgical Site Infection) نوعی عفونت زخم است که پس از عمل جراحی رخ می‌دهد و حداکثر ۵۰٪ از بیمارانی که تحت عمل جراحی قرار می‌گیرند دچار عفونت محل جراحی می‌شوند [۳].

باکتری‌های گرم مثبت به‌ویژه *Staphylococcus aureus* و *Pseudomonas aeruginosa*، *Klebsiella pneumoniae* و *Acinetobacter baumannii* از شایع‌ترین پاتوژن‌های جدا شده از زخم‌ها هستند [۴]. تشخیص بالینی اولین قدم برای جلوگیری از عوارض بیشتر است که بهترین روش و رایج‌ترین روش تشخیصی کشت آزمایشگاهی *in vitro* می‌باشد که از قرن نوزدهم به‌عنوان استاندارد طلایی برای شناسایی بالینی میکروارگانیسم‌ها مورد استفاده قرار گرفته است.

در طول صد سال گذشته آنتی‌بیوتیک‌های مختلفی مانند سولفونامیدها، پنی‌سیلین، استرپتومایسین، تتراسایکلین و وانکومایسین به‌صورت بالینی برای عفونت استفاده

شده‌اند. در صورتی که عفونت در عمق عضله یا لایه چربی باشد درمان آنتی‌بیوتیکی مناسب نیست و برای جلوگیری از عفونت سیستمیک یا سپسیس قطع عضو لازم است. دبریدمان یک رویکرد جراحی رایج است که برای درمان زخم‌های حاد مانند عفونت ناشی از سوختگی یا دیابت می‌باشد [۵]. در حال حاضر استفاده گسترده و بیش از حد (طولانی مدت یا برای زخم‌های غیر عفونی) از آنتی‌بیوتیک‌های موضعی یا سیستمیک منجر به مقاومت آنتی‌بیوتیکی جهانی شده است. افزایش میکروارگانیسم‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک به یکی از حیاتی‌ترین تهدیدها برای بخش مراقبت‌های بهداشتی تبدیل شده است. باکتری‌های مقاوم به چند دارو **MDR** (**Multi Drug Resistant**) که بیماری‌زای کشنده هستند و روز به روز در حال افزایش هستند تهدیدی بسیار جدی برای سلامت انسان محسوب می‌شوند. این مسئله در باکتری‌های گرم مثبت و گرم منفی که شامل *Escherichia coli*، *P. aeruginosa*، *K. pneumoniae*، *A. baumannii* (گرم منفی) و *Enterococcus faecalis*، *Enterococcus faecium*، *S. aureus* (گرم مثبت) می‌شوند، شایع‌تر است.

مشخص شده است که این مقاومت آنتی‌بیوتیکی در بین این گونه‌های باکتریایی به دلیل دستیابی به پلاسمیدها یا از طریق انتقال ژن‌های مقاومت رخ داده است. طبق گفته انجمن بیماری‌های عفونی آمریکا، مقاومت در برابر ترکیبات ضد میکروبی را می‌توان به عنوان «یکی از بزرگ‌ترین تهدیدات برای سلامت انسان در سراسر جهان» تعریف کرد. دو مکانیسم اصلی وجود دارد که از طریق آن باکتری‌های گرم مثبت می‌توانند در برابر آنتی‌بیوتیک‌ها مقاومت ایجاد کنند: ۱. ترشح آلفا-لاکتامازها (مسئول تجزیه آنزیمی آنتی‌بیوتیک‌ها) ۲. کاهش میل ترکیبی و حساسیت محل هدف خود به عنوان مثال جهش در ژن‌های PBP (پروتئین اتصال دهنده پنی‌سیلین) بومی یا از طریق دستیابی به DNA خارجی، اما در باکتری‌های گرم منفی آنزیم‌های غیرفعال کننده علت اصلی مقاومت آنتی‌بیوتیکی هستند که می‌توانند توسط پلاسمیدها، آنزیم‌های اصلاح کننده آمینو گلیکوزیدها یا سایر عناصر ژنتیکی متحرک حامل ژن‌های مقاومت یا در نتیجه افزایش مقاومت ذاتی به دلیل جهش در ژن‌های کروموزومی به دست آیند [۶].

مقاومت ضد میکروبی (AMR) زمانی ایجاد می‌شود که میکروارگانیسم‌ها شامل

باکتری‌ها، قارچ‌ها، انگل‌ها و ویروس‌ها تا حدی تکامل می‌یابند که در نهایت در برابر داروهای ضد میکروبی مانند آنتی‌بیوتیک‌ها که برای درمان چنین بیماری‌هایی مورد استفاده قرار می‌گیرند مقاوم می‌شوند [۷].

عفونت‌های مقاوم به آنتی‌بیوتیک‌ها به‌طور کلی براساس استاندارد جهانی به سه گروه اصلی تقسیم می‌شوند:

MDR: به سویه‌هایی اشاره دارد که به سه یا بیش از سه کلاس دارویی ضد میکروبی، مقاومت نشان می‌دهند؛ مانند MRSA.

XDR: به سویه‌هایی اشاره دارد که به همه کلاس‌های دارویی به‌جز دو کلاس دارویی مقاوم هستند؛ مانند VRE.

PDR: به سویه‌هایی اشاره دارد که به تمامی کلاس‌های دارویی مقاوم هستند. بنابراین ظهور ایزوله‌هایی با مقاومت چندگانه یا MDR و سویه‌های مقاوم به داروها مثل *S. aureus* مقاوم به متی‌سیلین (MRSA) یا *E. faecium* مقاوم به ونکومایسین (VRE) یا *A. baumannii* مقاوم به کارباپنم (CRAB) و *E. Coli* تولیدکننده بتالاکتاماز با طیف گسترده (ESBL) درمان عفونت‌ها را سخت و بسیار دشوار کرده است [۸ و ۹].

نکته مهم آن است که الگوی شیوع عوامل میکروبی و مقاومت آنتی‌بیوتیکی در مناطق جغرافیایی مختلف متفاوت است و تحت تأثیر عواملی همچون شرایط اقلیمی، سیاست‌های تجویز آنتی‌بیوتیک، وضعیت بهداشت بیمارستانی و ویژگی‌های جمعیتی قرار می‌گیرد. از این‌رو تدوین دستورالعمل‌های درمانی مؤثر مستلزم در اختیار داشتن داده‌های بومی و به‌روز است.

با توجه به نبود مطالعه جامع در شهرستان دشتستان و بیمارستان شهید گنجی برازجان، پژوهش حاضر با هدف شناسایی شایع‌ترین باکتری‌های جدا شده از کشت زخم، تعیین الگوی حساسیت و مقاومت آنتی‌بیوتیکی آن‌ها و بررسی فراوانی ایزوله‌های دارای مقاومت چنددارویی طراحی شده است. نتایج این مطالعه می‌تواند مبنایی برای بهبود درمان بیماران، کنترل عفونت‌های بیمارستانی و مدیریت منطقی مصرف آنتی‌بیوتیک‌ها در منطقه باشد.

مواد و روش‌ها

تعداد ۳۰ نمونه در طول ۶ ماه جاری در آزمایشگاه بیمارستان گنجی شهر برازجان استان بوشهر در سال ۱۴۰۴ جهت بررسی و سنجش مورد مطالعه قرار گرفت که از این بین تعداد ۱۰ نمونه دارای جواب کشت مثبت بودند. نمونه‌های مثبت جهت بررسی و مطالعه بیشتر به مرکز تحقیقاتی منتقل و جهت افزایش سطح دقت و کیفیت جواب‌دهی سریعاً مورد بررسی و آزمایش انجام گرفت.

کشت در محیط کشت Muller Hinton Agar

محیط کشت مولر هینتون آگار (Ibresco, Iran) مطابق دستورالعمل، تهیه و باکتری‌ها در این محیط پس از تعیین غلظت نیم‌مک‌فارلند به روش یکنواخت تلقیح شدند.

تهیه استاندارد نیم‌مک‌فارلند

استانداردهای مک‌فارلند به‌عنوان مرجع برای تنظیم کدورت سوسپانسیون مایع/ باکتری در ویال یا لوله در آزمایشگاه میکروبیولوژی استفاده می‌شود. این به حفظ و/ یا اطمینان از این‌که تعداد باکتری‌ها در محدوده معینی باشد کمک می‌کند تا تست‌های میکروبی استاندارد شود. استاندارد مک‌فارلند را می‌توان با غلظت‌های متفاوتی از غلظت ۰/۵ تا ۴ تهیه کرد و بسته به غلظت، تراکم تعداد سلول‌ها متفاوت است. با این حال رایج‌ترین غلظت مورد استفاده برای تست حساسیت ضد میکروبی و آزمایش عملکرد محیط کشت معمولاً با استاندارد ۰/۵ مک‌فارلند در آزمایشگاه‌های میکروبیولوژیکی انجام می‌شود. استاندارد مک‌فارلند یک محلول شیمیایی از کلرید باریم و اسید سولفوریک است. واکنش شیمیایی بین این دو ماده شیمیایی منجر به تولید رسوب ریز سولفات باریم می‌شود. پس از تکان دادن خوب، کدورت یک استاندارد مک‌فارلند از نظر بصری با یک سوسپانسیون باکتریایی با غلظت شناخته شده قابل مقایسه است. استانداردهای کدورت مک‌فارلند با مخلوط کردن حجم‌های مختلف اسید سولفوریک ۱ درصد و کلرید باریم ۱ درصد برای به‌دست‌آوردن محلول‌هایی با چگالی نوری خاص تهیه می‌شود. با تنظیم حجم این دو معرف شیمیایی، استانداردهای مک‌فارلند با درجات مختلف کدورت را

می‌توان تهیه کرد که نشان‌دهنده تراکم باکتری‌ها یا تعداد سلول‌های مختلف است. استاندارد کدورت مک‌فارلند ۰/۵ چگالی نوری قابل مقایسه با چگالی سوسپانسیون باکتریایی با واحدهای تشکیل‌دهنده کلنی 1.5×10^8 (CFU/ml) ارائه می‌دهد.

جهت تهیه استاندارد مک‌فارلند لوله‌های استاندارد با مخلوط کردن کلرید باریوم 1% (BaCl₂) و اسید سولفوریک 1% (H₂SO₄) براساس جدول استاندارد بین‌المللی تهیه شد. بدین‌منظور ۰/۰۵ میلی‌لیتر کلرید باریوم و ۹/۹۵ میلی‌لیتر از محلول اسید سولفوریک ۱ درصد ترکیب، به‌خوبی مخلوط شدند تا سوسپانسیون کدوری را تشکیل دهند. مخلوط حاصله در لوله آزمایش پیچیده شده با فویل آلومینیومی ریخته شد. سوسپانسیون باکتری‌ها قبل از این‌که روی محیط کشت سوپا شوند با استاندارد نیم‌مک‌فارلند مقایسه شدند. شدت جذب استاندارد نیم‌مک‌فارلند در طول موج ۶۲۵ نانومتر ۰/۰۹ بود و بنابراین، سوسپانسیون باکتریایی معادل 1.5×10^8 (CFU/ml) در نظر گرفته شد.

تست آنتی‌بیوگرام برای آنتی‌بیوتیک‌های انتخابی به روش انتشار دیسک

ابتدا مقداری از باکتری (تقریباً ۲ تا ۳ کلنی) در محیط *Mueller-Hinton Broth* (MHB) تلقیح شد و سپس این لوله‌ها در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد تا زمانی که غلظت باکتری با غلظت لوله ۰/۵ مک‌فارلند یکسان شود انکوبه گردید. برای تشخیص غلظت ۰/۵ مک‌فارلند باکتری از اسپکتروفتومتر اشعه اولتراویولت استفاده شد. سپس به کمک سوپا استریل (با قرار دادن سوپا در دمای ۱۸۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱ ساعت در لوله‌های شیشه‌ای و درون فور آن را استریل می‌نمایند) باکتری روی محیط کشت مولر هینتون آگار به‌صورت سفره‌ای و در کل محیط کشت داده شد. به کمک پنس استریل دیسک‌های آنتی‌بیوتیکی را یکی‌یکی برداشته و روی محیط جامد به‌طوری‌که فاصله هر دیسک از لبه پلیت ۱۵ میلی‌متر و فاصله مرکز یک دیسک با مرکز دیسک دیگر ۲۴ میلی‌متر باشد، قرار داده و محیط‌ها درون انکوباتور ۳۷ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴ ساعت انکوبه شدند. بعد از این مدت قطر هاله اطراف هر دیسک را برحسب میلی‌متر به کمک خط‌کش اندازه‌گیری کرده و براساس استاندارد CLSI 2025 در مورد قطر هاله

عدم رشد اطراف هر دیسک (zone of inhibition) می‌توان الگوی حساسیت باکتری نسبت به آن دیسک آنتی‌بیوتیک را به صورت مقاوم (Resistant) حد واسط (Intermediate) و حساس (Susceptible) مشخص کرد.

محیط کشت Blood agar

از این محیط به عنوان یک محیط اولیه به منظور شناسایی اولیه باکتری و نیز خالص سازی باکتری برای انجام آزمایشات مختلف استفاده می‌شود.

با توجه به دستورالعمل درج شده بر روی لیبل محیط کشت بلاد آگار (Ibresco, Iran) مقدار معین از پودر محیط کشت در یک لیتر آب مقطر حل می‌گردد. سپس محیط روی هیتر جوشانده می‌شود تا کاملاً حل شود. باید دقت کرد که محیط زیاد نجوشد زیرا جوشاندن زیاد به علت بخار شدن بیش از حد آب محیط، باعث تغییر در نسبت مواد حل‌شونده و آب موجود در محیط کشت می‌گردد. سپس محیط در دمای ۱۲۱ درجه و فشار 15atm به مدت ۱۵ دقیقه اتوکلاو می‌گردد. حال محیط کشت را بر روی روتیتور در دمای اتاق گذاشته تا سرد شده و به دمای مناسب جهت انتقال به ظروف کشت برسد (دمای ۴۵ تا ۵۰ درجه). در این زمان مقدار ۵ درصد خون دفیبرینه را در شرایط کاملاً استریل به محیط اضافه و کاملاً مخلوط کرده و در شرایط استریل محیط را درون پلیت‌های محیط کشت ریخته و درب‌های آن‌ها را روی آن‌ها قرار داده تا از آلودگی محیط جلوگیری شود. پلیت‌های محیط کشت را می‌توان به مدت ۱ تا ۲ هفته در دمای ۴ تا ۶ درجه نگهداری کرد. در این محیط نیز نمونه بیماران را تلقیح کرده و سپس مورد بررسی قرار می‌دهیم.

محیط کشت Mac Conkey agar

این محیط به عنوان یکی از مهم‌ترین محیط‌های کشت تشخیصی در میکروبیولوژی پزشکی، به عنوان یک محیط کشت با عملکرد انتخابی و افتراقی جهت جداسازی باکتری‌های گرم منفی تخمیرکننده لاکتوز از سایرین مورد استفاده قرار می‌گیرد. با توجه به اطلاعات درج شده بر روی لیبل (Ibresco, Iran) محیط کشت فوق طبق

دستورالعمل تهیه و نمونه بیماران در این محیط تلقیح شد.

محیط کشت TSI

این محیط به‌عنوان یکی از پرکاربردترین محیط‌های کشت افتراقی در بخش تشخیصی میکروب‌شناسی، جهت جداسازی باکتری‌ها براساس نوع قند دکستروز، ساکاروز و لاکتوز مصرفی توسط باکتری مجهول مورد استفاده قرار می‌گیرد. با توجه به اطلاعات درج شده بر روی لیبل (Ibresco, Iran) محیط کشت فوق طبق دستورالعمل تهیه و نمونه بیماران در این محیط تلقیح شد.

محیط کشت Simmon citrate agar

محیط کشت سیمون سترات یک محیط کشت افتراقی جهت جداسازی باکتری‌ها براساس تخمیر و مصرف کربن طی فرایند متابولیک و یا عدم مصرف آن توسط باکتری مجهول مورد استفاده قرار می‌گیرد. با توجه به اطلاعات درج شده بر روی لیبل (Ibresco, Iran) محیط کشت فوق طبق دستورالعمل تهیه و نمونه بیماران در این محیط تلقیح گردید.

محیط کشت SIM

محیط کشت SIM یک محیط کشت افتراقی جهت شناسایی و جداسازی باکتری‌ها براساس تحرک (Motility) تولید سولفید هیدروژن (H_2S) و تولید ایندول (Indole) توسط باکتری مجهول مورد استفاده قرار می‌گیرد. با توجه به اطلاعات درج شده بر روی لیبل (Ibresco, Iran) محیط کشت فوق طبق دستورالعمل تهیه و نمونه بیماران در این محیط تلقیح شد.

محیط کشت Urea Agar

محیط کشت urea agar یک محیط کشت افتراقی جهت شناسایی و جداسازی باکتری‌ها براساس حضور و یا عدم حضور آنزیم اوره آز و برای باکتری‌های تجزیه‌کننده اوره قابل

استفاده می‌باشد؛ در نتیجه شکست اوره موجود در محیط کشت توسط باکتری مجهول مورد استفاده قرار می‌گیرد. با توجه به اطلاعات درج شده بر روی لیبل (Ibresco, Iran) محیط کشت فوق طبق دستورالعمل تهیه و نمونه بیماران در این محیط تلقیح شد.

تست کاتالاز

تست کاتالاز (Catalase test) یک تست بیوشیمیایی سریع برای جداسازی باکتری‌ها براساس حضور و یا عدم حضور آنزیم کاتالاز باکتریایی است. آنزیم کاتالاز آنزیمی است که هیدروژن پراکسید موجود در محیط را که ماده‌ای بسیار سمی و مؤثر بر دیواره سلولی باکتری‌ها می‌باشد را به آب و اکسیژن تبدیل کرده و به ادامه روند حیات باکتری کمک می‌کند. این تست به دو روش اسلایدی و لوله‌ای انجام می‌شود که روش اسلایدی بسیار رایج‌تر است.

در این پژوهش انجام تست به روش اسلایدی برای نمونه بیماران انجام شد.

انجام تست اکسیداز

تست اکسیداز (Oxidase test) یکی دیگر از تست‌های بیوشیمیایی سریع برای جداسازی باکتری‌ها براساس حضور و یا عدم حضور آنزیم cytochrome c oxidase باکتریایی است. این آنزیم یکی از آنزیم‌های زنجیره انتقال الکترون می‌باشد که در باکتری‌های هوازی برای تولید انرژی نقش دارد. یکی از مهم‌ترین کاربردهای این تست، افتراق باکتری‌های گرم منفی است. در این پژوهش تست اکسیداز برای نمونه بیماران انجام و نتایج به‌دست‌آمده جهت بررسی ثبت شد.

رنگ‌آمیزی گرم

رنگ‌آمیزی گرم (Gram staining) یکی از رنگ‌آمیزی‌های مرکب و افتراقی برای جداسازی باکتری‌ها براساس جنس دیواره آن‌هاست. در این پژوهش از کیت رنگ‌آمیزی گرم (برند بهارافشان) جهت بررسی دیواره سلولی باکتری‌ها استفاده شد و نتایج جهت اقدام و بررسی‌های مراحل بعد ثبت شد.

آنالیز آماری داده‌ها

آنالیز نتایج با استفاده از برنامه SPSS ورژن ۲۲ انجام پذیرفت. سپس نتایج مربوط به میانگین و درصد داده‌های ارزیابی شده در غالب آمار توصیفی و به صورت فراوانی نسبی گزارش شد. در نهایت ارتباط آماری احتمالی میان داده‌ها به کمک تست‌های Chi-square و Fisher's exact تعیین گردید و سطح کمتر از ۰/۰۵ معنادار در نظر گرفته شد.

نتایج

در این مطالعه ۳۰ نمونه مورد بررسی قرار گرفت که از بین آن‌ها ۱۰ نمونه کشت مثبت گزارش شده است. اطلاعات مربوط به آن‌ها شامل جنسیت، سن افراد مورد مطالعه و بخش بستری در بیمارستان نیز جمع‌آوری شد. این نتایج در جداول ۱-۴، ۲-۴ و ۳-۴ آورده شده است.

در بین ۳۰ نمونه‌برداری انجام شده از بیماران بیمارستان شهید گنجی برازجان، ۱۲ نمونه مرتبط با زن‌ها (۴۰٪) و ۱۸ نمونه مرتبط با مردان است (۶۰٪). از بین نمونه‌برداری‌های انجام شده ۱۰ نمونه دارای جواب کشت مثبت است (۳۳/۳٪) که از بین آن‌ها ۶ نمونه مثبت مرتبط با آقایان (۲۰/۰٪) و ۴ نمونه مثبت مرتبط با خانم‌ها (۱۳/۳٪) به دست آمد.

جدول ۱. توزیع جنس بیماران (Gender Distribution)

جنس	فراوانی	درصد
مرد	۶	۶۰
زن	۴	۴۰
مجموع	۱۰	۱۰۰

جدول ۲. فراوانی و درصد باکتری‌ها (Frequency Table)

نوع باکتری	فراوانی	درصد	درصد تجمعی
<i>E.coli</i>	۴	۴۰,۰	۴۰,۰
<i>Klebsiella</i>	۴	۴۰,۰	۸۰,۰
<i>Pseudomonas</i>	۱	۱۰,۰	۹۰,۰
<i>Entrobacter</i>	۱	۱۰,۰	۱۰۰,۰
مجموع	۱۰	۱۰۰	-

جدول ۳. توزیع سن بر حسب جنس (Descriptive statistics-Age)

جنس	تعداد	میانگین سن	انحراف معیار	مینیمم	ماکزیمم
مرد	۶	۴۰,۳۳	۱۸,۴۲	۱۱	۵۷
زن	۴	۵۳,۷۵	۲۴,۶۵	۱۶	۷۳
کل	۱۰	۴۶,۷	۲۰,۸	۱۱	۷۳

جدول ۴. تقاطع جنس و نوع باکتری

نوع باکتری	مرد (۶)	زن (۴)	مجموع
<i>E.coli</i>	۲	۲	۴
<i>Klebsiella</i>	۳	۱	۴
<i>Pseudomonas</i>	۱	۰	۱
<i>Entrobacter</i>	۰	۱	۱
مجموع	۶	۴	۱۰

جدول ۵. خلاصه مکان بستری

درصد	مجموع	زنان	مردان	مکان بستری
۴۰,۰	۴	۰	۴	داخلی مردان
۳۰,۰	۳	۳	۰	داخلی زنان
۱۰,۰	۱	۰	۱	جراحی مردان
۱۰,۰	۱	۱	۰	جراحی زنان
۱۰,۰	۱	۰	۱	icu
۱۰۰	۱۰	۴	۶	مجموع

بحث و نتیجه‌گیری

پژوهش حاضر با هدف بررسی الگوی میکروبیولوژیک کشت زخم و ویژگی‌های دموگرافیک بیماران مبتلا به زخم در بیماران دیابتی انجام شد. از مجموع ۳۰ نمونه گرفته شده از زخم بیماران دیابتی، ۱۰ مورد (۳۳,۳ درصد) کشت مثبت گزارش شد. این میزان شیوع عفونت در زخم‌های دیابتی با مطالعات متعدد داخلی و بین‌المللی همخوانی دارد و نشان‌دهنده بار بالای عفونت‌های ثانویه در این بیماران است. شایع‌ترین عوامل جدا شده، *E. coli* و *Klebsiella spp* بودند که هر کدام ۴ مورد (۴۰ درصد) از نمونه‌های مثبت را تشکیل می‌دادند. پس از آن، *Pseudomonas aeruginosa* و *Enterobacter spp* هر کدام با یک مورد (۱۰ درصد) قرار داشتند. جداسازی بالای باکتری‌های گرم منفی (به‌ویژه *E. coli* و *Klebsiella*) در زخم‌های دیابتی، اغلب به‌دلیل اختلال در گردش خون محیطی، نوروپاتی و کاهش پاسخ ایمنی در بیماران دیابتی است. حضور *Pseudomonas* نیز شایع است، به‌ویژه در زخم‌های مزمن و عمیق که با رطوبت و نکروز همراه هستند. بیشترین موارد (۷۰ درصد) در بخش‌های داخلی بیمارستان گزارش شد. این امر نشان‌دهنده بستری شدن بیشتر بیماران دیابتی با زخم عفونی در این بخش‌ها به‌دلیل عوارض متعدد (نوروپاتی، عروق محیطی، عفونت و...) است. شیوع پایین‌تر در ICU و بخش جراحی نیز منطبق با ماهیت مراقبت‌های تخصصی در این واحدهاست. یافته‌های این مطالعه با نتایج پژوهش صداقت و همکاران (۲۰۲۳) با عنوان

«بررسی الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی باکتری‌های جدا شده از کشت‌های ارسالی بخش مراقبت‌های ویژه (ICU) بیمارستان امام رضا (علیه‌السلام) مشهد» همخوانی دارد؛ به‌طوری‌که *Klebsiella pneumoniae* به‌عنوان یکی از شایع‌ترین باکتری‌های جدا شده در هر دو مطالعه گزارش شده است [۱۰]. همچنین نتایج پژوهش نعمتی و همکاران (۲۰۲۱) با عنوان «فراوانی و الگوهای حساسیت ضد میکروبی عوامل باکتریایی جدا شده از عفونت‌های زخم بیماران بستری در یک بیمارستان دانشگاهی در تهران» نیز با یافته‌های مطالعه حاضر همسو بود؛ به‌گونه‌ای که *Escherichia coli* و *Klebsiella pneumoniae* از شایع‌ترین عوامل باکتریایی در هر دو مطالعه بودند [۱۱]. علاوه بر این، نتایج مطالعه حاضر نشان داد که *Escherichia coli* نسبت به بخش قابل‌توجهی از آنتی‌بیوتیک‌های مورد بررسی مقاومت قابل‌ملاحظه‌ای از خود نشان داد که این یافته با نتایج برخی مطالعات پیشین مطابقت دارد.

در مطالعات خارج از کشور، چون وانگ و همکاران (Chun Wang et.al) در سال ۲۰۲۳ در پژوهشی با عنوان “Distribution patterns and antibiotic resistance of bacterial pathogens among patients with wound infections in the Jiaying region” گزارش کردند که *Escherichia coli* یکی از شایع‌ترین باکتری‌های جدا شده از عفونت‌های زخم بوده و مقاومت بالایی نسبت به آموکسی‌سیلین نشان داده است [۱۲]. یافته‌های مطالعه حاضر نیز با نتایج این پژوهش همخوانی دارد؛ به‌طوری‌که *Escherichia coli* در این مطالعه نیز مقاومت قابل‌توجهی در برابر آموکسی‌سیلین از خود نشان داد.

به‌طور کلی، شیوع بالای *Escherichia coli* در مطالعه حاضر با نتایج مطالعات داخلی و خارجی مطابقت داشته و الگوی مقاومت آنتی‌بیوتیکی این باکتری نیز تا حد زیادی با یافته‌های گزارش شده در پژوهش‌های پیشین همسو است. با این حال فراوانی نسبتاً بالای *Klebsiella pneumoniae* در مقایسه با برخی مطالعات قبلی ممکن است ناشی از تفاوت در ویژگی‌های جمعیت مورد بررسی، مدت زمان بستری بیماران، محل و نوع عفونت زخم، شیوع زخم‌های دیابتی یا استئومیلیت (عفونت استخوان)، عمق زخم، شرایط اپیدمیولوژیک هر مرکز درمانی و الگوی مصرف آنتی‌بیوتیک‌ها باشد؛ بنابراین

بررسی دقیق‌تر این عوامل می‌تواند در تبیین اختلافات مشاهده شده میان مطالعات مؤثر باشد.

کاربرد نتایج تحقیق

نتایج این پژوهش می‌تواند کاربردهای عملی متعددی در حوزه‌های بالینی، آموزشی و مدیریتی داشته باشد. مهم‌ترین کاربردهای نتایج به شرح زیر است:

✓ انتخاب درمان هدفمند: شناسایی *E. coli* و *Klebsiella spp* به‌عنوان شایع‌ترین

عوامل عفونت زخم پای دیابتی کمک می‌کند تا پزشکان در انتخاب آنتی‌بیوتیک

empirical (اولیه) دقیق‌تر عمل کنند و از مصرف بی‌رویه آنتی‌بیوتیک‌های

broad-spectrum که منجر به مقاومت دارویی می‌شود، جلوگیری نمایند.

✓ با توجه به تمرکز بالای موارد در بخش‌های داخلی، لازم است پروتکل‌های

مراقبتی ویژه‌ای مانند ارزیابی روزانه زخم، کنترل قند خون شدیدتر و

debridement به موقع برای بیماران دیابتی بستری در این بخش‌ها تدوین شود.

✓ نتایج پژوهش بر اهمیت غربالگری زودرس، مراقبت از پا و آموزش بیماران دیابتی

برای کاهش خطر ابتلا به زخم عفونی تأکید دارد و می‌تواند در کاهش نرخ قطع

عضو (Amputation) مؤثر باشد.

منابع

1. Nguyen, H. M., et al. (2023). "Biomedical materials for wound dressing: recent advances and applications," *RSC Adv*, 13(8): 5509-5528.
2. Sen, C. K. (2019). "Human Wounds and Its Burden: An Updated Compendium of Estimates," *Adv Wound Care* (New Rochelle), 8(2): 39-48.
3. Boga, S. M. (2019). "Nursing practices in the prevention of post-operative wound infection in accordance with evidence-based approach", *International Journal of Caring Sciences*, 12(2), 1228–1232.
4. Markiewicz-Gospodarek, A., et al. (2022). "Burn Wound Healing: Clinical Complications, Medical Care, Treatment, and Dressing Types: The Current State of Knowledge for Clinical Practice." *Int J Environ Res Public Health*, 19(3).
5. Ding, X., et al. (2022). "Challenges and innovations in treating chronic and acute wound infections: from basic science to clinical practice," *Burns Trauma*, 10: tkac014.
6. Bharadwaj, A., et al. (2022). "Multidrug-Resistant Bacteria: Their Mechanism of Action and Prophylaxis," *Biomed Res Int*, 2022: 5419874.
7. Tang, K. W. K., et al. (2023). "Antimicrobial Resistance (AMR)," *Br J Biomed Sci*, 80: 11387.
8. Eatemadi, A. (2021). "A Proposed Evidence-Based Local Guideline for Definition of Multidrug-Resistant (MDR), Extensively Drug-Resistant (XDR) and Pan Drug-Resistant (PDR) Bacteria by the Microbiology Laboratory," *International Journal of Current Science Research and Review*, 04(03).
9. van Duin, D. and D. L. Paterson (2020). "Multidrug-Resistant Bacteria in the Community: An Update," *Infect Dis Clin North Am*, 34(4): 709-722.
10. Sedaqat, A., Fazeli, B., Soheili, V., Bagheri Moghadam, A., Fazeli, F., & Mirzaei Feyzabadi, B. (2023). [Antibiotic resistance pattern of bacteria isolated from intensive care unit specimens]. *Medical Journal of Mashhad University of Medical Sciences*, 65(5), 1915-1925 (In Persian).
11. Nemati, A., et al. (2021). "Frequency and antimicrobial susceptibility patterns of bacterial agents isolated from wound infections of inpatients at a university hospital in Tehran." *Scientific Journal of Kurdistan University of Medical Sciences*, 26(3): 71-84.
12. Wang, C., et al. (2024). "Distribution Patterns and Antibiotic Resistance Profiles of Bacterial Pathogens Among Patients with Wound Infections in the Jiaying Region from 2021 to 2023," *Infect Drug Resist*, 17: 2883-2896.