

本研究計畫主要目標是利用已建立的「台灣重要院感菌種標準化虛擬抗藥指紋資料庫」，進行大規模系統性分析，以了解不同類型標準化虛擬抗藥指紋的流行病學特性，並希望能建置一個「台灣重要院感菌跨菌種抗藥性比較、流病分析之視覺化整合平台」。此平台預計能對台灣抗藥性院內感染菌的監控和臨床抗生素使用指引提供重要助益。

研究方法是基於 111 與 112 年度建立的泛基因體等位基因庫和全基因體多基因座序列分型技術（wgMLST），將細菌基因組轉換為標準化抗藥性指紋，並應用 SPRO 方法量化指紋相似度。本研究主要分析了資料庫中 **鮑氏不動桿菌 (AB)**、**屎腸球菌 (EF)**、**克雷伯氏肺炎桿菌 (KP)**、**綠膿桿菌 (PA)** 及**金黃色葡萄球菌 (SA)** 共 107,387 筆虛擬抗藥指紋資料。

主要發現包括：

- **抗藥性菌株的全球分佈：**資料顯示亞洲（特別是中國、印度、東南亞）和北美洲的美國地區，其多數菌種的數據相對較多，而非洲、大洋洲等地區的數據則普遍較少。
- **菌種特異性抗藥基因表現：**研究詳細分析了菌株對 24 類共 91 種常見抗生素的抗藥性基因頻率。結果發現不同菌種有其特定的高頻率抗藥基因表現模式，例如 **AB 較多 Aminoglycoside、Beta-lactam、Streptogramin B 類抗藥基因**，而 **EF 幾乎不具備 Beta-lactam 類抗藥基因**，但對 **Glycopeptide、Lincosamide、Tetracycline 類抗生素展現較高頻率的抗藥基因**。**PA 主要對 Beta-lactam 類抗生素展現專一性抗藥基因表現**。
- **跨菌種抗藥指紋相似性：**在分析的 9,022 條抗藥性指紋中，有 209 條指紋存在於至少兩種菌種之間。其中，**EF 與 SA 共享的指紋數量最多（69 條）**，其次是 **KP 與 PA（43 條）**。
- **跨菌種抗藥性菌株的全球分布：**具備跨菌種共享抗藥性指紋的菌株，其全球分布在 **北美洲、澳洲、印度、中國、東南亞及西歐等地區較為密集**，顯示這些地方可能是抗藥性基因在不同菌種間傳播的重要地理熱點。
- **抗藥性趨勢：**整體而言，抗藥性基因的出現頻率呈現下降趨勢，其中 **Beta-lactam 類與 Aminoglycoside 類的下降最為顯著**。

這些發現對於未來的抗菌藥物管理和感染控制策略制定具有重要的參考價值。