

《疾病监测》审稿意见与作者答复

题目：ICU 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌基因同源性分析

作者：周俊英，乐英棒

—————审稿专家意见与答复—————

审稿专家意见及作者修改说明：

专家意见：

审稿专家意见 1：

- 1、本文是用什么方法分离培养和鉴定金葡的？请补充鉴定方法
- 2、请补充分离出金葡的患者基础信息，如年龄、症状、诊断、内源还是外源感染？这些信息对于院感研究很重要
- 3、药敏结果依据哪个标准进行判定的？为何无 MDR 分析？另外耐药结果部分需简化文字
- 4、ERIC-PCR 的方法出处在哪里？自创？文献？
- 5、ERIC-PCR 结果是如何判定的？随机重复单元的序列是什么？是依据重复频次还是其他？频次如何计算？软件算法是什么？能否将耐药表型数据与 ERIC 关系树相关联？这部分内容过于简单，请补充 6、亲缘关系近就能说明来自同一传染源？此说法欠妥。ERIC 方法适合于亲缘进化研究还是溯源研究，请说明讨论部分特别是耐药讨论要简化，不过多堆砌描述性文字，讨论重点要突出。

审稿专家 2：

1. 虽然文章以病原菌耐药和基因溯源为主，但还是要在结果中补充分离菌株的背景，如分离的菌株的病人的疾病情况和环境究竟是哪种？
2. 按照杂志要求重新做表格，三线表
3. 研究对象是集中在 2016 年 3 月至 6 月，因此，结论也应该是在这个范围内，不建议扩大

作者修改说明：

- 1、金黄色葡萄球菌的分离和鉴定是采用《全国临床检验操作规程》，如果详细写下，篇幅太多；
- 2、病人的信息已经补充，参考下列所修改文章；
- 3、药敏试验采用的是药敏纸片法（K-B）法，采用的标准是 CLSI 的标准；
- 4—6、ERIC 序列是近年来发现的存在于原核生物基因组中一类短的重复序列。该序列在染色体上的分布和拷贝数具有种间的特异性，根据序列中心高度保守的 44bp 的 ERIC 核心序列设计反向引物，可扩增出反映细菌基因组结构特征的谱带。由于 ERIC-PCR 快速简便，图谱重复性好，能用于细菌分类鉴定、环境监测、流行病调查以及人和动物肠道菌群结构研究等方面；
- 7、讨论部分已做修改。

另位专家的问题已在上传文章上做了修改，回复如下：

- 1、按专家提出的增加了“感染病人和环境检测”；
- 2、MRSA 应该是耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌，因此把万古霉素改成了甲氧西林；
- 3、按专家要求增加了检出株的来源和感染部位；
- 4、按专家要求修改了表格；
- 5、按专家要求写出了检出株的检出时间；
- 6、按专家要求，修改了由于检出例数不多，尽可能客观得出结论。

-----定稿会意见与答复-----

定稿会意见：

本文经这次修改后，基本达到要求，可以发表，谢谢！