

Výskyt invazivních kmenů *Klebsiella pneumoniae* s produkcí ESBL se v České republice pohybuje kolem 50 %, u kmenů *Escherichia coli* je to kolem 15 %. Tito producenti představují tedy v klinické praxi závažný problém. Alarmující v posledních letech je také nárůst výskytu producentů karbapenemáz. Ve Fakultní nemocnici Brno pozorujeme podobný trend s dominancí kmenů *Pseudomonas aeruginosa* produkujících metalobetalaktamázy. Tyto kmeny je nutné u hospitalizovaných pacientů aktivně vyhledávat a pacienty s kmeny produkujícími karbapenemázy plně izolovat. Rezistence k antibiotikům u takových kmenů je sdružená. Proto jsou možnosti terapie těchto multirezistentních bakterií omezené. Doporučené postupy zatím neexistují. Možnosti, jak léčit tyto infekce, jsou například nová antibiotika (ceftazidim/avibactam, intravenózní fosfomycin, cefiderocol a další), ev. kombinace antibiotik. Intravenózní fosfomycin je antibiotikum určené k léčbě závažných infekcí. Díky malé molekule má výborný průnik do tkání a současně působí v krevním řečišti. Je vhodný ke kombinované terapii pro svůj synergický efekt.

<https://doi.org/10.21101/hygiena.b0117>

MRSA – riziko zavlékání do zdravotnických zařízení

MRSA – risk of introduction into healthcare facilities

Renáta Karpíšková, Kristýna Brodíková, Ivana Koláčková

Masarykova univerzita, Lékařská fakulta, Ústav veřejného zdraví, Brno, Česká republika

Staphylococcus aureus (*S. aureus*) je komenzál, který se často vyskytuje na kůži a sliznicích zdravých osob. Vědecké studie popisují, že přibližně 20 % lidí jsou jeho trvalými a 30 % intermitentními nosiči. *S. aureus* je také oportunním patogenem lidí a zvířat. Klinické projevy zahrnují infekce kůže a měkkých tkání až po bakteriémii, septikémii, toxický šok a syndrom opařené kůže. Poprvé byl kmen *S. aureus* rezistentní k methicilinu (MRSA) popsán v roce 1961 a tyto kmeny se staly významnými původci nozokomiálních infekcí. V polovině 90. let došlo k rozšíření MRSA i v komunitě a od roku 2005 byly kmeny MRSA izolovány i u hospodářských zvířat. V České republice se u pacientů s invazivními infekcemi vyvolanými *S. aureus* podíl MRSA dlouhodobě pohyboval kolem 15 %, v roce 2021 byl zaznamenán pokles počtu případů na 9,4 % (EARS-net, 2021). V severovýchodních zemích se prevalence MRSA pohybuje v řádu procent, v jižní Evropě a v USA je výskyt v desítkách procent. Nemocniční (HA MRSA – hospital acquired), komunitní (CA MRSA – associated) a animální (LA MRSA – livestock associated) kmeny se od sebe vzájemně geneticky liší a řadíme je do klonálních komplexů (CC), které umožňují snazší sledování zdrojů a cest šíření infekce. V nemocničních zařízeních v ČR i v zemích EU se vyskytují kmeny převážně pěti klonálních komplexů CC5, CC8, CC22, CC97 a CC45. Kmeny MRSA spojené s komunitou se řadí převážně do klonálních komplexů CC8, CC1, CC361, CC88 a CC188. MRSA asociované s hospodářskými zvířaty se vyskytují zejména v chovech prasat, u mléčného skotu, koní a drůbeže, ale také u domácích zvířat, jako jsou

psi a kočky. Tyto kmeny se řadí zejména k CC398 a CC9. LA-MRSA však pronikají také do lidské populace a stále častěji se podílejí i na invazivních infekcích. Naopak klonální komplexy typické pro nemocnice nebo komunitu se objevují i v populaci zvířat. Šíření MRSA v nemocnicích, komunitních a zemědělských zařízeních představuje hrozbu pro veřejné zdraví i chovy hospodářských zvířat, protože lidské zdraví, zdraví zvířat a zdravý ekosystém jsou neoddělitelně spojeny.

Poděkování: Studie byla podpořena z projektu AZV NU23-09-00488 Epidemiologická a genetická analýza MRSA dle konceptu WHO „One Health“.

<https://doi.org/10.21101/hygiena.b0118>

Mikrobiom jako biomarker v medicíně The microbiome as a biomarker in medicine

Martin Krsek

Masarykova univerzita, Lékařská fakulta, Ústav veřejného zdraví, Brno, Česká republika

Konec minulého a začátek tohoto století byl ve znamení dvou významných projektů: projekt lidského genomu a projekt lidského mikrobiomu. Oba projekty byly důležitými milníky v lidském poznání. Znamenaly nesmírný stimul pro rozvoj sekvenování i v sém s tím souvisejících oborů a technologií a jejich význam pro posunutí našich znalostí o lidském genomu a mikrobiomu na novou kvalitativní úroveň je nedocenitelný. Dozvěděli jsme se, že náš genom se skládá pouze z asi 20 000 genů kódujících proteiny. K těm ale musíme přidat dalších 2–20 milionů genů našeho mikrobiomu, který co do počtu buněk převyšuje naše vlastní buňky zhruba desetkrát. Většina „našich“ mikrobů jsou aktivní metabolizující buňky komunikující mezi sebou i s buňkami našeho těla. Ve skutečnosti naši mikrobi tvoří další funkční orgán (nebo spíše soubor orgánů) našeho těla, který hraje důležitou roli pro naše zdraví. Dá se říci, že lidé a mikrobi spolu tvoří jeden velký superorganismus, holobiont, kde naše mikrobiota přispívá k dozrávání našeho imunitního systému, trávení potravy, tvorbě energie a mnoha dalším metabolickým procesům, a v neposlední řadě prevenci invazí a regulaci růstu mikroorganismů podporujících onemocnění. Složení naší mikrobioty se mezi jednotlivými částmi našeho těla liší a je velmi variabilní i mezi lidmi. Jedinečnost především střevní mikrobioty je dokonce srovnávána s jedinečností otisku prstů. Zároveň je nutné zdůraznit, že i přes tuto obrovskou variabilitu je celková funkce naší mikrobioty velmi podobná. Jak již bylo naznačeno, mikrobi nám v zásadě pomáhají, ale nemusí tomu tak být vždy. Představujeme pro ně velmi chutné sousto, a jen díky naší milióny let trvající koexistenci, kdy jsme si zvykli využívat jejich jedinečných schopností a současně je udržovat v patřičných mezích, nám ve většině případů neublíží. Můžeme tedy konstatovat, že zdravá mikrobiota vykazuje pozitivní vliv na naše zdraví a veškeré naše úsilí by mělo směřovat k jejímu udržení, či zabránění vzniku dysbiózy se všemi jejími negativními následky.

<https://doi.org/10.21101/hygiena.b0119>