

Antimikrobiální rezistence v kontrole infekcí

**Vidět víc, reagovat dřív: role molekulárních metod
v prevenci šíření nozokomiálních infekcí**

**See more, respond earlier: the role of molecular
methods in preventing the spread of nosocomial
infections**

Regina Bezděková Fillerová¹, Vladislav Raclavský², Ane-
ta Nováková¹, Martin Kašný¹, Jaroslav Budiš⁴, Tat'ána
Štosová³, Petr Kvapil¹

¹*Institute of Applied Biotechnologies, a. s., Olomouc,
Česká republika*

²*Univerzita Palackého v Olomouci, Lékařská fakulta,
Ústav mikrobiologie, Olomouc, Česká republika*

³*Fakultní nemocnice Olomouc, Ústav mikrobiologie, Olomouc,
Česká republika*

⁴*Geneton, s. r. o., Bratislava, Slovenská republika*

Infekce spojené se zdravotní péčí (HAI) představují trvalou zátěž zdravotnických zařízení, přičemž kontaminace nemocničního prostředí patří mezi významné faktory jejich šíření. Povrchy v bezprostředním okolí pacienta mohou být kontaminovány nozokomiálními patogeny včetně multirezistentních kmenů a jejich systematický monitoring je proto důležitou součástí preventivních opatření. Rutinně používané kultivační metody však mohou skutečný rozsah kontaminace podhodnocovat, zejména z důvodu omezené citlivosti při nízké mikrobiální zátěži.

Cílem práce bylo ověřit, zda mohou molekulární metody doplnit nebo rozšířit stávající přístupy v epidemiologickém dohledu. Optimalizovali jsme pokročilé molekulární metody (multiplex RT-PCR a sekvenování celého metagenomu WMGS) pro rychlou a simultánní detekci širokého spektra nozokomiálních patogenů.

Do studie bylo zařazeno 50 stěrů odebraných z různých povrchů v pokojích pacientů s prokázanou kolonizací nebo infekcí nozokomiálními patogeny. Vzorky byly analyzovány paralelně pomocí multiplexní RT-PCR, WMGS a standardní kultivační metodou, přičemž izolované mikroorganismy byly identifikovány pomocí MALDI-TOF MS.

Vyvinutá multiplexní RT-PCR umožnila detekci DNA 24 nejčastějších původců HAI včetně genů spojených s antibiotickou rezistencí. Při srovnání s kultivací byla dosažena 85% shoda v identifikaci dominantních patogenů, a to v daleko kratším čase v řádu hodin. WMGS navíc odhalila přítomnost dalších patogenů a mobilních genů rezistence, které nebyly kultivačně zachyceny, a poskytla detailní charakteristiku mikrobiálních společenstev.

RT-PCR představuje rychlý a citlivý nástroj pro podporu epidemiologického dohledu nad kontaminací nemocničního prostředí. WMGS umožňuje komplexní detekci bakterií, virů i kvasinek včetně genů rezistence a nabízí potenciál pro detailní mapování šíření HAI, čímž přispívá k efektivnímu řízení prevence a kontroly infekcí.

Poděkování: Práce vznikla za podpory projektu BiomGuard CZ.01.01.01/01/22_002/0000715.

<https://doi.org/10.21101/hygiena.b0196>