

Monitoring prítomnosti a diverzity mikroorganizmov vo vlhkom prostredí zdravotníckych zariadení
Monitoring the presence and diversity of microorganisms in the wet environment of healthcare facilities

Lenka Reizigová^{1,2}, Jaroslava Sokolová², Juraj Medo³

¹*Trnavská univerzita v Trnave, Fakulta zdravotníctva a sociálnej práce, Centrum mikrobiológie a prevencie infekcií, Trnava, Slovenská republika*

²*Regionálny úrad verejného zdravotníctva so sídlom v Trenčíne, Národné referenčné centrum pre prevenciu a kontrolu nozokomiálnych nákaz, Trenčín, Slovenská republika*

³*Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Fakulta biotechnológie a potravinárstva, Ústav biotechnológie, Nitra, Slovenská republika*

Infekcie asociované so zdravotnou starostlivosťou (HAI) patria medzi významné výzvy verejného zdravotníctva. Nemocničné prostredie funguje ako významný rezervoár patogénov s vysokou mierou antimikrobiálnej rezistencie (AMR), čo vedie k zhoršeniu terapeutických možností, zvýšenému riziku šírenia nozokomiálnych epidémií, rastu morbidity a k vyšším ekonomickým nákladom zdravotnej starostlivosti.

Cieľom príspevku je prezentovať výsledky hodnotenia prítomnosti a diverzity mikroorganizmov v prostredí zdravotníckych zariadení, so špecifickým zameraním na vlhké lokality (sifóny umývadiel a perlátory). Hlavný cieľ bol charakterizovať zloženie mikrobiálnych komunít prostredníctvom kultivačných metód a moderných molekulárnych techník založených na sekvenovaní génu pre 16S rRNA. Praktická časť zahŕňala odber environmentálnych vzoriek z týchto piatich rizikových pracovísk

fakultnej nemocnice – jednotiek intenzívnej starostlivosti (JIS): traumatologická JIS, metabolická JIS, klinika anesteziológie a intenzívnej medicíny, chirurgická JIS a klinika vnútorného lekárstva – kardiologická JIS. Bola analyzovaná mikrobiálna diverzita a zastúpenie mikroorganizmov vrátane potenciálne patogénnych druhov.

Preukázala sa vysoká miera mikrobiálnej diverzity v sledovaných lokalitách, pričom boli identifikované významné nozokomiálne patogény, ako sú rody *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Staphylococcus*, *Mycobacterium* a *Methylobacterium*. Porovnanie kultivačných prístupov so sekvenovaním 16S rRNA potvrdilo, že molekulárne metódy umožňujú zachytiť komplexnejšie mikrobiálne spoločenstvá a identifikovať mikroorganizmy, ktoré nie sú detegovateľné konvenčnými kultivačnými technikami.

Výsledky prispievajú k lepšiemu pochopeniu významu vlhkého nemocničného prostredia ako rezervoára nozokomiálnych infekcií a poukazujú na potrebu kombinácie kultivačných a molekulárnych prístupov pri monitorovaní a kontrole mikrobiálnej kontaminácie v kontexte moderného verejného zdravotníctva.

Podakovanie: Tento príspevok vznikol v rámci riešenia projektu EAST-S-25-8727 Udržateľné systémy a soustavy TZB za podpory Fakulty stavební Vysokého učení technického v Brně.

<https://doi.org/10.21101/hygiena.b0205>