

Lokální populace K1/ST23 vykazovala vysokou uniformitu v hypervirulenčních faktorech (95/96 izolátů se skóre 9/9). Populace nevykazovala znaky dlouhodobého klonálního šíření; naopak přítomnost více fylogenetických linií odpovídala opakovaným nezávislým introdukcím. Prokázána byla strukturální plasticita virulenčních plazmidů, včetně přesunů genových klastrů a jejich chromozomálních integrací zprostředkovaných inserčními sekvencemi. Identifikovány byly rovněž plazmidy kombinující faktory virulence a antibiotické rezistence představující časně stadium konvergence MDR-hvKp.

K. pneumoniae linie K1/ST23 cirkulující ve FN Brno je vysoce virulentní a zároveň genomově diverzní, s významným evolučním potenciálem pro vznik a šíření MDR-hvKp. Systematické epidemiologické sledování a cílená typizace suspektních izolátů jsou klíčové pro včasnou identifikaci rizikových klonů a prevenci šíření hvKp.

Poděkování: Podpořeno projekty AZV ČR NW24-09-00126 a MZ ČR – koncepční rozvoj výzkumné organizace (FN Brno, 65269705).

<https://doi.org/10.21101/hygiena.b0214>

Postery

Hypervirulentní *Klebsiella pneumoniae* K1/ST23: lokální epidemiologie a globální kontext

Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* K1/ST23: local epidemiology and global context

Matěj Bezdíček^{1,2,3}, Markéta Jakubíčková^{1,2,4}, Ivana Vítková¹, Iva Kocmanová^{1,2}, Martina Lengerová^{1,2,3}

¹Fakultní nemocnice Brno, Ústav laboratorní medicíny, Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Brno, Česká republika

²Masarykova univerzita, Lékařská fakulta, Ústav laboratorní medicíny, Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Brno, Česká republika

³Masarykova univerzita, Lékařská fakulta, Interní hematologická a onkologická klinika, Brno, Česká republika

⁴Vysoké učení technické v Brně, Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, Ústav biomedicínské inženýrství, Brno, Česká republika

Hypervirulentní *Klebsiella pneumoniae* (hvKp) linie K1/ST23 představuje narůstající globální hrozbu, často spojenou s invazivními komunitními infekcemi. Zvyšující se incidence kmenů kombinujících hypervirulenci s multirezistentním fenotypem podtrhuje potřebu epidemiologického sledování. Cílem studie bylo charakterizovat klinické izoláty hvKp linie K1/ST23 izolované ve FN Brno a zasadit je do kontextu s dostupnými globálními daty.

V letech 2017–2025 bylo ve FN Brno vyšetřeno 570 izolátů *K. pneumoniae* na přítomnost markerů hypervirulence. 96 izolátů bylo identifikováno jako K1/ST23. Tyto izoláty byly dále analyzovány pomocí celogenomového sekvenování včetně rekonstrukce plazmidů. Lokální populace K1/ST23 byla následně srovnána s 2 463 genomy K1/ST23 z databází pomocí fylogenetické analýzy a profilování virulenčních a rezistenčních faktorů. Součástí prezentace jsou i vybrané kazuistiky dokumentující klinický dopad infekcí způsobených hvKp K1/ST23.