

**Analiza wyników uzyskanych w multipleksowym teście wykrywającym kwas nukleinowy wirusów i bakterii w wymazie nosowo-gardłowym, BAL-u i płwocinie od dzieci z podejrzeniem zakażenia dróg oddechowych hospitalizowanych w III-rzędowym ośrodku referencyjnym w pediatrii**

*Jarosław Piszczuk \*, Agnieszka Seraficka, Małgorzata Szczypkowska, Alina Niewiadomska*

Centrum Medycznej Diagnostyki Laboratoryjnej i Badań Przesiewowych. Pracownia Mikrobiologii z Parazytologią. Instytut Centrum Zdrowia Matki Polki w Łodzi.

Zakażenia układu oddechowego mają ciężki przebieg szczególnie w grupie pacjentów pediatrycznych. Identyfikacja czynników etiologicznych metodami konwencjonalnej diagnostyki mikrobiologicznej wymaga czasu. Zastosowanie systemu FilmArray Torch pozwala na wykrywanie kwasów nukleinowych określonych bakterii i wirusów w próbkach klinicznych w ciągu 45-75 min. Kluczowym dla podjęcia terapii pozostaje rozpoznanie, czy mamy do czynienia z infekcją bakteryjną, wirusową, czy mieszaną oraz wykrycie genów podstawowych mechanizmów oporności na antybiotyki.

Analizie poddano 453 wyniki uzyskane dla: Pneumonia Panel plus (198) i Respiratory Panel 2.1 plus (255). Próbkę kliniczne pochodziły od pacjentów pediatrycznych hospitalizowanych w Instytucie Centrum Zdrowia Matki Polki w okresie 01.05.2023r.-19.09.2024r. Wykrywalność patogenów bakteryjnych i wirusowych odpowiedzialnych za zakażenia dolnych dróg oddechowych przy użyciu Pneumonia Panel plus jest znacząco wyższa w próbkach BAL/mini BAL niż w próbkach płwociny. Wykrywalność genu oporności typu CTX-M była znacząco wyższa w próbkach płwociny. Odwrotną zależność zaobserwowano dla genu typu VIM. Geny oporności typu IMP i NDM były obserwowane wyłącznie w próbkach BAL/mini BAL. Dla *Staphylococcus aureus* nie obserwowano genu *mecA/C* i MREJ. W wymazie nosowo-gardłowym największy odsetek wykrywalności (40%) zaobserwowano dla rinowirus/enterowirus, na poziomie 15.17% lokował się wirus paragrypy typ 3, syncytialny wirus oddechowy – 11.71%. SARS-CoV-2 stanowił 8.28% wszystkich wykrytych patogenów.