

## Wieloośrodkowe rozprzestrzenianie *Enterococcus faecium* ST203, opornego na wankomycynę i linezolid w polskich szpitalach

Ewa Wardal<sup>1</sup>, Dorota Żabicka<sup>2</sup>, Ewa Sadowy<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Zakład Mikrobiologii Molekularnej; <sup>2</sup>Zakład Epidemiologii i Mikrobiologii Klinicznej, Narodowy Instytut Leków, Warszawa

Oporność na glikopeptydy i linezolid należy do najgroźniejszych fenotypów u ważnego patogenu szpitalnego, *Enterococcus faecium*. W ciągu ostatnich kilkudziesięciu lat doszło do wytworzenia w populacji tego drobnoustroju specyficznego kompleksu klonalnego, przystosowanego do warunków panujących w szpitalach, a zwłaszcza cechującego się opornością na szereg związków stosowanych w terapii.

Wcześniejsza analiza kolekcji 105 izolatów enterokoków opornych na linezolid (60 *E. faecium* i 45 *E. faecalis*), pochodzących z lat 2020-2022, poddanych sekwencjonowaniu genomowemu z wykorzystaniem urządzenia Miseq (Illumina) umożliwiła m.in. ustalenie typów sekwencyjnych (ST) izolatów. Stwierdzono, że najczęściej występującym u *E. faecium* był ST203 (22 izolaty, 36.7%) pochodzący z 14 szpitali w 10 miastach. Grupę tę poddano dalszej analizie z wykorzystaniem danych genomicznych.

Poza opornością na linezolid, wszystkie izolaty o ST203 cechowała oporność na wankomycynę/teikoplaninę, ampicylinę i ciprofloksacynę; 15 izolatów miało fenotyp HLAR (oporność na aminoglikozydy wysokiego stopnia). Determinantę oporności na linezolid stanowiły mutacje w genach 23S rRNA. Oporność na glikopeptydy była uwarunkowana nabyciem genów operonu *vanA*. Ustalenie kompletnej sekwencji genomu dla wybranego izolatu z grupy ST203 wykazało, że geny te są zlokalizowane na plazmidzie o wielkości 47 995 bp, niosącego plazmidowe geny replikacyjne *rep1*, *rep2* i *rep7a*, a poza genami operonu *vanA* także gen oporności na makrolidy *erm(B)* oraz gen oporności na chloramfenikol *cat*. Stopień pokrewieństwa izolatów oceniono używając podejścia core-genome MLST (cgMLST), które wykazało bliskie spokrewnienie izolatów.

Pogłębione analizy bazujące na danych pochodzących z sekwencjonowania genomowego wskazują na wieloośrodkowe rozprzestrzenianie się w polskich szpitalach epidemicznego szczepu *E. faecium*, opornego na szereg istotnych leków, w tym na wankomycynę i linezolid.