

Analiza profilu genetycznego oporności na antybiotyki oraz epidemiologia molekularna szczepów *Klebsiella pneumoniae* przy użyciu techniki REP-PCR

Patrycja Głowacka¹, Patrycja Wójcicka^{*1}, Izabela Bany¹, Marta Ciesielska¹, Monika Ogórkiewicz¹, Dorota Żakowska¹, Joanna Sierżputowska², Anna Koszczyńska²

¹Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii im. gen. Karola Kaczkowskiego w Warszawie

²10 Wojskowy Szpital Kliniczny z Polikliniką w Bydgoszczy

Wstęp

Klebsiella pneumoniae jest oportunistycznym patogenem powodującym ciężkie zakażenia szpitalne. Drobnoustroj ten cechuje się wysoką opornością na antybiotyki oraz zdolnością do szybkiego rozprzestrzeniania. W ramach badań przeprowadzono analizę 12 izolatów *K.pneumoniae* pozyskanych od pacjentów szpitalnych (10 WSzKzP w Bydgoszczy, Oddział Wewnętrzny) w celu określenia profilu antybiotykooporności i bliskości genetycznej szczepów.

Materiały i metody

Izolaty hodowano na agarze krwawym. Wykonano testy wrażliwości na 19 środków przeciwdrobnoustrojowych metodą Kirby'ego–Bauera zgodnie z wytycznymi EUCAST. Wykorzystano także techniki molekularne, tj.: PCR i REP-PCR (GTG (5)), do analizy genów oporności na antybiotyki oraz typowania epidemiologicznego. Wykrywane geny oporności to: KPC, NDM, IMP, VIM, DHA, CMY-2, CTX-M-like, OXA-like, ACC, EBC, FOX, MOX, TEM, SHV, GES. W celu zbadania nadekspresji systemu pomp efflux wykonano posiewy na podłoże z dodatkiem bromku etydyny.

Wyniki

Większość szczepów wykazała oporność na antybiotyki β -laktamowe i karbapenemy. Szczepy były wrażliwe na tigeicyklinę oraz inne antybiotyki w niewielkiej liczbie przypadków. Wykryto geny oporności KPC, NDM, OXA-48, TEM, SHV. Siedem szczepów miało identyczny profil genów oporności CTX-M-15, KPC, TEM, SHV. Zastosowanie techniki REP-PCR umożliwiło identyfikację grup szczepów o wysokim stopniu pokrewieństwa genetycznego, co pozwala na śledzenie ognisk epidemicznych oraz wskazanie potencjalnych źródeł zakażeń. Badania nad nadekspresją systemów pompy efflux wykazały brak właściwości fluorescencyjnych szczepów w obecności bromku etydyny, co dodatkowo podkreśla złożoność mechanizmów oporności prezentowanych patogenów.