

***Escherichia coli* IZOLOVANÉ PRI SEPSÁCH, VIRULENCIA A REZISTENCIA**Kmeťová, M.¹, Frankovičová, L.¹, Molokáčová, M.², Takáčová, V.², Siegfried, L.¹¹ Ústav lekárskej mikrobiológie a klinickej mikrobiológie, Univerzita Pavla Jozefa Šafárika, Lekárska fakulta, ² Univerzitná nemocnica L. Pasteura, SNP 1, 040 11 Košice

Cieľ práce: Cieľom práce bolo otestovať kmene *E.coli*, izolované z krvi pacientov hospitalizovaných vo Fakultnej nemocnici L. Pasteura v Košiciach, pri klinicky vážnych stavoch, vedúcich ku vzniku sepsy, na prítomnosť faktorov virulencie, zistiť u týchto kmeňov fylogenetickú príslušnosť, prevalenciu virulentných patotypov a citlivosť voči pôsobeniu antibakteriálnych látok.

Súbor a metódy: Vyšetřili sme 89 kmeňov *E.coli* izolovaných pri sepe od pacientov s primárnymi onkologickými (n=13), urinárnymi (n=25), gastrointestinálnymi (n=15), respiračnými ochoreniami (n=4), od pacientov po transplantácii orgánov (n=4), resp. s inou primárnou diagnózou (n= 28). Od jedného pacienta bol do súboru zaradený jeden kmeň *E.coli*. Na hemokultiváciu sme použili hemokultivačný systém Bactec 9050. *E.coli* sme izolovali a identifikovali štandardnými identifikačnými postupmi. Metódou PCR sme v študovanom súbore *E.coli* zisťovali prítomnosť génov *fimA*, *hlyA*, *pap*, *sfu*, *cae*, *pCDF*, *afa*, *a-hly*, *cnfl*, *lt*, *st*, *ipall* a génov *meC* a *aer*. Kmene sme patotypovo zatriedili na základe spektra faktorov virulencie. Fylogenetické zatriedenie kmeňov do skupín B2, D, B1 a A sme určili podľa Clermonta a spol. (2000). Rezistenciu proti 14 antibakteriálnym látkam sme zisťovali dilučnou metódou, proti cefoperazónu a imipenému difúznou metódou.

Výsledky: V študovanom súbore *E.coli* sme z génov adhérence najčastejšie detegovali prítomnosť *fimA* (94%) a *pap* (37%). Z génov, kódujúcich toxické vlastnosti, sa gén *cnfl*, kódujúci cytotoxické a nekrotizujúce schopnosti izolovaných kmeňov *E.coli* vyskytoval v 20%, gén pre produkciu α -hemolyzínu *hlyA* v 16% a gény pre produkciu enterotoxínov *lt* a *st* v 6 resp. v 7%, 2 %-ný výskyt sme zaznamenali pri génoch invazivity *ipall* a génoch *ial*. Fylogeneticky sme väčšinu testovaných kmeňov *E.coli* zatriedili do hlavných fylogenetických skupín B2 a D (52% vs. 25%), ktoré sú typické pre

patogénne kmene *E.coli*. Dominantný výskyt B2 skupiny bol zaznamenaný u všetkých kmeňov *E.coli*, bez ohľadu na primárnu klinickú diagnózu. Tento výsledok je v súlade so zistením Bukh-a a spol. (2009). Najvyššiu rezistenciu proti antibakteriálnym látkam sme zaznamenali proti trimetoprim/sulfamethoxazolu (51%), ciprofloxacínu (47%) a ampicilin/sulbaktamu (30%). Všetky kmene vykazovali citlivosť voči kolistínu a meropenemu.

Záver: Väčšina kmeňov *E.coli* izolovaných z hemokultúr bola vybavená fimbriami typu 1, ku ktorým sa pridružujú špecifické fimbrie, v závislosti od patotypu. Počet faktorov virulencie bol pri jednotlivých kmeňoch jedinečný, pohyboval sa od jedného do ôsmich. V asociácii s rezistenciou kmeňov proti antibiotikám, môže táto skutočnosť ovplyvniť stupeň infekčného procesu a terapeutické možnosti. V etiológii sa najčastejšie uplatňujú kmene *E.coli* fylogenetických skupín B2 a D, uplatnenie komenzálnych kmeňov *E.coli* u imunokompromitovaných pacientov nie je vylúčené.

Práca bola riešená s podporou projektu Centrum excelentnosti CEMIO, ITMS: 26220120058 a grantu VEGA 1/0495/10.

SPRÁVY
KLINICKEJ
MIKROBIOLÓGIE

ISSN 1335-8219
EV 2992/09

Ročník X.
Číslo SB/2010

Časopis
Slovenskej spoločnosti klinickej mikrobiológie
Slovenskej lekárskej spoločnosti
a
Sekcie klinickej mikrobiológie
Slovenskej lekárskej komory



VI. Kongres
Slovenskej spoločnosti klinickej
mikrobiológie
22.10.-24.10. 2010

ZBORNÍK ABSTRAKTOV