

# Ampicilin rezistentní $\beta$ -laktamáza negativní kmeny *Haemophilus influenzae* izolované v České republice v letech 2010-2018

Podle výsledků pravidelné surveillance rezistence bakteriálních původců infekcí dýchacích cest vzrůstá v České republice počet kmenů *Haemophilus influenzae* s neenzymatickou rezistencí k  $\beta$ -laktamovým antibiotikům. Neenzymatická rezistence je podmíněna mutacemi v genu *ftsI* kódujícím penicilin-vážíci protein (PBP3), jejichž důsledkem je snížená schopnost vázat  $\beta$ -laktamová antibiotika. Průkaz tohoto typu rezistence je obtížnější než detekce  $\beta$ -laktamázy, která je u *H. influenzae* stále nejčastější příčinou rezistence k aminopenicilinům.

Analýzou souboru 228 kmenů *H. influenzae* bylo zjištěno, že nejvyšší možný záchyt (99,5 %) izolátů s neenzymatickou rezistencí způsobenou mutacemi v genu *ftsI*, je možno v rutinní praxi dosáhnout při současném vyšetření citlivosti vůči penicilinu, ampicilinu, amoxicilinu a cefuroximu diskovou difúzní metodou dle metodologie EUCAST. V současnosti doporučenou metodou EUCAST s využitím pouze penicilinu byl záchyt mutací nižší, 95,7 %.

Sekvenční analýza prokázala značnou variabilitu mutací genu *ftsI*. V souboru 228 kmenů bylo zjištěno celkem 37 různých kombinací aminokyselinových záměn, které se vyskytly na 23 pozicích v proteinu PBP3 (V329I, D350N, S357N, A368T, M377I, S385T, A388V, L389F, P393L, A437S, I449V, G490E, I491V, R501L, A502S, A502T, A502V, V511A, R517H, I519L, N526K, A530S a T532S). Nejčastější kombinací (35 %) aminokyselinových záměn byla kombinace D350N, M377I, A502V, N526K. Epidemiologická typizace MLST nenaznačuje klonální rozšíření konkrétního typu/klonu. Celkem bylo zjištěno 74 ST tvořících šest klonálních komplexů (CC) s nalezeným společným předkem, osm CC bez známého předka a 33 singletonů. Nejrozšířenější ST 1034 byl spojen především s kombinací mutací D350N, M377I, A502V, N526K.