

Abstrakt

Karlova Univerzita v Praze
Farmaceutická fakulta v Hradci Králové
Katedra farmakologie a toxikologie

Student: Jan Bavlovič

Školitelé: PharmDr. Lukáš Červený, Ph.D.
Prof. Doutora Luísa Peixe

Konzultanti: Doutora Ângela Novais
Doutora Ana Freitas

Název diplomové práce: Charakterizace multirezistentních izolátů *Klebsiella pneumoniae* a *Enterococcus faecium* spektroskopickými a genotypickými metodami

Stále se zvyšující antimikrobiální rezistence je v současné době celosvětovým problémem. Mezi významné metody charakterizace antimikrobiální rezistence patří tradičně genomické postupy. Cílem této studie bylo zhodnotit potenciál metody Fourier transform infrared spectroscopy se zeslabeným kompletním odrazem (FTIR-ATR) pro identifikaci multirezistentních karbapenemasu produkujících *K. pneumoniae* a *E. faecium* izolátů. Analyzovali jsme 20 klinických *K. pneumoniae* izolátů získaných z různých laboratoří v Portugalsku v období od března 2014 do září 2015 a 143 dříve popsané vankomycin-rezistentní *E. faecium* izoláty získaných od lidí, zvířat a životního prostředí v 26 zemích mezi lety 1992 a 2015. Izoláty byly primárně charakterizovány genotypovými metodami, včetně testování antimikrobiální citlivosti, detekce karbapenemáz a betalaktamáz s rozšířeným spektrem (ESBLs), identifikace odolnosti vůči antibiotikům transpozonů a plazmidů a genetické příbuznosti izolátů multilokusovou sekvenční typizací (MLST) a následně pomocí metody FTIR a porovnání spekter vícerozměrné analýzy dat. *K. pneumoniae* izoláty produkovaly KPC-3 a variabilně ESBL (SHV nebo CTX-M typy) a byly rezistentní k aminoglykosidům (76 %), karbapenemům (70 %) nebo nitrofurantoinu (55 %). *Bla_{KPC-3}* byla identifikována v transposonu (Tn) 4401 varianty "d" a IncFIA and IncN plasmidech. Pomocí FTIR-ATR analýzy jsme byli schopni v době kratší než 48 hodin rozlišit pět klonů, což odpovídalo výsledkům získaným metodou MLST (sekvenční typy ST147, ST15, ST231, ST348, ST109). Bylo identifikováno 24 sekvenčních typů *E. faecium*, které byly přiřazeny do 6 BAPS (Bayesian analýzy populační struktury) podskupin (2.1a, 2.1b, 3.1, 3.2, 3.3a1, 3.3a2), které byly určeny FTIR analýzou. Bylo prokázáno, že FTIR-ATR spojená s MLST by mohly být levnou a časově nenáročnou alternativou pro rozpoznání klonálních vztahů mezi klinicky relevantními *K. pneumoniae* a *E. faecium* izoláty.