

## Abstrakt

*Clostridium difficile* je významným nozokomiálním patogenem současnosti v souvislosti s rozšířením epidemických kmenů. Molekulární typizace klinických izolátů je nedílnou součástí kontroly výskytu a šíření *C. difficile* v nemocničním prostředí a v komunitě.

Soubor 2201 klinických izolátů *C. difficile* z 32 nemocničních zařízení z období 2013-2015 byl charakterizován pomocí PCR ribotypizace doplněné o průkaz genů pro tvorbu toxinů. Identifikovali jsme celkem 166 různých ribotypizačních profilů a u 53 profilů byly zachyceny alespoň dva izoláty reprezentující jeden profil. Nejčastěji zachycenými ribotypy byly 176 (n=588; 26,7 %) a 001 (n=456; 20,7 %), následovány ribotypy 014 (n=176; 8 %), 012 (n=127; 5,8 %), 017 (n=85; 3,9 %) a 020 (n=68; 3,1 %). Celkem 2024 (92 %) izolátů bylo toxigenních (neslo geny pro produkci toxinů A, B) a z těchto navíc 677 neslo také geny pro tvorbu binárního toxinu. Zbývajících 177 (8 %) izolátů bylo netoxigenních.

Subtypizace izolátů *C. difficile* pomocí MLVA (multilocus variable number tandem repeats analysis) porovnávací počet repetitivních úseků byla provedená u izolátů ribotypu 176 (n=225, 17 nemocnic) a u izolátů ribotypu 001 (n=184, 14 nemocnic) kultivovaných v roce 2014. Klonální příbuznost izolátů v rámci ribotypu byla zjištěna u 76,6 % izolátů ribotypu 001, které tvořily 14 klonálních komplexů a u 84,5 % izolátů ribotypu 176, které tvořily 27 klonálních komplexů. Dále byla MLVA použita v lokálních retrospektivních epidemiologických šetřeních na třech odděleních (78 izolátů ribotypu 176 z roku 2013 a 11 izolátů ribotypu 001 z roku 2014) s podobnými zjištěními. Klonální příbuznost izolátů *C. difficile* v rámci ribotypu 001 nebo 176, která byla pozorována v jednotlivých nemocničních zařízeních tak i mezi nimi, potvrzuje vyšší potenciál těchto ribotypů k šíření v nemocničním prostředí.

Fylogenetický vztah zástupců různých ribotypizačních profilů byl zkoumán pomocí MLST (multilocus sequence typing). Vybraných 53 izolátů *C. difficile* patřilo k 40 sekvenačním typům. Ribotypy se shodným sekvenačním typem vykazují podobný ribotypizační profil a mají i shodnou výbavu genů pro produkci toxinů, což naznačuje jejich fylogenetickou příbuznost.

Výrazné zastoupení pouze dvou ribotypů (001 a 176) zjištěné v reprezentativním počtu zúčastněných zdravotnických zařízení lze považovat za epidemiologicky zásadní

skutečnost. Získaná data mohou sloužit v dalších letech jako podklad pro další sledování a posouzení dynamiky šíření a zastoupení jednotlivých ribotypů *C. difficile* v ČR.