

Abstrakt:

Karbapenemázy produkující Enterobacterales (CPE) se staly globálním zdravotním problémem, zejména kvůli jejich spojení s infekcemi získanými v nemocnicích, což významně omezuje možnosti léčby, neboť tyto bakterie vykazují rezistenci vůči mnoha antibiotikům. Ve většině případů se tato rezistence šíří enzymy mezi druhy a klony, přičemž zásadní roli v tomto procesu hrají plazmidy a další mobilní genetické prvky. Cílem této práce je proto charakterizovat mechanismus rezistence vůči karbapenemům a identifikovat mechanismy jejího šíření.

Použitá metodologie zahrnuje identifikaci bakteriálních druhů a genů kódujících karbapenemázové enzymy, sekvenování krátkých úseků DNA a následné sekvenování dlouhých úseků DNA, které poskytuje kompletní genom s kruhovými plazmidy. To umožňuje detailní analýzu plazmidů a mobilních genetických prvků podílejících se na šíření genů rezistence. Další analýzy zahrnují studium SNPs, tvorbu fylogenetických stromů s genomy dostupnými v databázích a další.

Výsledky ukázaly, že šíření některých genů, jako je blaKPC, bylo spojeno s přenosem plazmidů, což je dáno jejich konjugativní povahou. Dále bylo zjištěno, že šíření blaVIM v České republice bylo převážně spojeno s integronem In110, přičemž plazmidy také přispívaly k jeho šíření. Naopak u izolátů s genem blaGES bylo zjištěno, že plazmidy přetrvávají v tichých rezervoárech a pokračují v evoluci, a také se zjistilo, že bakteriální izolát byl schopen asimilovat plazmidy z okolního prostředí. U izolátů blaNDM, detekovaných v Libanonu, bylo zjištěno, že se šíří prostřednictvím více klonů a plazmidů.

Závěrem lze říci, že výsledky zdůrazňují potřebu zavedení účinných opatření pro kontrolu infekcí k zabránění jejich šíření, stejně jako nutnost provádění hloubkových analýz, které mohou odhalit nové vzorce evoluce plazmidů a dalších mobilních genetických prvků.