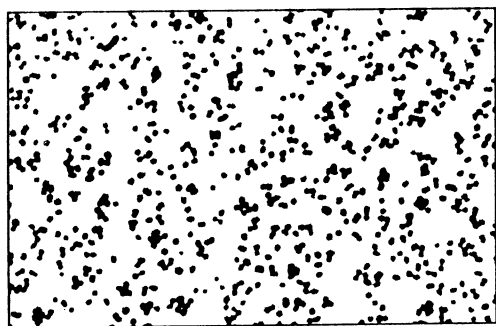


Identifikace nemocničních kmenů acinetobakterů

Alexandr Nemeč

TAXONOMIE

Rod *Acinetobacter* dnes obsahuje sedm druhů a patnáct genomospecies, tj. skupin definovaných DNA–DNA hybridizací. K rozlišení nových taxonů se nejčastěji používá sestava 19 konvenčních biochemických testů navržených Bouvetem a Grimontem. Některé taxony však nelze tímto postupem spolehlivě odlišit. To je zvláště případ *A. calcoaceticus*, *A. baumannii*, genomospecies 3 a genomospecies 13, které byly proto sloučeny do komplexu *A. calcoaceticus* – *A. baumannii*. Dostatečnou identifikaci neposkytují firemní diagnostické soupravy (API 20 NE, API ATB 32 GN, Biolog), které zahrnují pouze některé z nových taxonů a obsahují malý počet diskriminujících testů. Pro spolehlivou identifikaci je tudíž nezbytné použít některou z genotypových metod (DNA–DNA hybridizace, ribotypizace apod.).



Acinetobacter baumannii, zvětšeno 1500x.

VÝSKYT

U nemocničních pacientů je nejčastěji izolován *A. baumannii*, který zahrnuje většinu hromadně se vyskytujících a multirezistentních kmenů. Na druhém místě je genomospecies 3, na dalších genomospecies 13, *A. lwoffii*, *A. johnsonii*, *A. haemolyticus*. Odlišná situace je u mimonemocničních pacientů, kde obvykle převládá *A. lwoffii* a častěji se vyskytují ostatní taxony. Četnost ve výskytu jednotlivých druhů a genomospecies se však může výrazně lišit v různých oblastech, nemocnicích i a na jednotlivých odděleních.

RUTINNÍ IDENTIFIKACE

Možnosti druhové identifikace v klinické laboratoři jsou omezeny. Identifikační systémy v lepších případech umožňují identifikaci komplexu *A. calcoaceticus* – *A. baumannii* a hrubé a nespolehlivé rozlišení ostatních taxonů (např. API 20 NE). Použití kompletní sestavy konvenčních testů je z časových a ekonomických důvodů v podstatě vyloučeno. Přestože identifikace nových taxonů není pro běžnou mikrobiologickou praxi nezbytná, měla by být věnována zvýšená pozornost klinicky vý-

znamným nálezům, multirezistentním kmenům a kmenům s hromadným výskytem.

V těchto případech je účelné odlišit kmeny rostoucí při 44 °C, neboť růst při této teplotě je charakteristický pro *A. baumannii* a většinu kmenů genomospecies 13.

Zbývající kmeny lze orientačně rozlišit pomocí testů oxidace glukózy, hydrolýzy želatiny a hemolýzy do čtyř biotypů (viz tabulka). Výsledné biotypy sice nemají ekvivalent v žádném z nových taxonů, umožňují však v některých případech rozeznat atypickou situaci jako je např. hromadný výskyt kmenů jiných než *A. baumannii*/genomospecies 13, vazba neobvyklých vzorců rezistence na určité biotypy apod..

EPIDEMIOLOGIE

Typizace acinetobakterů pro epidemiologickou analýzu je nutná u komplexu *A. calcoaceticus* – *A. baumannii*, do něhož patří téměř všechny hromadně se vyskytující kmeny. Většina epidemiologicky závažných situací je způsobena kmeny *A. baumannii* téhož klonu, tj. skupiny s charakteristickým genotypem. Tyto kmeny jsou vysoce rezistentní k antibiotikům a jejich i ojedinělý nález indikuje riziko hromadného výskytu závažných infekcí. V České republice představují zhruba 70 % hromadně i sporadicky se vyskytujících multirezistentních kmenů. Identifikace významných klonů je prvním krokem k epidemiologické analýze i jejich dalšímu studiu.

Autor této informace bude proto velmi vděčen za zasílání kmenů podezřelých z epidemického i endemického výskytu a kmenů rezistentních (zvláště k preparátům alespoň jedné z následujících skupin: aminoglykozidy, chinolony, karbapenemy, kombinace penicilinu s inhibitory β-laktamáz).

Tabulka: Biochemická diferenciacce rodu *Acinetobacter*

biotyp	biochemický profil				druh, genomospecies
	T44	GOX	GEL	HEM	
I	+	+	-	-	<i>A. baumannii</i> , GS 13
II	-	+	-	-	<i>A. calcoaceticus</i> , <i>A. lwoffii</i> , <i>A. radioresistens</i> , GS 3, GS 10, GS 13, GS 15
III	-	-	-	-	<i>A. junii</i> , <i>A. johnsonii</i> , <i>A. lwoffii</i> , <i>A. radioresistens</i> , GS 11, GS 15
IV	-	-	-	+	<i>A. junii</i>
V	-	V	+	+	proteolytické kmeny

Vysvětlivky: T44 – růst při 44 °C, GOX – okyselování Hugh–Leifsonova media s 1% glukózou (otevřená zkumavka), GEL – hydrolýza želatiny, HEM – hemolýza beraních erytrocytů; genomospecies (GS) jsou číslovány podle Tjernbergové a Ursinga; proteolytické kmeny (číslování GS podle Bouveta a Jeanjeanové): *A. haemolyticus*, GS 6, GS 13, GS 14, GS 15, GS 16 a GS 17.