

## Vážení čtenáři,

před sebou máte číslo KMIL, jehož hlavním tématem je bakteriální rezistence k antibiotikům. Toto, po řadu let aktuální téma se v poslední době stává naléhavější s rostoucím výskytem mikroorganismů, rezistentních k většině a někdy dokonce ke všem klinicky použitelným antibiotikům. Při omezeném počtu antimikrobních látek, u nichž se očekává uvedení do praxe v příštích letech, a při snižujících se investicích velkých farmaceutických společností do vývoje dalších antibiotik, se nelze divit pesimistickým vizím o blížícím se konci antibiotické epochy. Tyto obavy snad nejlépe ilustruje skupina multirezistentních nemocničních patogenů zahrnující především *Staphylococcus aureus* rezistentní k meticilinu, enterokoky rezistentní ke glykopeptidům a multirezistentní kmeny některých druhů enterobakterií, *Pseudomonas aeruginosa* a *Acinetobacter baumannii*. Především těmto mikroorganismům se věnují následující články.

Antibiotická rezistence je mnohovrstevný problém vytyčený citlivým bakteriálním organismem na straně jedné a účinnou antimikrobní látkou na straně druhé. Ač nezbytným předpokladem pro vznik rezistence je ohromná biologická plasticita, která umožňuje bakteriím získávat, vyvíjet a kombinovat různé ochranné mechanismy, konkrétní podobu a míru rezistence ovlivňují faktory určující interakci mikroorganismu a antibiotika a umožňující šíření rezistentních kmenů. Nejde jen o faktory biologické a klinicko-epidemiologické ale i socioekonomické a kulturní. Příkladem může být známý kontrast mezi antibiotickou citlivostí nemocničních patogenů v Nizozemí a sousední Belgii (viz [www.rivm.nl/earss](http://www.rivm.nl/earss)), který ukazuje, že výsledný stav rezistence ovlivňuje nejen existence propracovaných protinfekčních směrnic ale i jejich kulturní percepce. Nizozemci vnímají jako samozřejmé jak dodržování pravidel, jež jsou smysluplná a srozumitelná, tak i možnost otevřeně hovořit o situacích, které mohou být důsledkem lidské chyby. Např. o nemocniční epidemii způsobené multirezistentním kmenem vneseným do nemocnice kolonizovaným pacientem. Že jde, mírně řečeno, o přístup odlišný od zvyklostí v jiných zemích, nás nevyjímá, není nutno zdůrazňovat.

Tři články uvedené v tomto čísle ukazují na jev charakteristický pro populace multirezistentních nemocničních patogenů v České republice. Studie věnované MRSA [Melter: *Staphylococcus aureus* rezistentní k meticilinu (MRSA) – obávaný původce infekcí u lidí a zvířat] a multirezistentním kmenům *A. baumannii* (Nemec: Multirezistentní *Acinetobacter baumannii*) shodně ukazují snadnost a rychlost, s jakou se multirezistentní kmeny mohou šířit mezi českými nemocnicemi. K témuž závěru vedou i výsledky pilotní studie o populaci nemocničních izolátů *P. aeruginosa* z hemokultur (Nemec et al.: Epidemické multirezistentní klony *Pseudomonas aeruginosa* v České republice), které se nyní

potvrzují na rozsáhlém souboru kmenů pseudomonád získaných při surveillanční studii EARSS. Vznik multirezistentních kmenů obvykle není událostí jednorázovou, ale je výsledkem procesu genetických událostí zahrnujících změny ve struktuře nebo regulaci již přítomných genů a získání nových genů. Jakmile se však tyto kmeny objeví, měly by následovat kroky omezující jejich šíření. V tomto ohledu má Česká republika co zlepšovat.

Všechny tři články také ukazují, jak lze skloubit celostátní surveillanční významných nemocničních patogenů s analýzou jejich populační struktury a lékařsky významných vlastností. Taková analýza umožňuje identifikovat epidemiologicky významné kmeny, určit jejich rozšíření a identifikovat jimi nesené determinanty rezistence a patogenity. Kombinace typizačních metod analyzujících druhově typické složky genomu i druhotně získaný genetický materiál umožňují odhadnout vývojové dráhy vzniku multirezistentních kmenů, a integrovat získané poznatky s údaji z jiných zemí. Není jistě náhodné, že teprve metodiky umožňující studium globální epidemiologie nemocničních patogenů ukazují, že identifikace epidemických kmenů a klonů má větší prediktivní hodnotu než pouhá identifikace druhová. Poskytuje také východisko pro cílený experimentální odhad dalšího vývoje rezistence těchto kmenů i pro další výzkum zaměřený na identifikaci nových buněčných struktur pro antimikrobiální terapii. Bohužel podobné komplexní studie zaměřené na multirezistentní nemocniční patogeny jsou u nás ojedinělé. Surveillanční studie by neměly již dnes končit jen tabulkovými přehledy fenotypů citlivosti ale jasnou formulací otázek, jejichž řešení pomůže řešit problém multirezistentních nemocničních infekcí.

Rezistenci nemocničních patogenů se věnuje také článek zaměřený na skupinu horizontálně přenášených  $\beta$ -laktamáz typu AmpC (Chromá et al.: Výskyt AmpC-pozitivních kmeňů *Klebsiella pneumoniae* u pacientů s hemato-onkologickým onemocněním). Tato poněkud opomíjená skupina  $\beta$ -laktamáz ilustruje význam mobilizace a šíření původně chromozomálních genů i velkou diverzitu získaných mechanismů rezistence u enterobakterií. Tematiku rezistence pak doplňuje studie věnovaná mykologickým nálezům u stomatologických pacientů (Vejsová et al.: Nálezy kvasinek u pacientů Stomatologické kliniky Fakultní nemocnice Hradec Králové v letech 1996 až 2007) a informace o vyhodnocení mikrobiologického laboratorního informačního systému Envis® (Lovečková et al.). Doufám, že i toto číslo KMIL bude zdrojem vašeho poučení a zamyšlení.

**Doc. RNDr. Alexandr Nemec, PhD.**  
**Laboratoř bakteriální genetiky**  
**Státní zdravotní ústav**