

Genotipiskā profila analīze paplašināta spektra beta-laktamāzi producējošām gramnegatīvām nūjiņām

Una Caune, Inga Kempa¹, Linda Piekuse¹, Dace Rudzīte²,
Elvīra Lavrinoviča², Aija Žileviča³, Angelika Krūmiņa⁴

Latvijas Universitāte, Rīgas Medicīnas koledža

¹ Rīgas Stradiņa universitāte, Molekulārās ģenētikas zinātniskā laboratorija, Latvija

² Rīgas Austrumu klīniskā universitātes slimnīca, Latvija

³ Latvijas Universitāte, Medicīnas fakultāte

⁴ Rīgas Stradiņa universitāte, Infektoloģijas un dermatoloģijas katedra, Latvija

Ievads. Paplašināta spektra beta-laktamāzi (*Extended Spectrum Beta-Lactamases* – ESBL) producējošām gramnegatīvām nūjiņām ir raksturīga plaša antibakteriālā rezistence, kuru visbiežāk nosaka CTX, SHV un TEM gēna kodētie enzīmi. Šīs baktērijas var ierosināt dažādas, grūti ārstējamas slimības. Ja struktūrvienībā ir zināms biežāk izdalītā mikroorganisma prevalējošais gēns, ir iespējams empīriski prognozēt tā antibakteriālo jutību.

Darba mērķis, materiāls un metodes. Noteikt Rīgas Austrumu klīniskajā universitātes slimnīcā sastopamo paplašināta spektra beta-laktamāzi producējošu gramnegatīvu nūjiņu genotipisko profilu. Darba gaitā 86 pacientiem tika veikti baktēriju uzsējumi, nosakot to sugu. No baktēriju tīrkultūrām tika izdalīts plazmīdu DNS, izmantojot *Omega Bio-Tek* (ASV) izdalīšanas komplektu. CTX, SHV un TEM kodējošo gēnu klātbūtne plazmīdās tika noteikta, izmantojot PCR, gēla elektroforēzi un tiešo gēna sekvenēšanu.

Rezultāti. Pētījumā tika konstatēts, ka no 86 ESBL producējošām gramnegatīvo baktēriju kolonijām 46 (53,5%) bija *Klebsiella pneumoniae*, astoņas (9,3%) – *Proteus mirabilis*, 23 (26,7%) – *Escherichia coli*, piecas (5,8%) – *Enterobacter cloacae*, pa vienai (1,2%) – *Enterobacter cancerogenus*, *Klebsiella oxytoca*, *Serratia marcescens* un *Morganella morganii*. *Klebsiella pneumoniae* gadījumā CTX, TEM, SHV kodējošie gēni tika konstatēti 30 (65,2%) gadījumos, CTX un SHV kodējošie gēni – 12 (26%) gadījumos, CTX un TEM kodējošie gēni – vienā (2,2%) gadījumā, savukārt tikai CTX kodējošie gēni – trijos (6,5%) gadījumos. *Proteus mirabilis* gadījumā CTX, TEM, SHV kodējošie gēni tika konstatēti piecos (62,5%) gadījumos, CTX un TEM kodējošie gēni – divos (25%) un tikai TEM kodējošais gēns – vienā (12,5%) gadījumā. *Escherichia coli* gadījumā CTX, SHV, TEM kodējošie gēni tika konstatēti 10 (43,5%) gadījumos, CTX un SHV – septiņos (30,4%) gadījumos, CTX un TEM – četros (17,4%), CTX – trijos (13%) un tikai SHV – vienā (33,3%) gadījumā. *Enterobacter cloacae* gadījumā CTX, SHV, TEM kodējošie gēni tika konstatēti vienā (20%) gadījumā, CTX, SHV kodējošie gēni – trijos (60%) gadījumos, savukārt CTX kodējošais gēns – tikai vienā (20%) gadījumā. *Enterobacter cancerogenus* tika konstatēti tikai CTX un SHV kodējošie gēni. *Klebsiella oxytoca* tika konstatēti CTX un SHV kodējošie gēni, *Serratia marcescens* – CTX, savukārt *Morganella morganii* – CTX, SHV un TEM kodējošie gēni.

Secinājumi. Pētījuma rezultātā no visām analizētajām ESBL producējošām gramnegatīvām nūjiņām visbiežāk sastopama bija *Klebsiella pneumoniae*. Veicot CTX, SHV un TEM kodējošo gēnu analīzi, visbiežāk tika konstatēta CTX, SHV un TEM kodējošo gēnu kombinācija. Pētāmajā populācijā CTX bija ESBL visbiežāk producējošais gēns.