

Profil molekularny szczepów *Clostridioides difficile* wyizolowanych od pacjentów z biegunką poantybiotykową hospitalizowanych w szpitalach na terenie Śląska

Klaudia Szarek¹, Monika Kabała¹, Anna Mucha²

¹Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląskiego Uniwersytetu Medycznego email: klaudia.szarek@sum.edu.pl

²Centrum Pulmonologii i Torakochirurgii w Bystrej

Wstęp

Clostridioides difficile- Gram (+), beztlenowa, sporulująca laseczka wykazująca oporność na wiele czynników zewnętrznych w tym na większość alkoholowych środków do dezynfekcji powszechnie stosowanych w jednostkach ochrony zdrowia. Czynniki predysponującymi do zakażenia (*C. difficile* infection – CDI) jest antybiotykoterapia szerokowachlarzowa, podeszły wiek oraz immunosupresja. W Polsce najbardziej rozpowszechniony jest hiperwirulentny szczep RT027, odpowiedzialny za wzmożoną produkcję toksyn oraz zakażenia o cięższym przebiegu. Celem pracy było wykonanie multipleksowej reakcji łańcuchowej polimerazy (mPCR), która pozwoliła określić profil molekularny szczepów *C. difficile*, wyizolowanych od pacjentów hospitalizowanych w dwóch śląskich szpitalach, u których występowały biegunki poantybiotykowe.

Material i Metody

65 próbek kału pobrano od pacjentów z podejrzeniem CDI z dwóch szpitali zlokalizowanych na terenie województwa śląskiego. Materiał wysiewano na podłoża selektywne dla *C. difficile* (CLO/CDIF), następnie inkubowano w 37°C w warunkach beztlenowych przez 48 godzin. W uzyskanych izolatach *C. difficile* wykorzystując mPCR poszukiwano genów kodujących dehydrogenazę glutaminianową (GDH) - *gluD*, toksyny A/B - *tcdA/tcdB* oraz geny *cdtA/cdtB* kodujące toksynę binarną, a także gen *ermB* warunkujący oporność typu MLS_B.

Wyniki

Wszystkie badane szczepy *C.difficile* (n=64) miały gen GDH (*gluD*), geny toksyny A (*tcdA*) oraz toksyny B (*tcdB*). Przeprowadzona reakcja mPCR potwierdziła obecność genów kodujących toksynę binarną (*cdtA/cdtB*) w 45/64 szczepach. Gen warunkujący oporność typu MLS_B (*ermB*) wykryto w 26 izolatach *C.difficile*.

Podsumowanie

Profil molekularny A⁺B⁺ (brak genów *cdtA/cdtB*) na podstawie reakcji mPCR określono dla 19/64 pozyskanych izolatów *C.difficile*. 45/64 szczepów posiadało toksynę binarną, co może sugerować zakażenie szczepami o rybotypie 027, który dominuje w Polsce.

Finansowanie w ramach projektu OPUS-22 (UMO-2021/43/B/N6/004616NNM205)