



**WGS sekvenace enterobakterií
produkujících transferabilní
karbapenemázy, možnost integrace a
využití národních dat v rámci EpiPulse
platformy ECDC.**

Antibiotická rezistence



Antimicrobial resistance occurs when microorganisms such as bacteria, viruses, fungi and parasites change in ways that render the medications used to cure the infections they cause ineffective. When the microorganisms become resistant to most antimicrobials they are often referred to as “superbugs”.



Infekce způsobené rezistentními původci vzdorují
léčbě původně účinnými antibiotiky

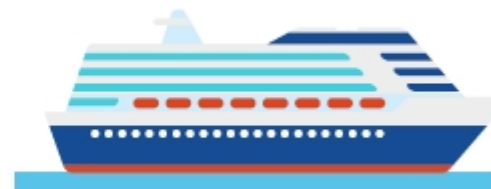
Nejpalčivější medicínský problém posledních let (WHO, ECDC)

- V roce 2019 prohlásila Světová zdravotnická organizace (WHO) antimikrobiální rezistenci (AMR) za jednu z deseti největších celosvětových hrozeb pro veřejné zdraví, kterým lidstvo čelí. V červenci 2022 označila Komise spolu s členskými státy antimikrobiální rezistenci za jednu ze tří prioritních zdravotních hrozeb v EU.

More than 35000 deaths

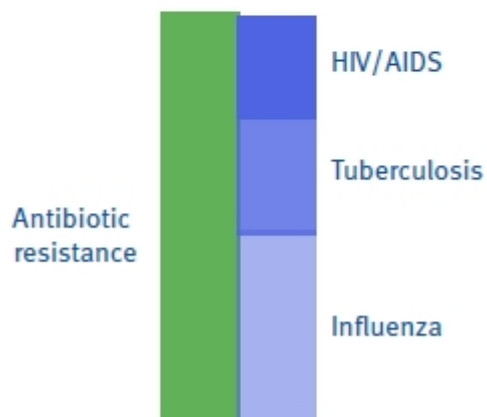
Each year, more than 35 000 people die from antibiotic-resistant infections in the European Union, Iceland and Norway. This is equivalent to the number of passengers on 13 cruise ships.

Antibiotic resistance is a silent pandemic and a growing threat to human health.



Antibiotic resistance is the ability of bacteria to combat the action of one or more antibiotics. Bacteria, not humans or animals, become antibiotic-resistant.

In Europe, the health impact of antibiotic resistant infections is comparable to that of influenza, tuberculosis and HIV/AIDS combined.



Over 70 % healthcare-associated infections

Over 70% of the health impact of antibiotic-resistant infections is directly linked to healthcare-associated infections. This could be minimized through adequate infection prevention and control measures, as well as antibiotic stewardship in healthcare settings.

Increasing burden

Resistance to antibiotics that are used as last line for treatment of infections, such as the carbapenems, has the highest health impact.

Between 2016 and 2020, the overall number of deaths caused by antibiotic-resistant bacteria under study has increased.

For carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* and *Acinetobacter* spp, commonly causing healthcare-associated infections, the number of attributable deaths increased by approximately 50%.



Každoročně v Evropě zemře 35 000 lidí v
důsledku infekce způsobené bakterií
rezistentní k antibiotikům

+ navíc:

1,5 miliardy eur

2,5 milionu ošetrovatelských dnů navíc

Doporučení RADY EVROPSKÉ KOMISE - ČR

 Snížit celkovou spotřebu antibiotik u lidí o 9 %. Definované denní dávky (DDD) na 1 000 obyvatel/den	2019 výchozí hodnota	16.9	-
	2022	17.1	1.0 %
	2030 CÍL	15.4	-9 %
 Nejméně 65% celkové spotřeby antibiotik u lidí bude patřit do skupiny „Access“ antibiotik. Dle AWaRe klasifikace WHO	2019 výchozí hodnota	60.2%	-
	2022	58.9 %	-
	2030 CÍL	65 %	-
 Snížit o 6% celkový výskyt infekcí krevního řečiště vyvolaných meticilin-rezistentními <i>Staphylococcus aureus</i>. Počet na 100 000 obyvatel	2019 výchozí hodnota	3.1	-
	2022	2.2	-29.7 %
	2030 CÍL	2.9	-6 %
 Snížit o 5% celkový výskyt infekcí krevního řečiště vyvolaných <i>Escherichia coli</i> rezistentními vůči cefalosporinům třetí generace. Počet na 100 000 obyvatel	2019 výchozí hodnota	6.6	-
	2022	6.3	-4.7 %
	2030 CÍL	6.3	-5 %
 Snížit o 5% celkový výskyt infekcí krevního řečiště vyvolaných <i>Klebsiella pneumoniae</i> rezistentními vůči karbapenemům. Počet na 100 000 obyvatel	2019 výchozí hodnota	0.09	-
	2022	0.24	+156.3 %
	2030 CÍL	0.08	-2 %

Doporučení

Metodické pokyny pro aktivní vyhledávání
importovaných onemocnění CPE (březen 2012)



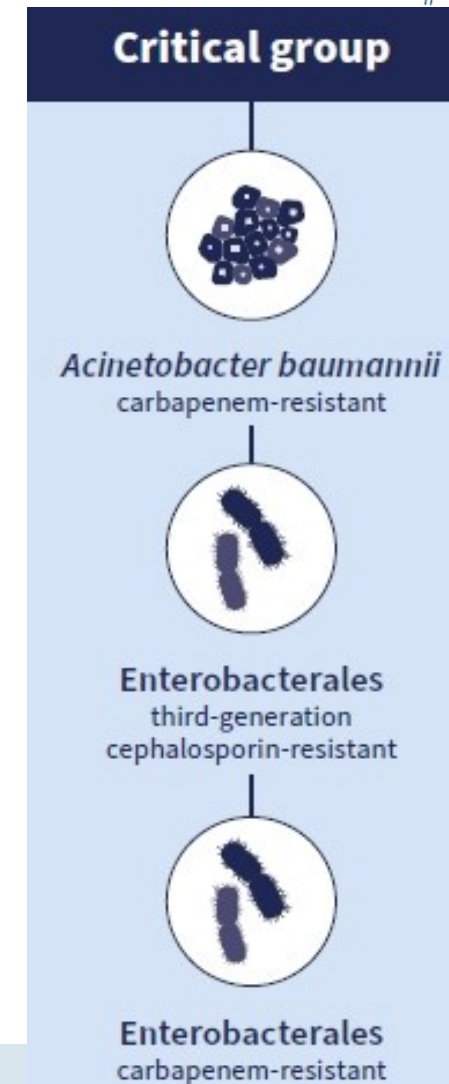
- Revize doporučení
- úzká spolupráce s NRC HAI
- revize doporučení ve spolupráci s Ministerstvo zdravotnictví

WHO Bacterial Priority Pathogens List, 2024

Fig. 1. WHO Bacterial Priority Pathogens List, 2024 update



Seznam prioritních bakteriálních patogenů WHO pro rok 2024 (WHO BPPL) je důležitým nástrojem v celosvětovém boji proti antimikrobiální rezistenci. V návaznosti na vydání z roku 2017 seznam WHO BPPL 2024 aktualizuje a zpřesňuje stanovení priorit bakteriálních patogenů rezistentních vůči antibiotikům s cílem reagovat na vyvíjející se výzvy v oblasti antibiotické rezistence. Seznam rozděluje tyto patogeny do skupin s kritickou, vysokou a střední prioritou s cílem poskytnout informace pro výzkum a vývoj (VaV) a intervence v oblasti veřejného zdraví. Seznam WHO BPPL 2024 zahrnuje 24 patogenů, které zahrnují 15 rodin bakteriálních patogenů rezistentních vůči antibiotikům. Mezi nimi vynikají gramnegativní bakterie rezistentní vůči antibiotikům poslední volby, mykobakterie tuberkulózy rezistentní vůči lékům a další patogeny s vysokou mírou rezistence, jako jsou salmonely, shigely, *Neisseria gonorrhoeae*, *Pseudomonas aeruginosa* a *Staphylococcus aureus*. Zařazení těchto patogenů na seznam zdůrazňuje jejich globální dopad z hlediska zátěže, jakož i otázky související s přenosností, léčitelností a možnostmi prevence. Odráží také vývoj nových léčebných postupů a nové trendy v oblasti rezistence.



European Antimicrobial Resistance Surveillance Network, **EARS-Net**

Systematický monitoring antibiotické rezistence u:

Surveillance citlivosti k antibiotikům u osmi tzv. indikátorových bakterií, které nejčastěji vyvolávají humánní infekce (data pouze u invazivních kmenů, tj. izolovaných z krve či likvoru)

Streptococcus pneumoniae

Staphylococcus aureus

Enterococcus faecalis

Enterococcus faecium

Escherichia coli

Klebsiella pneumoniae

Pseudomonas aeruginosa

Acinetobacter sp.

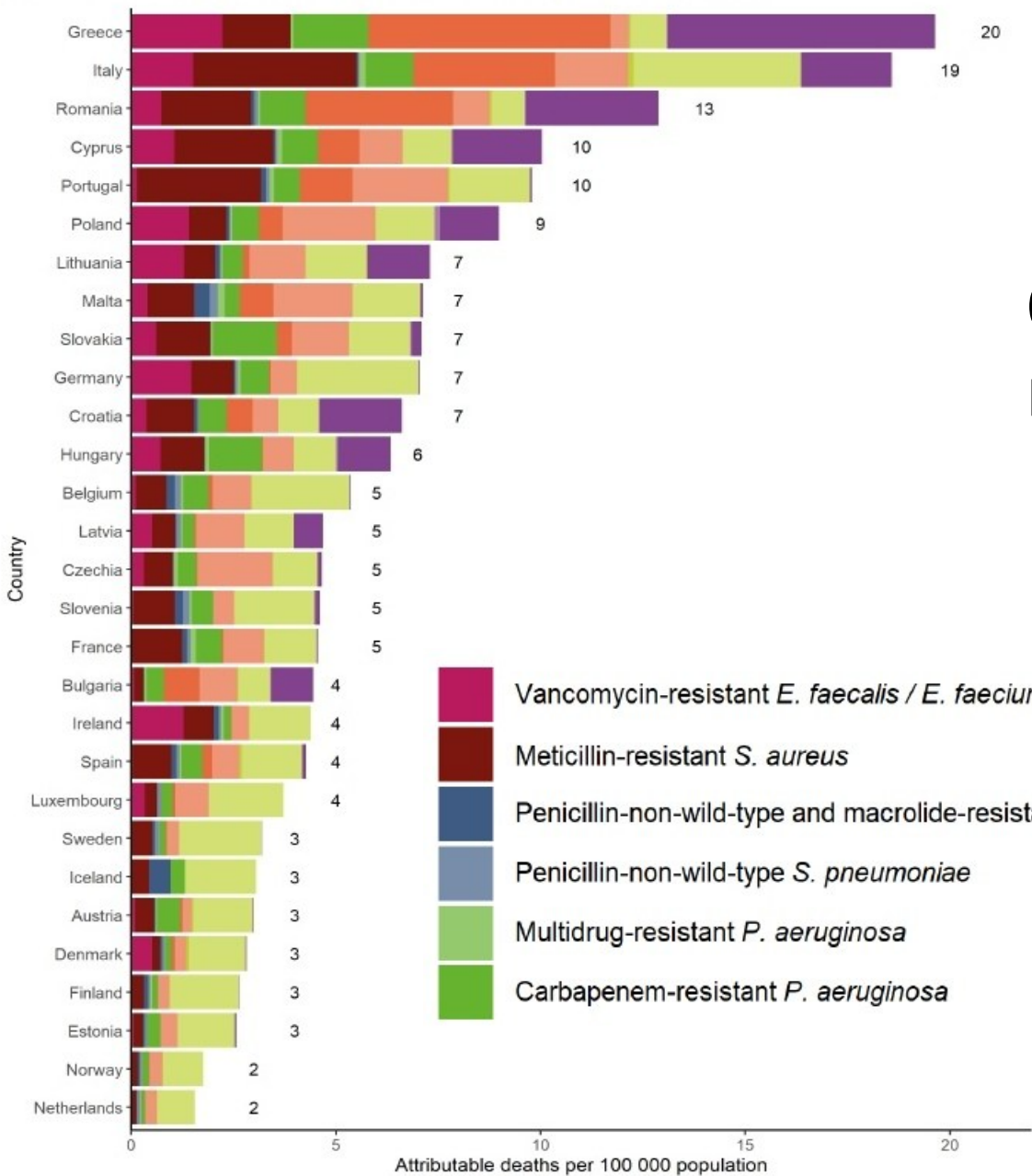
- **Cíl projektu**

- Zjištění/zajištění srovnatelných a relevantních dat ohledně antibiotické rezistence napříč EU



RIVM – Holandsko: „iniciátor“ EU surveillance antibiotické rezistence

Figure 5. Estimations of the burden of infections with antibiotic-resistant bacteria presented as attributable deaths per 100 000 population by country*, EU/EEA, 2020



Odhady zátěže infekcemi způsobenými rezistentními bakteriemi, 2020

- Carbapenem-resistant *K. pneumoniae*
- Third-generation cephalosporin-resistant *K. pneumoniae*
- Carbapenem-resistant *E. coli*
- Third-generation cephalosporin-resistant *E. coli*
- Aminoglycoside- and fluoroquinolone-resistant *Acinetobacter* spp.
- Carbapenem-resistant *Acinetobacter* spp.

Eurgen-net - ECDC



<https://www.ecdc.europa.eu/en/about-us/who-we-work/disease-and-laboratory-networks/EURGen-net>

Evropská síť pro dohled nad geny antimikrobiální rezistence (EURGen-Net) je síť pro genomický dohled nad multirezistentními bakteriemi s významem pro veřejné zdraví, kterou koordinuje Evropské centrum pro prevenci a kontrolu nemocí (ECDC). V současné době se síť EURGen-Net účastní národní referenční laboratoře nebo ekvivalentní laboratoře 37 evropských zemí.

European Centre for Disease Prevention and Control
An agency of the European Union

Enter your keyword(s) [Search]

Home > About ECDC > Partners and networks > Disease and laboratory networks > European Antimicrobial Resistance Genes Surveillance Network (EURGen-Net)

European Antimicrobial Resistance Genes Surveillance Network (EURGen-Net)

Topic page

Translate this page

The European Antimicrobial Resistance Genes Surveillance Network (EURGen-Net) is a network for genomic-based surveillance of multidrug-resistant bacteria of public health importance, coordinated by the European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). National reference laboratories or equivalent laboratories of 37 European countries currently participate in EURGen-Net.

The public health objectives of this European whole genome sequencing (WGS)-based surveillance are to determine the geographic distribution and population dynamics of multidrug-resistant clones and transmissible resistance elements to inform risk assessment, prevention and control policies and to support countries in developing technical capability and proficiency for genomic-based surveillance of multidrug-resistant bacteria with epidemic potential.

Spread of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae, 2018

- No cases reported
- Sporadic occurrence
- Single hospital outbreak
- Sporadic hospital outbreaks
- Regional spread
- Interregional spread
- Epidemic situation
- Not participating

Surveillance AMR

Official Journal		ISSN 1977-0677
of the European Union		L 170
	English edition	Legislation
		Volume 61 6 July 2018
Contents	<i>II Non-legislative acts</i>	page
DECISIONS		
	* Commission Implementing Decision (EU) 2018/945 of 22 June 2018 on the communicable diseases and related special health issues to be covered by epidemiological surveillance as well as relevant case definitions ⁽¹⁾	1
⁽¹⁾ Text with EEA relevance.		
EN	Acts whose titles are printed in light type are those relating to day-to-day management of agricultural matters, and are generally valid for a limited period. The titles of all other Acts are printed in bold type and preceded by an asterisk.	
Top		



Vnitrostátní provádění rozhodnutí EK (2018) - projednává se

140/23 - Dohled nad přenosnými nemocemi

Za prvé - HAI a AMR zmíněny v české legislativě

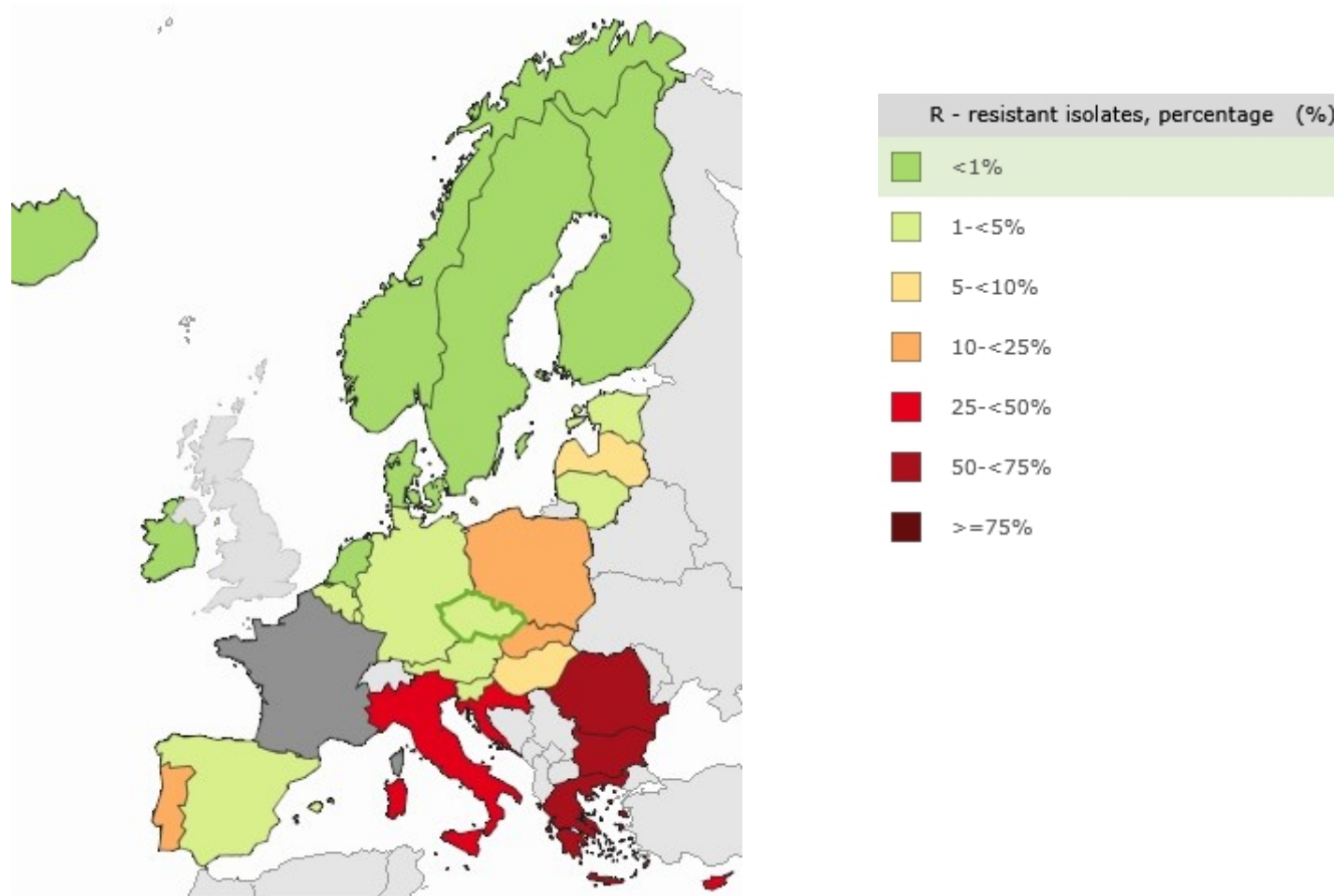
Podmínky pro systém surveillance včetně poskytování údajů pro Tessy (ECDC).

2. SPECIAL HEALTH ISSUES

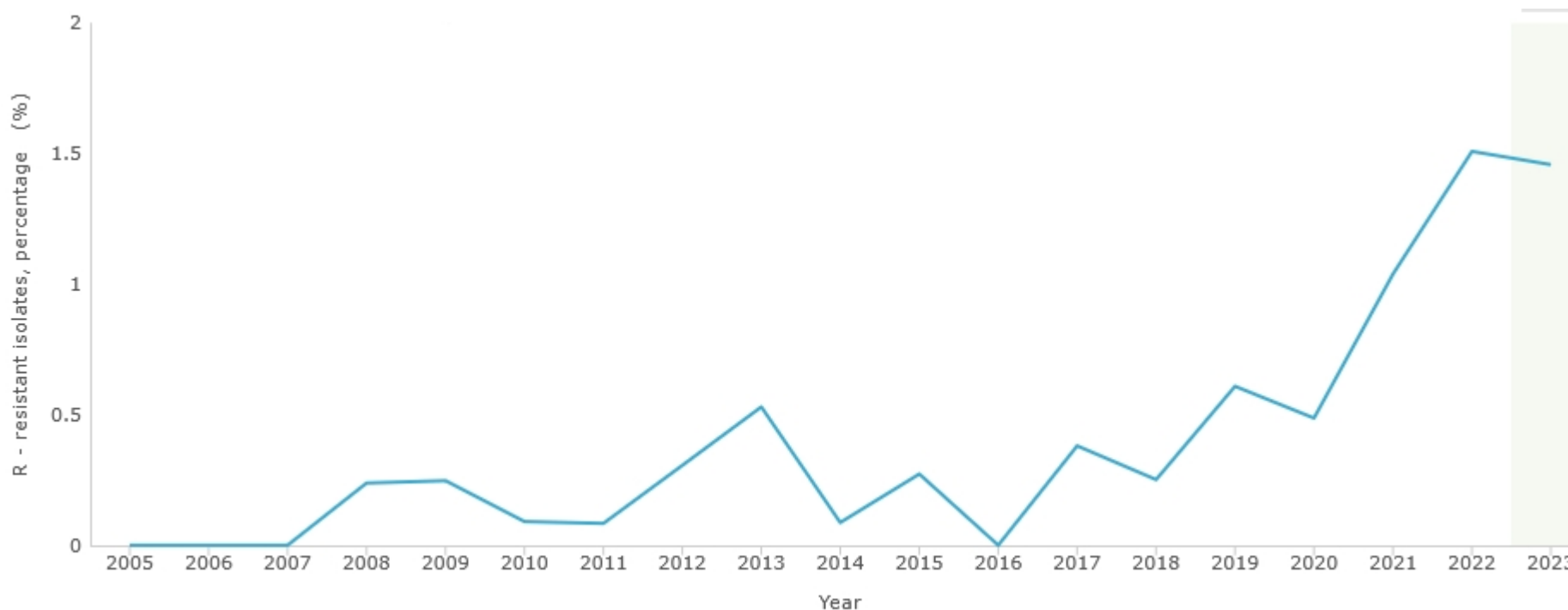
2.1. Nosocomial infections

2.2. Antimicrobial resistance

Stav rezistence ke karbapenemům u *Klebsiella pneumoniae* z ivazivních infekcí, 2023 (EARS-Net)



Trend rezistence ke karbapenemům u *Klebsiella pneumoniae* z ivazivních infekcí, 2005-2023 (EARS-Net)



V roce 2022 nárůst o 188 % oproti 2019

Mechanismy rezistence ke karbapenemům



1. Zvýšeným efluxem antibiotik

1. Aktivní vylučování antibiotik z buňky pomocí **efluxních pump** (např. AcrAB-TolC u Enterobacterales)

2. Modifikací penicilin-vazebných proteinů (PBP)

1. Změna cílových míst antibiotika, která vede ke snížené účinnosti

3. Sníženou permeabilitou vnější membrány

1. Mutace v genech pro poriny (např. OmpK35, OmpK36)
2. Omezený příjem antibiotik do bakteriální buňky

4. Produkci karbapenemáz (enzymy štěpící karbapenemy)

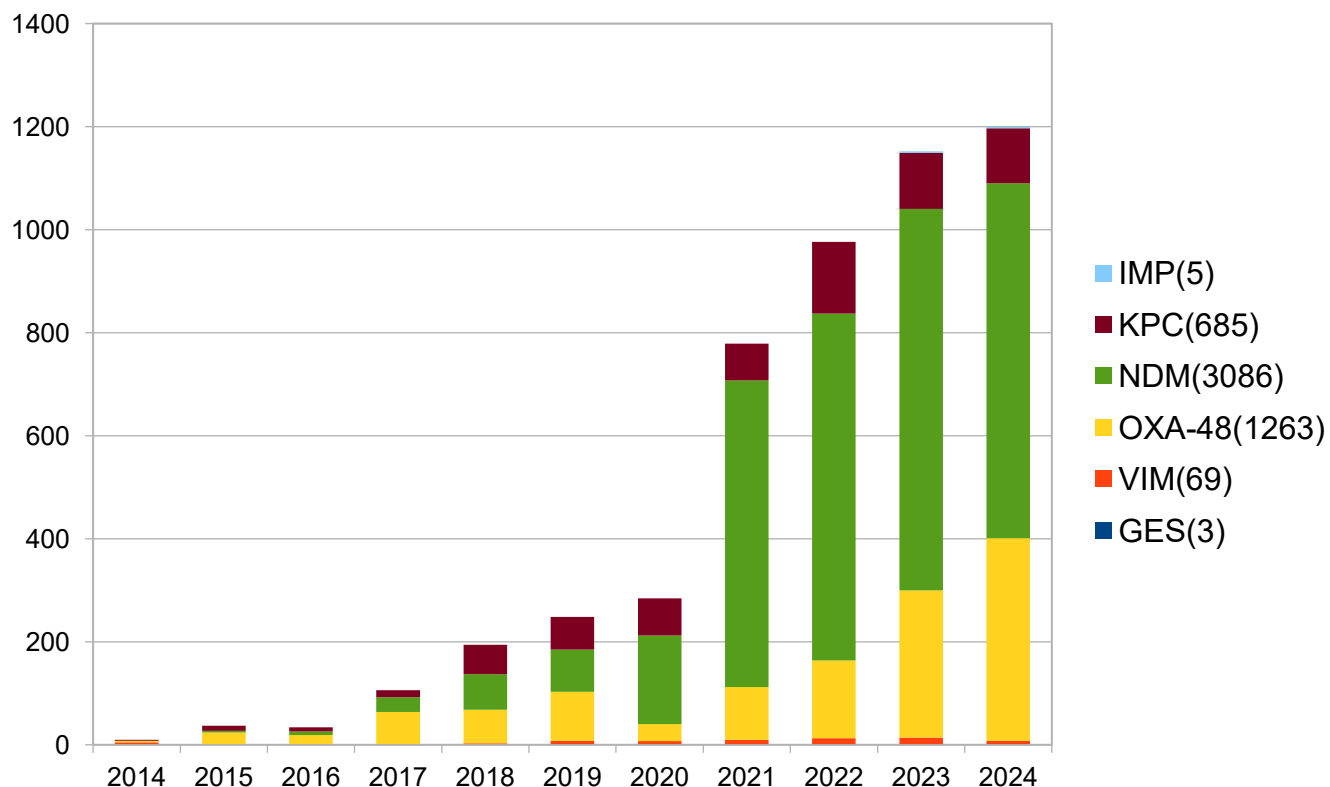
1. KPC (Klebsiella pneumoniae carbapenemase)
2. NDM (New Delhi metallo- β -laktamáza)
3. OXA-48 a její varianty
4. VIM (Verona integron-encoded metallo- β -laktamáza)
5. IMP (Imipenemase metallo- β -laktamáza)

Karbapenemázy jsou enzymy produkovány některými gramnegativními bakteriemi, zejména enterobakteriemi, které jsou schopny inaktivovat široké spektrum beta-laktamových antibiotik, včetně karbapenemů. Produkce těchto enzymů představuje závažný zdravotnický problém, protože karbapenemy jsou považovány za antibiotika poslední volby v léčbě infekcí způsobených multirezistentním bakteriemi.

Enterobakterie produkující karbapenemázy (CPE – Carbapenemase-Producing *Enterobacterales*) zahrnují zejména druhy *Klebsiella pneumoniae* a *Escherichia coli*. Tyto klinicky významné bakterie způsobují zejména uroinfekce, nebo pneumonie (*Klebsiella*), včetně těžkých septických stavů. Transferabilní karbapenemázy se mezi různými kmeny a druhy bakterií rychle šíří a to zejména v nemocničním prostředí, kde jsou pacienti často vystaveni riziku kolonizace nebo infekce.

V Evropě postupně dochází ke zvyšování podílu enterobakterií rezistentních vůči karbapenemům. Od roku 2021 v České republice dramaticky vzrůstá výskyt kmenů s produkcí karbapenemáz, změnila se i struktura zastoupení jednotlivých enzymů, a to zejména ve prospěch metalobetalaktamázy typu NDM.

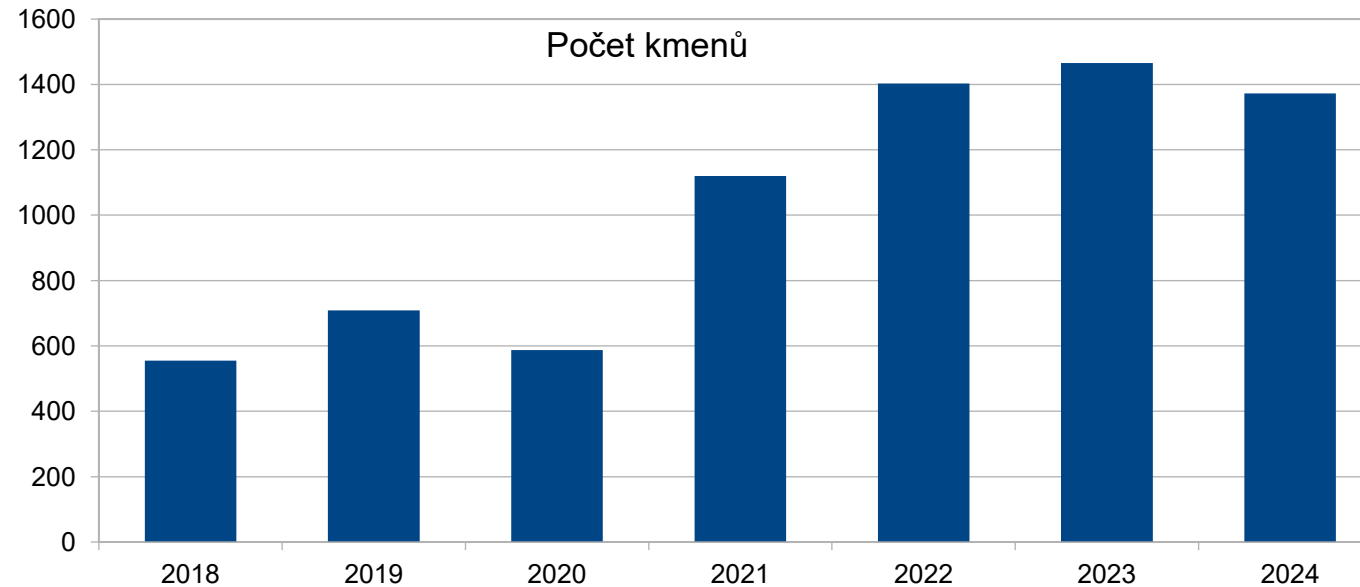
Trendy výskytu CPE v ČR: enterobacterales (2014 – 2024)



Přehled zachycených typů karbapenemáz u enterobakterií v letech 2014 – 2024.

V závorkách je uveden celkový počet kmenů s produkcí daného typu karbapenemázy v období 2014 – 2022. Zvyšující se počet kmenů produkujících 2 typy karbapenemáz.

Trendy výskytu CPE v ČR (2018 – 2024)



V závorkách je uveden celkový počet kmenů daného species produkující karbapenemázy v období 2018 – 2024.

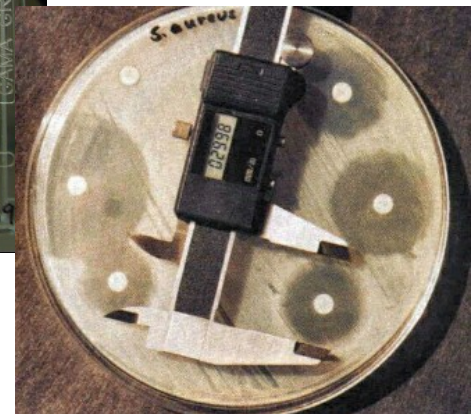
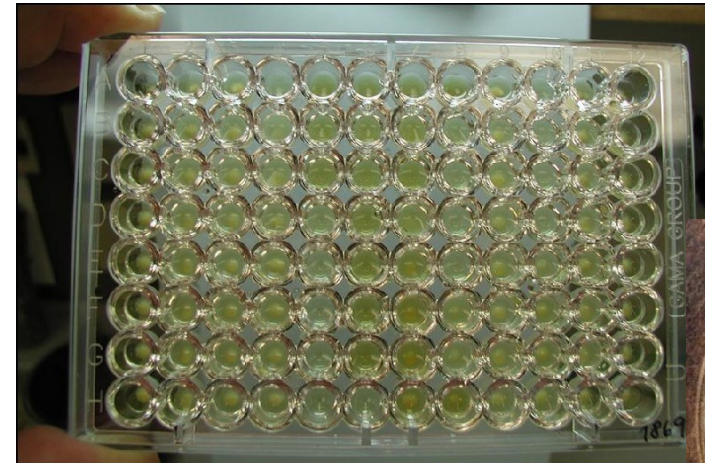
Morganella morganii, Klebsiella oxytoca, Proteus mirabilis, Citrobacter freundii, Enterobacter cloacae, Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae

Tento trend ukazuje na rostoucí hrozbu CPE a zdůrazňuje potřebu včasné a spolehlivé diagnostiky, celorepublikového monitoringu výskytu těchto bakterií a vzhledu do genomického pozadí šíření CPE metodou sekvenování celého genomu (WGS).

Cílem tohoto projektu bylo zavést WGS do systému národní a mezinárodní genomické surveillance, zlepšit diagnostiku a identifikaci mechanismů rezistence/virulence u CPE a event. využít WGS v systému epidemiologických šetření. Součástí implementace WGS byla standardizace metody vlastního sekvenování i analýzy sekvenačních dat, včetně externího hodnocení kvality WGS. Konečným cílem bylo vytvořit robustní metodologii pro WGS a účinné nástroje pro zdokonalení systému surveillance bakterií rezistentních k antibiotikům.

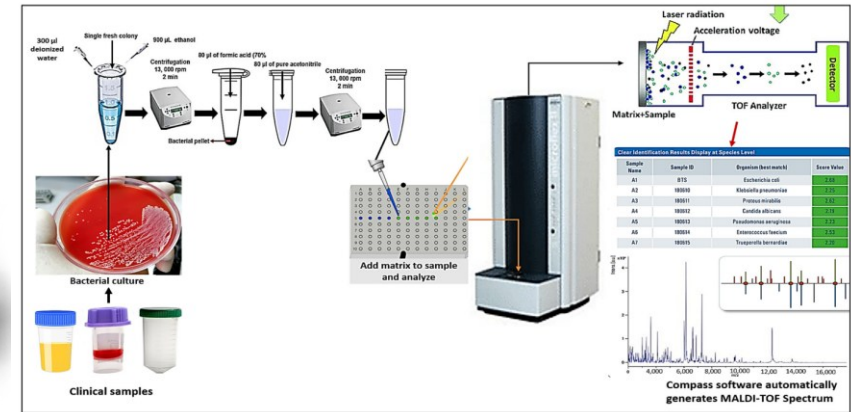
MATERIÁL A METODY

- sběr CPE vzorků
- identifikace bakterií pomocí MALDI TOF (Matrix Assisted Desorption Ionization, Bruker, Německo)
- bujonová mikrodiluční metoda/disková difúzní metoda

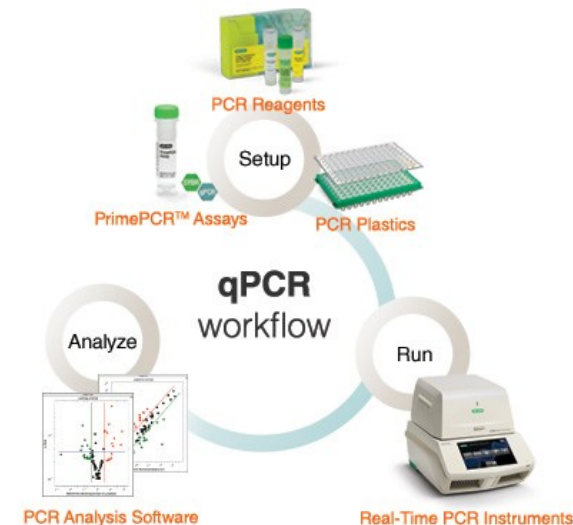


MATERIÁL A METODY

- Hydrolýza meropenemu – MALDI- TOF

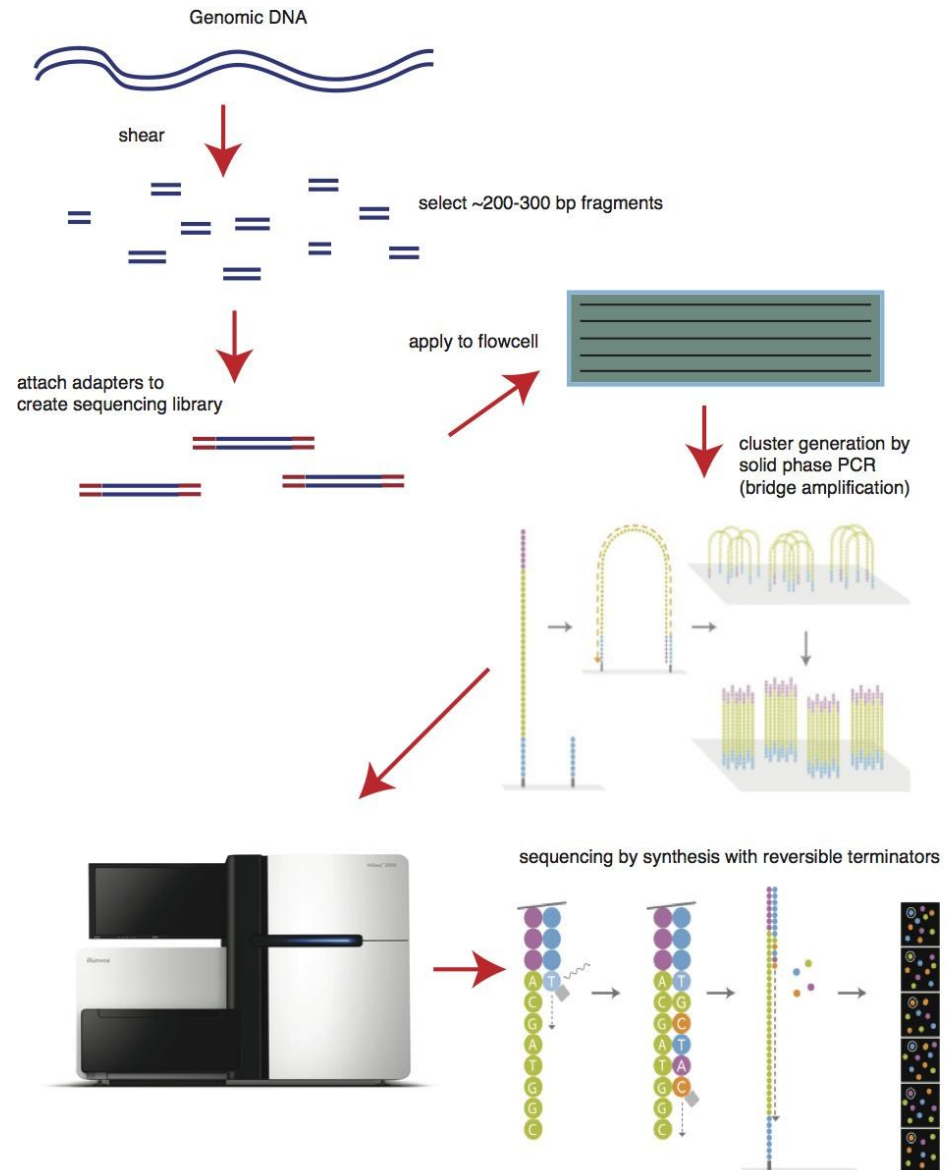


- genotypová identifikace produkce karbapenemáz (detekce *bla* genů - RT-PCR)



MATERIÁL A METODY

- příprava knihoven (Illumina postupy)
- sekvenace vzorků (Illumina MiSeq)
- zpracování dat, skládání genomů
- analýza a interpretace dat



Implementace sekvenování WGS (NRL pro ATB)

Ve spolupráci s BC Plzeň (školení - červen 2023)

Genomická surveillance vybraných infekčních onemocnění v ČR - projekt HERA2 - Vybavení a spotřební materiál - MiSeq Illumina (NIPH)

Implementace sekvenování WGS (NRL pro ATB)

Úspěšná analýza dat wgs:

Používáme následující softwary:

- de novo alignment: SPAdes
- anotace: Prokka
- detekce genů rezistence: Amrfinderplus, Resfinder
- identifikace a případná detekce genomové kontaminace: rMLST
- analýza SNP: Samtools, Bcftools, Fastp, Bwa-mem2, Bcftools

Implementace sekvenování WGS (NRL pro ATB)



WGS EQA

EURGen-RefLabCap EQA 2022

Analytical part

EURGen-RefLabCap virtual EQA 2023

„First *in silico* inter-laboratory ring trial of bioinformatics pipelines for prediction of AMR genes in antimicrobial-resistant *Salmonella* and *Campylobacter* (RingTrial2-WGS-AMR),, (10/22)

Analytical part

"Second *in silico* inter-laboratory ring trial of bioinformatics pipelines for prediction of AMR genes in antimicrobial-resistant *Salmonella* and *Campylobacter* (RingTrial2-WGS-AMR),, (3/23)

Technical + analytical part

VÝSLEDKY

1. Postup sekvenování wgs byl implementován
 - n=80
 - detekce mechanismů rezistence u CPE (*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Proteus mirabilis*, *Enterobacter cloacae* complex, *Serratia marcescens*)

1. *Klebsiella pneumoniae* (n=49):

- identifikované karbapenemázy: NDM-1 (n=6), NDM-5 (n=1), OXA-48 (n=1),
NDM-1 a OXA-48 (n=22), NDM-5 a OXA-48 (n=18), KPC-2 (n=1)

- sekvenční typy: 11 (n=4), 13 (n=1), 16 (n=1), 17 (n=1), 23 (n=1), 39 (n=5),
104 (n=2), 147 (n=20), 235 (n=1), 307 (n=3), 340 (n=2), 395 (n=1), 437 (n=2),
709 (n=1), 1271 (n=1), 2096 (n=1), 2497 (n=1)

Proteus mirabilis (n=2): NDM-1 (n=2), ST 48

Enterobacter cloacae complex (n=1): OXA-1 (n=1), ST256

Serratia marcescens (n=3): NDM-1 (n=3), ST90

2. *Escherichia coli*: analyzováno 25 karbapenemázu produkujících kmenů

- identifikované karbapenemázy: OXA-48 (n=10), NDM-5 (n=8), KPC-2 (n=3), NDM-1 (n=1), NDM-4 (n=1), NDM-1 a OXA-48 (n=1), NDM-5 a OXA-48 (n=1)
- sekvenční typy: ST12 (n=1), ST38 (n=6), ST69 (n=3), ST46 (n=1), ST101 (n=1), **ST131** (n=1), ST167 (n=3), ST354 (n=1), ST361 (n=2), ST404 (n=1), ST442 (n=1), ST1193 (n=1), ST2448 (n=1), ST3268 (n=1), ST3580 (n=1)

Výzva EpiPulse:

Nárůst CPE izolátů *E. coli* ST131 (22 izolátů v roce 2019 oproti dvěma v roce 2014) a jejich geografické rozšíření (detekce v 11 zemích v roce 2019 oproti dvěma v roce 2014) je znepokojující. ECDC proto požádalo národní referenční laboratoře, aby v reakci na tento příspěvek v EpiPulse zveřejnily informace o četnosti *E. coli* ST131 nesoucích karbapenemázové geny a zaslaly národní epidemiologická a WGS data pro analýzu CPE *E.coli* ST131 na úrovni Evropy.

NRL pro ATB



EpiPulse

Výzva EpiPulse, ECDC (2024-ARH-00008)

Cíl studie

Zjistit epidemiologickou situaci a genomické charakteristiky *E. coli* ST131 a jeho variant (SLV) nesoucí geny pro karbapenemázu v EU/EHP.

- 3/2024 - Dánsko – zvyšující se počty OXA-244-produkujících *E. coli* ST131 (patogen)
- ST131 je vysoce riziková linie s celosvětovým rozšířením
- často spojená s multirezistencí
- doposud bylo zaznamenáno pouze několik zpráv o CPE *E. coli* ST131 humánního původu v EU/EHP

ST131

- často spojen s **multirezistentními infekcemi (FQ, KR)** - obtížné ho účinně léčit běžnými antibiotiky
- vysoká patogenita: závažné infekce, včetně infekcí močových cest (UTI), sepsí a dalších komplikovaných stavů, zejména u imunokompromitovaných jedinců nebo starších osob
- ST131 byl poprvé identifikován - **2008 (USA)**
- globálně významný (Evropa, Severní Amerika a Asie)
- nemocniční a komunitní infekce
- vyskytuje ve **třech hlavních podtypech** (A, B, C), přičemž podtyp **C** je spojený s **největšími problémy** v oblasti antibiotické rezistence (FQ, KR), ESBL

- ECDC požádalo prostřednictvím svého systému EpiPulse o platformy, národní referenční laboratoře, aby poskytly WGS data a epidemiologické údaje o izolátech *E. coli* ST131 a jejích SLV nesoucí geny karbapenemázy
- do září 2012 do května 2024
- v reakci na tuto výzvu se 17 zemí EU/zemí EHP předložilo 660 souborů sekvenčních dat (500 sad krátkých čtení, 11 sad dlouhých čtení, 116 sad krátkých čtení) od 627 osob
- kontrola kvality a odstranění duplicit
- analýza sekvencí 594 izolátů nesoucích karbapenemázy



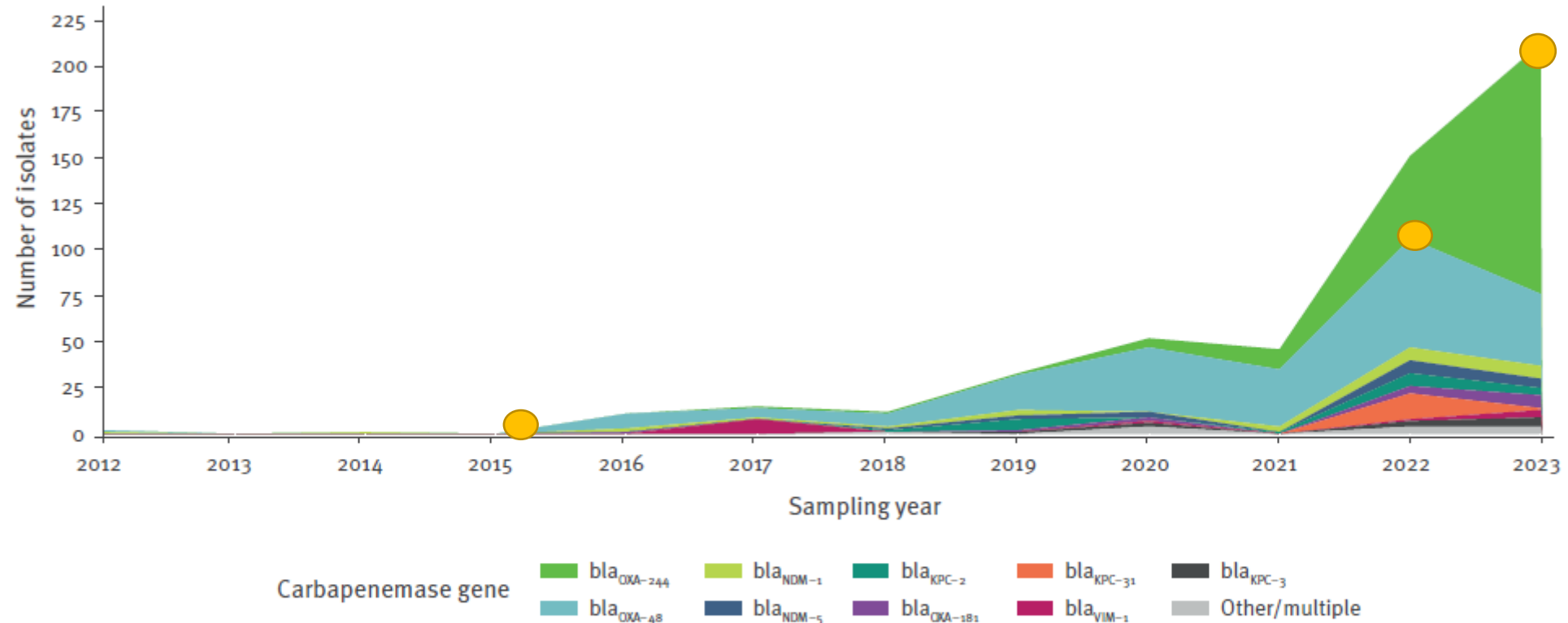
- krátká čtení byla sestavena pomocí SPAdes v3.15.5
- dlouhá čtení pomocí Flye v2.9.4
- identifikace alel - ChewBBACA v3.3.4 a Escherichia/Shigella core genome multilocus sequence typing.(cgMLST) z EnteroBase
- identifikovace genů antimikrobiální rezistence ResFinder v4.1.11

Výsledky - distribuce genů karbapenemáz

- 18 různých genů karbapenemáz v izolátech E. coli ST131, včetně ST131 SLV
- dvě karbapenemázy: OXA-244 (n = 230) a OXA-48 (n = 224) tvořily dohromady 76 % genů izolátů, následovaný NDM-1 u 31 (5 %) a NDM-5 u 20 (3 %) izolátů (7 zemí)
- všechny ostatní karbapenemázové geny minoritní
- izoláty nesoucí OXA-244 byly zjištěny ve 14 zemích
- izoláty nesoucí OXA-48 byly zjištěny ve 12 zemích - většina z nich pocházela z Francie a Irska

FIGURE 1

Number of *Escherichia coli* ST131 isolates, including its single locus variants^a, carrying carbapenemase genes, by year, EU/EEA, 2012–2023^b (n = 535)



EU/EEA: European Union/European Economic Area.

^a Detected single locus variants included ST8420, ST11358, ST11362, ST11672, ST13133 and ST13730.

^b Three isolates without information on year of sampling and 56 isolates from 2024 (as that year was incomplete at time of sampling) were excluded.

- na základě měnících se frekvencí a časových trendů - izoláty rozděleny do tří skupin pro další analýzu:
 - skupina 1: izoláty *E. coli* ST131, včetně ST131 SLV, nesoucí OXA-244
 - skupina 2: izoláty nesoucí OXA-48;
 - skupina 3: izoláty nesoucí jiné karbapenemázy
-
- V epidemiologické analýze skupina 1 vynikala vysokým podílem pacientek, relativně nízkým průměrným věkem, častým výskytem izolátů ze vzorků moči a mírně častějším výskytem dokumentace cestování mimo EU/EHP během 12 měsíců před detekcí
-
- ATB se také lišily podle skupin, např. beta-laktamáza typu ESBL CTX-M-15 se výrazně častěji vyskytovala v skupině 1 než u izolátů skupiny 2 a 3

TABLE 2

Epidemiological and genomic characteristics of carbapenemase genes carrying isolates of *Escherichia coli* ST131 and its single locus variants, EU/EEA, August 2012–May 2024 (n = 594)

Characteristic	Group 1: bla _{CTXA-244}		Group 2: bla _{CTXA-48}		Group 3: other	
	n= 230		n= 224		n=140	
	n	%	n	%	n	%
Median age (years)	57		77		70	
Sex						
Male	69	30	81	36	51	36
Female	135	59	82	37	57	41
Not available	26	11	61	27	32	23
Type of sample						
Urine	115	50	58	26	57	41
Rectal/faeces	23	10	94	42	17	12
Blood	6	3	5	2	8	6
Other	28	12	11	5	15	11
Not available	58	25	56	25	43	31
Travel outside the EU/EEA in the past 12 months						
Yes	35	15	5	2	8	6
No	16	7	3	1	7	5
Not available	179	78	216	96	125	89
Destinations (number of travel links to respective destination)	Türkiye (17), Egypt (8), Algeria (3), Morocco (2), Guinea (1), India (1), Jordan (1), Senegal (1), Tunisia (1)		Iran (1), Syria (1), Thailand (1), Venezuela (1), Viet Nam (1)		Ukraine (2), Albania (1), Colombia (1), Morocco (1), India (1), Somalia (1), Senegal (1)	

Fluoroquinolone resistance mutation(s)						
GyrA S83L; ParC S80I, E84V	96	42	1	0	1	1
GyrA S83L, D87N; ParC S80I, E84V	52	23	93	42	69	49
GyrA S83L only	26	11	42	19	29	21
GyrA S83L, D87N; ParC S80I	6	3	4	2	5	4
Other	13	6	3	1	1	1
Absent	37	16	81	36	35	25
ESBL gene(s)						
<i>bla</i> _{CTX-M-15}	172	75	47	21	44	31
<i>bla</i> _{CTX-M-27}	7	3	20	9	28	20
<i>bla</i> _{SHV-12}	0	0	1	0	16	11
Other/multiple	3	1	5	2	12	9
Absent	48	21	151	67	40	29

ESBL: extended-spectrum beta-lactamase; EU/EEA: European Union/European Economic Area; SLV: single locus variant; ST: sequence type. Genomic characteristics present in less than 10 isolates are grouped into the category 'other'. Category unknown for serotype signifies that either O antigen or H antigen type, or both, were not assigned by BioNumerics 7.6.3.

^a Alleles of *fliH* correlate with major clades of *E. coli* ST131. Of 253 isolates carrying *fliH*₃₀, 251 were assigned to subclades Co (n=62), C1 (n=57) and C2 (n=132) based on the topology of the cgMLST phylogeny combined with absence (Co) or presence (C1/C2) of mutations in GyrA (S83L, D87N) and ParC (S80I, E84V) as well as detection of specific *bla*_{CTX-M} genes, i.e. *bla*_{CTX-M-27} indicative of C1 or *bla*_{CTX-M-15} of C2.

Zapojení ČR do výzvy ECDC - EpiPulse

NRL pro ATB: 1 kmen *E. coli* (NDM)

BC v Plzni: 2 izoláty

- na základě genomických a genetických analýz epidemiologických dat ze 17 zemí EU/EHP byl identifikován výskyt *E. coli* sekvenčního typu ST131 nesoucí karbapenemázy
- zvyšující se četnost záchytů a diverzita karbapenemáz v letech 2012 až 2024
- heterogenita v geografickém rozšíření a rychlosti šíření konkrétních karbapenemáz
 - zejména v případě ST131 nesoucích chromozomálně lokalizovaný OXA-244
- rostoucí detekce CPE *E. coli* ST131 - znepokojující - infekce (NAI, komunity; močové, krevního řečiště)

› [Euro Surveill.](#) 2024 Nov;29(47):2400727. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2024.29.47.2400727.

Emergence of *Escherichia coli* ST131 carrying carbapenemase genes, European Union/European Economic Area, August 2012 to May 2024

Anke Kohlenberg¹, Olov Svartström¹, Petra Apfalter², Rainer Hartl², Pierre Bogaerts³, Te-Din Huang³, Katerina Chudejova⁴, Lucia Malisova^{5 6}, Jessica Eisfeld⁷, Mirco Sandfort⁸, Anette M Hammerum⁹, Louise Roer⁹, Kati Räisänen¹⁰, Laurent Dortet^{11 12}, Rémy A Bonnin^{11 12}, Ákos Tóth¹³, Kinga Tóth¹³, Christina Clarke¹⁴, Martin Cormican¹⁵, Algirdas Griškevičius¹⁶, Kirstin Khonyongwa¹⁷, Marie Meo¹⁷, Baiba Niedre-Otomere¹⁸, Reinis Vangravs¹⁸, Antoni Pa Hendrickx¹⁹, Daan W Notermans¹⁹, Ørjan Samuelsen²⁰, Manuela Caniça²¹, Vera Manageiro²¹, Vilhelm Müller²², Barbro Mäkitalo²², Urška Kramar²³, Mateja Pirs²⁴, Daniel Palm¹, Dominique L Monnet¹, Erik Alm¹, Marius Linkevicius¹

Affiliations [+ expand](#)

PMID: 39574387 PMCID: [PMC11583312](#) DOI: [10.2807/1560-7917.ES.2024.29.47.2400727](#)

Prezentovaný výzkum byl realizován týmem pracovníků Státního Zdravotního Ústavu díky projektu:

Genomická surveillance vybraných infekčních nemocí v České republice



Co-funded by the
European Union

Projekt „Genomická surveillance vybraných infekčních nemocí v České republice“ (HERA2CZ) je spolufinancován Evropskou unií. Prezentované názory a postoje však představují pouze názory autorů a nemusí nutně odrážet názory a postoje Evropské unie nebo Evropské výkonné agentury pro zdraví a digitální oblast (HaDEA). Ani Evropská unie, ani Evropská výkonná agentura pro zdraví a digitální oblast (HaDEA) za ně nemohou nést odpovědnost.