

Editöre Mektup

Letter to the Editor

Mehmet Kabalcı^{1a}, Serkan Tursun², Ali Bolat¹, Ayşegül Alpcan²

¹ Kırıkkale Üniversitesi Tıp Fakültesi Kalp ve Damar Cerrahisi Anabilim Dalı, Kırıkkale, Türkiye

² Kırıkkale Üniversitesi Tıp Fakültesi Çocuk Sağlığı ve Hastalıkları Anabilim Dalı, Kırıkkale, Türkiye

Doi: 10.21601/ortadogutipdergisi.363118

Sayın Editör,

Klinik mikrobiyoloji alanında özellikle yatan hastalara ait örneklerden izole edilen çeşitli mikroorganizmalara ait duyarlılık-direnç çalışmalarına sıklıkla rastlanmaktadır.

Bu çalışmalarda toplum veya hastane kaynaklı enfeksiyonlarda çeşitli klinik örneklerden elde edilen izolatlarda belli mikroorganizmaların bazı antibiyotiklere karşı duyarlılık-direnç oranları sunulmaktadır.

Toplum kaynaklı enfeksiyonlarda nadir rastlanan ancak, özellikle yoğun bakım hastalarında olmak üzere hastane kaynaklı olarak görülen enfeksiyonlarda yapılan çalışmalarda okuyucuların yanlış yönlendirilmelerine neden olabilecek bir konuya dikkat çekmek isteriz.

Özellikle az sayıdaki izolat ile yapılan araştırmalarda birçok hastada aynı suşun izole edilmiş olma olasılığından dolayı duyarlılık sonuçlarının hastane klinikleri içerisinde en sık ‘gezen’ suşun duyarlılık paternine doğru kayacağı öngörülebilir. Yoğun bakımlarda hastane kaynaklı epidemilere yol açabilen ve kolay direnç kazanıp oldukça dar bir antibiyotik profiline neden olan *Acinetobacter* gibi mikroorganizmalarla yapılan çalışmalarda bu durum daha belirgin olabilir. Bu tür çalışmalarda, hata oranını azaltmak için örnek sayısı olabil-

diğince fazla olmalı ve daha spesifik test cihazlarıyla çalışılmalıdır [1]. Ayrıca rutin bir ortamda bakteri soylarını tanımlamak için kullanılan bakterilerin biyokimyasal ve metabolik özelliklerini tanımlayan fenotipik tanımlama, 16S rRNA gen dizilimi gibi moleküler teknikler ve yeni bir proteom temelli yaklaşım olarak kütle spektrometrisi yapılarak klonal ilişki veya profil belirleme benzeri genotipik ya da fenotipik gruplama yapılması daha doğru duyarlılık-direnç oranı sonuçları verecektir [2]. Ancak pek çok merkezde bu şartların sağlanmasının mümkün olmadığı da bir gerçek olmakla beraber çalışmaların tartışma bölümlerinde bu konuya değinilmesinin uygun olacağı görüşündeyiz.

Saygılarımızla,

Kaynaklar

1. Saffert RT, Cunningham SA, Ihde SM, Jobe KE, Mandrekar J, Patel R. Comparison of Bruker Biotyper matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometer to BD Phoenix automated microbiology system for identification of gram-negative bacilli. *J Clin Microbiol* 2011;49:887-9.
2. Schröttner P, Gunzer F, Schüppel J, Rudolph WW. Identification of rare bacterial pathogens by 16S rRNA gene sequencing and MALDI-TOF MS. *J Vis Exp* 2016;113:e53176, doi:10.3791/53176.