

## Identyfikacja genów antybiotykooporności i wirulencji w genomie *Aeromonas caviae*

Prowadzący: Łukasz Jałowiecki – IETU

Antybiotyki zrewolucjonizowały medycynę, jednak ich coraz większe spożycie i niewłaściwe stosowanie, zwłaszcza w leczeniu poza szpitalnym, rolnictwie i weterynarii, a wcześniej w hodowli zwierząt, spowodowało lawinowy wzrost oporności bakterii. Jedynym sposobem na efektywną walkę z tym zjawiskiem jest poznanie znaczenia antybiotykooporności w biologii i ewolucji bakterii, a także sposobów jej rozpowszechniania oraz zidentyfikowanie genów i mechanizmów oporności.

*Aeromonas* to oksydazododatnie pałeczki Gram ujemne, należące do grupy bakterii występujących we wszystkich środowiskach wodnych. Izolowano je także z urządzeń służących do dystrybucji wody pitnej, w których tworzyły biofilm, z gleby i ścieków oraz produktów spożywczych między innymi owoców morza, mięsa, mleka i warzyw. Spośród nich najbardziej patogennymi gatunkami są: *Aeromonas hydrophila* oraz *Aeromonas caviae*. U człowieka bakterie te wywołują najczęściej biegunki, zapalenie żołądka i jelit, zakażenia ran oraz infekcje dróg żółciowych i moczowo-płciowych.

Celem badań była analiza genomu pod kątem antybiotykooporności i wirulencji bakterii *Aeromonas caviae* wyizolowanych z ścieków surowych oraz oczyszczonych pobranych z miejskiej oczyszczalni ścieków. Badania były kontynuacją badań wykonanych w roku wcześniejszym, w których wykorzystano metody mikrobiologii tradycyjnej oraz biologii molekularnej.

Szczepy zidentyfikowano z wykorzystaniem sekwencjonowania fragmentu 16S rRNA oraz porównano z sekwencjami już opisanymi w bazie EzBioCloud. Kolejne etapy badań obejmowały wykorzystanie metod biologii molekularnej celem scharakteryzowania oporności wyizolowanych szczepów na wybraną grupę antybiotyków oraz określenia cech związanych z wirulencją szczepów. Do tego celu wykorzystano odpowiednio sekwencjonowane startery DNA, które pozwoliły na stwierdzenie obecności lub braku genu odpowiedzialnego za daną cechę.

Efektom prowadzonych badań było określenie patogenności i antybiotykooporności bakterii należących do gatunku *Aeromonas* wyizolowanych ze ścieków oczyszczonych, które dotychczas uważane były jako bezpieczne dla środowiska naturalnego. Badania związane z detekcją genów wykazały, że bakterie te mogą być donorem oporności na antybiotyki do środowiska oraz wykazują również cechy wirulencji, zjadliwości co stanowi ogromne zagrożenie dla zdrowia publicznego.

### Kontakt

Łukasz Jałowiecki – Instytut Ekologii Terenów Uprzemysłowionych  
email: [l.jalowiecki@ietu.pl](mailto:l.jalowiecki@ietu.pl)



mgr Łukasz Jałowiecki

Absolwent Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego na kierunku Biotechnologia. W latach 2012 - 2014 pracownik Uniwersytetu Śląskiego w Katedrze Mikrobiologii. Od 2015 roku pracownik Zespołu Mikrobiologii w Instytucie Ekologii Terenów Uprzemysłowionych biorący czynny udział w realizowanych projektach krajowych i międzynarodowych. W ramach pracy badawczej zajmuje się zagadnieniami związanymi z antybiotykoopornością i metagenomiką.

### Publikacje:

*Whole-Genome Sequences of Antibiotic-Resistant Aeromonas caviae Strains Isolated from Treated Wastewater które opublikowano w czasopiśmie Microbiology Resource Announcements autorstwa, Ł. Jałowiecki, G. Płaza, M. Nowrotek.*

*Fluoroquinolone-resistance and virulence properties among wastewater Aeromonas caviae isolate, który przesłano do czasopisma Microbial Drug autorstwa M. Nowrotek, Ł. Jałowiecki i G. Płaza*

---