

Pojawienie się i rozprzestrzenianie oporności na antybiotyki wśród bakterii jest najbardziej uderzającym przykładem ewolucji, który jest obserwowany w świecie mikroorganizmów w ciągu ostatnich 70 lat. Powszechne i niekontrolowane stosowanie antybiotyków, nie tylko w celach terapeutycznych, lecz również w rolnictwie i hodowli zwierząt, spowodowało lawinowe narastanie liczby szczepów opornych na stosowane terapeutyki. Powodną konsekwencją nadużywania antybiotyków jest zjawisko przenoszenia się genów warunkujących oporność wśród bakterii chorobotwórczych na drodze poziomego transferu genetycznego, HTG. Obecność antybiotyków w środowisku w stęgniach niszczy hamujące wzrost bakterii przyczynia się bowiem nie tylko do selekcji szczepów opornych na antybiotyki, ale również do zwiększenia częstości horyzontalnego transferu genetycznego pomiędzy szczepami danego gatunku, a nawet różnych gatunków, co stanowi naturalny mechanizm odpowiedzi bakterii na stres. Poczynając zjawisko oporności bakterii obserwowano głównie w środowisku szpitalnym, natomiast obecnie szczepy wielolekooporne, czyli wykazujące oporność na co najmniej trzy klasy antybiotyków, izolowane są także z środowiska naturalnego.

Badania ostatnich lat wykazały, że za pojawianie się wielolekooporności i jej szerokiego rozprzestrzeniania odpowiedzialne są integrony. Integrony opisuje się jako fragmenty DNA, w obrębie których włączane są kasety genowe warunkujące oporność na antybiotyki i chemioterapeutyki. Dzięki integronom, bakterie mogą gromadzić różne kasety genowe i nabywać oporność na kilka antybiotyków. Istotnym jest fakt, że występują one na ruchomych elementach genetycznych, integrony mogą być przenoszone pomiędzy komórkami jednego, bądź różnych gatunków bakterii na drodze horyzontalnego transferu genów.

Środowisko wodne, a w szczególności środowisko oczyszczalni ścieków, stwarza znakomite warunki do rozprzestrzeniania się opornych bakterii i integronów oporności. Duża liczba szczepów bakteryjnych, pochodzących z różnych ród, składniki odżywcze i niskie stężenie antybiotyków, w znaczący sposób przyczyniają się do przenoszenia mobilnych elementów genetycznych pomiędzy komórkami bakteryjnymi na drodze horyzontalnego transferu genów, co w konsekwencji prowadzi do powielania genów oporności i pojawienia się bakterii wieloopornych także w cieku oczyszczonym. Ciek oczyszczony, którego odbiornikiem są wody rzeczne, stanowi rezeruar bakterii stwarzających największe zagrożenie dla zdrowia publicznego; bakterii wytwarzających β -laktamazy o rozszerzonym spektrum substratowym (ESBL), karbapenemazy i metalo- β -laktamazy, a także bakterii opornych na wankomycynę i metycylinę. Uwaga jest, że szczepy wytwarzające β -laktamazy o rozszerzonym spektrum substratowym oraz karbapenemazy charakteryzują się opornością na wszystkie antybiotyki β -laktamowe, które wykorzystywane są w leczeniu najpoważniejszych infekcji bakteryjnych wywołanych przez bakterie Gram-ujemne.

Celem projektu jest zbadanie rodzaju i częstości występowania integronów oporności i istotnych genów warunkujących oporność na antybiotyki, ARG zarówno w genomach bakterii hodowlanych jak i w metagenomie (całkowitym DNA) cieku Centralnej Oczyszczalni Ścieków w Koziegłowach koło Poznania. Oprócz badań opierających się na analizach DNA wyizolowanego z bakterii wyhodowanych z próbek cieku, przeprowadzona zostanie analiza całkowitego DNA, która uwzględni obecność bakterii niehodowlanych, mogących stanowić do 99% mikroorganizmów obecnych w środowisku wodnym. Badania prowadzone w trakcie projektu obejmują również analizy:

- częstości występowania genów oporności na antybiotyki i integronów w genomach bakterii wyizolowanych ze ścieków,
- częstości występowania oraz liczby kopii genów oporności na antybiotyki i integronów w metagenomie cieku,
- rodzaju i liczby kaset genowych w strukturze integronów oporności
- wariantów genów oporności na antybiotyki
- analizy składu populacji mikroorganizmów

Wyniki uzyskane podczas realizacji projektu dostarczą informacji na temat zmian częstości i rodzaju integronów i istotnych dla zdrowia genów oporności obecnych zarówno w genomach bakterii hodowlanych, jak i w metagenomowym DNA, i związane z tym zmiany składu populacji bakteryjnych w ciekach na różnych etapach oczyszczania. Identyfikacja dróg rozprzestrzeniania się bakterii opornych i genów oporności oraz określenie udziału oczyszczalni ścieków w tym zjawisku jest kluczowym elementem stworzenia skutecznej strategii ograniczenia narastania oporności bakterii na antybiotyki.