

Powszechne i niekontrolowane stosowanie antybiotyków, nie tylko w celach terapeutycznych, lecz również w rolnictwie i hodowli zwierząt, spowodowało gwałtowne narastanie liczby szczepów opornych na stosowane terapeutyki. Początkowo zjawisko oporności bakterii obserwowano głównie w środowisku szpitalnym, natomiast obecnie szczepy lekooporne izolowane są także ze środowiska. Geny, które warunkują oporność na antybiotyki traktowane są jako zanieczyszczenie biotyczne i zagrożenie dla zdrowia ludzi żyjących w danym środowisku. Za dynamiczne przenoszenie się genów lekooporności odpowiedzialne są mobilne elementy genetyczne (plazmidy, i transpozony), które mogą być przenoszone pomiędzy komórkami tego samego, bądź różnych gatunków bakterii na drodze horyzontalnego transferu genów.

Celem projektu jest charakterystyka rezystomu powietrza miejskiego. Rezystom to zbiór wszystkich genów warunkujących oporność na antybiotyki występujących u patogenicznych i komensalnych mikroorganizmów. Do osiągnięcia tego celu zamierzamy jakościowo i ilościowo scharakteryzować rezystom powietrza Poznania, Łodzi i Rybnika (jednego z najbardziej zanieczyszczonych miast w Polsce) oraz – jako odniesienie – powietrza z terenu Wielkopolskiego Parku Narodowego, a więc obszaru poddanego niewielkiej antropopresji. Ponieważ ponad 99% mikroorganizmów jest niehodowlanych w warunkach laboratoryjnych, a stanowią one większość organizmów obecnych w środowisku naturalnym, jedynie analizy metagenomu, czyli całkowitej puli genów obecnych w danym środowisku, mogą dostarczyć pełnych informacji o rezystomie danego środowiska. Zastosowana będzie więc nie tylko metodyka hodowlana, ale i podejście metagenomiczne z wykorzystaniem metod ilościowego PCR (real-time PCR i ddPCR). Charakterystyka rezystomu dotyczyć będzie ilościowych oznaczeń liczby kopii i częstości występowania znanych, istotnych dla zdrowia publicznego genów oporności na antybiotyki i integronów. Oznaczenia jakościowe związane będą z identyfikacją genów warunkujących oporność na główne klasy antybiotyków. Analiza danych meteorologicznych oraz wskaźników jakości powietrza, takich jak stężenie PM_{2,5} i PM₁₀ oraz indeks jakości powietrza (AQI) pozwoli określić, czy rezystom powietrza zależy od poziomu jego zanieczyszczenia. Dodatkowo, analiza składu populacji bakterii umożliwi jego powiązanie z obecnością i ilością genów oporności.

Wyniki badań dostarczą informacji na temat powietrza jako drogi rozprzestrzeniania się bakterii opornych na antybiotyki, w tym tzw. leki ostatniej szansy, jak karbapenemy, kolistyna i wankomycyna. Metody bioinformatyczne umożliwią określenie czy jest korelacja między składem populacji bakterii, a genami oporności. Analiza klonalna izolatów z określonymi mechanizmami oporności na antybiotyki pozwoli odpowiedzieć na pytanie czy te same klony obecne są w powietrzu miejskim w różnych lokalizacjach. Wyniki uzyskane podczas realizacji projektu umożliwią pełniejszą charakterystykę rezystomu środowisk naturalnych, która jest jednym z kluczowych elementów tworzenia globalnej strategii ograniczenia narastania oporności bakterii na antybiotyki.