

**Analiza pokrewieństwa genetycznego oraz ocena fenotypowa szczepów
Pseudomonas aeruginosa izolowanych od chorych na mukowiscydozę leczonych
w Instytucie Gruźlicy i Chorób Płuc**

Iwańska Agnieszka ^{1*}, Trafny Elżbieta Anna ², Czopowicz Michał ³, Augustynowicz-Kopeć Ewa ¹

¹ Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Warszawa

² Instytut Optoelektroniki, Wojskowa Akademia Techniczna im. Jarosława Dąbrowskiego, Warszawa

³ Samodzielny Zakład Epidemiologii i Ekonomiki Weterynaryjnej, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa

Wstęp: Przewlekłe zakażenie *P. aeruginosa* jest główną przyczyną zachorowalności i śmiertelności u chorych na mukowiscydozę. Wraz z postępem choroby obserwuje się zróżnicowanie drobnoustroju w kierunku genotypowo i fenotypowo odmiennych szczepów, które mogą współistnieć w drogach oddechowych chorego przez lata. Adaptacje drobnoustroju do dróg oddechowych chorych na mukowiscydozę następują prawdopodobnie w odpowiedzi na środowisko dróg oddechowych gospodarza, elementy układu odpornościowego i antybiotykoterapię.

Celem badania było określenie zróżnicowania genotypowego 120 szczepów *P. aeruginosa* uzyskanych od 10 chorych na mukowiscydozę przewlekłe zakażonych oraz ocena możliwej transmisji *P. aeruginosa* pomiędzy chorymi i jej związek z określonymi cechami fenotypowymi.

Materiały i metody: W badaniu do analizy genotypowej szczepów *P. aeruginosa* zastosowano metodę elektroforezy w zmiennym polu elektrycznym PFGE. Do wyników badań molekularnych dołączono wyniki dotyczące szeregu cech fenotypowych szczepów (proteaza, elastaza, picyjanina, zdolność ruchu, formowanie biofilmu).

Wyniki: Badanie pozwoliło na wyróżnienie 28 różnych genotypów oraz wykazało transmisję krzyżową szczepów pomiędzy chorymi. Zidentyfikowano trzy klastry transmisyjne, w tym klastry IG1 i IG2 skupiające po 9 szczepów *P. aeruginosa* uzyskane od dwóch chorych oraz klaster IG3 skupiający 6 szczepów *P. aeruginosa* wyizolowanych od 3 chorych. Zaobserwowano ponadto, że u części chorych kilka niespokrewnionych szczepów *P. aeruginosa* może przejściowo lub stale zakażać drogi oddechowe chorych. W badaniu aktywności poszczególnych czynników wirulencji zaobserwowano zróżnicowany zakres ekspresji dla każdej cechy fenotypowej. Wszechstronne zrozumienie procesu adaptacji *P. aeruginosa* może pomóc w opracowaniu skuteczniejszych terapii przeciwdrobnoustrojowych i zidentyfikowaniu nowych celów dla przyszłych leków, aby zapobiec progresji zakażenia do stadiów przewlekłych.

Autor do korespondencji: a.iwanska@igichp.edu.pl