

Charakterystyka molekularna *Enterococcus faecium* izolowanych ze stad indyków w Polsce



Magdalena Zając¹, Magdalena Skarżyńska¹, Anna Lalak¹, Renata Kwit¹,
Ewelina Skrzypiec¹, Emilia Mikos-Wojewoda¹, Jowita Samanta Niczyporuk²,
Dariusz Wasyl¹



Państwowy Instytut Weterynaryjny-Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Mikrobiologii¹, Zakład Chorób Drobiu², Puławy

Wstęp

Enterococcus faecium charakteryzuje się znaczną różnorodnością genetyczną, co przyczynia się do jego zdolności adaptacyjnych oraz możliwości nabywania cech oporności. Jest jedną z bakterii należących do grupy ESKAPE, których monitorowanie oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe powinno być przeprowadzane w celach badań epidemiologicznych i śledzenia oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe.

Celem badania była ocena występowania oraz charakterystyka genomowa izolatów *E. faecium* uzyskanych ze stad indyków w Polsce.

Materiały i metody

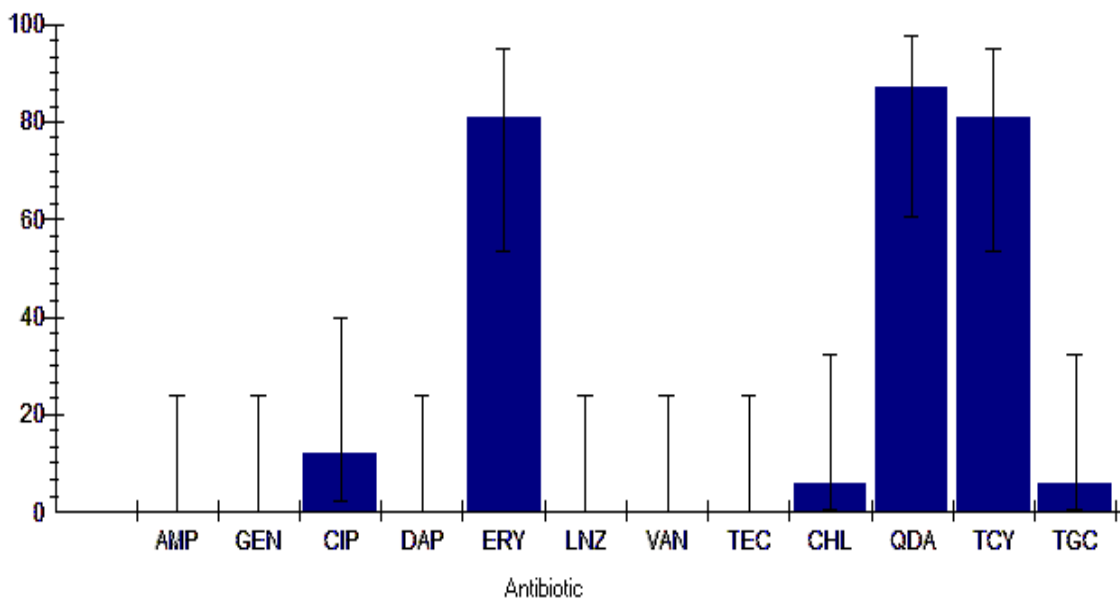
Badanie przeprowadzono na 152 próbkach jelit ślepych pobranych na rzeźniach, na terenie całego kraju. Enterokoki izolowano przy użyciu podłoża BEAA po etapie przednamnażania próbki z wodą peptonową. Do identyfikacji podejrzanych izolatów wykorzystano MALDI-TOF MS. Oznaczenie oporności na substancje przeciwdrobnoustrojowe wykonano metodą MIC przy użyciu płytek Sensititre EU Surveillance Enterococcus EUVENC AST. Wyniki interpretowano zgodnie z kryteriami epidemiologicznymi EUCAST. DNA zostało wyizolowane metodą magnetyczną na aparacie Maxwell RSC 48 (Promega) przy użyciu zestawu Maxwell® RSC Cultured Cells DNA Kit. Biblioteki przygotowano z użyciem zestawu KAPA HyperPlus. Sekwencjonowanie całego genomu przeprowadzono przy użyciu platformy Illumina.

Wyniki

E. faecium potwierdzono w 11,8% badanych próbek (18/152). Izolaty były odporne głównie na chinoprystynę-dalfoprystynę (87,5%), tetracyklinę (81,2%) oraz erytromycynę (81,2%) (Rycina 1). Analiza uzyskanych sekwencji wykazała, że wyizolowane szczepy należały do 7 typów sekwencyjnych, przy czym ST22 występował najczęściej, a dwa typy reprezentowały nieznane dotychczas typy sekwencyjne (Rycina 2). Wśród zidentyfikowanych genów oporności, najczęściej stwierdzano geny: *aac(6')-II* (niosący oporność na amikacynę i tombramycynę), *msr(C)* oraz *erm(B)* - kodujące oporność na erytromycynę i azytromycynę, oraz *tet(L)/(M)* - odpowiadające za oporność na tetracyklinę (Rycina 2-3). Izolaty posiadały do 6 różnych replikonów plazmidowych, przy czym repUS15 i rep2 były najczęściej identyfikowane.

Finansowanie

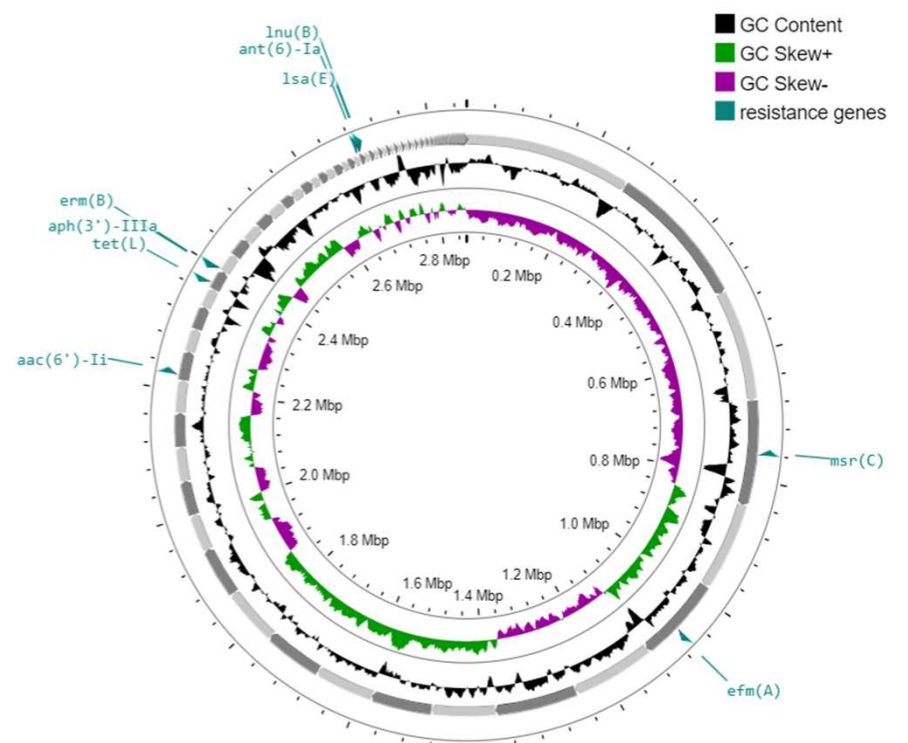
Badania finansowane w ramach projektu JPIAMR-ICONIC (NCN 2021/03/Y/NZ7/00136).



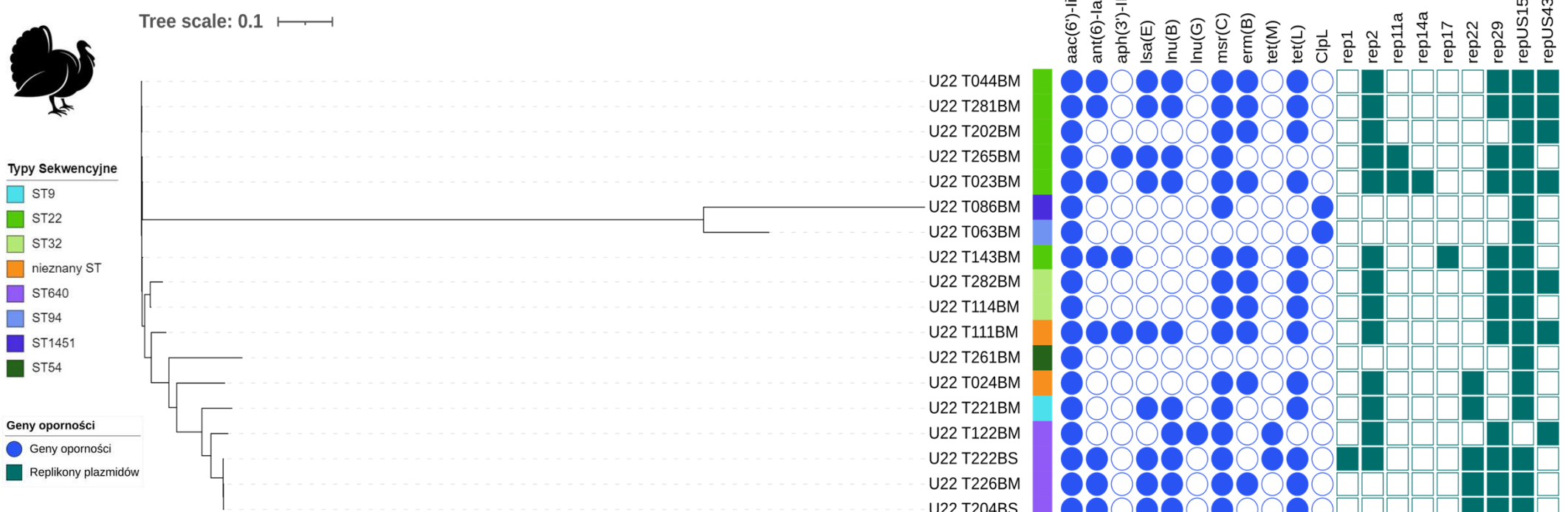
Rycina 1. Odsetek opornych izolatów *E. faecium* na wybrane substancje przeciwdrobnoustrojowe

Wnioski

Zrozumienie cech genomu *E. faecium* jest kluczowe dla wyjaśnienia jego zmienności, patogenności oraz mechanizmów oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe. Badanie dostarcza istotnych informacji wypełniających lukę w wiedzy na temat roli indyków w rozprzestrzenianiu patogenów i determinant oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe w Polsce. Utrzymywanie się izolatów opornych na środki przeciwdrobnoustrojowe może mieć wpływ na środowisko i bezpieczeństwo żywności, szczególnie w sytuacji przeniesienia genów oporności na bakterie patogenne.



Rycina 3. Schemat lokalizacji genów oporności w izolacie *E. faecium* U22/T1118M



Rycina 2. Pokrewieństwo filogenetyczne izolatów *E. faecium* uzyskanych od indyków oraz stwierdzone geny oporności i replikony plazmidów w poszczególnych szczepach.