

Molekulárny a fenotypový profil choleroých a non-choleroých vibrií klinického a environmentálneho pôvodu

Anna Fleischhackerová¹, Milan Seman²

¹Chemický ústav SAV, Dúbravská cesta 9, 840 05 Bratislava,

²Ústav bunkovej biológie a biotechnológií, PRIF UK, Mlynská dolina, 842 15 Bratislava
chemflei@savba.sk

Cholera je akútna, humánna, črevná infekcia, ktorej pôvodcom je gramnegatívna baktéria *Vibrio cholerae* O1 a non-O1/O139. Patogenéza cholery je komplexný proces, ktorý si vyžaduje prítomnosť viacerých génov virulencie. Patogénne kmene sa vyznačujú produkciou toxínu, nazývaného choleroý toxín. Ten je zodpovedný za celý súbor klinických prejavov, medzi ktorými dominujú permanentné hnačky a silná dehydratácia [1].

Eradikácia, čiže úplná likvidácia cholery je v súčasnom svete prakticky nemožná, pretože patogén je viazaný na esenciálny potravinový faktor – vodu. Boj proti cholerovej infekcii sa sústreďuje najmä do oblasti profylaxie. Žiaľ, dodnes sa nepodarilo nájsť účinnú anticholeroú vakcínu. Antimikrobiálnu terapiu komplikuje neustále sa zvyšujúca rezistencia kmeňov ku klinicky používaným antibiotikám. V súčasnosti dominuje najmä v afrických a ázijských krajinách, aktuálne na Haiti. Cholera teda je a zostáva závažnou intestinálnou infekciou pandemického charakteru [2].

Cieľom štúdie bolo potvrdenie druhového statusu 41 klinických a environmentálnych izolátov *V. cholerae*, stanovenie ich profilov rezistencie proti 13 antimikrobiálnym liečivám a molekulárna detekcia hlavných faktorov virulencie (gény: *ctxA*, *toxR*, *tcpA*, *ace*, *zot*, *hlyA*, *st*).

Molekulárnou analýzou študovaných izolátov *V. cholerae* metódou PCR bolo zistené, že všetky izoláty obsahovali gén *toxR* kódujúci hlavný regulačný proteín ToxR, ktorý kontroluje expresiu génov zapojených v procese patogenity toxigénnych kmeňov *V. cholerae* O1/O139. Gény *ctxA* a *tcpA* sú vo všeobecnosti potrebné pre vyvolanie cholery, prítomnosť týchto génov bola dokázaná u 30 izolátov (73,17 %). Environmentálne kmene *V. cholerae* non-O1/non-O139 stratili gény *ctxA* a *tcpA*, čo znamená, že tieto kmene sú non-CT produkujúce. Gén *zot* bol prítomný u 16 izolátov (39 %), gén *ace* u 21 izolátov (51,2 %) a gén kódujúci hemolyzín (*hlyA*) u všetkých izolátov. Žiaden z izolátov neobsahoval gén *st*, kódujúci termostabilný toxín.

V testovanom súbore boli štandardnou diskovou difúznou metódou (CLSI, 2007) určené profily rezistencie proti 13 antimikrobiálnym látkam (ampicilín, tetracyklín, chloramfenikol, trimetoprim/sulfametoxazol, ciprofloxacín, gentamicín, cefazolín, cefuroxím, cefotaxím, meropeném, kolistín, nitrofurantoin, ofloxacín). Po vyhodnotení profilov rezistencie izolátov k príslušným antimikrobiálnym látkam boli pozorované značné rozdiely medzi klinickými a environmentálnymi kmeňmi. Fenomén MDR (*multidrug resistance*) bol pozorovaný u 9 zo 14 environmentálnych izolátov *V. cholerae* non-O1 (64,29 %).

[1] Kaper J.B., Morris J.G., Levine M.M., *Clin. Microbiol. Rev.* **1995**, 8, 48–86.

[2] Faruque S.M., Albert M.J., Mekalanos J.J., *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, **1998**, 62, 1301–1314.