

GENETICKÁ CHARAKTERIZACE TETRACYKLINOVÉ REZISTENCE U VYBRANÝCH PŮDNÍCH IZOLÁTŮ BAKTERIÍ

Abstrakt

Rezistence k antibiotikům se stále více rozšiřuje mezi bakteriálními mikroorganismy. Abychom byli schopní na tuto situaci reagovat, je nutné podrobně porozumět všem mechanismům rezistence a možnosti rozšiřování genů rezistence v prostředí.

V této práci jsme se pokusili identifikovat determinantu rezistence k tetracyklinu u vybraných půdních izolátů grampozitivních i gramnegativních bakterií. Tyto izoláty pocházejí z půdy nehnojené a půdy, která byla hnojena mrvou kontaminovanou tetracyklinem.

U izolátů jsme testovali přítomnost dvaceti třech vybraných determinant rezistence k tetracyklinu a přítomnost determinant rezistence k tetracyklinu v knihovně DNA. U izolátů rodu *Staphylococcus* jsme identifikovali determinantu rezistence *tet(K)*. U izolátu rodu *Arthrobacter* byl amplifikován fragment DNA primery pro *tet(M)* determinantu, její přítomnost však nebyla potvrzena sekvenčně. U izolátů rodů *Chryseobacterium* a *Stenotrophomonas* nebyla přítomna žádná z testovaných determinant rezistence k tetracyklinu. Podařilo se však prokázat probíhající horizontální přenos genů mezi rody *Stenotrophomonas* a *Chryseobacterium* a u rodu *Chryseobacterium* byly identifikovány geny kódující hybridní protein a efluxní pumpu *SmeW*, oba specifické pro rod *Stenotrophomonas*. Spojení hybridního proteinu a rezistence k tetracyklinu nebylo v této studii prokázáno. Gen hybridního proteinu je pravděpodobně součástí mobilního elementu, jehož přenos byl prokázán konjugativní reakcí v laboratorních podmínkách.

Klíčová slova:

tetracyklin, rezistence, MDR pumpy, horizontální přenos genů, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Staphylococcus* sp., *Chryseobacterium* sp., *Arthrobacter* sp.