

Antybiotyki są najczęściej stosowanymi w leczeniu bakteryjnych chorób zakaźnych u ludzi farmaceutykami. Jednocześnie są powszechnie wykorzystywane w weterynarii, rolnictwie i hodowli zwierząt. W ciągu ostatnich 60 lat zużyto miliony ton antybiotyków. Istnieją liczne dowody na nadużywanie i niewłaściwe stosowanie antybiotyków. Doprowadziło to do powstania i rozprzestrzeniania się wśród bakterii genów oporności na antybiotyki (ARGs). Bakterie odporne na antybiotyki, geny oporności na antybiotyki i antybiotyki są obecnie uważane za nową klasę zanieczyszczeń, które stanowią poważne zagrożenie dla zdrowia zwierząt i ludzi. Problem powstawania antybiotykooporności jest szczególnie istotny, ponieważ obecnie stosujemy głównie syntetyczne pochodne od dawna znanych antybiotyków, a w ciągu ostatnich 30 lat odkryto tylko jeden nowy antybiotyk, teiksobaktynę.

Obecnie geny oporności na antybiotyki (ale i inne geny wirulencji – VGs) stały się powszechne w środowisku, co przede wszystkim wynika z ich mobilności. ARGs i VGs często są związane z ruchomymi elementami genetycznymi, takimi jak plazmidy, co pomaga w ich rozprzestrzenianiu się. Wykazano, że plazmidy mogą przenosić się nawet pomiędzy odległymi taksonomicznie szczepami bakterii. Dlatego też, horyzontalny transfer genów jest uważany za najważniejszy czynnik odpowiedzialny za rozprzestrzenianie się ARGs i VGs w środowisku i powstawanie wielolekooporny bakterii.

Miejskie oczyszczalnie ścieków są uznawane za źródła i swoiste bioreaktory gromadzące bakterie odporne na antybiotyki, geny oporności na antybiotyki oraz geny wirulencji. Oczyszczalnie ścieków są również ważnymi łącznikami między populacją ludzką a środowiskiem, co czyni je idealnymi układami do analizy zjawiska antybiotykooporności zgodnie z koncepcją Jednego Zdrowia (ang. One Health). Koncepcja ta zakłada, że zdrowie ludzi jest bezpośrednio związane ze zdrowiem zwierząt i naszym wspólnym środowiskiem.

Wykazano, że geny wirulencji i oporności na antybiotyki (a nawet lekooporne bakterie) mogą „przechodzić” przez oczyszczalnie ścieków, a następnie trafiać do środowiska. Ostatnio odkryto, że w oczyszczalniach ścieków powstaje duża pula tzw. zewnątrzkomórkowego DNA (exDNA). exDNA pochodzi głównie z uszkodzonych komórek bakteryjnych i może zawierać różne fragmenty ich chromosomów, ale także plazmidy. Zakładamy, że exDNA może również znacząco przyczyniać się do rozprzestrzeniania genów wirulencji i oporności na antybiotyki oraz powstawania nowych bakterii wielolekoopornych. Ponadto stawiamy hipotezę, że exDNA uwolniony z oczyszczalni ścieków może „infekować” ekosystemy wodne. Potencjalnie, obecne w exDNA geny wirulencji i te gwarantujące oporność na antybiotyki mogą zostać włączone do genomów bakterii obecnych w wodzie, osadach, a także do mikrobioty zwierząt wodnych. Nasz projekt ma na celu zbadanie czy exDNA zawierający geny wirulencji i oporności na antybiotyki stanowi istotne zagrożenie epidemiologiczne. Może to rzucić nowe światło na przyszłe trendy w technologii oczyszczania ścieków. Wychodząc naprzeciw tym przyszłym oczekiwaniom społecznym zaplanowaliśmy również opracowanie nowatorskiej (opartej na wykorzystaniu sorbentów mineralnych) technologii usuwania exDNA ze ścieków komunalnych.

Podsumowując, w przedstawianym projekcie zaproponowaliśmy kompleksowe analizy roli exDNA w rozprzestrzenianiu genów wirulencji i oporności na antybiotyki, począwszy od analiz metagenomicznych exDNA, poprzez analizę roli exDNA w rozprzestrzenianiu się ARGs i VGs w sztucznych ekosystemach wodnych, a kończąc opracowaniem technologii sorpcji do usuwania exDNA ze ścieków.