

KONFERENCJA NAUKOWA



Plat

Polskiego
Towarzystwa
Mikrobiologów

Bakterje i drożdże według rysunków

1. Bakterje octowe.
- 2 i 3. Drożdże

PTM wczoraj - dziś - jutro

K r a k ó w 2 2 - 2 3 . 0 9 . 2 0 1 7 r .



Paweł Ehrlich

KONFERENCJA NAUKOWA

90 lat Polskiego
Towarzystwa
Mikrobiologów

PTM wczoraj - dziś - jutro

K r a k ó w 2 2 - 2 3 . 0 9 . 2 0 1 7 r .



PATRONAT HONOROWY



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego



WOJEWODA
MAŁOPOLSKI



Kraków

Prezydent
Miasta Krakowa
Jacek Majchrowski



CZŁONEK WSPIERAJĄCY PTM - ŻŁOTY



CZŁONEK WSPIERAJĄCY PTM - SREBRNY



CZŁONEK WSPIERAJĄCY PTM - ZWYCZAJNY



SPONSORZY



PATRONAT MEDIALNY



"Konferencja Naukowa 90 lat Polskiego Towarzystwa
Mikrobiologów, PTM wczoraj - dziś - jutro;
*zadanie finansowane w ramach umowy
Nr 967/P-DUN/2017 ze środków Ministra Nauki
i Szkolnictwa Wyższego przeznaczonych
na działalność upowszechniającą naukę*"



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego

CZŁONKOWIE HONOROWI POLSKIEGO TOWARZYSTWA MIKROBIOLOGÓW

Prof. dr hab. Maria Bielecka

Prof. dr hab. Wiesław Deptuła

Prof. dr hab. Danuta Dzierżanowska

Prof. dr hab. Janusz Galiński

Prof. dr hab. Stefania Giedrys-Kalemba

Prof. dr hab. Waleria Hryniewicz

Prof. dr hab. Marek Jagielski

Prof. dr hab. Stanisław Kałużewski

Dr Andrzej Kasprowicz

Prof. dr hab. Józef Kubica

Prof. dr hab. Mirosław Łuczak

Prof. dr hab. Jerzy Mierzejewski

Prof. dr hab. Anna Przondo-Mordarska

Prof. dr hab. Danuta Rogala-Zawada

Dr Alfred Samet

Prof. dr hab. Hanna Stypułkowska-Misiurewicz

Prof. dr hab. Marian Truszczyński

Prof. dr hab. Zofia Tynecka

Prof. dr hab. Maria Lucyna Zaremba

Prof. dr hab. Zofia Zwolska

KOMITET NAUKOWY KONFERENCJI

Przewodniczący:

Prof. dr hab. Stefan Tyski

Członkowie:

Prof. dr hab. Wiesław Barabasz

Prof. dr hab. Alicja Budak

Prof. dr hab. Małgorzata Bulanda

Dr hab. Tomasz Gosiewski

Prof. dr hab. Magdalena Kosz-Vnenchak

Prof. dr hab. Anna Macura

Prof. dr hab. Jacek Międzobrodzki

Prof. dr hab. Jadwiga Szostak-Kot

Dr hab. Barbara Zawilińska

Prof. dr hab. Zofia Zwolska

KOMITET ORGANIZACYJNY KONFERENCJI

Honorowy Przewodniczący:

Andrzej Kasprowicz

Centrum Badań Mikrobiologicznych i Autoszczepionek im. dr Jana Bobra

Przewodniczący:

Jacek Międzobrodzki

Zakład Mikrobiologii, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński

Wiceprzewodniczący:

Małgorzata Bulanda

Katedra Mikrobiologii, Wydział Lekarski, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum

Członkowie:

Anna Białecka

Małgorzata Biernat-Sudolska

Agnieszka Gniadek

Tomasz Gosiewski

Maja Kosecka-Strojek

Ewa Kłyś-Kasprowicz

Paweł Krzyściak

Klaudia Lisowska

Agata Pietrzyk

Zbigniew Poteć

Magdalena Skóra

Agnieszka Sroka-Oleksiak

Elżbieta Staszków

Sława Szostek

Katarzyna Talaga-Ćwiertnia

Barbara Zawilińska

Szanowni Państwo,

Bardzo serdecznie witam na Konferencji Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Naukowej i jednocześnie Jubileuszowej, wszystkich członków Towarzystwa: Honorowych, Wspierających i Zwyczajnych. Witam serdecznie dostojnych gości, którzy uświetnili swoją obecnością Konferencję.

Konferencja organizowana jest przez Polskie Towarzystwo Mikrobiologów z okazji 90. rocznicy jego powołania, które miało miejsce w Warszawie, 31 października 1927 r. Współorganizatorem jest Uniwersytet Jagielloński. Kolejnymi ważnymi wydarzeniami są przypadające w tym roku 160-lecie urodzin profesora Odon Bujwida, Ojca mikrobiologii polskiej, a także 130-lecie wygłoszenia przez Niego na Uniwersytecie Jagiellońskim słynnych „Pięciu Odczytów o Bakteryach”. Organizatorzy konferencji są przekonani, że tomik wykładów prof. Odon Bujwida, który Państwo otrzymali, będzie niezwykle cenną pamiątką tej uroczystości.

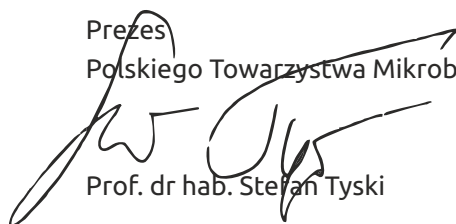
W tym roku mija także 90 lat od powołania pierwszego ogólnosiwiatowego stowarzyszenia towarzystw mikrobiologicznych International Union of Microbiological Societies (IUMS), którego współzałożycielem jest PTM.

Konferencji towarzyszyć będzie Nadzwyczajne Walne Zgromadzenie Delegatów PTM, podczas którego podjęte zostaną uchwały wprowadzające zmiany w statucie PTM.

Szczególne podziękowania kierujemy do sponsorów Konferencji: Urzędu Miasta Krakowa, Europejskiej Federacji Towarzystw Mikrobiologicznych FEMS, firmy Hygiene & Cleaning Solutions – HCS Europe, Centrum Badań Mikrobiologicznych i Autoszczepionek, a także do Członków Wspierających PTM. Słowa podziękowania kierujemy także do Wystawców reprezentujących firmy z obszaru mikrobiologii.

W imieniu Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów dziękuję także wszystkim uczestnikom, wykładowcom i autorom plakatów, za czynny udział w Konferencji. Komitetowi Organizacyjnemu dziękuję za trud włożony w przygotowanie uroczystości i zaproszenie nas do Krakowa. Wszystkim uczestnikom życzę owocnych spotkań zarówno pod względem naukowym jak i koleżeńskim, a delegatom efektywnych obrad podczas Nadzwyczajnego Walnego Zgromadzenia Delegatów PTM.

Prezes
Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów



Prof. dr hab. Stefan Tyski

PROGRAM NAUKOWY KONFERENCJI

PIĄTEK 22.09.2017

Miejsce obrad:

Uniwersytet Jagielloński, Auditorium Maximum, ul. Krupnicza 33

- 17.00–17.30** Uroczyste Otwarcie Konferencji
- 17.30–17.50** **„90 lat Towarzystwa Mikrobiologów w Polsce”**
Prof. Jacek Międzobrodzki
 Zakład Mikrobiologii, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii
 Uniwersytetu Jagiellońskiego
- 17.50–18.10** **„Odo Feliks Kazimierz Bujwid - wybitny polski Bakteriolog”**
Prof. Małgorzata Bulanda
 Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum
- 18.10–18.30** **„PTM dziś i jutro”**
Prof. Stefan Tyski
 Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny
 Zakład Antybiotyków i Mikrobiologii, Narodowy Instytut Leków
- 18.30–19.00** Przerwa kawowa + sesja posterowa
- 19.00–19.30** **„Antybiotykooporność - kto wygra ten wyścig?”**
Prof. Waleria Hryniewicz
 Zakład Epidemiologii i Mikrobiologii Klinicznej, Narodowy Instytut Leków
- 19.30–20.00** **„Mobilom bakterii wczoraj i dziś”**
Prof. Dariusz Bartosik
 Zakład Genetyki Bakterii, Instytut Mikrobiologii, Uniwersytet Warszawski
- 20.00–22.00** Koktajl powitalny

Sesja posterowa:

Uniwersytet Jagielloński, Auditorium Maximum, II piętro,
 sala seminaryjna, sala wystawowa

22.09.2017 (piątek), od godz. 16.00 do 23.09.2017 (sobota), godz. 13.00.

Stoiska wystawców:

Uniwersytet Jagielloński, Auditorium Maximum, parter.

SOBOTA 23.09.2017

Miejsce obrad:

Uniwersytet Jagielloński, Auditorium Maximum, ul. Krupnicza 33

- 09.00-09.30** „Wczoraj *Candida albicans*, dzisiaj *Candida glabrata*, a jutro ...
– dokąd zmierza mykologia lekarska?”
Dr hab. Ewa Swoboda-Kopeć
Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Warszawski Uniwersytet Medyczny
- 09.30-10.00** „Techniki „omics” w diagnostyce biodeterioracji obiektów
dziedzictwa kulturowego”
Prof. Beata Gutarowska
Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Politechnika Łódzka
- 10.00-10.30** „Zagrożenia mikrobiologiczne w żywności o małym stopniu
przetworzenia”
Prof. Katarzyna Czaczyk
Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności,
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
- 10.30-11.30** Przerwa kawowa
- 11.30-12.00** „Ryzosferowe i endofityczne bakterie jako narzędzia
wspomagania fitoremediacji”
Prof. Zofia Piotrowska-Seget
Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Śląski
- 12.00-12.30** „Wkład mikrobiologii weterynaryjnej w budowę idei
współczesnego zdrowia”
Prof. Marian Binek
Katedra Nauk Przedklinicznych, Wydział Medycyny Weterynaryjnej,
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
- 12.30-13.00** „Wczesne etapy zakażenia wirusowego: badania podstawowe
vs. nowe strategie terapeutyczne”
Prof. Krzysztof Pyrc
Zakład Mikrobiologii, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii
Uniwersytetu Jagiellońskiego
- 13.00-13.30** Podsumowanie sesji posterowej i wykładów, zamknięcie części naukowej
- 13.30-15.00** Lunch
- 15.00-19.00** **Nadzwyczajne Walne Zgromadzenie Delegatów PTM**
- 19.30-22.00** Kolacja

fa).

SESJA PLENARNA

90 LAT TOWARZYSTWA MIKROBIOLOGÓW W POLSCE

Jacek Międzobrodzki

Zakład Mikrobiologii, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii,
Uniwersytet Jagielloński

Polskie Towarzystwo Mikrobiologów i Epidemiologów (PTMiE) zostało powołane na zjeździe naukowym mikrobiologów i epidemiologów 31.10.1927 r. w Warszawie, w czasach, kiedy po odzyskaniu niepodległości, na fali narodowego entuzjazmu nastąpił bujny rozkwit wszystkich dziedzin życia, włącznie z nauką. Powstawały liczne placówki mikrobiologiczne – nowe katedry uniwersyteckie oraz powołany w 1918 r. Miejski Instytut Higieny w Warszawie, późniejszy Państwowy Zakład Higieny (PZH), z filiami w miastach wojewódzkich. Zaczęły się ukazywać mikrobiologiczne pisma naukowe. Rosnące zadania badawcze wytworzyły potrzebę utworzenia organizacji koordynującej działalność organizacyjną we wszystkich dyscyplinach mikrobiologii. Ojcami założycielami PTMiE byli profesorowie Z. Szymanowski, N. Gąsiorowski, L. Padlewski i grono entuzjastów. PTMiE postawiło przed członkami ambitne zadania: propagowanie postępów w tej dziedzinie, co odbywa się do dnia dzisiejszego przez organizowanie konferencji i wykładów naukowych, prowadzenie specjalistycznych kursów zawodowych, konkursów i projektów promujących różne dyscypliny mikrobiologii. PTMiE stało się członkiem założycielem międzynarodowych organizacji naukowych, co ułatwiło wymianę kadr, szkolenie pracowników i udział we wspólnych projektach badawczych. Z tego pionierskiego okresu znane są silne osobowości wybitnych badaczy, którzy położyli mocne fundamenty pod rozwój mikrobiologii w świecie. Lata drugiej wojny światowej to ruina pracowni badawczych i utrata pracowników, zamordowanych i deportowanych. Mimo represji toczyła się konspiracyjna działalność naukowa. Po wojnie nastąpił okres szybkiej odbudowy placówek mikrobiologicznych i powrót do życia Towarzystwa, początkowo w Lublinie w 1945. Rozwój nauki wskazał nowe kierunki i dyscypliny, doprowadził do wyodrębnienia z PTMiE nowych towarzystw: w 1958 Pol. Tow. Epidemiologów i Lekarzy Chorób Zakaźnych, w 1969 Pol. Tow. Immunologicznego, a w 2010 Pol. Tow. Wirusologicznego. Pod auspicjami PTM odbywa się integracja środowisk mikrobiologów i następuje rozwój biologii molekularnej, biotechnologii, inżynierii genetycznej, genomiki, zaawansowanej diagnostyki i in. PTM codzienną pracą dobrze służy środowisku mikrobiologów i społeczeństwu.

ODO FELIKS KAZIMIERZ BUJWID – WYBITNY POLSKI BAKTERIOLOG

Małgorzata Bulanda

Katedra Mikrobiologii Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego

Odo Feliks Kazimierz Bujwid - pierwszy polski bakteriolog, pionier higieny i profilaktyki leczenia, jeden z pierwszych polskich naukowców zajmujących się wytwórczością szczepionek leczniczych.

Urodził się w Wilnie 30 listopada 1857 roku, pochodził z zubożałej szlachty litewskiej. Studia medyczne ukończył na Uniwersytecie Warszawskim, a dalsze przygotowanie fachowe do specjalizacji bakteriologicznej zdobył w Berlinie u Roberta Kocha i w Paryżu w Instytucie Ludwika Pasteura. W Warszawie założył pierwszy w Polsce instytut zapobiegania wścieklźnie oraz stację badania produktów spożywczych.

Od 1883 roku kierownik Katedry Higieny Wydziału Lekarskiego Uniwersytetu Jagiellońskiego. Od początku swej pracy rozwinął intensywną działalność naukową, a ponadto stworzył w Krakowie drugi na terenie kraju zakład szczepień pasteurowskich.

Obok publikowania licznych rozpraw naukowych, aktywnie pracował społecznie. W 1896 wybrany radnym m. Krakowa, przyczynił się do założenia wodociągów i sieci kanałów w mieście. Był zwolennikiem upowszechnienia oświaty, współtwórcą miejscowego III koła Towarzystwa Szkoły Ludowej, organizatorem – wraz z żoną – pierwszego gimnazjum żeńskiego, popierał walkę kobiet o dopuszczenie do studiów uniwersyteckich. W okresie międzywojennym był członkiem Rady Przybocznej Prezydenta oraz w latach 1931–1933 Tymczasowej Rady Miejskiej. Propagował język esperanto, został honorowym członkiem Polskiego Klubu Esperanckiego, a także inicjatorem utworzenia Towarzystwa Polsko-Jugosłowiańskiego.

Zmarł w Krakowie 25 grudnia 1942 roku. Jest pochowany na Cmentarzu Rakowickim.

PTM dziś i jutro

Stefan Tyski

Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny
Zakład Antybiotyków i Mikrobiologii, Narodowy Instytut Leków

Polskie Towarzystwo Mikrobiologów jest największym stowarzyszeniem mikrobiologicznym w Polsce. Obecnie liczy około 900 członków, zrzeszonych w 14 Oddziałach Terenowych PTM. Od września ub. roku dynamicznie działa nowy Zarząd Główny PTM. W ciągu minionego roku utworzono nowe strony internetowe czasopism Postępy Mikrobiologii i Polish Journal of Microbiology, uruchomiono konto PTM na facebooku. Zbudowano nowoczesną, stronę internetową PTM. Zainteresowani różnymi obszarami mikrobiologii będą mogli działać w sekcjach PTM, które wkrótce chcemy uruchomić. Rozpowszechniamy informacje o konferencjach. Uchwalono, że podczas wszystkich konferencji współorganizowanych przez PTM, członkowie naszego Towarzystwa otrzymają zniżki na opłaty rejestracyjne. Każdy Oddział Terenowy może zamieścić na stronie PTM informacje o swojej historii, dokonaniach, działalności, planach, konferencjach itp. Staramy się pozyskać nie tylko nowych członków zwyczajnych, ale również członków wspierających PTM. Bardzo dużo wysiłku wkładamy w porządkowanie przynależności osób do PTM i opłacanie składek członkowskich. Podjęliśmy kroki mające na celu utrzymanie możliwości finansowania i wydawania przez PTM dwóch ważnych dla mikrobiologów czasopism PM i PJM. Dotychczasowe koszty wydawania i sposób dystrybucji tych czasopism przekraczają możliwości finansowe PTM. Wkraczając w 21 wiek podjęliśmy decyzję o ukazywaniu się czasopism w wersjach on-line. Uchwalono, że połowa dodatkowych funduszy pozyskanych przez Oddział Terenowy może być wykorzystana przez ten Oddział na działalność statutową. Planujemy zorganizowanie w przyszłym roku spotkania FEMS Council w Warszawie – pierwszego od utworzenia FEMS 43 lat temu. Planujemy zorganizować w 2020 r. Zjazd PTM w Warszawie, rozważane jest połączenie z konferencją zagraniczną.

erje i d
je octowe



ANTYBIOTYKOOPORNOŚĆ – KTO WYGRA TEN WYŚCIG?

Waleria Hryniewicz

Zakład Epidemiologii i Mikrobiologii Klinicznej, Narodowy Instytut Leków, Warszawa

Odkrycie penicyliny, a następnie kolejnych antybiotyków spowodowało, że wiele z dotychczas nieuleczalnych zakażeń bakteryjnych stało się uleczalnymi, a szereg procedur medycznych zyskało wysoki pułap bezpieczeństwa. Nastąpił „złoty” okres antybiotykoterapii. Odkrywano nie tylko nowe związki o działaniu przeciwbakteryjnym, ale korzystnie modyfikowano już istniejące, poprawiając ich właściwości farmakologiczne i zwiększając ich aktywność wobec szczepów opornych na starsze generacje leków. Od połowy lat 80-tych ubiegłego wieku obserwujemy zmniejszone tempo wprowadzania nowych leków przy jednoczesnym zwiększonym pojawianiu się i rozprzestrzenianiu się patogenów o nowych mechanizmach oporności, niewrażliwych na dotychczas skuteczne leki. Doszło do zachwiania proporcji między podażą nowych skutecznych leków, a pojawianiem się nowych mechanizmów oporności. Dzięki rozwojowi m.in. mikrobiologii udało się ustalić mechanizmy działania antybiotyków, które polegają na blokowaniu istotnych procesów metabolicznych i wielu funkcji ważnych dla życia drobnoustrojów, powodując efekt bakteriostatyczny lub bójczy. Już w pierwszych latach ery antybiotykowej okazało się, że bakterie potrafią przeżyć w obecności antybiotyku. Znakomitym przykładem są gronkowce złociste, które w niespełna 10 lat od wprowadzenia penicyliny, dzięki wytwarzaniu penicylinaz, były na nią już w 50% odporne. Bakterie uruchomiły różnorodne strategie oporności, w zależności od gatunku i leku, takie jak np. enzymatyczna inaktywacja, zmiany w miejscu docelowego działania, wypompowywanie z komórki, ograniczenie wejścia leku do komórki. Coraz częściej obserwujemy szczepy wieloantybiooporne, a nawet niewrażliwe na wszystkie dostępne leki. Niestety w ostatnich trzydziestu latach wprowadzono do terapii niewiele nowych leków, co spowodowało znaczący wzrost śmiertelności z powodu zakażeń wywołanych przez MRSA, VRE i Gram-ujemne pałeczki wytwarzające karbapenemazy. Intensywne badania nad nowymi lekami przeciwbakteryjnymi, szczepionkami i strategiami postępowania podjęły liczne grupy naukowców na całym świecie. Należy mieć nadzieję, że uzyskają sukces, który pozwoli na skuteczne leczenie zakażeń wieloopornych. Jeśli nie to era postantybiotykowa może stać się faktem.

MOBIŁOM BAKTERII W CZORAJ I DZIŚ

Dariusz Bartosik

Zakład Genetyki Bakterii, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii,
Uniwersytet Warszawski

Ruchome elementy genetyczne (MGE) odgrywają kluczową rolę w horyzontalnym transferze genów. Początkowo badania nad MGE koncentrowały się na identyfikacji jednostkowych elementów, niosących geny o charakterze adaptacyjnym. Obecnie, dzięki rozwojowi genomiki uzyskujemy dane pozwalające na określenie i zdefiniowanie kompletnej puli mobilnego DNA, występującego w różnych grupach taksonomicznych bakterii. Badania te przynoszą ogrom informacji zarówno na temat zróżnicowania i dystrybucji MGE, jak i roli tych elementów w kształtowaniu struktury i determinowaniu zmienności genomów bakteryjnych. Szczególnie widoczne jest to w przypadku genomów złożonych, w których występują liczne replikony pozachromosomowe, niosące, niekiedy, typowe dla chromosomów, geny metabolizmu podstawowego.

Duża zmienność struktury MGE wynika z możliwości rekombinacyjnej wymiany między nimi różnorodnej informacji genetycznej. Zdarzenia tego typu prowadzą do powstawania "nietypowych" elementów o mozaikowej strukturze, których zaliczenie do danej grupy MGE bywa problematyczne. W trakcie wykładu przedstawione zostaną główne grupy ruchomych elementów genetycznych oraz krytycznie omówione podstawy ich klasyfikacji.

WCZORAJ CANDIDA ALBICANS, DZISIAJ CANDIDA GLABRATA, A JUTRO ... – DOKĄD ZMIERZA MYKOLOGIA LEKARSKA?

Dr hab. Ewa Swoboda-Kopeć

Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Warszawski Uniwersytet Medyczny

Grzyby, szczególnie grzyby drożdżopodobne, mają coraz większy udział w zakażeniach. Jest to cena, jaką płacimy za postęp w medycynie. Przeszczepy, leczenie chorób nowotworowych, radioterapia, chemioterapia, nieracjonalna antybiotykoterapia, nowoczesne inwazyjne metody diagnostyczne umożliwiają chorym przeżycie, jednocześnie powodując wzrost liczby pacjentów z upośledzeniem układu immunologicznego, narażonych na zakażenia grzybami patogennymi. Grzyby te mają bardzo złożony gen wirulencji, który decyduje o ich zdolności do pokonania naturalnej obrony gospodarza i ich patogenności. Wiele tych czynników już poznano. Wiadomo, że zmienność morfologiczna, budowa ściany komórkowej grzybów, adhezja, aktywność proteolityczna i lipolityczna drożdżaków itp. to ważne determinanty patogenności *Candida*. Wzrost liczby zakażeń grzybiczych skłonił do poszukiwania nowych czynników, które zapoczątkowują zakażenie i współdecydują o jego dalszym przebiegu. W ostatnich latach zakażenia grzybicze wzrosły dwukrotnie, co stanowi 10-20% wszystkich zakażeń. 29% pacjentów z fungemią umiera w trakcie hospitalizacji.

Grzyby to jedne z najstarszych organizmów na świecie, biorą swój początek w erze prekambryjskiej. Wzmianki o roli grzybów w medycynie sięgają ery starożytnej. Hipokrates opisał zmiany grzybicze na błonach śluzowych i nazwał stomatis aphtosa. W 1665 r. pleśniawka jamy ustnej wywołana przez *C. albicans* uznawana była za chorobę śmiertelną. Gatunek *C. albicans* opisano w 1853 r. a *C. glabrata* w 1917 r.

Koniec XX wieku to początek dużych zmian w diagnostyce mikologicznej. Doskonałość nowych metod diagnostycznych wykazała niejednorodność istniejących gatunków grzybów i pozwoliła ustalić nowe gatunki.

C. albicans była wiodącym czynnikiem etiologicznym zakażeń. W latach 60 i 70 XX wieku powodowała 85-90% kandydemii, natomiast w latach 1988-1992 tylko 42%. Dużą rolę w nowym porządku grzybiczych czynników etiologicznych odgrywa niekontrolowana selekcja grzybów w związku z profilaktyką i terapią.

TECHNIKI „OMICS” W DIAGNOSTYCE BIODETERIORACJI OBIEKTÓW DZIEDZICTWA KULTUROWEGO

Beata Gutarowska¹, Otlewska A.¹, Szulc J.¹, Adamiak J.¹,
Bonifay V.², Kubiak K.³, Ruman T.⁴

¹ Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Politechnika Łódzka, Polska

² Center of Biocorrosion, Oklahoma University, United States

³ Laboratorium Biotechnologii Molekularnej, Bionanopark Sp. z o.o., Polska

⁴ Pracownia Chemii Bioorganicznej, Politechnika Rzeszowska, Polska

Biodeterioracja obiektów historycznych może prowadzić do utraty dziedzictwa kulturowego. Niszczenie zabytków przez mikroorganizmy jest uzależnione od wielu czynników: rodzaju materiału, mikroklimatu, pH, światła oraz składu biocenozy. Obiekty zasiedlają drobnoustroje, które specjalizują się w wykorzystaniu unikatowych substratów do wzrostu, często żyjące w stanie VBNC. Dlatego w diagnozowaniu biodeterioracji zabytków najważniejsze jest podejście środowiskowe, wymagające jednoczesnego badania w próbce mikrobiomu - struktury mikroorganizmów oraz metabolomu - profilu związków chemicznych obecnych w materiale i wytwarzanych przez drobnoustroje. Najnowsze badania wykazały, iż zastosowanie kilku metod nowej generacji, w szczególności technik takich jak: Illumina Sequencing, Ion Torrent Sequencing do oceny metagenomu oraz HPLCHRMS, MALDI do oceny metabolomu jest dobrym rozwiązaniem w diagnozowaniu biodeterioracji zabytkowych budynków oraz archiwaliów. Potwierdzenie obecności populacji mikroorganizmów i ich metabolitów w materiałach pozwala dobrać metody izolacji drobnoustrojów oraz zaproponować odpowiedni rodzaj dezynfekcji, niezbędny do przeprowadzenia konserwacji obiektu.

ZAGROŻENIA MIKROBIOLOGICZNE W ŻYWNOŚCI O MAŁYM STOPNIU PRZETWORZENIA

Katarzyna Czaczyk

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

W ostatnim czasie można zaobserwować duży wzrost zainteresowania konsumentów spożyciem nisko przetworzonych produktów żywnościowych. Szczególnie dużym zainteresowaniem cieszą się owoce i warzywa o małym stopniu przetworzenia. Wynika to z prozdrowotnego wpływu ich składników na organizm człowieka, a także z zawartości w tych produktach łatwo przyswajalnych witamin, substancji mineralnych, związków fenolowych czy pektyn. Składniki te są niezbędne do prawidłowego funkcjonowania organizmu człowieka oraz zmniejszają ryzyko wystąpienia zachorowań na choroby cywilizacyjne. Spożycie żywności o małym stopniu przetworzenia niesie za sobą ryzyko skażenia mikrobiologicznego, które jest znacznie wyższe niż w przypadku żywności wysoko przetworzonej.

Żywność o małym stopniu przetworzenia może być zanieczyszczona bakteriami, grzybami (zarówno pleśniami jak i drożdżami) oraz wirusami. Mogą one powodować niekorzystne zmiany organoleptyczne produktów spożywczych, a także stanowią zagrożenie dla zdrowia i życia człowieka. Szczególnie niebezpieczna jest obecność drobnoustrojów chorobotwórczych takich jak: *Salmonella* sp., *Staphylococcus aureus*, *Clostridium* spp., *Pseudomonas* spp., *Listeria monocytogenes*, *Yersinia enterocolitica*, *Aeromonas hydrophila* czy werotoksyczne szczepy *Escherichia coli*. Większość z tych mikrobiologicznych czynników zagrożenia zostało już dość dokładnie przebadane i opisane w literaturze naukowej, jednakże niektóre z nich ciągle stanowią wyzwanie dla naukowców. Dotyczy to np. werotoksycznych szczepów *E.coli*, które były przyczyną dużego ogniska zatrucia, które stwierdzono w Niemczech w 2011 roku, czy wirusowych zatruc pokarmowych.

RYZOSFEROWE I ENDOFITYCZNE BAKTERIE JAKO NARZĘDZIA WSPOMAGANIA FITOREMEDIACJI

Zofia Piotrowska-Seget

Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Śląski

Fitoremediacja to technologia wykorzystująca rośliny zielone i związane z nimi mikroorganizmy do usuwania toksycznych dla organizmów żywych, związków z zanieczyszczonych środowisk. Jej efektywność można znacząco zwiększyć wprowadzając do gleby bakterie o określonych, pożądanych właściwościach biochemicznych. Największe zainteresowanie wzbudzają bakterie ryzosferowe i endofityczne, zasiedlające odpowiednio glebę wokół korzeni i wewnętrzne tkanki roślin, które zdolne są do rozkładu zanieczyszczeń organicznych i promowania wzrostu roślin. Mikroorganizmy te poprzez szereg różnych mechanizmów stymulują rozwój roślin, co prowadzi do zwiększenia biomasy i poprawy ich żywotności. Do najważniejszych zalicza się produkcję fitohormonów takich jak auksyna, giberelina i cytokinina oraz syntezę deaminazy kwasu 1-aminocyklopropano-1-karboksylowego (ACC). Auksyna pozytywnie wpływa na wzrost roślin, uczestniczy w regulacji odpowiedzi ich systemu odpornościowego, a także może pełnić funkcję cząsteczki sygnałnej w procesie quorum sensing u bakterii uczestniczących w tworzeniu biofilmu. Z kolei, deaminaza ACC katalizuje hydrolizę prekursora biosyntezy etylenu, tak zwanego roślinnego hormonu stresu. Aktywność tego enzymu znacznie obniża poziom etylenu, a tym samym zmniejsza negatywne działanie tego hormonu na tkanki roślinne.

W celu pełnego wykorzystania potencjału mikroorganizmów do wspomagania fitoremediacji, niezbędne jest poznanie molekularnych podstaw wzajemnych oddziaływań między bakteriami i komórkami roślin.



WKŁAD MIKROBIOLOGII WETERYNARYJNEJ W BUDOWĘ IDEI WSPÓLNEGO ZDROWIA

Marian Binek

Zakład Mikrobiologii, Katedra Nauk Przedklinicznych, Wydział Medycyny
Weterynaryjnej, SGGW w Warszawie

Zmieniający się obraz chorób w skali globalnej rodzi potrzebę im przeciwdziałania w oparciu o strategię uwzględniającą porozumienie i współdziałanie wielu specjalistów z zakresu ochrony zdrowia ludzi i zwierząt oraz ochrony środowiska. Powyższa idea znana jest na świecie jako One Health (jedno zdrowie). W jej realizacji bardzo silnie, uczestniczyli i uczestniczą lekarze weterynarii. Wypełniają tę rolę od początku narodzin zawodu lekarza weterynarii, tj. drugiej połowy XVIII wieku, w którym powstały pierwsze w Europie Szkoły weterynaryjne. Poprzedziło to nieznacznie ogłoszenie przez Roberta Kocha bakteryjnej teorii chorób i narodziny bakteriologii, które zmieniły dotychczasowe poglądy na istotę chorób zakaźnych. Koniec XIX wieku obfituje w odkrycia wielu czynników etiologicznych chorób u ludzi i zwierząt. Większość prowadzonych wtedy badań koncentruje się na zwierzętach i ich chorobach z czym wiąże się również rozwój nauk weterynaryjnych, w tym bakteriologii weterynaryjnej. Pierwsze atenuowane szczepionki, jak np. przeciwko cholerze drobiu, różycy, wąglikowi, wściekliźnie itp. były oczekiwane przez praktyków weterynaryjnych i entuzjastycznie przez nich przyjęte. Jest to również okres rozwoju metod diagnostycznych chorób zakaźnych opartych nie tylko na izolacji i rozpoznaniu czynnika etiologicznego, ale również testach serologicznych i próbach biologicznych. W ciągu XX i początku XXI wieku idea jednego zdrowia ulega poszerzeniu o wątki nawiązujące do wpływu szeroko rozumianego środowiska i zwierząt wolnożyjących na powstawanie nowych chorób. Wynikało to z pojawienia się groźnych dla ludzi i zwierząt hodowlanych chorób, takich jak grypa ptaków, gorączka Zachodniego Nilu, SARS, gorączka krwotoczna Ebola, choroba Nipah i innych, których rezerwuarem były zwierzęta wolnożyjące.

WCZESNE ETAPY ZAKAŻENIA WIRUSOWEGO: BADANIA PODSTAWOWE VS. NOWE STRATEGIE TERAPEUTYCZNE

Krzysztof Pyrc^{1,2}

¹ Zakład Mikrobiologii, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii,
Uniwersytet Jagielloński

² Virogenetics, Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński

Wirusy, jako element znajdujący się na pograniczu materii nieożywionej i świata istot żywych, wymagają do replikacji komórek gospodarza. Jedną z pierwszych barier, które muszą pokonać po dotarciu do komórki jest błona komórkowa. Związanie do czynników adhezyjnych, interakcja z receptorami na powierzchni komórki i internalizacja są jednymi z najważniejszych etapów zakażenia, ponieważ w dużym stopniu determinują specyficzność gatunkową, tkankową i komórkową danego wirusa.

W naszej pracy skupiamy się na identyfikacji czynników modulujących proces wejścia wirusów do komórki gospodarza. Swoje badania prowadzimy z wykorzystaniem trójwymiarowych modeli tkankowych, które pozwalają na odtworzenie naturalnego mikrośrodowiska zakażenia i które w większym stopniu niż modele in vivo pozwalają na obserwację interakcji patogenów z komórką gospodarza. Przeprowadzone badania podstawowe pozwoliły nam zidentyfikować czynniki adhezyjne i receptory dla wielu ludzkich i zwierzęcych koronawirusów, jak również szczegółowo opisać proces internalizacji wirionów do wnętrza komórki. Wykorzystując ten unikalny warsztat badawczy, we współpracy ze specjalistami w dziedzinie chemii, opracowaliśmy nowe metody identyfikacji inhibitorów zakażenia wirusowego. Metody te pozwalają na wizualizację pojedynczych wirusów i lepsze zrozumienie mechanizmu działania leków przeciwwirusowych. W oparciu o tą wiedzę udało nam się opracować serię cząsteczek, które obecnie są w fazie komercjalizacji.

Podsumowując, prowadzone przez nas badania wykorzystują wiedzę i warsztat opracowany w badaniach podstawowych do tworzenia nowych leków o aktywności przeciwwirusowej.

SESJA POSTEROWA

Historia oddziałów terenowych
Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów

H-1

ODDZIAŁ W BIAŁYMSTOKU POLSKIEGO TOWARZYSTWA MIKROBIOLOGÓW

Daniluk Tamara¹, Fiedoruk Krzysztof¹, Święcicka Izabela²¹Zakład Mikrobiologii, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku,²Zakład Mikrobiologii, Wydział Biologiczno-Chemiczny, Uniwersytet w Białymstoku

Polskie Towarzystwo Mikrobiologów Oddział w Białymstoku powołane zostało w 1955 roku. Założycielem Oddziału i jego pierwszym przewodniczącym był prof. dr hab. Stanisław Legeżyński. W kolejnych latach funkcję przewodniczących pełnili: prof. dr hab. Jerzy Borowski (1966-1979), prof. dr hab. Maria Lucyna Zaremba (1979-2008), a od 2009 roku - dr n. med. Tamara Daniluk. Oddział w Białymstoku obecnie liczy 29 członków.

Wśród licznych dokonań Oddziału PTM w Białymstoku z pewnością należy wymienić zorganizowanie XIV (1959r.) i XXIV (2000r.) Krajowego Zjazdu PTM.

Tematyka posiedzeń naukowo-szkoleniowych Oddziału PTM jest ściśle związana z bieżącą działalnością Zakładu Mikrobiologii UMB i innych ośrodków mikrobiologicznych działających na terenie miasta i województwa. Dotyczy ona przede wszystkim mikrobiologii medycznej, m.in. lekooporności i racjonalnej chemioterapii, zagadnień związanych z szeroko pojętą problematyką konwencjonalnej i molekularnej diagnostyki mikrobiologicznej, jak również mikrobiologii środowiskowej i żywności.

Białostocki Oddział PTM jest współorganizatorem wspólnych posiedzeń z innymi Towarzystwami Naukowymi Oddziałów w Białymstoku, takimi jak: Polskie Towarzystwo Pediatryczne, Alergologiczne, Stomatologiczne, Polskie Towarzystwo Gastroenterologii, Polskie Towarzystwo Pulmonologiczne oraz Polskie Towarzystwo Immunologiczne.

Członkowie PTM Oddziału w Białymstoku czynnie uczestniczą w licznych Zjazdach i Sympozjach Krajowych i Międzynarodowych, prowadzą działalność konsultacyjną, doradczą i szkoleniową dla potrzeb mikrobiologów oraz pełnią rolę ekspertów recenzujących krajowe i zagraniczne projekty badawcze.

H-2

HISTORIA POLSKIEGO TOWARZYSTWA MIKROBIOLOGÓW ODDZIAŁ W BYDGOSZCZY (2001-2017)

Alicja Sękowska, Gospodarek-Komkowska E., Mikucka A.Katedra i Zakład Mikrobiologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu
Collegium Medicum w Bydgoszczy, Polska

Polskie Towarzystwo Mikrobiologów Oddział w Bydgoszczy powstało z inicjatywy prof. Eugenii Gospodarek-Komkowskiej w 2001 r. Ona też została jego pierwszą przewodniczącą (2001-2008). Siedzibą Oddziału została Katedra i Zakład Mikrobiologii Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu. Kolejną przewodniczącą PTM Oddział w Bydgoszczy była dr Agnieszka Mikucka (2009-2012), a następną dr Alicja Sękowska (2013-2020).

W okresie istnienia PTM Oddział w Bydgoszczy zorganizował ponad 50 spotkań naukowych. Dominuje na nich tematyka z zakresu mikrobiologii medycznej, ale przedstawiane są także zagadnienia dotyczące mikrobiologii weterynaryjnej, żywności i środowiskowej.

Najważniejszymi wydarzeniami PTM Oddział w Bydgoszczy była organizacja dwóch zjazdów Towarzystwa w Bydgoszczy: XXV Jubileuszowy Zjazd PTM (2004 r.) i XXVIII Zjazd PTM (2016 r.) oraz wybór prof. Eugenii Gospodarek-Komkowskiej na Prezesa PTM (2012-2016).

W kadencji 2012-2016 Zarząd PTM Oddział w Bydgoszczy aktywnie włączył się w organizację: IV Pomorskich Spotkań z Mikrobiologią, I i II Ogólnopolskiej Konferencji „Drobnoustroje w świecie człowieka. Drobnoustroje oportunistyczne”, Ogólnopolskiej Konferencji „Działania przeciwdrobnoustrojowe. Drobnoustroje – wpływ czynników fizycznych i chemicznych” oraz trzech konferencji podczas Międzynarodowych Targów Analityki i Technik Pomiarowych EuroLab w Warszawie.

H-3

RYS HISTORYCZNY POLSKIEGO TOWARZYSTWA MIKROBIOLOGÓW, ODDZIAŁ W GDAŃSKU

Beata Krawczyk¹, Marek Bronk², Jolanta Komarnicka², Anna Brillowska-Dąbrowska¹

¹Katedra Biotechnologii Molekularnej i Mikrobiologii, Politechnika Gdańska

²Uniwersyteckie Centrum Kliniczne, Laboratorium Mikrobiologii Klinicznej

Gdański Oddział PTM powstał w roku 1959. Przewodniczącym zostaje Stefan Kryński - prof. mikrobiologii Akademii Medycznej w Gdańsku, który sprawuje funkcję przez trzy kadencje. Następnie obowiązki przewodniczącego przejmuje prof. Janusz Galiński (1976-83) z Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego. W roku 1981 ze względu na wprowadzenie stanu wojennego spotkania nie odbywały się, a w roku 1982 na odbycie posiedzenia naukowego wymagana była zgoda Urzędu Wojewódzkiego. W latach 1984-87 funkcję przewodniczącej sprawuje prof. Maria Morzycka, kierownik Katedry Mikrobiologii Farmaceutycznej AM w Gdańsku a w latach 1988-1996 prof. Renata Głońska - kierownik Instytutu Medycyny Morskiej i Tropikalnej w Gdyni oraz KO Salmonella. Na dwie następne kadencje (1997-2004) przewodniczącym ponownie zostaje prof. J. Galiński. W latach 2005-2008 dr n. med. Maria Dąbrowska-Szponar z Zakładu Mikrobiologii Lekarskiej na GUM sprawuje funkcję przewodniczącej i w 2007 r. organizuje pierwszą regionalną konferencję mikrobiologiczną "Pomorskie Spotkania z Mikrobiologią", która staje się wydarzeniem cyklicznym organizowanym na Pomorzu. Na kadencję 2009-2012 przewodniczącym zostaje wybrany prof. Józef Kur, biotechnolog i mikrobiolog z Politechniki Gdańskiej. W 2009 r. Oddział współorganizuje III Ogólnopolską Konferencję BioMillennium 2009. Gościem honorowym był prof. Wacław Szybalski z USA. Od roku 2013 obowiązki przewodniczącej sprawuje dr hab. Beata Krawczyk z Katedry Biotechnologii Molekularnej i Mikrobiologii PG. Oddział jest współorganizatorem Ogólnopolskiej Konferencji BioMillennium 2017, poświęconej tym razem pamięci zmarłego w 2016 roku prof. Józefowa Kura.

H-4

POLSKIE TOWARZYSTWO MIKROBIOLOGÓW ODDZIAŁ KATOWICE

Alicja Ekiel, Gajane Martirosian

Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Wydział Lekarski w Katowicach Śląskiego Uniwersytetu Medycznego

Zarząd Główny PTM powołał do działania oddział terenowy obejmujący Kraków i Katowice w roku 1952. Oddział terenowy Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów w Katowicach został odłączony w 1973 roku. Pierwszym przewodniczącym oddziału był prof. dr hab. n. med. Stanisław Scheller, w następnych latach kolejno funkcję tę sprawowali: 1983-2004 prof. dr hab. n. med. Danuta Rogala-Zawada, 2004-2012 prof. dr hab. n. med. Gajane Martirosian, 2012-nadal dr hab. n. med. Alicja Ekiel. Początkowo Oddział Katowice liczył 47 członków, obecnie ponad 100 osób.

Katowicki oddział PTM aktywnie współpracuje z innymi lokalnymi oddziałami towarzystw medycznych (Polskim Towarzystwem Immunologii Doświadczalnej i Klinicznej, Polskim Towarzystwem Diagnostyki Laboratoryjnej, Polskim Towarzystwem Ginekologicznym, Polskim Towarzystwem Gastroenterologii i innymi) organizując wspólne posiedzenia i dyskusje na aktualne tematy medyczne.

Na posiedzeniach naukowo-szkoleniowych organizowanych przez PTM Oddział Katowice poruszane są aktualne problemy dotyczące różnych dziedzin mikrobiologii. W gronie prelegentów w kolejnych latach gościliśmy wiele znakomitych osobistości świata nauki z kraju i zagranicy. Oddział był organizatorem konferencji „Postępy w diagnostyce mikrobiologicznej”, warsztatów „Biegunki u dorosłych i u dzieci: etiologia, klinika i diagnostyka” a także spotkań mających na celu uświadomienie problemu nadużywania antybiotyków w lecznictwie otwartym i zamkniętym.

H-5

POLSKIE TOWARZYSTWO MIKROBIOLOGÓW ODDZIAŁ KIELCE**Wioletta Adamus Biątek¹, Monika Wawszczak¹, Wiesław Kaca²**¹Instytut Nauk Medycznych, Wydział Lekarski i Nauk o Zdrowiu,
Uniwersytet Jana Kochanowskiego w Kielcach,²Zakład Mikrobiologii, Wydział Matematyczno-Przyrodniczy,
Uniwersytet Jana Kochanowskiego w Kielcach

Zebranie założycielskie Kieleckiego Oddziału PTM odbyło się 26 kwietnia 2009 roku. Kielecki Oddział liczył w tym czasie 31 członków – pracowników Uniwersytetu Jana Kochanowskiego w Kielcach (wtedy Uniwersytet Matematyczno – Przyrodniczy), diagnostów laboratoryjnych z ośrodków służby zdrowia, pracowników Państwowej Inspekcji Sanitarnej w Kielcach. Pierwszym przewodniczącym oddziału Kielce został prof. zw. dr hab. Wiesław Kaca, kierownik Zakładu Mikrobiologii, Instytutu Biologii. Od 2009 do 2017 r. w Kieleckim Oddziale PTM zorganizowano 31 spotkań naukowych, a na 15 z nich wykłady przedstawiali goście z jednostek naukowych oraz diagnostycznych z poza województwa świętokrzyskiego. Oddział Kielecki PTM organizował spotkania i wykłady z udziałem profesorów z Holandii, Włoch, Niemiec, Rosji i Stanów Zjednoczonych. Spotkania często miały charakter seminariów na których poruszano zagadnienia związane z epidemiologią zakażeń, nowymi metodami diagnostycznymi w mikrobiologii, bioterroryzmu, biobanków tkanek. Aktywny udział w spotkaniach organizowanych w minionych latach mieli studenci kierunku Biotechnologia, szczególnie działający w studenckim kole naukowym „Mikroby”. Na kadencję 2015 -19 Kieleckim Oddziałem PTM kieruje zarząd w składzie: przewodnicząca dr Wioletta Adamus-Biątek, zastępca prof. zw. dr hab. Wiesław Kaca oraz sekretarz mgr Monika Wawszczak. Plany na przyszłe lata to zwiększenie ilości osób biorących udział w zebraniach oraz pozyskanie nowych członków.

H-6

**ODDZIAŁ KRAKOWSKI POLSKIEGO TOWARZYSTWA
MIKROBIOLOGÓW****Anna Biátecka¹, Barbara Zawilińska², Jacek Międzobrodzki³**¹ Centrum Badań Mikrobiologicznych i Autoszczepionek im. dr Jana Bobra w Krakowie² Zakład Wirusologii, Katedra Mikrobiologii CM UJ w Krakowie³ Zakład Mikrobiologii, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ w Krakowie

Oddział krakowski został powołany w 1952 roku. Jego pierwszym przewodniczącym został prof. Zdzisław Przybytkiewicz, wieloletni dyrektor Instytutu Mikrobiologii Akademii Medycznej im. M. Kopernika. Funkcję tę pełnił aż do roku 1992. Następcą prof. Przybytkiewicza był dr Andrzej Kasprówicz (1993–2012), następnie prof. Jacek Międzobrodzki (2013-2016), a od 2017 roku dr Anna Biátecka.

Obecnie Oddział Krakowski PTM liczy 145 członków. Zebrania naukowe odbywają się tradycyjnie w trzeci czwartek miesiąca o godz. 12⁰⁰. W zebraniach, odbywających się początkowo w Instytucie Mikrobiologii, uczestniczyło zwykle 30 osób, w większości pracowników Instytutu, Kliniki Chorób Zakaźnych AM i Krakowskiej Wytwórni Surowic i Szczepionek „Biomed”. Po objęciu funkcji przewodniczącego przez dr A. Kasprówicza przeniesiono miejsce zebrań do auli Polskiej Akademii Umiejętności. Atrakcyjna tematyka zebrań, pozycja naukowa wykładowców spowodowały duże ożywienie środowiska. Od tego czasu w zebraniach uczestniczy systematycznie od 60 do 100 mikrobiologów, często także lekarze i studenci.

Od 2010 roku zgodnie z zamysłem dr A. Kasprówicza przyznawana jest odznaka Krakowskiego Oddziału PTM za cenny wkład w działalność na rzecz środowiska mikrobiologów.

W uznaniu zasług dla środowiska mikrobiologów, decyzją członków Oddziału Krakowskiego dr A. Kasprówiczowi nadano tytuł honorowego przewodniczącego.

Co dwa lata odbywają się mini sympozja organizowane przez Oddział Krakowski PTM wraz z Centrum Badań Mikrobiologicznych i Autoszczepionek, na których wykładowcy-eksperti w swych dziedzinach, wypowiadają się na najbardziej aktualne tematy mikrobiologiczne.

W Krakowie były trzykrotnie organizowane Ogólnopolskie zjazdy PTM: III w 1929 r., XI w 1951 r. i XXII w 1992 roku.

W ramach oddziału działa Sekcja Wirusologiczna, oddział współpracuje także z Sekcją Mykologii Medycznej Polskiego Towarzystwa Mykologicznego.

Za aktywność oddział krakowski został nagrodzony przez ZG PTM prenumeratą 5 periodyków FEMS-owskich.

H-7

HISTORIA LUBELSKIEGO ODDZIAŁU PTM

Wanda Matek

Zakład Genetyki i Mikrobiologii, Wydział Biologii i Biotechnologii UMCS w Lublinie

Lubelski Oddział PTM został powołany w roku 1945. Kolejnymi przewodniczącymi Lubelskiego Oddziału PTM byli:

w latach 1953–1974:

Prof. Stefan Stępkowski, Prof. Alfred Chodkowski, Prof. Stanisław Bujak, Prof. Tadeusz Jastrzębski, Prof. Zbigniew Lorkiewicz, Prof. Józef Parnas, Prof. Zbigniew Kawecki, Prof. Zygmunt Hencner

w latach 2001–2017:

Prof. Teresa Urbanik-Sypniewska, Prof. Małgorzata Polz-Dacewicz, Prof. Anna Malm, Prof. Wanda Matek.

Posiedzenia Lubelskiego Oddziału PTM organizowane były wspólnie z innymi towarzystwami naukowymi środowiska lubelskiego, tj.: Polskim Towarzystwem Genetycznym, Polskim Towarzystwem Biochemicznym, Polskim Towarzystwem Diagnostyki Laboratoryjnej, Polskim Towarzystwem Wirusologicznym, Komisją Biotechnologii Oddział PAN w Lublinie, II Wydziałem Nauk Biologicznych Lubelskiego Towarzystwa Naukowego, Polskim Towarzystwem Botanicznym. Tematyka zebrań dotyczyła najnowszych osiągnięć w różnych dziedzinach mikrobiologii, genetyki i biochemii.

W latach 1954–1970, Oddział Lubelski PTM zorganizował 104 zebrania, a w latach 2001–2017, odbyło się 99 spotkań naukowych. Oddział Lubelski PTM współuczestniczył w organizacji:

- Sympozjum Wirusologicznego z okazji 25-lecia Lubelskiego Oddziału PTM (1970);
 - XVI, XVIII i XXVIII Zjazdu PTM (1967, 1975, 2012);
 - corocznych konferencji w ramach Europejskich Dni Wiedzy o Antybiotykach (2009–2012);
 - szkoleń podyplomowych dla farmaceutów i diagnostów laboratoryjnych, we współpracy z Polskim Towarzystwem Diagnostyki Laboratoryjnej oraz Lubelską Okręgową Izbą Aptekarską.
- Obecnie Oddział Lubelski PTM liczy 68 członków, pracowników lubelskich uczelni, diagnostów laboratoryjnych i doktorantów.

H-8

POLSKIE TOWARZYSTWO MIKROBIOLOGÓW ODDZIAŁ ŁÓDŹ

Beata Gutarowska¹, Torzewska A.², Śliżewska K.¹, Lisiecki P.³, Studzińska M.⁴

¹ Politechnika Łódzka,

² Uniwersytet Łódzki,

³ Akademia Medyczna,

⁴ Instytut Biologii Medycznej PAN

Łódzki Oddział PTM liczy obecnie 42 członków, reprezentujących głównie mikrobiologów z 3 wiodących łódzkich uczelni: Politechniki Łódzkiej, Uniwersytetu Łódzkiego i Uniwersytetu Medycznego. Profil działalności to: mikrobiologia medyczna (50%), środowiskowa i ogólna (20%), przemysłowa, żywności i genetyka drobnoustrojów (30%).

Osobami, które przyczyniły się do powstania Oddziału byli m.in.: prof. dr hab. inż. Jadwiga Jakubowska (twórca Szkoły Mikrobiologii Technicznej, PŁ); prof. dr hab. Bernard Zabłocki (twórca Łódzkiej Szkoły Mikrobiologiczno-Immunologicznej, UŁ), płk. prof. dr hab. n. med. Jan Chomiczewski (kierownik Katedry Mikrobiologii Lekarskiej, WAM); prof. dr hab. n. med. Jerzy Mikucki (kierownik Katedry Bakteriologii Wydz. Lekarskiego, Zakładu Mikrobiologii Farmaceutycznej Wydz. Farmaceutycznego AM).

Dziś Oddział Łódzki organizuje cykliczne konferencje naukowe (m.in. The Workshop on Microbiology in Health Care & Environmental Protection-MicroBiot; Mikrobiologia w Medycynie, Przemśle i Ochronie Środowiska; Rozkład i Korozja Materiałów Technicznych), sympozja (International Biodeterioration & Biodegradation Symposium), szkolenia (m.in. specjalizacje dla diagnostów laboratoryjnych, farmaceutów, Studia Podyplomowe Mikrobiologia, higiena i jakość w przemyśle) i seminaria tematyczne (Wykrywanie i identyfikacja drobnoustrojów z wykorzystaniem tradycyjnych i nowoczesnych metod, Bezpieczeństwo żywności w świetle obowiązujących przepisów prawnych), współpracuje z przedstawicielami zagranicznych towarzystw naukowych (m.in. wykłady na zaproszenie: Prof. Milton S. da Costa, President FEMS, Prof. Catherine Sautés-Fridman, President EFIS, Prof. Hilary Lappin-Scott, President ISME, Prof. Camille Loch, Institut Pasteur de Lille). W tym roku zorganizowaliśmy po raz pierwszy Sesję Młodych Mikrobiologów Środowiska Łódzkiego, która cieszyła się dużym zainteresowaniem i będzie organizowana corocznie. Współpracujemy również z przemysłem związanym nierozdzielnie z mikrobiologią.

H-9

**ODDZIAŁ OLSZTYN POLSKIEGO TOWARZYSTWA
MIKROBIOLOGÓW****Łucja Łaniewska-Trokenheim, Beata Nalepa**Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Żywności Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego
w Olsztynie

Olsztyński Oddział Terenowy Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów powołano pod koniec lat 60-tych z chęci zintegrowania olsztyńskiego środowiska mikrobiologów. Obecnie Oddział liczy 35 członków, a kolejnymi Przewodniczącymi Oddziału byli (w chronologii odwrotnej):

prof. dr hab. Łucja Łaniewska-Trokenheim – pełni funkcję obecnie,

prof. dr hab. Maria Bielecka,

prof. dr hab. Bożena Rocznikowa,

prof. dr hab. Jerzy Wiśniewski,

prof. dr hab. Zdzisław Larski.

Dyskusje naukowe odbywające się w ramach spotkań członków i sympatyków Towarzystwa dotyczyły, m. in. immunologii, wirusologii, mikrobiologii weterynaryjnej, mikrobiologii wód, probiotyków, prebiotyków, symbiotyków, kultur starterowych, oporności na antybiotyki bakterii występujących w żywności, biofilmów oraz zastosowania nowoczesnych metod biologii molekularnej w analizach mikrobiologicznych.

Członkowie Oddziału uczestniczyli w organizacji XXI Zjazdu Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, który odbył się w Olsztynie w dniach 16-18 września 1987r. Przewodniczącym Komitetu Organizacyjnego była Pani prof. dr hab. Bożena Rocznikowa.

Olsztyński Oddział był organizatorem Forum Probiotycznego, któremu przewodniczyli prof. dr hab. Maria Bielecka (ówczesna Przewodnicząca Oddziału) i prof. dr hab. Piotr Heczko. Członkowie Oddziału współorganizowali także konferencję „EUPROBIO” w Krakowie, która odbyła się w dniach 6-8 października 2005 r. pod patronatem International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics.

Olsztyński Oddział Terenowy aktywnie współpracuje z innymi Towarzystwami. W ramach współpracy z Olsztyńskim Oddziałem Polskiego Towarzystwa Nauk Weterynaryjnych odbyła się Konferencja Naukowa nt. „Escherichia coli 0157 – aspekty diagnostyczne i epidemiologiczne” oraz spotkania naukowe we współpracy z Polskim Towarzystwem Technologii Żywności i Żywnienia i Izłą Diagnostów Laboratoryjnych.

H-10

**POLSKIE TOWARZYSTWO MIKROBIOLOGÓW
- ODDZIAŁ POZNAŃ****Katarzyna Czaczyk**

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Oddział terenowy PTM O/Poznań został powołany w 1952 roku. Pierwszym przewodniczącym Oddziału był prof. dr hab. Jan Adamski, z Zakładu Bakterii i Wirusologii Klinicznej, Akademii Medycznej w Poznaniu. Drugim przewodniczącym O/Poznań był pochodzący z tej samej jednostki naukowej prof. dr hab. Józef Wiza, a kolejnym prof. dr hab. Stanisław Stawicki z Zakładu Mikrobiologii Technicznej, Wyższej Szkoły Rolniczej. Osobą szczególnie zasłużoną dla Oddziału Poznańskiego jest Pani prof. dr hab. Maria Krystyna Pietkiewicz, z Zakładu Mikrobiologii Lekarskiej, Akademii Medycznej w Poznaniu, która przez prawie 4 kadencje (1992-2004) pełniła rolę przewodniczącej (ostatnia kadencja wspólnie z dr hab. Jerzym Chylakiem). Pani prof. Krystyna Pietkiewicz jest także Członkiem Honorowym PTM. Następnie funkcję tę pełnili kolejno, prof. dr hab. Włodzimierz Grajek z Katedry Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu i prof. dr hab. Adam Kaznowski z Instytutu Biologii Eksperymentalnej, Zakładu Mikrobiologii Uniwersytetu Adama Mickiewicza w Poznaniu. Obecnie przewodniczącą Oddziału jest prof. dr hab. Katarzyna Czaczyk z Katedry Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (druga kadencja). Oddział Poznański był organizatorem Zjazdu Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów w 1955, a miasto Poznań gościło jeszcze zjazd w 1933 roku.

W chwili obecnej do Oddziału należy ponad 100 osób. Poznański Oddział PTM aktywnie współpracuje z innymi lokalnymi oddziałami towarzystw naukowych (Polskim Towarzystwem Technologów Żywności – Oddział Wielkopolski, Polskim Towarzystwem Nauk Żywnościowych – Oddział Poznański, Polskim Towarzystwem Anestezjologii i Intensywnej Terapii i innymi) organizując wspólne posiedzenia i dyskusje na aktualne tematy związane z mikrobiologią.

W ramach działalności PTM O/Poznań co roku prezentowane są cykle wykładów związanych z mikrobiologią kliniczną i farmaceutyczną, mikrobiologią ogólną i środowiskową oraz z mikrobiologią przemysłową i żywności. Prelegentami na tych spotkaniach są zarówno doświadczeni pracownicy naukowcy – profesorowie reprezentujący nie tylko poznańskie Uczelnie, ale również młodzi adepci nauki prezentujący koncepcje swoich prac doktorskich, habilitacyjnych czy osiągnięcia specjalizacyjne.

Celem Oddziału Poznańskiego PTM jest rozpowszechnianie tematyki związanej z szeroko rozumianą mikrobiologią wśród społeczności naukowej Poznania i całej Wielkopolski, jak również konsolidacja całego środowiska mikrobiologów.

H-11

POLSKIE TOWARZYSTWO MIKROBIOLOGÓW ODDZIAŁ PUŁAWY

Grzegorz Woźniakowski

Zakład Chorób Świń, Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

Zarząd Główny PTM powołał do działania oddział terenowy PTM O/Puławy w 1990 roku. Przewodniczącą PTM P/Puławy do roku 2016 była Pani Prof. dr hab. Samorek-Salamonowicz, do 31 grudnia 2014 r. kierownik Zakładu Chorób Wirusowych Drobiu w Państwowym Instytucie Weterynaryjnym – Państwowym Instytucie Badawczym (PIWet-PIB) w Puławach.

Od roku 2016 przewodniczącym PTM o/Puławy jest dr hab. Grzegorz Woźniakowski prof. nadzw., zarządzający Krajowym Laboratorium Referencyjnym ds. afrykańskiego pomoru świń w PIWet-PIB. W 2017 roku do Oddziału należało 31 członków w tym 2 honorowych. Aktywność PTM o/Puławy skupia się głównie wokół zainteresowań Instytutów Badawczych zlokalizowanych na terenie miasta tj. PIWet-PIB, Instytutu Nawożenia i Gleboznawstwa (IUNG) oraz Ośrodka Diagnostyki i Zwalczania Zagrożeń Biologicznych (WIHE). W ramach działalności PTM o/Puławy co roku prezentowany jest cykl wykładów, w których prelegentami byli dotychczas pracownicy Uniwersytetu Medycznego w Lublinie, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, Białowieckiego Parku Narodowego jak również goście zagraniczni z Medical Center Rotterdam (Holandia).

Nadrzędnym celem Oddziału jest propagowanie zagadnień z zakresu szeroko rozumianej mikrobiologii pośród społeczności naukowej z okolic Puław, jak również zrzeszanie członków PTM w celu wspólnych inicjatyw badawczo-rozwojowych.

H-12

POLSKIE TOWARZYSTWO MIKROBIOLOGÓW ODDZIAŁ W SZCZECINIE

Jolanta Karakulska, Adrian Augustyniak

Katedra Immunologii, Mikrobiologii i Chemii Fizjologicznej, Wydział Biotechnologii i Hodowli Zwierząt, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

Zarząd Główny PTM wyraził zgodę na utworzenie Oddziału Terenowego w Szczecinie dnia 3 lipca 1964 r. Zadanie to powierzył prof. dr hab. Wandzie Murczyńskiej, która sprawowała funkcję pierwszej przewodniczącej Oddziału PTM w Szczecinie do 1970 r. W kolejnych latach przewodniczącymi byli: prof. dr hab. Józef Hałasa (1970–1983), prof. dr hab. Antoni J. Furowicz (1983–1992), prof. dr hab. Wiesław Deptuła (1992–2000), prof. dr hab. Stefania Giedrys-Kalemba (2000–2013), dr Joanna Jursa-Kulesza (2013–2016), dr hab. Jolanta Karakulska (2016- ...).

Początkowo Oddział zrzeszał 34 osoby, obecnie liczba członków wynosi 81. Skład członkowski Oddziału jest zróżnicowany i zrzesza naukowców związanych z uczelniami wyższymi Szczecina, lekarzy, weterynarzy, diagnostów laboratoryjnych oraz pracowników laboratoriów mikrobiologicznych. Wśród członków Oddziału jest dwoje członków honorowych, prof. dr hab. Stefania Giedrys-Kalemba oraz prof. dr hab. Wiesław Deptuła.

Oddział PTM w Szczecinie od utworzenia współdziała z innymi towarzystwami naukowymi, w szczególności ze szczecińskim oddziałem Polskiego Towarzystwa Immunologii Doświadczalnej i Klinicznej. Tematyka zebrań naukowo-szkoleniowych dotyczy mikrobiologii medycznej, weterynaryjnej, przemysłowej, środowiskowej, jak również immunologii.

Oddział PTM w Szczecinie był gospodarzem: XIX Ogólnopolskiego Zjazdu Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, pt. „Drobnoustroje a człowiek. Środowisko i gospodarka narodowa” (1979 r.), XXVI Ogólnopolskiego Zjazdu Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, pt. „Drobnoustroje - wyzwania i nadzieje” (2008 r.) oraz V Pomorskich Spotkań z Mikrobiologią (2015 r.).

H-13

POLSKIE TOWARZYSTWO MIKROBIOLOGÓW – ODDZIAŁ WARSZAWSKI

Tomasz Jagielski

Zakład Mikrobiologii Stosowanej, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii UW

Oddział Warszawski Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów (PTM) powstał w 1949 roku. Od tamtego czasu, nieprzerwanie wypełnia, powierzoną Statutem Towarzystwa, misję integracji środowiska mikrobiologów z regionu Warszawy i całego Mazowsza oraz popularyzacji wiedzy mikrobiologicznej i wspierania rozwoju tej dyscypliny wśród osób zawodowo z nią związanych oraz wszystkich zainteresowanych.

Przez wiele lat oddział miał swoją siedzibę w Narodowym Instytucie Zdrowia Publicznego – Państwowym Zakładzie Higieny (IZP–PZH). W gościnnych murach Instytutu odbywały się comiesięczne wykłady lub cykle wykładów dla mikrobiologów z województwa mazowieckiego. W 2016 r., przeniósł swoją siedzibę z IZP–PZH w Warszawie do Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego. Przez rok nowej kadencji, Oddział Warszawski zorganizował 5 posiedzeń naukowych, w trakcie których wygłoszono 11 referatów naukowych. Większość spotkań należało do cyklu „Mistrz – uczeń”, gdzie wykład otwarcia miał kierownik zespołu badawczego, ekspert w swojej dziedzinie, a po nim – jego wychowanek i młody lider zespołu. Dwa posiedzenia miały rangę szkolenia podyplomowego pn. „Molekularne podstawy patogenności prątków gruźlicy. Kryzys antybiotykoterapii - czy koniec antybiotyków?”. Krajowa Rada Diagnostów Laboratoryjnych przyznała uczestniczącym w nim diagnostom laboratoryjnym 4 punkty edukacyjne.

Ogólnie, tematyka wykładów wygłoszonych podczas ostatnich pięciu posiedzeń naukowych obejmowała zagadnienia związane z zakażeniami bakteryjnymi, wirusowymi i grzybiczymi, lekoopornością drobnoustrojów, terapią fagową, czy problematyką szczepionkową.

Ważnym wydarzeniem dla całego Towarzystwa, była zorganizowana przez Oddział Warszawski międzynarodowa konferencja naukowa pn. „International Forum on Tuberculosis in Central and Eastern Europe” poświęcona problemowi gruźlicy w Europie Środkowo-Wschodniej, w szczególności wyzwaniom i perspektywom w walce z chorobą w tym regionie (Warszawa, 4-6. 11. 2016 r.) . Konferencję wsparła przyznana dotacja Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach programu „Działalność upowszechniająca naukę” (912/P-DUN/2016). Patronat nad wydarzeniem objęli Pan Jarosław Gowin, Wiceprezes Rady Ministrów, Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz rektorzy uczelni warszawskich, tj. JM Rektor Uniwersytetu Warszawskiego – Pan Prof. dr hab. Marcin Pałys oraz JM Rektor Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego – Pan Prof. dr hab. Mirosław Wielgoś. Cennym osiągnięciem konferencji było powołanie konsorcjum naukowo-badawczego pod nazwą „Fight Against Tuberculosis in Central and Eastern Europe (FATE)” obejmującego wiodące laboratoria i ośrodki badań nad gruźlicą w Europie Środkowo-Wschodniej, z Wydziałem Biologii UW – jako ośrodkiem wiodącym. Konsorcjum może stanowić ciekawą platformę współpracy między wielu krajowymi ekspertami afiliowanymi przy PTM.

Oddział Warszawski jest najliczniejszą ekspozyturą PTM i skupia obecnie 248 członków. W roku akademickim 2017/2018 posiedzenia naukowe Oddziału Warszawskiego PTM będą się odbywały w sali 103B w budynku Wydziału Biologii UW (ul. I. Miecznikowa 1) o godz. 15. Zawiadomienia o posiedzeniach Oddziału będą ogłaszane na stronie internetowej PTM i drogą korespondencyjną.

H-14

ODDZIAŁ WROCŁAWSKI POLSKIEGO TOWARZYSTWA MIKROBIOLOGÓW

Włodzimierz Doroszkiewicz, Gabriela Bugła-Płoskońska

Instytut Genetyki i Mikrobiologii, Uniwersytet Wrocławski

Wrocławski Oddział PTM rozpoczął swoją działalność bezpośrednio po II wojnie światowej. Pierwszym Przewodniczącym Oddziału został profesor L. Hirszfeld pełniący uprzednio funkcję Przewodniczącego PTM (1933-1935). Powołanie Oddziału Wrocławskiego PTM było odzwierciedleniem powszechnie wysokiej oceny poziomu naukowego mikrobiologii we Wrocławiu. Funkcję Przewodniczącego w następnych latach przejął prof. M. Mordarski, ówczesny dyrektor Instytutu Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN we Wrocławiu. Profesor H. Przondo-Mordarska, kierownik Katedry Mikrobiologii ówczesnej Akademii Medycznej we Wrocławiu była kolejną Przewodniczącą Oddziału Wrocławskiego, a kontynuatorką jej działalności była profesor J. Zakrzewska-Czerwińska.

Aktywność naukowa i popularyzatorska pracowników Katedry Mikrobiologii Uniwersytetu Wrocławskiego i utworzenie w 1974 roku Instytutu Genetyki i Mikrobiologii na Wydziale Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Wrocławskiego umożliwiły integrację mikrobiologów w środowisku akademickim Wrocławia. Funkcję kolejnego przewodniczącego Oddziału Wrocławskiego PTM pełnił profesor W. Doroszkiewicz, kierownik Zakładu Mikrobiologii UWr. Obecnie, już drugą kadencję funkcję przewodniczącej pełni dr hab. Gabriela Bugła-Płoskońska, kierownik Zakładu Mikrobiologii UW.

Oddział Wrocławski PTM był organizatorem dwóch Zjazdów PTM w latach 1948 oraz 1963, a od roku 2011 Oddział Wrocławski PTM wraz Instytutem Genetyki i Mikrobiologii UWr oraz Wrocławskim Oddziałem Polskiego Towarzystwa Parazytologów współorganizuje cykliczną konferencję naukową „Wektory i patogeny w przeszłości i przyszłości”. Ważnym celem tej konferencji jest integracja środowiska mikrobiologów i parazytologów, zwłaszcza młodych pracowników naukowych, w celu wypracowania kompleksowych rozwiązań zdrowotnych związanych z problemami chorób infekcyjnych i inwazyjnych.

SESJA POSTEROWA

Doniesienia naukowe

I-1

CO CZYNI Z BAKTERII OPORTUNISTYCZNEGO PATOGENA? PRZYPADEK SZCZEPU PARACOCCLUS YEEI CCUG 32053

Lasek R., Szuplewska M., Chmielowska C., Decewicz P., Mitura M., Dziewit Ł., Bartosik D.
Zakład Genetyki Bakterii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka

Rodzaj *Paracoccus* (Alphaproteobacteria) to jedna z najbardziej zróżnicowanych pod względem fizjologicznym grup bakterii. Zdolne są one do zajmowania różnorodnych nisz ekologicznych, jednak do dotychczas opisanych oportunistycznych patogenów człowieka z tego rodzaju należą wyłącznie szczepy z gatunku *Paracoccus yeei*. Sugeruje to, że ich patogenność warunkuje egzogenna informacja genetyczna nabyta na drodze horyzontalnego transferu genów. Aby potwierdzić tę hipotezę, przeprowadzono kompleksową analizę porównawczą nowo zsekwencjonowanego genomu klinicznego szczepu *P. yeei* CCUG 32053 z genomami 4 szczepów środowiskowych *Paracoccus* spp. (*P. aminophilus*, *P. aminovorans*, *P. contaminans* i *P. denitrificans*) oraz szczepu klinicznego *P. yeei* FDAARGOS_252.

W ramach przeprowadzonych badań ustalono mapę fizyczną wieloreplikonowego genomu szczepu CCUG 32053, zidentyfikowano pulę potencjalnego mobilnego DNA zintegrowanego z genomem (elementy transpozycyjne, profagi) oraz porównano jego strukturę z 5 innymi genomami *Paracoccus* spp. ze szczególnym uwzględnieniem szczepu FDAARGOS_252. Wykazano, że dwa poddane analizie szczepy kliniczne niosą nieobecne w innych badanych genomach geny, które warunkują występowanie potencjalnych determinantów wirulencji. Przypadek szczepu *P. yeei* CCUG 32053 dostarcza tym samym nowych danych na temat mechanizmów nabywania przez bakterie cech charakterystycznych dla patogenów.

I-2

MECHANIZMY OBRONY BAKTERII PRZED BAKTERIOFAGAMI

Pobiega M., Parasion S.
Biophage Pharma SA, Kraków, Polska

Słowa kluczowe: wirusologia, genetyka, mikrobiologia środowiska

Bakteriofagi, czyli wirusy bakteryjne, zdolne są do zakażenia i namnażania się w komórkach bakteryjnych, czego następstwem może być śmierć komórki bakteryjnej. W toku ewolucji bakterie wytworzyły wiele mechanizmów obrony przed fagami.

Jednym z nich jest hamowanie adsorpcji wirusa do receptorów na powierzchni komórki. W wyniku mutacji genów bakteryjnych może dochodzić do zmian w obrębie receptora tak, co w konsekwencji powoduje że staje się on nierozpoznawalny przez fagi. Niektóre bakterie mają także zdolność syntezy otoczki, która chroni przed przyłączeniem faga. Pęcherzyki błony zewnętrznej, tworzone przez bakterie, działają jako atraktant i "odciągają" fagi od bakterii.

Inny mechanizm obejmuje superinfekcję, czyli stan lizogenii, który chroni przed zakażeniem innym fagiem. Białka zakotwiczone w błonie lub związane z błoną, produkowane przez jednego faga, wchodzi w interakcję z białkami formującymi kanał dla DNA drugiego faga, co hamuje proces wstrzykiwania DNA. Zadaniem systemu infekcji abortywnej jest przerwanie cyklu namnażania faga na różnych etapach, co wiąże się z przedwczesną śmiercią komórki bakteryjnej.

System restrykcji-modyfikacji rozpoznaje oraz degraduje przy pomocy nukleaz obce DNA. W komórkach bakteryjnych występują regularnie rozmieszczone, krótkie sekwencje palindromiczne, pochodzenia fagowego. Bakteriofagi, których krótkie sekwencje genomowe odnajdywane są w kasetach CRISPR, nie są zdolne do zakażenia komórek bakteryjnych, posiadających te kasety.

I-3

CHARAKTERYSTYKA BAKTERIOFAGÓW BAKTERII GATUNKU PSEUDOMONAS AERUGINOSA

Buda A.

Biophage Pharma S.A., Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, wirusologia, zakażenia szpitalne

Bakterie gatunku *Pseudomonas aeruginosa* to oportunistyczne patogeny, które w sprzyjających warunkach powodują zakażenia o różnej lokalizacji i manifestacji. Stosowanie w leczeniu zakażeń powodowanych przez *P. aeruginosa* ogromnej ilości różnych antybiotyków wiąże się z pojawianiem się tolerancji i oporności na działanie tych antybiotyków. W związku z coraz mniejszą liczbą antybiotyków działających na wielolekooporne szczepy *P. aeruginosa* pojawia się potrzeba poszukiwania nowych terapii lub zainteresowanie się tymi już w przeszłości testowanymi. Jedną z takich terapii jest możliwość wykorzystania bakteriofagów – wirusów bakteryjnych, przeciwko *P. aeruginosa*.

Wśród różnych gatunków bakterii rodzaju *Pseudomonas* aż 85% znanych bakteriofagów opisano dla *P. aeruginosa*. Bakteriofagi te należą w większości do trzech rodzin: Podoviridae, Myoviridae oraz Siphoviridae, które różni długość i kurczliwość ogonka. Źródłami fagów gatunku *P. aeruginosa* w środowisku są głównie: wody środowiskowe, ścieki kanalizacyjne i ścieki szpitalne. Zdecydowana większość genomów bakteriofagów tego gatunku bakterii posiada genomy do 100 kpz. Natomiast 4 bakteriofagi posiadają genomy ponad 200 kpz. Genom bakteriofagów z wymienionych trzech rodzin bakterii tworzy pojedyncza liniowa cząsteczka dwuniciowego DNA.

Bakteriofagi stanowią także istotne ogniwo w procesach horyzontalnego transferu genów.

I-4

ESCHERICHIA COLI JAKO CZYNNIK ETIOLOGICZNY PRZEWLEKŁEGO ZAPALENIA ZATOK – CHARAKTERYSTYKA POD WZGLĘDEM CZYNNIKÓW WIRULENCJI I PRZYNALEŻNOŚCI DO GRUPY FILOGENETYCZNEJ

**Krawczyk B.¹, Michalik M.², Samet A.³, Marszałek A.⁴, Nowicki B.⁵, Nowicki S.⁵,
Nowicki R.⁶, Gałęcka M.⁷, Kur J.¹**¹ Katedra Biotechnologii Molekularnej i Mikrobiologii, Politechnika Gdańska, Polska² Centrum Medyczne MML, Warszawa, Polska³ SYNEVO, MML, Gdańsk, Polska⁴ SYNEVO, Warszawa, Polska⁵ Meharry Medical College, Nashville, TN, United States⁶ Katedra i Klinika Dermatologii, Wenerologii i Alergologii, Gdański Uniwersytet Medyczny, Polska⁷ Instytut Mikrobiologii Poznań, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia

Czynnikiem etiologicznym przewlekłego zapalenia zatok (CS) może być *E. coli*, dla której zatoki jako nisza ekologiczna jest nietypowa. Bez biopsji chirurgicznej bakteria ta pozostaje często niewykryta i *E. coli* jest rzadko zgłaszana jako przyczyna tego stanu chorobowego.

Celem badań była charakterystyka genetyczna szczepów *Escherichia coli* izolowanych od 26 pacjentów po biopsji zatoki. Wykrywano 14 genów kodujących wybrane czynniki wirulencji: fimG/H, sfaD/E, papC, focG, afa/dr, hlyA, usp, cnf1, fyuA, iutA, iha, ibeA, agn43, kspMTII. Ponadto ustalono przynależność do grup filogenetycznych B1 i B2.

Spośród 26 izolatów tylko 6 należało do grupy filogenetycznej B1, a 20 z nich należało do grupy filogenetycznej B2, typowej dla szczepów o wysokiej patogenności. Analiza jednowymiarowa czynników wirulencji wykazała, że najczęściej występującym genem był agn43, fimG/H oraz fyuA (100%). Geny usp, hlyA, sfa występowały odpowiednio w 73, 73 i 65%. Gen cnf1 wykryto u 13 izolatów (50%), gen iha u 14 (54%), iutA u 12 (46%). Gen kspMTII wystąpił tylko u 7 szczepów. Brak było genu odpowiedzialnego za ekspresję fimbrii typu Dr.

Korelacja genotypów wirulentnych oraz tło grupy filogenetycznej B2 sugerują, że szczepy *E. coli* izolowane od pacjentów z CS predysponują do chronicznej kolonizacji zatok.

I-5

CHARAKTERYSTYKA WYBRANYCH CZYNNIKÓW WIRULENCJI PORPHYROMONAS GULAE

Adamowicz K.¹, Pilch B.¹, Zientarska W.², Potempa J.¹¹ Wydział Biofizyki, Biochemii i Biotechnologii, Zakład Mikrobiologii, Uniwersytet Jagielloński, Polska² Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Katedra Nauk Przedklinicznych, Warszawa, SGGW, Polska

Słowa kluczowe: bakterie beztlenowe i kapnofilne

Chroniczne zapalenie przyzębia (paradontoza) występuje nie tylko u ludzi, lecz również u zwierząt domowych - najczęściej u psów. Paradontoza u psów ma podobny przebieg i objawy jak ludzka odmiana tej choroby, a głównym patogenem odpowiedzialnym za jej rozwój jest *Porphyromonas gulae*.

P. gulae jest Gram ujemną bezwzględnie beztlenową pałeczką, która hodowana w warunkach laboratoryjnych, na stałym podłożu zawierającym krew rośnie w postaci czarnych kolonii. W przeciwieństwie do *Porphyromonas gingivalis*, bakterii odpowiedzialnej za paradontozę u ludzi, czynniki wirulencji tego periodontopatogenu są słabo scharakteryzowane.

Za pomocą techniki PCR u *P. gulae* szczep ATCC 51700 potwierdzono obecność genów *rgpA* i *rgpB* oraz *kgp* kodujących proteazy cysteinowe: arginino- (*RgpA* i *RgpB*) i lizyno- (*Kgp*) specyficzne. Oznaczono również aktywność proteolityczną tych enzymów. Badany szczep ma wysoką zdolność aglutynacji krwinek czerwonych i ulega silnej autoagregacji. *P. gulae* produkuje również deiminazę peptydyloargininową, enzym jak dotąd opisany wśród prokariotów tylko u *P. gingivalis*, a katalizującą deiminację reszt argininy w łańcuchach (poli)peptydowych, co prowadzi do ich konwersji w cytrulinę.

Otrzymane wyniki badań wskazują, że *P. gulae* posiada bogaty arsenał czynników wirulencji, które zapewniają tej bakterii nie tylko doływ substancji odżywczych, ale również skuteczniejszą kolonizację i rozprzestrzenianie się w tkankach przyzębia.

I-6

WŁAŚCIWOŚCI BIOLOGICZNE SZCZEPÓW CORYNEBACTERIUM TUBERCULOSTEARICUM

Mikucka A.¹, Kęska A.², Woźniak M.³, Fijałkowski P.²¹ Bydgoszcz, Katedra i Zakład Mikrobiologii Collegium Medicum im. L. Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Polska² Studenckie Koło Naukowe przy Katedrze i Zakładzie Mikrobiologii Collegium Medicum im. L. Rydygiera w Bydgoszczy, Polska³ Katedra Medycyny Sądowej Collegium Medicum im. L. Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, diagnostyka zakażeń

C. tuberculoosteaticum należy do mało znanych oportunistycznych, lipofilnych gatunków *Corynebacterium* spp., naturalnie występującym na skórze i błonach śluzowych człowieka. Przyczyną tego stanu może być bardzo powolny wzrost na podłożach wzbogaconych krwią baranią i brak możliwości identyfikacji dostępnymi metodami biochemicznymi.

Celem pracy była ocena właściwości biologicznych i występowania szczepów *C. tuberculoosteaticum* w materiale klinicznym oraz identyfikacja metodą MALDI-TOF MS.

Badaniem objęto 53 szczepy izolowane z materiałów klinicznych (wymazy z rany, krew, biomateriały), z niezmienionej chorobowo skóry i ze środowiska szpitalnego. Szczepy zidentyfikowano techniką sekwencjonowania 16SrRNA i MALDI-TOF MS, dla wszystkich uzyskano zgodność identyfikacji w obu zastosowanych metodach. Prawie 60% szczepów wytwarzało fosfatazę alkaliczną i esterazy C4 i C8, a 100% fosfohydrolazę naftylo-AS-BI. Wszystkie izolaty były wrażliwe na linezolid i wankomycynę (MIC90 – 0,50 µg/ml), ponad 80% na rifampicynę, około 50% na tetracyklinę, gentamicynę, moksifloksacynę. Najniższy odsetek szczepów wrażliwych dotyczył penicyliny, klindamycyny i ciprofloksacyny.

C. tuberculoosteaticum może być czynnikiem etiologicznym zakażeń oportunistycznych, a antybiotykiem z wyboru powinna być wankomycyna. Identyfikację do gatunku umożliwiają metody molekularne.

Badania sfinansowano ze środków przyznanych na utrzymanie potencjału badawczego Katedry i Zakładu Mikrobiologii CM UMK.

I-7

**CHARAKTERYSTYKA IMMUNOREAKTYWNYCH PEPTYDÓW
CZYNNIKA ELONGACJI TU STREPTOCOCCUS AGALACTIAE
ROZPOZNAWANYCH PRZEZ PRZECIWCIAŁA KRWI PĘPOWINOWEJ****Piotrowska A.¹, Pyclik M.², Górski S.², Brzozowska E.², Gamian A.²,
Bulanda M.¹, Brzychczy-Włoch M.¹**¹ Kraków, Katedra Mikrobiologii UJ CM, Polska² Wrocław, Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, wakcynologia

S. agalactiae (GBS) jest oportunistycznym patogenem wywołującym, zagrażające życiu noworodków, zakażenia. Szczepionki oparte na immunogennych białkach i ich epitopach mogłyby stanowić skuteczną ochronę przed tymi infekcjami. Celem badania była detekcja epitopów immunogennego białka GBS rozpoznawanego przez przeciwciała ochronne krwi pępowinowej.

Badaniem objęto 34 ciężarne kobiety, które podzielono na dwie grupy: badaną (GBS-dodatnie, N=20) i kontrolną (GBS-ujemne, N=14). Klasyfikacji do grup dokonano na podstawie wyniku wymazu z pochwy i odbytu. Dodatkowo, każdej z pacjentek pobierano krew pępowinową. Homogenat genetycznie różnych szczepów GBS rozdzielono przy użyciu metody Western Blot a najbardziej immunoreaktywne białka poddano analizie bioinformatycznej obejmującej identyfikację, sekwencjonowanie i przewidywanie najbardziej prawdopodobnych sekwencji epitopów. Potencjalne epitopy syntetyzowano metodą PEPSCAN, a ich specyficzność oceniano w teście ELISA w obecności przeciwciał krwi pępowinowej.

W obrębie białka zidentyfikowanego jako czynnik elongacji Tu wytypowano 28 potencjalnych epitopów, z czego 3 charakteryzowały się najwyższą specyficznością. Peptydy te poddano dalszym badaniom, w wyniku których wybrano 3 najkrótsze immunoreaktywne sekwencje-epitopy, które w przyszłości mogą stanowić potencjalny komponent peptydowej szczepionki przeciwko zakażeniom wywołanym przez GBS.

Badania sfinansowano ze środków NCN (UMO-2013/09/B/NZ6/00801) i NCBiR (DZP/TANGO2/395/2016)

I-8

**ZASTOSOWANIE METODY PEPSCAN DO MAPOWANIA EPITOPÓW
IMMUNOGENNYCH BIAŁEK STREPTOCOCCUS AGALACTIAE
NA PRZYKŁADZIE CZYNNIKA ELONGACJI TU****Piotrowska A.¹, Pyclik M.², Brzozowska E.², Górski S.², Gamian A.²,
Bulanda M.¹, Brzychczy-Włoch M.¹**¹ Kraków, Katedra Mikrobiologii UJ CM, Polska² Wrocław, Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, wakcynologia

Immunogenne białka coraz częściej rozpatrywane są w kontekście komponentów szczepionek przeciwko zakażeniom wywołanym przez *S. agalactiae* (GBS). Stąd też istnieje potrzeba zastosowania metody umożliwiającej szybkie i precyzyjne mapowanie wszystkich potencjalnych epitopów, które w dalszych badaniach będą mogły zostać wykorzystane w charakterze aplikacyjnym.

Celem badania była ocena skuteczności syntezy na polietylenowych pinach metodą PEPSCAN do mapowania epitopów czynnika elongacji Tu *S. agalactiae*, wybranych na podstawie wyników analizy bioinformatycznej.

Badaniem objęto immunogenne białko wytypowane z puli genetycznie różnych szczepów klinicznych GBS, które zidentyfikowano jako czynnik elongacji Tu (45 kDa). W oparciu o wyniki analizy bioinformatycznej syntezie poddano 28 peptydów o sekwencjach od 4 do 21 aminokwasów oraz sekwencję wzorcową (dla potwierdzenia skuteczności metody). Do syntezy na polietylenowych pinach wykorzystano pochodne aminokwasów Fmoc (grupa fluorenylometoksykarbonylowa). Synteza obejmowała następujące etapy: deprotekcję pinów, sprzęganie aminokwasów, elongację peptydów, n-acetylację, usunięcie grup bocznych oraz dysrupcję. Selektowność peptydów oceniano w teście ELISA.

Zastosowanie syntezy na pinach metodą PEPSCAN umożliwiło identyfikację 3 epitopów w obrębie czynnika elongacji Tu, które w przyszłości mogą stanowić komponent szczepionki przeciwko zakażeniom GBS.

Sfinansowano ze środków NCN (UMO-2013/09/B/NZ6/00801) i NCBiR (DZP/TANGO2/395/2016)

I-9

CZYNNIKI REGULUJĄCE TWORZENIE BIOFILMU BAKTERII Z RODZAJU STAPHYLOCOCCUS U PACJENTÓW Z PRZEWLEKŁYM ZAPALENIEM UCHA ŚRODKOWEGO

Machul-Żwirbła A., Mikołajczyk D., Heczko P., Strus M.

Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, probiotyki, związki przeciwdrobnoustrojowe

U pacjentów z przewlekłym zapaleniem ucha środkowego często dochodzi do tworzenia biofilmu w przestrzeniach pneumatycznych wyrostka sutkowatego oraz w obrębie jamy bębnekowej. Głównymi drobnoustrojami izolowanymi od osób leczonych z powodu tej jednostki chorobowej są gronkowce. Pewne czynniki mogą w istotny sposób modyfikować ilość produkowanego biofilmu oraz jego budowę chemiczną. Celem pracy było określenie wpływu działania naturalnych enzymów litycznych (α -amylazy, celulazy, proteinazy K, lizozymu) oraz pochodzących metabolitów bakterii probiotycznych na biofilm gronkowcowy. Szczepy bakteryjne z rodzaju *Staphylococcus* ($n=9$), które wykorzystano w doświadczeniach, pochodziły od pacjentów z przewlekłym zapaleniem ucha środkowego. Wykorzystane metody badawcze obejmowały: 24-godziną hodowlę bakteryjną w 96-dołkowych płytkach hodowlanych, w celu wytworzenia biofilmu, badanie żywotności bakterii metodą rozcieńczeń 10-krotnych, obserwacje zmian w strukturze biofilmu z wykorzystaniem konfokalnej mikroskopii fluorescencyjnej oraz skaningowej mikroskopii elektronowej. Wyselekcjonowane na drodze badań enzymy oraz metabolity bakterii mogą mieć zastosowanie w celu eradykacji przewlekłych stanów zapalnych ucha środkowego. Metabolity bakterii z rodzaju *Lactobacillus*, ponieważ powodują zarówno redukcję biofilmu, jak i liczebności bakterii mogą być stosowane samodzielnie. Enzymy redukują przyrost biofilmu, stąd powinny być stosowane w połączeniu ze środkiem przeciwdrobnoustrojowym.

I-10

SYNERGISTYCZNE ODDZIAŁYWANIE *PROTEUS MIRABILIS* I *ESCHERICHIA COLI* W POWSTAWANIU INFEKCYJNYCH KAMIENI MOCZOWYCH

Torzewska A., Tomiec K., Różalski A.

Zakład Biologii Bakterii, Uniwersytet Łódzki, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, choroby zakaźne

Do infekcyjnej kamicy moczowej dochodzi w wyniku zakażeń drobnoustrojami ureazo-dodatnimi. Wiąże się ona z szybkim wzrostem kamienia moczowego i wysokim ryzykiem nawrotowości. W powstawaniu infekcyjnych kamieni moczowych główną rolę odgrywa bakteryjna ureaza. Enzym ten, poprzez hydrolizę mocznika, powoduje wzrost pH moczu, co doprowadza do krystalizacji mineralnych składników moczu takich jak struwit (fosforan amonowo-magnezowy) oraz węglan apatytu. Z uwagi na to, że wiele infekcji układu moczowego ma charakter mieszany, istotne jest ustalenie interakcji między drobnoustrojami i ich wpływu na powstawanie infekcyjnych kamieni moczowych. Celem podjętych badań było określenie wpływu *E. coli* na krystalizację mineralnych składników moczu powodowaną przez *P. mirabilis*. Doświadczenia prowadzono w warunkach *in vitro* w środowisku moczu syntetycznego gdzie porównywano układ kontrolny z udziałem *P. mirabilis* z układami mieszanymi zawierającymi *P. mirabilis* i *E. coli* pod względem zmian pH, żywotności drobnoustrojów, stężenia amoniaku, oraz stopnia krystalizacji. Wykazano, że infekcja mieszana znacząco zwiększa przeżywalność *P. mirabilis* w środowisku moczu syntetycznego, jednak nie ma wpływu na kinetykę pH. Widoczny był również wpływ na krystalizację, rozpoczynała się później a w obecności jednego z badanych szczepów *E. coli* obserwowano zmiany morfologii kryształów struwitu.

I-11

ROLA BAKTERII ESCHERICHIA COLI JAKO CHELATORÓW JONÓW ŻELAZA W ŚRODOWISKU STANU ZAPALNEGO U CHORYCH Z WRZODZIEJĄCYM ZAPALENIEM JELITA GRUBEGO

Pilarczyk-Żurek M.¹, Majka G.², Domagała J.¹

¹ Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Katedra Immunologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia

Wstęp: Dla E. coli, kolonizujących jelito grube człowieka, bardzo istotnym jest zapewnienie wystarczającej ilości żelaza w komórce. Obecnie uważa się, że zwiększenie dostępności jonów Fe w jelicie pacjentów z UC jest istotnym czynnikiem warunkującym ilościowy przyrost populacji E. coli.

Cele pracy: Celem pracy było zbadanie właściwości chelatujących szczepów E. coli w zależności od mechanizmu pozyskiwania jonów Fe.

Materiały i metody: Do badań wykorzystano szczepy E. coli wyizolowane z bioptatów ściany jelita grubego pacjentów z ostrą fazą UC. Obecność genów (iroN, iutA, iha, ireA, chuA, hlyA) sprawdzono metodą PCR. Ilościowe pomiary stężenia jonów Fe podczas wzrostu szczepów E. coli w zdefiniowanych podłożach hodowlanych, wykonano z wykorzystaniem metody ICP-OES.

Wyniki: Wykazano różnice w zdolnościach chelatacyjnych wśród szczepów E. coli. Najsilniejszymi chelatorami okazały się szczepy posiadające wszystkie badane geny warunkujące biosyntezę białek niezbędnych do pozyskiwania jonów Fe. Właściwości te zostały potwierdzone przez pomiar ubytku jonów Fe podczas wzrostu w zdefiniowanych podłożach hodowlanych.

Wnioski: Prawdopodobnie wzrost liczebności populacji E. coli w miejscu objętym procesem zapalnym w jelicie grubym, jest związany ze zwiększoną dostępnością jonów Fe. Wykazanie pozytywnej roli E. coli jako skutecznego chelatora jonów żelaza w miejscu toczącego się procesu zapalnego, może znacząco wpłynąć na rozwój wiedzy o mechanizmach przechodzenia UC w stan remisji.

I-12

WPŁYW PROBIOTYKU ZAWIERAJĄCEGO LACTOBACILLUS SALIVARIUS NA BIOFILM MIESZANY STREPTOCOCCUS MUTANS I CANDIDA ALBICANS

Bieleń J.¹, Biegańska B.¹, Dziadosz J.¹, Krzyściak W.²

¹ Koło Naukowe przy Zakładzie Diagnostyki Medycznej, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Zakład Diagnostyki Medycznej, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, mykologia, probiotyki

Coraz częściej obserwowana próchnica u dzieci z tzw. okna infekcyjnego (poniżej 6 roku życia) wskazuje na potrzebę nie tylko leczenia, ale też profilaktyki tego schorzenia. Powszechnie prowadzona profilaktyka przeciwpróchnicowa w najmłodszych grupach wiekowych wydaje się ograniczona. Trudności te zmuszają do poszukiwania alternatywnych metod zapobiegania próchnicy. Celem naszej pracy było sprawdzenie wpływu probiotyku zawierającego Lactobacillus salivarius na zdolność tworzenia biofilmu dwugatunkowego Streptococcus mutans i Candida albicans w warunkach in vitro. Wykazano inhibitoryjny wpływ L. salivarius na tworzenie biofilmu dwugatunkowego S. mutans i C. albicans. W obliczu pojawiających się kontrowersji dotyczących wpływu probiotyków na zdrowie jamy ustnej konieczne są dalsze badania nad ich wykorzystaniem w profilaktyce próchnicy u dzieci.

I-13

IDENTYFIKACJA SUBSTRATÓW TIOLOWEJ OKSYDOREDUKTAZY *HELICOBACTER PYLORI* - BIAŁKA Hp0231

Stralova H., Bocian-Ostrzycka K., Banaś A., Jagusztyn-Krynicka E.

¹ Zakład Genetyki Bakterii, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii,
Uniwersytet Warszawski, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, choroby zakaźne, związki przeciwdrobnoustrojowe

Białka Dsb (disulfide bond) odpowiadają za wprowadzanie mostków disiarczkowych do nowo zsyntetyzowanych białek. Wiele białek, substratów systemu Dsb, jest czynnikami wirulencji bakterii. Ich poznanie może pomóc wyjaśnić mechanizmy patogenności mikroorganizmów, w tym *Helicobacter pylori*. HP0231 to główna tiolowa oksydoreduktaza *H. pylori* wpływająca na wiele aspektów wirulencji. Substraty HP0231 do tej pory nie zostały zidentyfikowane. Kompleksy tworzone pomiędzy białkami Dsb a ich substratami są przejściowe i trudne do wykrycia. Zastosowanie mutacji punktowych w centrum aktywnym białek opóźniających rozwiązanie kompleksów umożliwia izolację kompleksów białek Dsb z ich substratami.

Celem pracy była identyfikacja substratów HP0231.

Do identyfikacji kompleksów HP0231 z potencjalnymi substratami zastosowano metodę tzw. odwrotnego oczyszczania. Etapy pracy obejmowały: oczyszczenie rekombinowanego HP0231 ze zmienionym motywem aktywnym zawierającego znacznik histydynowy, unieruchomienie HP0231/CXXS na kolumnie i poddanie reakcji z białkami lizatu komórkowego szczepu dzikiego, izolację kompleksów białkowych i ich analizę metodą SDS-PAGE, z lub bez czynnika redukującego DTT. Powstające kompleksy analizowano także *in vivo*.

Otrzymane dane potwierdziły powstanie nierozzerwalnych połączeń pomiędzy białkiem HP0231 a jego potencjalnymi substratami. Składniki otrzymanych kompleksów będą identyfikowane metodą spektrometrii mas.

I-14

WPŁYW PRZESĄCZU BAKTERYJNEGO NA ŻYWOTNOŚĆ LUDZKICH KOMÓREK MEZOTELIUM OTRZEWNOGO

Długaszewska J., Ratajczak M., Słupska I., Kamińska D., Gajęcka M.

Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne, choroby zakaźne

Bakteryjne dializacyjne zapalenie otrzewnej (DZO) jest jednym z najczęstszych i najpoważniejszych powikłań ciągłej ambulatoryjnej dializy otrzewnowej (CAPD). Zakażenie to powodowane jest głównie przez *S. epidermidis*, *S. aureus*, *Enterococcus* spp., *E. coli* oraz *P. aeruginosa*. Komórki mezotelium, oprócz wyściełania otrzewnej i tworzenia bariery, odgrywają istotną rolę w homeostazie i ochronie przeciwbakteryjnej. Epizody bakteryjnego DZO powodują utratę komórek mezotelium, co promuje włóknienie i niewydolność otrzewnej jako błony dializacyjnej.

W pracy oceniono toksyczny wpływ produktów metabolizmu wybranych bakterii na komórki ludzkiego mezotelium otrzewnowego (HPMC).

W badaniach użyto komórki mezotelialne linii LP9, pochodzące z płynu puchlinowego towarzyszącego rakowi jajnika. Badanie aktywności cytotoksycznej prowadzono przy użyciu przesączów hodowli w buforze Tyrodesa *S. aureus* ATCC 6538 oraz klinicznych szczepów *S. aureus*, *E. faecalis* i *E. faecium*. Żywotność i liczbę komórek mezotelium inkubowanych w obecności przesączu bakteryjnego oznaczono poprzez pomiar aktywności oksydoredukcyjnej mitochondriów przy użyciu barwnika MTT.

Największe obniżenie liczby komórek HPMC w stosunku do kontroli zanotowano po zastosowaniu przesączów *E. faecium*, a następnie *E. faecalis*. Supernatanty *S. aureus*, zarówno szczepu wzorcowego, jak i klinicznego, w znacznie mniejszym stopniu hamowały proliferację HPMC niż enterokoki.

I-15

GRONKOWIEC ZŁOCISTY JAKO ETIOLOGICZNY CZYNNIK ZAKAŻEŃ SKÓRY**Natkaniec J.¹, Kurczab A.², Gosiewski T.¹, Bulanda M.¹**¹ Katedra Mikrobiologii, Wydział Lekarski, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska² Wydział Promocji Zdrowia, Krakowska Wyższa Szkoła Promocji Zdrowia, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Skóra pełni funkcję zewnętrzną bariery izolacyjnej. Przerwanie jej ciągłości sprzyja zakażeniu. Najczęstszą przyczyną zakażeń skóry jest *Staphylococcus aureus*, co można tłumaczyć jego powszechnym występowaniem na błonach śluzowych nosa i łatwością przenoszenia przez ręce.

Celem pracy była retrospektywna analiza wyników badań bakteriologicznych pacjentów z potwierdzonym zakażeniem skóry o etiologii *S. aureus* służąca określeniu ich najczęstszej lokalizacji z uwzględnieniem wieku i płci.

Spośród badań wykonanych w Pracowni Diagnostyki Mikrobiologicznej UJ CM, w latach 2010-2013 wybrano 177 osób (96 kobiet i 81 mężczyzn).

Najczęściej zakażenie dotyczyło ok. głowy/twarzy (64). Zakażenia nóg (36) były dwukrotnie częstsze u kobiet (25vs11). Zakażenia tułowia (35) i rąk (33) miały podobną liczebność. Zmiany w obrębie łędźwi/krocza występowały wyłącznie w grupie 31-50lat. Zakażenia obejmujące równocześnie 2 różne lokalizacje dominowały u osób >50r.ż, w pozostałych grupach wiekowych były na tym samym poziomie. W 125 przypadkach *S.aureus* był jedynym czynnikiem etiologicznym. Najwięcej szczepów o fenotypie MRSA było w grupie >50r.ż (46%), dalej 0-18(27%), 19-30 (18%), 31-50lat (9%).

MRSA stwierdzono wyłącznie u kobiet, przeważnie >50 r.ż. Zakażenia kończyn dolnych stwierdzono dwukrotnie częściej u kobiet niż mężczyzn, niezależnie od grupy wiekowej. Osoby >50r.ż. były szczególnie narażone na zakażenie w kilku miejscach jednocześnie. Zmiany na tułowiu przeważały u młodych z grupy 0-30 lat.

I-16

PORÓWNANIE WYBRANYCH PARAMETRÓW IMMUNOLOGICZNYCH U MYSZY C57BL/6 I C3H, IMMUNIZOWANYCH BCG I REKOMBINOWANYM SZCZEPEM RBCGMIL-18, IMMUNOKOMPETENTNYCH I PODDANYCH IMMUNOSUPRESJI**Ograczyk E., Druszczyńska M., Kowalewicz-Kulbat M., Włodarczyk M., Fol M.**

Łódź, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego, Polska

Słowa kluczowe: choroby zakaźne, diagnostyka zakażeń

Zakłada się, iż 1/3 zdrowej populacji jest zakażona latentnie *Mycobacterium tuberculosis*. Do reaktywacji zakażenia latentnego może dochodzić w wyniku zastosowania leczenia immunosupresyjnego, stąd też potrzeba opracowania innowacyjnego sposobu zapobiegania reaktywacji gruźlicy u osób poddanych immunosupresji poprzez wprowadzenie szczepienia rekombinowanymi prątkami BCG.

Grupę badaną stanowiły myszy szczepu C57BL/6 oraz myszy szczepu C3H. Zwierzęta poddawano immunizacji prątkami *M.bovis* BCG lub rekombinowanym szczepem z ekspresją IL-18, śródskórnie w grzbiet. Po 6 tygodniach od immunizacji rozpoczęto codzienne podawanie cyklofosamid (50µg/g m.c.) lub NaCl przez 7 dni. Następnie oceniono aktywność proliferacyjną komórek węzłów chłonnych przy użyciu metody radioizotopowej oraz produkcję IL-10 oraz IFN-γ w supernatantach z hodowli węzłów chłonnych przy użyciu testu ELISA.

Największą aktywnością proliferacyjną charakteryzowały się komórki otrzymane od zwierząt immunokompetentnych, zarówno szczepu C57BL/6, jak i C3H, niezależnie od użytego do immunizacji szczepu. Niezależnie od jakiej grupy badawczej pochodziły komórki węzłów chłonnych, odpowiadały produkcją IL-10 na tym samym poziomie. W przypadku IFN-γ zaobserwowano intensywniejszą produkcję tej cytokiny u myszy szczepu C57BL/6 niż u myszy szczepu C3H. Najefektywniejsze okazały się komórki pochodzące od myszy immunokompetentnych, immunizowanych BCG.

I-17

ROZPRZESTRZENIANIE SIĘ LEKOOPORNOŚCI POPRZECZ TRANSFER HORYZONTALNY GENÓW NA PRZYKŁADZIE PLAZMIDÓW POCHODZĄCYCH Z ODZWIERZĘCYCH SZCZEPÓW STAPHYLOCOCCUS AUREUS

Bukowski M., Piwowarczyk R., Zagórski-Przybyło R., Hydzik M., Władyka B.
Uniwersytet Jagielloński, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka

Plazmidy stanowią część szerokiego wachlarza ruchomych elementów genetycznych występujących u *Staphylococcus aureus*. Horyzontalny transfer genów poprzez plazmidy umożliwia między innymi rozprzestrzenianie się determinant oporności na antybiotyki nie tylko między różnymi szczepami tego samego gatunku ale także między niespokrewnionymi gatunkami bakterii. Zjawisko to z klinicznego i weterynaryjnego punktu widzenia stanowi mechanizm stojący za rosnącą lekoopornością stanowiącą poważny problemem w placówkach służby zdrowia i hodowlach zwierząt.

W badaniu poddano sekwencjonowaniu metodą NGS (ang. next generation sequencing, sekwencjonowanie nowej generacji) plazmidowe DNA z 17 szczepów *S. aureus* izolowanych od drobiu. Otrzymane odczyty złożono w dłuższe ciągi sekwencji, tak zwane kontigi. Tradycyjną metodą Sanger'a zsekwencjonowano brakujące fragmenty łącząc kontigi w kompletne sekwencje plazmidów.

Najczęściej występującymi okazały się plazmidy pAvX i pAvY, które szeroko występują w szczepach *S. aureus* pochodzenia drobiowego. Zaobserwowano również występowanie 5 innych wcześniej opisanych plazmidów. Niemniej odkryto również 6 wcześniej nieznanymi. Na szczególną uwagę zasługują te, które powstały w wyniku fuzji kilku odrębnych plazmidów wnoszących geny warunkujące oporność na różne antybiotyki, w tym erytromycynę i tetracyklinę. Obrazują one proces rozprzestrzeniania determinant oporności między różnymi ruchomymi elementami genetycznymi oraz proces ich akumulacji.

I-18

ZMIANY W ILOŚCIOWYM I JAKOŚCIOWYM SKŁADZIE MIKROBIOTY JELITOWEJ U SZCZURÓW OTYŁYCH PO PRZECZASZKOWEJ STYMULACJI PRĄDEM STAŁYM

Ziomber A.¹, Sroka-Oleksiak A.², Talaga-Ćwiertnia K.², Kaszuba-Zwońska J.¹, Bulanda M.²

¹ Katedra Patofizjologii Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Katedra Mikrobiologii Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, mikrobiom

Modyfikacje składu mikrobioty jelit mogą odgrywać ważną rolę w rozwoju chorób metabolicznych. Przeczaszkowa stymulacja (tDCS) jest nieinwazyjną techniką modulacji aktywności mózgowej i homeostazy energetycznej. Szczury Wistar podzielono na 4 podgrupy w zależności od zastosowanej diety (szczupłe vs otyłe) i rodzaju tDCS (stymulacja aktywna vs pozorowana) w celu oceny różnic w składzie mikrobioty jelit. Pobrano próbki jelita cienkiego i grubego w celu ilościowej amplifikacji DNA w czasie rzeczywistym w celu oszacowania całkowitej liczby wszystkich komórek bakteryjnych, liczby Firmicutes/Selenomonas noxia i Bacteroidetes/Prevotella. Dieta wysokoenergetyczna zwiększyła liczbę wszystkich komórek bakteryjnych w jelitach pomimo spadku Selenomonas noxia w jelicie grubym w porównaniu z dietą standardową. Aktywna tDCS zwiększyła stosunek Bacteroidetes/Prevotella proliferacji w jelicie cienkim w porównaniu ze szczurami bez stymulacji. Zarówno stymulacja aktywna, jak i pozorowana zwiększyła ilość Selenomonas noxia w jelicie grubym w stosunku do kontroli bez stymulacji. Zmianom mikrobioty jelitowej w grupie z aktywną tDCS towarzyszyły zmniejszony apetyt i zahamowanie przyrostu masy ciała. Uzyskane wyniki wskazują, że otyłość związana jest ze zmienioną ilością i jakością mikrobioty jelit, a tDCS, wpływając na metabolizm energetyczny, może modulować zawartość bakterii jelitowych u szczurów na diecie wysokoenergetycznej.

II-19

OPRACOWANIE I OPTIMALIZACJA REFERENCYJNEJ BAZY DANYCH DLA NOWEJ METODY MOLEKULARNEJ DO IDENTYFIKACJI BAKTERII Z RODZAJU STAPHYLOCOCCUS

Kosecka-Strojek M., Bukowski M., Międzobrodzki J.

Kraków, Uniwersytet Jagielloński, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, diagnostyka zakażeń

Bakterie z rodzaju *Staphylococcus* należą do oportunistycznych patogenów o dużym znaczeniu klinicznym. Rozwój medycyny oraz diagnostyki mikrobiologicznej zwiększa potrzebę precyzyjnej identyfikacji bakterii w celu zastosowania celowanej i szybkiej terapii. Celem pracy było opracowanie i optymalizacja referencyjnej bazy danych dla nowej metody genetycznej opartej o analizę polimorfizmu długości fragmentów restrykcyjnych (RFLP) genu *saoC* dla 50 opisanych gatunków z rodzaju *Staphylococcus*. Metoda ta oparta jest o reakcję PCR nastawioną na gen *saoC* obecny we wszystkich gatunkach gronkowców z późniejszą restrykcją z użyciem czterech enzymów restrykcyjnych, pozwalając na uzyskanie specyficznych gatunkowo restrykcyjnych wzorów prążkowych. W pracy zidentyfikowano na poziomie gatunku wszystkie szczepy z użyciem sekwencjonowania Sangera genów 16S rRNA oraz *sodA*. Uzyskano referencyjne wzory prążkowe genu *saoC* dla 21 szczepów gronkowców, w tym 19 gatunków i 2 podgatunków. Potwierdzono także skuteczność metody RFLP *saoC* na 11 dodatkowych gatunkach, opisanych we wcześniejszych pracach oryginalnych, co ostatecznie pozwoliło na utworzenie referencyjnej bazy wzorów prążkowych genu *saoC* dla 46 gatunków gronkowców. Metoda oparta o analizę RFLP genu *saoC* stanowi tańszą alternatywę dla identyfikacji genetycznej gronkowców w próbce, jednak może być zastosowana jedynie do identyfikacji bakterii z rodzaju *Staphylococcus* w czystych hodowlach bakteryjnych.

II-20

PODZIAŁ I RÓŻNORODNOŚĆ SYSTEMU CRISPR/CAS

Liczbiński P.

Students Scientific Association of Microbiologists, Institute of Microbiology, Biotechnology and Immunology, Faculty of Biology and Environmental Protection, Uniwersytet Łódzki, Polska

Słowa kluczowe: genetyka

Obszar CRISPR i sekwencje mu towarzyszące opisano dość wcześnie, jednak hipoteza, że mogą one pełnić określoną funkcję w komórce bakteryjnej pojawiło się o wiele później. Dalsze badania pozwoliły na sklasyfikowanie poszczególnych typów systemu CRISPR/Cas. Klasyfikację skonstruowano na podstawie różnic w sekwencjach kodujących białka Cas, a także sekwencji powtórzonych. Podział oparty jest na 3 głównych typach systemu CRISPR/Cas. System CRISPR/Cas posiada zdolność do rozpoznawania nowych, obcych elementów genetycznych dla komórki. Mechanizm działania systemu odpornościowego bakterii i archeonów można podzielić na 3 fazy. Po wnikięciu obcego materiału genetycznego do komórki zachodzi 1 faza działania systemu CRISPR/Cas określana jako adaptacja. Polega ona na wbudowaniu nowych sekwencji rozdzielających do locus CRISPR. Kolejnym etapem następującym po adaptacji jest synteza crRNA, w którym to obszar CRISPR ulega transkrypcji, czyli przepisaniu fragmentu DNA na jednoniciowy RNA (crRNA). Ostatnią fazą odpowiedzi jest namierzanie przez crRNA wraz z białkami Cas homologicznej sekwencji obcego kwasu nukleinowego.

II-21

MLST ORAZ SPA TYPOWANIE METYCYLINOOPORNYCH SZCZEPÓW STAPHYLOCOCCUS AUREUS, GOSPODARZY BAKTERIOFAGÓW

Ochońska D., Brzychczy-Włoch M., Bulanda M.

Kraków, Wydział Lekarski, Katedra Mikrobiologii UJ CM, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, związki przeciwdrobnoustrojowe, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Coraz większą uwagę poświęca się bakteriofagoterapii. Prowadzi się liczne badania naukowe nad wykorzystaniem preparatów bakteriofagowych dedykowanych terapii zakażeń bakteryjnych.

Celem pracy była analiza zróżnicowania metycylinoopornych szczepów *S. aureus*, gospodarzy bakteriofagów z wykorzystaniem nowoczesnych metod genotypowania.

Badaniem objęto 11 izolatów MRSA. MLST (ang. Multi Locus Sequence Typing) przeprowadzono w oparciu o analizę siedmiu loci genów metabolizmu podstawowego (ang. housekeeping genes). Typy spa określono bazując na sekwencjonowaniu krótkich sekwencji repetytywnych (SSR) z polimorficznego regionu X genu kodującego białko A (spa), następnie identyfikowano je przy użyciu międzynarodowej bazy danych Ridom Spa Server.

W metodzie MLST dla badanych szczepów określono 5 genotypów ST (ang. Sequence Type), w tym: ST338(36,4%), ST225(27,3%), ST36(18,2%), ST228(9,1%), ST241(9,1%). Wśród badanych MRSA stwierdzono 7 typów spa. Jednego typu (t*) niezidentyfikowano przy użyciu dostępnej bazy danych. Po 2 szczepy (18,2%) zaliczono do typów: t003, t437, t3592. W badanej grupie gronkowców pozostałe trzy typy spa (t2029, t4056, t5224) oznaczono u pojedynczych izolatów (9,1%). Wykazano przynależność dwóch szczepów MRSA do międzynarodowego kompleksu klonalnego CC5 (ang. Clonal Complex).

Powyższe badania potwierdziły dużą użyteczność zastosowanych metod typowania molekularnego. Analizowaną grupę szczepów MRSA lepiej różnicowała metoda spa typowania niż metoda MLST.

II-22

WPŁYW LEKÓW IMMUNOSUPRESYJNYCH NA EKSPRESJĘ GENU FIMA DLA SZCZEPÓW KLEBSIELLA PNEUMONIAE IZOLOWANYCH Z DRÓG MOCZOWYCH PACJENTÓW PO PRZESZCZEPIE NERKI

Krawczyk B.¹, Wysocka M.¹, Olech H.¹, Gołębiowska J.²

¹ Katedra Biotechnologii Molekularnej i Mikrobiologii,
Politechnika Gdańska Wydział Chemiczny, Polska

² Katedra i Klinika Nefrologii i Chorób Wewnętrznych, Gdański Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, diagnostyka zakażeń

Klebsiella pneumoniae jest odpowiedzialna za zakażenia dróg moczowych. Jednym z czynników wirulencji *Klebsiella pneumoniae* są fimbrie typu 1. Ekspresja genu głównej podjednostki fimbrii typu 1 jest regulowana przez odwracalny element DNA tzw. przełącznik fazy.

Celem pracy było zbadanie ekspresji genu kodującego główną podjednostkę fimbrii typu 1 w obecności leku immunosupresyjnego. Przebadano 20 szczepów *K. pneumoniae* wyizolowanych od chorych po transplantacji nerki z Gdańskiego Ośrodka Transplantacyjnego ze stwierdzonym zakażeniem dróg moczowych. W teście orientacji fimbrii wykorzystano technikę PCR-RFLP.

Dla wszystkich badanych szczepów stwierdzono obecność fimbrii typu 1. Ekspresja genu fimbrii typu 1 okazała się zmienna w fazie z lekiem immunosupresyjnym (tacrolimus lub cyklosporyną). Dla niektórych szczepów gen *fimA* zmieniał orientację z off na on w pożywce z lekiem immunosupresyjnym.

Pojawienie się leku immunosupresyjnego w środowisku bakterii jest silnie dla niej stresogenne i może dochodzić do indukcji zmiennej fazy genu *fimA*. Podawanie leku immunosupresyjnego pacjentom z przeszczepioną nerką może stanowić dodatkowe ryzyko ekspresji genów wirulencji *K. pneumoniae*.

II-23

**ANALIZA HIPOTETYCZNEGO PROTEOMU
NIETOKSYNOTWÓRCZYCH SZCZEPÓW CORYNEBACTERIUM
DIPHtherIAE****Wołkowicz T.¹, Marciniak B.², Strapagiel D.², Zasada A.³**¹ Zakład Bakteriologii, Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - Państwowy Zakład Higieny, Polska² Katedra Biofizyki Molekularnej, Uniwersytet Łódzki, Polska³ Zakład Badania Surowic i Szczepionek, Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - Państwowy Zakład Higieny, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, choroby zakaźne

Błonica jest chorobą wywoływaną przez szczepy *Corynebacterium diphtheriae*. Przez wprowadzenie szczepień została ona w krajach rozwiniętych prawie wyeliminowana. Notowane są jednak zakażenia wywołane przez szczepy nietoksynotwórcze *C. diphtheriae* co sugeruje możliwość nabycia nowych mechanizmów wirulencji. Analizy pełnogenomowe mogą pomóc wykryć geny warunkujące podwyższoną wirulencję szczepów *C. diphtheriae*.

Materiał do badań stanowiło 9 nietoksynotwórczych *C. diphtheriae* oraz jeden szczep toksynotwórczy. Uzyskane sekwencje składano z zastosowaniem assemblera Spades i Medusa, a następnie analizowano z zastosowaniem programu DIFFIND opracowanego przez Biobank Łódź ([Github.com/BiobankLab/DIFFIND](https://github.com/BiobankLab/DIFFIND)) analizującego podobieństwo szczepów na poziomie przewidywanej sekwencji aminokwasowej wykrytych regionów kodujących.

Analiza podobieństwa przewidywanych sekwencji aminokwasowych białek potencjalnych sekwencji kodujących wykazała duże zróżnicowanie analizowanych szczepów na poziomie hipotetycznego proteomu (10697 różnych sekwencji aminokwasowych). Wyodrębniono 217 potencjalnych sekwencji białkowych mogących stanowić hipotetyczny proteom rdzeniowy.

Oznaczone sekwencje kodujące wykryte u wszystkich badanych szczepów mogą zawierać geny odpowiedzialne za zwiększoną wirulencję tych szczepów oraz mogą one stać się elementem nowej szczepionki.

Badanie finansowane przez Narodowe Centrum Nauki, decyzja nr UMO-2015/17/N/NZ6/03517

II-24

**WSTĘPNA ANALIZA POKREWIEŃSTWA GENETYCZNEGO
SZCZEPÓW P. AERUGINOSA IZOLOWANYCH OD CHORYCH
NA MUKOWISCYDOZĘ LECZONYCH W IGICHP****Iwańska A.¹, Petroniec V.¹, Nowak J.¹, Brodzik K.², Lutyńska A.³, Augustynowicz-Kopeć E.¹**¹ Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska² Zakład Badania Surowic i Szczepionek, Państwowy Zakład Higieny, Polska³ Zakład Biologii Medycznej, Instytut Kardiologii, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka

Za infekcje oskrzelowo-płucne u dorosłych chorych na CF odpowiada najczęściej *P. aeruginosa*. Przejściową lub trwałą kolonizację więcej niż jednym szczepem stwierdza się u ponad 20% chorych. Badania zapoczątkowane w Zakł. Mikrob. IGICHP mają dać odpowiedź: Czy u chorych w trakcie trwania choroby dochodzi do zmiany fenotypu czy nowego zakażenia *P. aeruginosa*.

Cel pracy: określenie pokrewieństwa genetycznego *P. aeruginosa* u chorych przewlekłe skolonizowanych.

Materiał i metody Analizowano 26 szczepów izolowanych od 4 chorych leczonych w latach 2012-2015. Wyizolowane DNA wykorzystano w metodzie MLVA. Wybrano 8 loci, przeprowadzono ich amplifikację i rozdzielano elektroforetycznie.

Wyniki Analiza 26 szczepów *P. aeruginosa* izolowanych od 4 chorych wykazała, że szczepy należą do 6 genotypów. Cztery szczepy izolowane od chorego I należały do genotypu MLVA1. Dziewięć szczepów izolowanych od chorego II należało do genotypów MLVA2, MLVA3, MLVA4. Na uwagę zasługuje fakt, że do genotypu MLVA5 zostały zgrupowane szczepy od chorego III i IV. Pozostałe szczepy izolowane od chorych III i IV należały do genotypu MLVA6.

Wnioski

Przedstawione badania mają charakter wstępny, tylko u jednego chorego nr I wszystkie wyizolowane szczepy należały do jednego genotypu.

Ze względu na analizowaną małą pulę chorych nie można sformułować konkretnych wniosków dotyczących kolonizacji chorych na CF więcej niż jednym szczepem *P. aeruginosa*.

II-25

ZAKONSERWOWANIE EWOLUCYJNIE GENÓW WIRULENCJI BAKTERII *PSEUDOMONAS AERUGINOSA*

Brzozowski M.¹, Kosik-Bogacka D.², Jursa-Kulesza J.¹

¹ Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Pomorski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Katedra i Zakład Biologii i Parazytologii Medycznej, Pomorski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: genetyka

Pseudomonas aeruginosa jest drobnoustrojem zasiedlającym wiele różnych środowisk, wywołującym zakażenia głównie szpitalne, m.in. u pacjentów z niedoborami odporności. *P. aeruginosa* posiada szereg czynników wirulencji, w tym egzotoksynę *toxA*, egzoenzymy, alkaliczną proteazę, fosfolipazę, elastazę, plicyjaninę, fimbrie oraz lipopolisacharydy. Genom *P. aeruginosa* złożony jest z genów rdzeniowych, których obecność jest zakonserwowana ewolucyjnie oraz genów pomocniczych specyficznych dla różnych szczepów. Rozmiar oraz zawartość rdzeniowej części genomu jest obecnie przedmiotem licznych badań.

Celem pracy było określenie przynależności genów wirulencji do rdzeniowej lub pomocniczej części genomu bakteryjnego.

Przeprowadzono analizę występowania i przynależności 40 różnych genów wirulencji oraz sekwencji przypuszczalnie odpowiedzialnych za wirulencję w 100 genomach referencyjnych dostępnych w bazach danych *Pseudomonas Genome Database* oraz *International Nucleotide Sequence Database Collaboration*. Sekwencje w genomach wyszukiwano za pomocą programu *Nucleotide Blast*.

Wyniki badań własnych pozwoliły na wykazanie, że większość znanych genów wirulencji bakterii *P. aeruginosa* umiejscowiona jest w sekwencjach rdzeniowych. Uzyskane rezultaty różniły się od wcześniej otrzymanych wyników innych badaczy, dostępnych w piśmiennictwie.

II-26

OCENA PROFILU TOKSYN SZCZEPÓW *CLOSTRIDIUM PERFRINGENS* IZOLOWANYCH Z KAŁU PACJENTÓW Z ASD (AUTISTIC SPECTRUM DISORDERS)

Góra B., Grosiak M., Gofron Z., Aptekorz M., Radosz-Komoniewska H., Martirosian G.

Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Śląski Uniwersytet Medyczny /Wydział Lekarski w Katowicach, Polska

Słowa kluczowe: bakterie beztlenowe i kapnofilne

Wstęp: Etiologia ASD jest jeszcze nieznana. Pod uwagę bierze się wpływ czynników infekcyjnych. U pacjentów z ASD częste są liczne zaburzenia ze strony przewodu pokarmowego. Celem pracy było porównanie profilu toksyn wytwarzanych przez szczepy *C. perfringens* wyizolowane z kału pacjentów z ASD, osób zdrowych oraz osób nieprawidłowo odżywiających się - otyłych.

Materiał i Metody: Badaniem objęto 111 szczepów *C. perfringens*. Do wykrywania genów toksyn alfa, beta, epsilon, jota i enterotoksyny zastosowano metodę Meera & Songera.

Wyniki: Gen toksyny alfa wykryto w 100% badanych szczepów. Gen toksyny beta2 wykryto w 45/49 szczepach wyizolowanych od dzieci z ASD, w 17/30 szczepach od osób zdrowych i w 12/32 szczepach od osób otyłych. Szczepy *C. perfringens* z genem toksyny beta2, wyizolowano od 27/29 pacjentów z ASD, od 10/17 osób zdrowych i 11/24 osób otyłych. Gen toksyny beta2 występował w szczepach *C. perfringens* wyizolowanych od dzieci z ASD znacznie częściej, niż od osób zdrowych ($p < 0,001$) i osób otyłych ($p < 0,001$). W badanych szczepach nie stwierdzono genów kodujących toksyny beta, epsilon, jota i enterotoksynę.

Wnioski: Wyjaśnienie patomechanizmu działania toksyny beta2, a także próba wytłumaczenia, dlaczego u ponad 90% pacjentów z ASD z kału wyizolowano szczepy *C. perfringens*, posiadające gen toksyny beta2, wymaga dalszych badań na większej liczbie pacjentów.

*Studenti STN przy KMI WLK SUM.

II-27

WYKRYWANIE GENÓW KODUJĄCYCH KARBAPENEMAZY TYPU OXA U SZCZEPÓW KLINICZNYCH ACINETOBACTER BAUMANNII**Słoczyńska A., Laudy A., Tyski S.**

Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, zakażenia szpitalne

Najczęściej występującymi u *Acinetobacter baumannii* karbapenemazami są enzymy typu OXA do których zalicza się następujące rodziny: OXA-51-like, OXA-23-like, OXA-24-like, OXA-58-like. Geny kodujące enzymy typu OXA mogą być poprzedzone sekwencjami insercyjnymi, które pełnią rolę silnych promotorów. Celem prowadzonych badań było poszukiwanie szczepów *A. baumannii* posiadających geny kodujące karbapenemazy typu OXA. Badaniom poddano pulę 62 niewrażliwych na imipenem szczepów *A. baumannii*. Identyfikację gatunkową szczepów przeprowadzono z użyciem systemu automatycznego VITEK 2 oraz reakcji PCR z użyciem gatunkowo specyficznych starterów. Geny kodujące nabyte karbapenemazy typu OXA ($bla_{OXA-51-like}$, $bla_{OXA-23-like}$, $bla_{OXA-24-like}$, $bla_{OXA-58-like}$) wykrywano przy użyciu reakcji multiplex PCR, poszukując także obecności sekwencji insercyjnych poprzedzających dany gen. Wszystkie 62 szczepy z badanej puli posiadały gen $bla_{OXA-51-like}$. U 60/62 (96,8%) wykryto równocześnie jeden z nabytych genów kodujących enzymy OXA. Gen bla_{OXA-24} wykryto u 40/62 izolatów (64,5%), gen bla_{OXA-23} u 14/62 izolatów (22,6%), gen bla_{OXA-58} u 6/62 izolatów (9,7%). Wykazano obecność sekwencji insercyjnych w każdym przypadku wykrycia genu bla_{OXA-23} i bla_{OXA-58} . Wykazanie obecności karbapenemazy typu OXA u znacznego odsetka badanych izolatów świadczy o wysokim rozpowszechnieniu tych enzymów wśród szczepów *A. baumannii* izolowanych od chorych z mazowieckich szpitali.

II-28

ANALIZA AKTYWNOŚCI PROMOTORÓW BIAŁEK SZOKU CIEPLNEGO LACTOBACILLUS W WARUNKACH STRESOWYCH Z WYKORZYSTANIEM GENU REPORTEROWEGO NUC**Erdenebat P., Kobierecka P., Wyszyńska A., Jagusztyn-Krynicka E.**

Zakład Genetyki Bakterii, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiom, probiotyki

Bakterie kwasu mlekowego to grupa obejmująca wiele różnych gatunków mikroorganizmów (np. *Lactococcus*, *Lactobacillus*). Niektóre wywierają korzystny wpływ na zdrowie gospodarza. W trakcie pasaży przez przewód pokarmowy gospodarza napotyka się na warunki stresowe.

Celem pracy była analiza aktywności czterech promotorów kontrolujących ekspresję genów kodujących białka szoku cieplnego (P_{CtsR} , P_{HrcA} , P_{HtrA} , P_{RecA}) zidentyfikowanych w genomie szczepu *L. salivarius* IBB3154.

Stosując klasyczne metody inżynierii genetycznej skonstruowano rekombinacyjne plazmidy, w których gen reporterowy kodujący nukleazę został umieszczony pod kontrolą badanego promotora. Powstałe plazmidy transformowano metodą elektroporacji do szczepów *Lactobacillus* wyizolowanych od kurcząt. Aktywność genu reporterowego badano w warunkach stresowych (42°C; pH 3 lub 0,3% sole żółciowe) metodą szalkową. Halo wokół bakterii świadczyło o aktywności nukleazy.

Poziom aktywności nukleazy zależy od badanego szczepu i jest wyższy w temperaturze 42°C. Nie zaobserwowano wpływu soli żółciowych na aktywność promotorów.

Pomimo, że opisana wyżej metoda szalkowa jest stosowana powszechnie, ma wiele wad tj. nie uwzględnia różnic w liczbie komórek bakteryjnych. Ponadto zarówno pH jak i temperatura wpływają na aktywność nukleazy. Ilościowa analiza aktywności promotorów wymaga użycia innego genu reporterowego np. genu kodującego glukuronidazę.

II-29

ROLA REGULATORÓW OMPR ORAZ SRNA OMRA W REGULACJI EKSPRESJI HEMR Y. ENTEROCOLITICA 2/O:9

Jaworska K., Nieckarz M., Ludwiczak M., Brzostek K., Raczkowska A.

Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka

Ponad 70% biodostępnego żelaza występującego w organizmach ssaków to związki hemu, dlatego też bakterie patogenne wykształciły specyficzne transportery błonowe pozwalające na efektywny wychwyt i pobieranie tego związku do wnętrza komórki. U enteropatogenu *Y. enterocolitica* w procesie tym uczestniczy receptor błony zewnętrznej, białko HemR. Nasze wstępne badania, wskazują na udział OmpR, regulatora systemu transdukcji sygnału EnvZ/OmpR, w kontroli ekspresji hemR u *Y. enterocolitica* 2/O:9. Celem pracy było pogłębienie wiedzy na temat mechanizmów tej regulacji z uwzględnieniem działania regulatorowego sRNA OmrA. Przeprowadzone analizy poziomu ekspresji fuzji translacyjnej hemPR::gfp w zależności od aktywności OmrA oraz OmpR udowodniły udział tych regulatorów w negatywnej kontroli ekspresji hemR. Badania *in vitro* polegające na ocenie tempa migracji kompleksów białko/DNA w natywnych żelach poliakryloamidowych wykazały, iż OmpR wiąże się specyficznie do jednego miejsca wiązania w obrębie promotora hemPR. W analizach Western blot nie wykazano udziału OmrA w hamowaniu syntezy HemR, natomiast zaobserwowano negatywny efekt w stosunku do poziomu syntezy OmpR, co może również pośrednio przekładać się na poziom syntezy HemR. Podsumowując, regulacja ekspresji hemR *Y. enterocolitica* odbywa się zarówno na poziomie transkrypcji jak i translacji, a w procesie tym uczestniczy regulator OmpR oraz sRNA OmrA.

II-30

NISKI POZIOM PRODUKCJI BIAŁEK SYSTEMU RESTRYKCYJNO-MODYFIKACYJNEGO ECORI JEST NAJEFEKTYWNIEJSZY W RESTRYKCJI INWAZYJNEGO DNA

Wilkowska K., Sęktas M.

Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Gdański, Polska

Słowa kluczowe: genetyka

Systemy restrykcyjno-modyfikacyjne (R-M) są jednym z bakteryjnych mechanizmów obronnych przed inwazją pozakomórkowego DNA, takim jak wirusowe. Składają się one z dwóch enzymów rozpoznających tę samą sekwencję DNA – endonukleazy restrykcyjnej, która przecina DNA w obrębie tej sekwencji oraz metylotransferazy DNA, która poprzez modyfikację czyni DNA niepodatny na cięcie endonukleazą. Poziom produkcji obu białek determinuje wrażliwość bakterii na zakażenie wirusem. W badaniach jako model został użyty system R-M EcoRI, pochodzący z *Escherichia coli*. Efektywność restrykcji została zbadana w warunkach niskiego, jak i wysokiego poziomu produkcji białek R-M. W przypadku wysokiego poziomu produkcji endonukleazy i metylotransferazy efektywność restrykcji była obniżona, przeciwnie do układu, gdzie białka były produkowane na niskim poziomie, a efektywność ta była wyższa. Poziom produkcji obu enzymów nie jest obojętny dla funkcjonowania samej komórki. Duże ilości białek R-M są toksyczne dla gospodarza, co można zaobserwować jako filamentację bakterii wskutek uruchomienia odpowiedzi komórkowej SOS. Wyniki naszych badań wskazują, że równowaga pomiędzy restrykcją a modyfikacją jest wrażliwa na jakiegokolwiek zmiany w stężeniu enzymów w komórce bakteryjnej. Badania te mają na celu pogłębienie wiedzy na temat funkcji systemów R-M i ich utrzymywania się w bakteriach oraz relacji pomiędzy bakteryjnym gospodarzem a wirusem.

II-31

ANALIZA PORÓWNAWCZA EFEKTYWNOŚCI EDYCJI MRNA ZALEŻNEJ OD POŚLIZGU TRANSKRYPCJI BAKTERYJNEJ I BAKTERIOFAGOWEJ POLIMERAZY RNA

Kościelniak D., Wons E., Szadkowska M., Sęktas M.

Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Gdański, Polska

Słowa kluczowe: genetyka

W naszej pracy analizowaliśmy zjawisko poślizgu transkrypcji, które jest charakterystyczne dla polimeraz RNA i odcinków matrycy DNA złożonych z powtarzających się nukleotydów jednego rodzaju, homopolimerów, zwykle poli(A) i poli(T). Podczas transkrypcji w tych rejonach może występować zjawisko delecji lub insercji jednego lub większej liczby nukleotydów powodując tym samym powstanie puli heterogennego mRNA zawierającego delecje i insercje nukleotydów, które w większości przypadków powodują zmianę pierwotnej ramki odczytu (ang. InDel frameshift). W świetle naszych badań wynika, że bakterie zawierające pojedyncze lub podwójne mutacje genowe typu InDel produkują białko dzikiego typu. Dzieje się to głównie z powodu edycji mRNA dokonywanej przez polimerazę RNA, która podczas poślizgu transkrypcji na sekwencjach homopolimerycznych typu A i T może tworzyć różne warianty mRNA w konsekwencji prowadząc do utworzenia mieszaniny różnych wariantów białek w pojedynczej komórce, w tym białka dzikiego typu. Prezentujemy różną efektywność edycji mRNA typu poślizg transkrypcji w modelowym genie mbolIM2 i jego pochodnych z mutacjami InDel, w zależności od rodzaju polimerazy RNA (bakteriofagowa/bakteryjna) oraz struktury rejonu homopolimerycznego. Do analiz ekspresji używaliśmy genu reporterowego białka zielonej fluorescencji gfp.

II-32

WPŁYW CZYNNIKÓW ODPOWIEDZI ŚCISŁEJ NA REGULACJĘ TRANSKRYPCJI PROMOTORÓW TRNA

Milewska K.¹, Łyżeń R.²

¹ Katedra Genetyki Molekularnej Bakterii, Uniwersytet Gdański / Wydział Biologii, Polska

² Katedra Biologii Molekularnej, Uniwersytet Gdański / Wydział Biologii, Polska

Słowa kluczowe: genetyka

Jednym z czynników wpływających na wydajność ekspresji genów jest dostępność odpowiednich tRNA, rozpoznających poszczególne kodony w sekwencji mRNA. Jak wykazały dotychczasowe badania ich ilość drastycznie spada w momencie wystąpienia różnego rodzaju stresów, podczas których zostaje uruchomiony jeden z mechanizmów kontrolujących zmiany metabolizmu komórki, jakim jest odpowiedź ścisła. Wywiera ona między innymi negatywny wpływ na aktywność promotorów tRNA. Jednak rola czterofosforanu guanozyny (ppGpp) i białka DksA w tym procesie nadal pozostaje niejasna. Efekt wywierany na dany promotor przez oba te czynniki może również zależeć od dyskryminatora zlokalizowanego pomiędzy sekwencją -10 i +1, który jest charakterystyczny dla każdego z promotorów.

Celem pracy była analiza wydajności transkrypcji promotorów tRNA w obecności czynników odpowiedzi ścisłej.

Wyniki analiz qPCR pokazują, że ppGpp uczestniczy w regulacji transkrypcji wszystkich promotorów tRNA. Ponadto, bardzo ważną rolę w tym procesie pełni także białko DksA. W zależności od składu nukleotydowego sekwencji dyskryminatora, brak ppGpp lub DksA może hamować lub aktywować transkrypcję z tych promotorów. Natomiast, wzrost ppGpp w obecności DksA w komórce w większości przypadków wywołuje efekty negatywne. Wyniki te potwierdzają dane pochodzące z badań in vitro, które dodatkowo wskazują na minimum trzy odmienne sposoby regulacji transkrypcji promotorów tRNA przez czynniki odpowiedzi ścisłej.

II-33

PORÓWNANIE SYSTEMÓW EKSPRESYJNYCH BAKTERYJNEGO I DROŹDŻOWEGO NA PRZYKŁADZIE PRODUKCJI I OCZYSZCZANIA ROŚLINNEGO REKOMBINOWANEGO BIAŁKA CDKF-1*

Bodaszewska-Lubaś M.¹, Kowalska E.², Strzałka W.²

¹ Zakład Immunologii, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, Polska

² Zakład Biotechnologii Roślin, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, Polska

Słowa kluczowe: genetyka

Produkcja białek rekombinowanych z zastosowaniem ekspresyjnych systemów bakteryjnych oraz drożdżowych jest rozpowszechniona zarówno do celów badawczych jak i terapeutycznych. Wybór odpowiedniego systemu zależy m. in. od poziomu ekspresji genu, produkowanego białka, czy szczepu mikroorganizmu, w którym zachodzić ma synteza. Celem badania było porównanie produkcji białka rekombinowanego CDKF-1 z *A. thaliana* w dwóch systemach ekspresyjnych bakteryjnym i drożdżowym oraz próba oczyszczenia uzyskanej proteiny.

Wektory ekspresyjne pDEST 17 oraz pPIC9 z genem białka CDKF-1 zostały wprowadzone odpowiednio do komórek szczepu *E.coli* BL21pRIL oraz szczepu *P.pastoris* GS115. Przeprowadzono testy optymalizujące warunki syntezy białka w obu indukowalnych systemach ekspresyjnych. Do oczyszczenia rekombinowanego białka CDKF-1 zastosowano chromatografię powinowactwa z unieruchomionym jonem metalu (układ Ni-NTA). Czystość preparatu została określona za pomocą analizy SDS-PAGE. Stężenie białka oceniono metodą Bradford.

Produkcję białka rekombinowanego CDKF-1 w komórkach *E.coli* prowadzono w pożywce LB w temperaturze 23°C przez 4 godz. i indukowano 0,3 mM IPTG. Synteza białka CDKF-1 w *P.pastoris* mimo udanej transformacji i próby doboru warunków ekspresji, nie powiodła się. Z 1L hodowli bakteryjnej otrzymano 1 mg białka CDKF-1 o czystości 60%.

Z dwóch zastosowanych systemów ekspresyjnych jedynie bakteryjny umożliwił uzyskanie białka CDKF-1 w ilości i o jakości pozwalającej na wykorzystanie go w dalszych eksperymentach. W przypadku systemu drożdżowego konieczna jest dalsza optymalizacja produkcji białka CDKF-1. Badania finansowane przez NCN-Sonata-Bis3/UMO-2013/10/E/NZ1/00749

II-34

ZMIANY W PROTEOMIE PSEUDOMONAS PUTIDA KT2440 PODCZAS SYNTEZY POLIHIDROKSYKWASÓW

Możejko-Ciesielska J.¹, Mostek A.², Szacherska K.³

¹ Oddział Terenowy w Olsztynie, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Polska

² Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności Polskiej Akademii Nauk, Polska

³ Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiologia środowiska, mikrobiologia przemysłowa

Polihydroksykwas (PHA) są to nierozpuszczalne w wodzie poliestry syntezowane przez mikroorganizmy jako wewnątrzkomórkowe źródło węgla i energii. Szczególnym zainteresowaniem cieszą się polihydroksykwasy średniołańcuchowe (mcl-PHA), które ze względu na właściwości fizykochemiczne mogą znaleźć zastosowanie w wielu gałęziach przemysłu, w tym w branży biomedycznej na przykład do produkcji nici chirurgicznych, osłonek leków czy też implantów. Do tej pory produkcja mcl-PHA nie wyszła poza skalę laboratoryjną. Jest to związane między innymi z niską efektywnością ich syntezy przez bakterie. Aby zwiększyć wydajność procesu niezbędne jest poznanie molekularnych mechanizmów biosyntezy polimerów.

Celem pracy było określenie wpływu limitacji azotu na syntezę mcl-PHA poprzez identyfikację białek zaangażowanych w ten proces. Badania biosyntezy prowadzono z udziałem *Pseudomonas putida* KT2440. Podczas procesu hodowlanego monitorowano stężenie składników odżywczych, rodzaj monomerów 3-hydroksykwasów oraz zmiany w proteomie.

Przeprowadzone badania umożliwiły poznanie zmian profilu białek w zależności od zastosowanych warunków stymulujących kumulację biopolimerów. Wykazano, że badany szczep charakteryzuje się odmiennym profilem białkowym oraz poziomem syntezy mcl-PHA w odpowiedzi na stres

pokarmowy. Zastosowanie elektroforezy dwukierunkowej z tandemowym spektrometrem mas pozwoliło na identyfikację białek potencjalnie zaangażowanych w wytwarzanie polihydroksykwasów średniołańcuchowych.

II-35

ROLA OPERONU SAOABC GRONKOWCA ŻŁOCISTEGO (STAPHYLOCOCCUS AUREUS) W ODPOWIEDZI NA WARUNKI STRESOWE, PRZEŻYWALNOŚCI WEWNĄTRZKOMÓRKOWEJ ORAZ POWSTAWANIU KOMÓREK TYPU PERSISTER

Mądry A.¹, Kosecka-Strojek M.², Buda A.², Gawron K.², Bonar E.¹, Łazarz-Bartyzel K.³, Chomyszyn-Gajewska M.³, Władyka B.¹, Potempa J.², Międzobrodzki J.², Bukowski M.¹

¹ Kraków, Zakład Biochemii Analitycznej Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, Polska

² Kraków, Zakład Mikrobiologii, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, Polska

³ Kraków, Katedra Periodontologii i Klinicznej Patologii Jamy Ustnej, Instytut Stomatologii, Wydział Lekarski, Uniwersytet Jagielloński, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka

Systemy regulujące odpowiedź na czynniki stresowe zapewniają komórce bakteryjnej plastyczność konieczną do przeżycia w dynamicznie zmieniających się warunkach środowiska, które obejmują również biologicznie istotne interakcje gospodarz-patogen. Poza charakterystyką samych systemów regulatorowych, analizy wymagają także ich powiązania z przeżywalnością zinternalizowanych komórek bakteryjnych jak i wykształcaniem przez nie fenotypu persister.

W toku realizacji prezentowanego badania zaobserwowano zmiany ekspresji genów operonu saoABC w odpowiedzi na czynniki stresowe związane z internalizacją komórek bakteryjnych do komórek gospodarza. Obniżone tempo wzrostu w warunkach ograniczonej dostępności składników odżywczych oraz podwyższony poziom formowania persister cells wykazano dla mutantu Δ saoB. Ponadto, w przypadku mutantu Δ saoC, zaobserwowano obniżoną przeżywalność komórek bakteryjnych w komórkach fibroblastów.

Przedstawione wyniki wskazują na istnienie wyraźnej relacji między funkcjami operonu saoABC a regulacją odpowiedzi na czynniki stresowe. Zmiany ekspresji jego genów oraz cechy fenotypowe mutantów Δ saoC i Δ saoB sugerują powiązanie operonu saoABC z przeżywalnością zinternalizowanych komórek gronkowca żłocistego oraz wykształcaniu przez nie fenotypu persister.

Projekt częściowo finansowany ze środków nr 2011/01/N/NZ1/0116 i 2016/21/D/NZ1/00273 przyznanych MB (m.bukowski@uj.edu.pl) przez Narodowe Centrum Nauki oraz środków na działalność statutową WBBiB UJ nr K/DSC/003695

II-36

EKSPRESJA MRNA KATELICYDYN LL-37 W KOMÓRKACH NABŁONKA OSKRZELI ZAKAŻONYCH MYCOPLASMA PNEUMONIAE

Kiryszewska A., Brauncajs M., Szybka M., Grzegorzczak J.

Zakład Mikrobiologii i Laboratoryjnej Immunologii Medycznej, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, drobnoustroje atypowe, związki przeciwdrobnoustrojowe

Katelicydyna LL-37 posiada właściwości przeciwdrobnoustrojowe i odgrywa istotną rolę w regulacji funkcji komórek – w tym nabłonka. Jednak w zakażeniach *M. pneumoniae* rola LL-37 nie jest dokładnie zbadana.

Cel:

Ocena ekspresji mRNA katelicydyny LL-37 w komórkach nabłonka oskrzeli zakażonych *Mycoplasma pneumoniae* – badania in vitro

Materiały i metody:

Prowadzono hodowlę linii komórek nabłonka oskrzeli Beas2B ATCC CRL-9609 zakażoną *Mycoplasma pneumoniae* ATCC 15531 i niezakażoną (hodowla spontaniczna). Oznaczono ekspresję mRNA dla LL-37 metodą multipleks Real Time-PCR z sondami TaqMan przy użyciu RT-PCR Bio-Rad w czasie w 24, 48 oraz 72 h.

Wyniki:

Ekspresję mRNA LL-37 wykazano we wszystkich punktach czasowych (24, 48, 72h) w hodowli spontanicznej. Po zakażeniu komórek nabłonka – istotnie niższą w porównaniu do spontanicznej - ekspresję mRNA LL-37 wykazano tylko w 48h.

Wnioski:

W zależności od czasu hodowli zaobserwowano zróżnicowany wpływ *M. pneumoniae* na ekspresję LL-37 w porównaniu do komórek niezakażonych.

Badania finansowane z projektu "Młodzi Naukowcy" nr 502-03/1-137-02/502-14-251 i dotacji podmiotowej na utrzymanie potencjału badawczego nr 503/1-137-02/503-11-002

III-37

WYKORZYSTANIE METOD MOLEKULARNYCH W CHARAKTERYSTYCE I OCENIE PODOBIEŃSTWA GENETYCZNEGO DROBNOUSTROJÓW

Bogiel T.¹, Mikucka A.², Woźniak M.³, Prażyńska M.², Juszczyk K.², Kożusko S.², Gospodarek-Komkowska E.²

¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Collegium Medicum im. L. Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Laboratorium Analiz Lekarskich „ALAB” 10 Wojskowy Szpital Kliniczny z Polikliniką SP ZOZ w Bydgoszczy, Polska

² Katedra i Zakład Mikrobiologii Collegium Medicum im. L. Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Polska

³ Katedra Medycyny Sądowej Collegium Medicum im. L. Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, diagnostyka zakażeń

Zwiększająca się w ostatnich dekadach częstość izolacji „super bakterii” z klinicznych przypadków zakażeń wymusza poszukiwanie bardzo czułych i swoistych, a jednocześnie szybkich metod diagnostycznych. Intensywny rozwój metod biologii molekularnej w XXI wieku umożliwił zaadoptowanie części z nich na potrzeby diagnostyki czy badań epidemiologicznych chorób zakaźnych.

W badaniach uwzględniono patogeny szpitalne, takie jak *Clostridium difficile* i *Enterococcus faecium* (Glycopeptide Resistant *Enterococcus*, GRE), pozaszpitalne - *Streptococcus pyogenes* oraz oportunistyczne – *Saccharomyces cerevisiae*.

Do oceny podobieństwa szczepów wykorzystano techniki RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) i/lub MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry).

Metodę PCR zastosowano w ocenie występowania genów toksyn A, B i toksyny binarnej u szczepów *C. difficile*, białka M dla szczepów *S. pyogenes* oraz genów van u GRE *E. faecium* w połączeniu z analizą ich profili lekooporności oznaczonych przy pomocy Etestów. Drożdże *S. cerevisiae* oceniano pod względem podobieństwa do szczepu bioterapeutycznego *S. boulardii*.

Metody biologii molekularnej wydają się też niezastąpione w poszukiwaniu źródła zakażenia oraz ocenie właściwości drobnoustrojów, takich jak czynniki chorobotwórczości czy mechanizmy oporności na antybiotyki.

Badania sfinansowano ze środków przyznanych na utrzymanie potencjału badawczego Katedry i Zakładu Mikrobiologii CM UMK.

III-38

**IDENTYFIKACJA BAKTERII NA POZIOMIE SZCZEPU
METODAMI POWIERZCHNIOWO WZMOCNIONEJ
SPEKTROSKOPII RAMANOWSKIEJ (SERS)****Janeczek A.¹, Kamińska A.², Witkowska E.¹, Kowalska A.¹**¹ Instytut Chemii Fizycznej PAN, Polska² Warszawa, Instytut Chemii Fizycznej PAN, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiologia żywności, diagnostyka zakażeń

Wzrost lekooporności wśród bakterii i szybkość ich namnażania sprawia, że dla skutecznego leczenia potrzeba szybkiej i precyzyjnej diagnozy. Niezbędne staje się opracowanie metody błyskawicznej identyfikacji źródła zakażenia. Zastosowanie SERS pozwala na skrócenie czasu całej procedury do jednej doby.

W niniejszej pracy wykorzystano metodę SERS, aby przez analizę porównawczą obszaru fingerprint (500-1600 cm⁻¹) dokonać rozróżnienia pomiędzy szczepami gatunku *Listeria monocytogenes*. Izolaty żywych bakterii

z hodowli szalkowych zmierzono laserem o $\lambda=785$ nm na przygotowanych bimetalicznych (Ag-Au) podłożach SERS. Przeprowadzono analizę danych metodą PCA – Principle Component Analysis, która określiła poziom specyficzności widm dla konkretnego szczepu.

Sivanesan A., Witkowska E., Adamkiewicz W., Dziewit Ł., Kamińska A., Waluk J., Nanostructured silver-gold bimetallic SERS substrates for selective identification of bacteria in human blood, *Analyst*, 2014, 1037-1043.

III-39

**INNOWACYJNA METODA BADANIA MOCZU OCENIAJĄCA
RYZYO ROZWOJU ZAKAŻENIA- ZAŁOŻENIA BADAŃ
PILOTAŻOWYCH****Jarzębowski T., Piechowicz L., Bryl E., Dąca E., Dębska-Ślizień A., Gołębiewska J.,
Rutkowski B., Witkowski J., Wiśniewska K., Żurowska A.**

Katedra Mikrobiologii Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Gdański Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, choroby zakaźne, diagnostyka zakażeń

Zakażenia układu moczowego należą do najczęstszych chorób infekcyjnych występujących u ludzi. Osobami szczególnie narażonymi na infekcje bakteryjne są osoby w immunosupresji, zarówno fizjologicznej (ciąża), immunosupresji będącej efektem procesu terapeutycznego (transplantacja narządu), czy infekcji (AIDS). Grupą szczególnie narażoną na zakażenia układu moczowego są pacjenci z przewlekłą chorobą nerek (PChN). W przypadku skąpo objawowego przebiegu zakażeń wynik ilościowego, ogólnego badania mikrobiologicznego moczu okazuje się niewystarczający do podjęcia decyzji terapeutycznej.

Powyższe trudności skłoniły autorów do poszukiwania nowych rozwiązań, których efektem jest opracowanie metody służącej do jakościowej oceny właściwości izolatów bakterii z moczu. Dotychczasowe badania autorów pozwoliły na stwierdzenie korelacji pomiędzy zdolnością do aktywacji wzorcowej linii monocytów przez bakterie danego gatunku, a inwazyjnością izolowanych bakterii. Ponieważ to odkrycie może mieć znaczenie kliniczne, przyjęto je za podstawę zgłoszenia patentowego nowej metody diagnostycznej w zakażeniach układu moczowego. Celem planowanych badań pilotażowych jest walidacja opracowanej metody oceny potencjału infekcyjnego bakterii w diagnostyce zakażeń układu moczowego poprzez symulowane warunki eksploatacji i badania pilotażowe, oraz zwiększenie potencjału diagnostycznego tej metody o ocenę reakcji własnych komórek układu odpornościowego pacjenta na bakterie występujące w układzie moczowym.

III-40

DIAGNOSTYKA ZAKAŻEŃ ACTINOMYCES W STOMATOLOGII Z WYKORZYSTANIEM TECHNIKI SPEKTROMETRII MAS TYPU MALDI-TOF

Laskowska M.¹, Katarzyna R.¹, Głowacka-Twardokęs M.², Kasprowicz A.¹

¹ Centrum Badań Mikrobiologicznych i Autoszczepionek im. Jana Bobra w Krakowie, Polska

² Jagiellońskie Centrum Innowacji w Krakowie, Polska

Słowa kluczowe: diagnostyka zakażeń

WSTĘP

Identyfikacja *Actinomyces* z materiału klinicznego jest trudna ze względu na duże wymagania wzrostowe oraz obecność innych szybko rosnących mikroorganizmów, utrudniających wzrost wolniej rosnących promieniowców.

Techniką umożliwiającą precyzyjną identyfikację *Actinomyces* jest spektrometria mas typu MALDI-TOF.

CEL

Celem pracy było sprawdzenie przydatności techniki spektrometrii mas typu MALDI-TOF w dokładnej identyfikacji rodzaju *Actinomyces* z trudnych przypadków stomatologicznych.

MATERIAŁ I METODY

Procedura badawcza obejmowała: wywiad, pobranie materiału przez chirurgów stomatologów (ropnie podśluzówkowe, torbiele okołoszczękowe, miejsca po ekstrakcji zębów, itp.), posiew, hodowlę w odpowiednich warunkach, obserwację charakterystycznych koloni, wykonywanie preparatu barwionego metodą Grama i identyfikację techniką spektrometrii mas.

WYNIKI

1. Wśród 92 badanych materiałów uzyskano 32 hodowle *Actinomyces* (34,7%).
2. Wśród zidentyfikowanych gatunków znalazły się: *A. oris*, *A. naeslundii*, *A. odontolyticus*, *A. israelii*, *A. neuii*, *A. graevenitzi*.
3. 38 % izolowanych *Actinomyces* stanowił gatunek *A. oris*, 30% *A. naeslundii*, 40% pozostałe gatunki
4. 80% wszystkich zidentyfikowanych szczepów pochodziło z ropni podśluzówkowych.

WNIOSKI

Wykorzystanie spektrometrii mas MALDI TOF pozwala na szybką i dokładną identyfikację rodzaju *Actinomyces* do gatunku.

III-41

IDENTYFIKACJA LACTOBACILLUS SPP. KOLONIZUJĄCYCH DROGI RODNE ZDROWYCH KOBIET Z WYKORZYSTANIEM TECHNIKI SPEKTROMETRII MAS

Kasprowicz A.¹, Laskowska M.¹, Głowacka-Twardokęs M.², Biłucka A.¹

¹ Centrum Badań Mikrobiologicznych i Autoszczepionek im. Jana Bobra w Krakowie, Polska

² Jagiellońskie Centrum Innowacji w Krakowie, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, diagnostyka zakażeń

WSTĘP

Biocenoza pochwy u zdrowej dojrzałej płciowo kobiety to obficie skolonizowane przez drobnoustroje nisza ekologiczna, w której dominuje jeden lub kilka gatunków z rodzaju *Lactobacillus*.

CEL

Celem pracy była identyfikacja gatunkowa pałeczek z rodzaju *Lactobacillus*, izolowanych z dróg rodnych z wykorzystaniem techniki spektrometrii mas.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły wymazy z pochwy pobrane od 30 pacjentek kierowanych w celu wykonania biocenozy pochwy, u których analiza mikroskopowa preparatu wskazywała na stan fizjologiczny w obrębie narządu rodowego.

Procedura obejmowała: wywiad, pobranie wymazu treści pochwowej, pomiar pH, wykonanie preparatu barwionego metodą Grama, posiew, identyfikację szczepów *Lactobacillus* z wykorzystaniem MALDI TOF.

WYNIKI

1. Wśród 30 analizowanych materiałów wyosobniono 7 gatunków *Lactobacillus*: *L.crispatus* (63%), *L.gasseri*(26%), *L.jensenii* (20%), *L.iners*(3%), *L.rhamnosus* (3%), *L.vaginalis*(3%), *L.pentosus* (3%).
2. Najczęściej identyfikowano *L. crispatus*
3. U 80% kobiet zidentyfikowano jeden gatunek *Lactobacillus*, natomiast u 20% dwa lub więcej.

WNIOSKI

1. Technika spektrometrii masowej daje możliwość uzyskania szybkich, wiarygodnych wyników analiz gatunkowych dla pałeczek kwasu mlekowego.
2. W badanej grupie kobiet najczęściej identyfikowanym gatunkiem jest *L.crispatus*.

III-42

WYKORZYSTANIE METODY SPEKTOMETRII MASOWEJ DO TYPOWANIA SZCZEPÓW NA PODSTAWIE OPRACOWANIA OGNISKA EPIDEMICZNEGO VRE

Seliga D.¹, Demkow U.², Podsiadły E.³

¹ SPDSK Warszawa, Polska

² Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

³ Wydział Medyczny Uniwersytetu Rzeszowskiego, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, zakażenia szpitalne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Metoda jonizacji próbki MALDI połączona z pomiarem jej masy w spektrometrze masowym staje się coraz powszechniej stosowanym narzędziem do identyfikacji mikroorganizmów.

Celem pracy było określenie przydatności techniki spektrometrii masowej do typowania szczepów VRE.

Zbadano 22 szczepy *Enterococcus faecium* VRE, wyhodowane od pacjentów hospitalizowanych w SPDSK. Dla każdego izolatu przeprowadzono analizę MALDI-ToF-MS na aparacie MALDI Biotyper (Bruker, Niemcy). Widma spektrometryczne analizowano przy pomocy programu Flex Analysis (Bruker)

W wyniku analizy otrzymanych widm do przeprowadzenia typowania zaklasyfikowano następujące piki: 2254, 2550, 2728, 2880, 3298, 3311, 3355, 3495, 5093, 5195, 5247, 5700, 5765, 6600, 6600, 6630, 6828, 7545, 8845, 10075, 10395, 10495m/z. Zaproponowano kryteria do porównywania szczepów.

Analiza wykazała istnienie 6 typów wzorów widm. Typ I był reprezentowany przez 15 izolatów. Pozostałe typy II-VI były obecne w pojedynczych szczepach.

Wyniki typowania były zbieżne z danymi epidemiologicznymi. Najliczniej reprezentowany klon, stwierdzono u 11 chorych hospitalizowanych na tym samym oddziale. W dochodzeniu epidemiologicznym ustalono, że źródłem tego klonu był pacjent przyjęty do szpitala z innego ośrodka.

Uzyskane wyniki potwierdzają możliwość zastosowania techniki spektrometrii mas do typowania szczepów VRE. Istotnym ograniczeniem metody jest subiektywny odczyt dotyczący oceny i wyboru pików do wykonania analizy porównawczej.

III-43

OCENA PRZYDATNOŚCI TESTU EAZYPLEX SUPERBUG CRE W WYKRYWANIU MECHANIZMÓW OPORNOŚCI U PAŁECZEK GRAM-UJEMNYCH

Sękowski A., Gospodarek-Komkowska E.

Katedra i Zakład Mikrobiologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu Collegium Medicum w Bydgoszczy, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne, diagnostyka zakażeń

Wielolekooporność szczepów pałeczek Gram-ujemnych, w tym oporność na karbapenemy, stanowi jeden z najważniejszych problemów współczesnej medycyny. Z uwagi na ciągłą ewolucję

mechanizmów oporności, łatwość nabywania genów oporności przez bakterie i możliwości transferu, coraz częściej izolowane są szczepy wielolekooporne z kilkoma mechanizmami oporności, nawet wobec jednej grupy antybiotyków. Często, z uwagi na nakładanie się zakresów działania enzymów hydrolizujących antybiotyki, możliwości wykrycia oporności są ograniczone lub niemożliwe metodami fenotypowymi, standardowo stosowanymi w laboratoriach mikrobiologicznych.

Stąd celem pracy była ocena przydatności testu eazyplex SuperBug CRE (Ample Diagnostics GmbH, Argenta) do wykrywania genów kodujących karbapenemazy: KPC, NDM-1, VIM, OXA-48, OXA-181 oraz beta-laktamazy o szerokim zakresie działania typu ESBL z grup: CTX-M1 i CTX-M9. Test ten oparty jest o metodę LAMP (loop mediated isothermal amplification).

Badaniem objęto 78 szczepów pałeczek Gram-ujemnych izolowanych z próbek materiału klinicznego. Wszystkie objęte badaniem szczepy określono jako wielolekooporne. U 52 (63,4%) badanych szczepów wykryto enzymy VIM, u 43 (55,1%) CTX-M1, u 8 (10,3%) NDM-1 i u 2 (2,4%) - CTX-M9.

Test SuperBug CRE charakteryzuje łatwość wykonania, szybkość (czas wykonania badania z uzyskaniem wyniku wynosi 20 minut) i możliwość jednoczesnego wykrycia kilku mechanizmów oporności na leki u badanego szczepu.

III-44

NESTED PCR REAL TIME- ALTERNATYWNE NARZĘDZIE W DETEKCJI BORRELIA BURGDORFERI

Sroka-Oleksiak A., Salamon D., Bulanda M., Gosiewski T.

Kraków, Katedra Mikrobiologii UJ CM, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, diagnostyka zakażeń

Trudności w diagnostyce boreliozy spowodowane są głównie heterogennością genogatunków, strategiami życiowymi *Borrelia* spp oraz deficytami diagnostyki serologicznej. Mimo, iż reakcje PCR są coraz częściej stosowane w laboratoriach, to jednak w dalszym ciągu problemem jest rozbieżność wyników, otrzymywanych metodami molekularnymi i serologicznymi.

Celem badań było zwiększenie czułości detekcji *B. burgdorferi* poprzez opracowanie metody nested qPCR oraz porównanie uzyskanych wyników z klasycznym qPCR i diagnostyką serologiczną. METODYKA Materiałem poddanym badaniom były próbki krwi pochodzące od 94 pacjentów z podejrzeniem boreliozy. Z każdej próbki 1,5 ml krwi użyto do izolacji bakteryjnego DNA, a następnie amplifikacji metodą qPCR oraz jej odpowiednikiem w wersji nested. Pozostałą ilość wykorzystano do badań serologicznych.

WYNIKI Metoda nested qPCR umożliwiła detekcję *B. burgdorferi* u 45 pacjentów, a przy użyciu pojedynczej reakcji qPCR uzyskano zaledwie 2 wyniki pozytywne. Zastosowanie metod serologicznych pozwoliło na otrzymanie 41 pozytywnych wyników, z czego w odniesieniu do nested PCR – 18 było zgodnych, a 27 niezgodnych z metodą zagnieżdżonego PCR.

WNIOSKI

1. Opracowanie i standaryzacja metody nested qPCR wpłynęły na znaczne zwiększenie czułości w wykrywaniu *B. burgdorferi* we krwi pacjentów w stosunku do pojedynczej amplifikacji.

2. Metoda ta może mieć zastosowanie w diagnostyce *B. burgdorferi*, we wczesnej fazie zakażenia, jako uzupełnienie testów serologicznych.

III-45

NOWOŚĆ W MOLEKULARNEJ DIAGNOSTYCE PRĄTKÓW ATYPOWYCH – TEST GENOTYPE NTM-DR

Zabost A., Augustynowicz-Kopeć E.

Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

Słowa kluczowe: diagnostyka zakażeń

Na skutek rosnącej roli mykobakterii w patologii człowieka w tym gatunków należących do kompleksu *M. avium-intracellulare* (MAIC) i *M. chelonae/M. abscessus*, precyzyjna i szybka identyfikacja czynnika etiologicznego choroby konieczna dla prawidłowej diagnozy stała się priorytetowym zadaniem współczesnych laboratoriów prątków.

Celem pracy było identyfikacja gatunkowa prątków atypowych z kompleksu *M. avium-intracellulare* i *M. chelonae/M. abscessus*.

Analizie poddano szczepy prątków atypowych z kompleksu MAIC i *M. chelonae/M. abscessus* wyizolowane od chorych w latach 2011-2016. Identyfikacja molekularna została wykonana zgodnie z procedurą testu GenoType NTM-DR (Hain).

Wśród 41 analizowanych szczepów wstępnie zidentyfikowanych jako *M. intracellulare* dla 23 uzyskano wynik identyfikacji testem NTM-DR *M. intracellulare* natomiast 18 szczepów zostało zidentyfikowanych jako *M. chimaera*. Dla 3 szczepów wstępnie zidentyfikowanych jako *M. avium* uzyskano 100% zgodność wyniku. Drugą analizowaną grupą były szczepy zaliczone do kompleksu *M. chelonae/M. abscessus*. 4 szczepy zaliczono do *M. chelonae*, 5 – *M. abscessus* subsp. *abscessus*, 1 – *M. abscessus* subsp. *bolletii* i 1 – *M. abscessus* subsp. *massiliense*.

Analiza molekularna MAIC wykazała, że wśród szczepów zaliczonych wstępnie do *M. intracellulare* 40% stanowiło gatunek *M. chimaera*. Wśród szczepów *M. abscessus* zidentyfikowano 3 podgatunki *M. abscessus* subsp. *abscessus*, subsp. *bolletii* i subsp. *massiliense*.

III-46

DIAGNOSTYKA MYKOBAKTERIOZ, A TESTY WYDZIELANIA INTERFERONU GAMMA

Borkowska D.¹, Kozińska M.², Klatt M.¹, Zabost A.¹, Kempisty A.³, Skorupa W.⁴, Korzybski D.⁵, Puścińska E.⁵, Szturmowicz M.⁴, Augustynowicz-Kopeć E.¹

¹ Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

² Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

³ I Klinika, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

⁴ I Klinika, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

⁵ II Klinika, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

Słowa kluczowe: diagnostyka zakażeń

WSTĘP

U większości chorych na mykobakteriozy spodziewane są ujemne wyniki testów IGRA. U zakażonych *M. kansasii*, *M. marinum*, *M. szulgai* istnieje możliwość uzyskania pozytywnego wyniku IGRA, przy braku zakażenia prątkiem gruźlicy. Ze względu na obecność w genomie w/w prątków regionu RD1 kodującego antygeny ESAT-6 i CFP10, może nastąpić krzyżowa reakcja z antygenami wykorzystanymi w teście IGRA.

CEL

Czy testy IGRA mogą pomóc w diagnostyce mykobakterioz?

MATERIAŁY I METODY

Badaną grupę stanowili chorzy diagnozowani z powodu zmian radiologicznych w płucach. Wyhodowane szczepy MOTT zidentyfikowano do gatunku. Wykonano testy IGRA i u nielicznych TST. W celu określenia podtypu szczepów *M. kansasii* wykonano analizę restrykcyjną fragmentu genu *hsp65*.

WYNIKI

Wyhodowano 40 szczepów prątków atypowych. Uzyskano 1 (+) i 6 (-) wyników IGRA. TST wykonano u 2 chorych. U zakażonego *M. xenopii* TST i IGRA były (-). Wśród 2 chorych zakażonych *M. kansasii*; 1 chory miał (+) wynik TST i IGRA, a 2 chory test IGRA miał (-). Określono, że szczepy *M. kansasii* należą to I podtypu molekularnego.

WNIOSKI

- U chorych na mykobakteriozy wywołane prątkami nie posiadającymi w genomie regionu RD1 testy IGRA dają (-) wynik.

- U chorych na mykobakteriozy wywołane *M. kansasii*, wynik IGRA może być za równo (+) jak i (-). Różnicowanie molekularne w obrębie gatunku nie ma wpływu na wynik IGRA.

III-47

ANALIZA MOLEKULARNA MATERIAŁÓW KLINICZNYCH UTRWALONYCH W PARAFINIE JAKO UZUPEŁNIENIE DIAGNOSTYKI MIKROBIOLOGICZNEJ GRUŹLICY

Brzezińska S.¹, Kozińska M.¹, Augustynowicz-Kopeć E.²¹ Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska² Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

Słowa kluczowe: diagnostyka zakażeń

Metody genetyczne umożliwiają potwierdzenie obecności DNA *M. tuberculosis complex* w bezpośrednich materiałach klinicznych i materiałach utrwalonych w parafinie. Ma to szczególne znaczenie dla chorych diagnozowanych wyłącznie w oparciu o materiał tkankowy, w którym zaobserwowano ziarninę zapalną.

Celem pracy była ocena przydatności metod genetycznych do wykrywania prątków gruźlicy w materiałach histopatologicznych.

Materiały i metody. Materiał do badań stanowiły preparaty histopatologiczne oraz materiały kliniczne uzyskane od 42 chorych z podejrzeniem gruźlicy. Preparaty histopatologiczne poddano badaniu genetycznemu w systemie ProbeTec (Becton Dickinson), a materiały kliniczne analizie mikrobiologicznej metodami konwencjonalnymi tj. bakterioskopii, hodowli oraz identyfikacji gatunkowej.

Wyniki. Dodatni wynik badania genetycznego uzyskano dla 21 preparatów histopatologicznych, 57% z nich potwierdzono w hodowli wykonanej z materiału klinicznego. Dla 71% preparatów histopatologicznych o ujemnym wyniku genetycznym wykazano korelację z badaniem mikrobiologicznym. W 43% przypadków dodatni wynik genetyczny preparatu histopatologicznego nie został potwierdzony badaniem mikrobiologicznym.

Wnioski. Badanie molekularne preparatów histopatologicznych pozwala w dowolnym momencie na uzupełnienie diagnostyki mikrobiologicznej chorego z podejrzeniem gruźlicy.

III-48

WYKRYWANIE LABORATORYJNYCH KONTAMINACJI KRZYŻOWYCH W OPARCIU O METODY GENOTYPOWANIA PRĄTKÓW GRUŹLICY

Kozińska M., Wasiak K., Borek A., Augustynowicz-Kopeć E.

Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

Słowa kluczowe: diagnostyka zakażeń

Wstęp. Stwierdzenie obecności prątków *Mycobacterium tuberculosis complex* w materiale klinicznym od chorego jest podstawą mikrobiologicznego potwierdzenia gruźlicy. Według doniesień około 0.1 - 4% uzyskanych hodowli może być wynikiem krzyżowej kontaminacji. Dochodzi do niej najczęściej podczas opracowania i posiewu materiałów od chorych, rzadziej w wyniku zakażenia w czasie zabiegów medycznych. Cel. Ocena częstości występowania zakażeń krzyżowych podczas rutynowej diagnostyki gruźlicy w KRLP. **Materiały i metody.** W latach 2011 – 2015 KRLP otrzymało 25033 materiałów klinicznych od chorych z podejrzeniem gruźlicy. Materiał do analizy stanowiło 813 szczepów *Mycobacterium tuberculosis complex* wyhodowanych od 564 chorych. Do badań epidemiologicznych i molekularnych wyselekcjonowano 44 szczepy (5.4%), które spełniały kryteria podejrzenia zakażeń krzyżowych. **Wyniki.** Zbadano 20 potencjalnych ognisk zakażeń wewnątrzlaboratoryjnych. Kontaminacje potwierdzono w 4 przypadkach. Konsekwencją było uzyskanie 5 (0.6%) fałszywych hodowli. **Wnioski.** Wykrywanie kontaminacji wewnątrzlaboratoryjnych ma znaczenie epidemiologiczne, kliniczne i terapeutyczne. Właściwy system nadzoru i identyfikacji zakażeń krzyżowych wymaga prawidłowego prowadzenia dokumentacji medycznej, wnikliwej analizy wyników badań przez mikrobiologów oraz zastosowania odpowiednich narzędzi biologii molekularnej.

III-49

INTERLEUKINA 18 (IL-18) ORAZ WIĄŻĄCE JĄ BIAŁKO (IL-18BP) W ODPOWIEDZI ODPORNOŚCIOWEJ NA PRĄTKI MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS

Wawrocki S., Włodarczyk M., Rudnicka W., Druszczyńska M.

Uniwersytet Łódzki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Katedra Immunologii i Biologii Infekcyjnej, Polska

Słowa kluczowe: choroby zakaźne, diagnostyka zakażeń, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Wstęp

Ponad 1/3 światowej populacji jest zakażona *Mycobacterium tuberculosis* (M.tb). U 90% osób zakażenie pozostaje bezobjawowe (LTBI), u pozostałych 10% ulega aktywacji prowadząc do gruźlicy (TB). W inicjowanej przez M.tb odpowiedzi odpornościowej ważną rolę przypisuje się IL-18, która nasila produkcję IFN- γ zwiększając siłę prątkobójczą makrofagów.

Cel

Celem badań było zweryfikowanie hipotezy, że IL-18 wraz z IL-18BP to ważne ogniwa odpowiedzi odpornościowej mogące korelować ze statusem aktywnego lub latentnego zakażenia M.tb. Cel realizowano oceniając stężenie tych białek w stymulowanych antygenami M.tb hodowlach pełnej krwi osób z TB, z latentnym zakażeniem M.tb (LTBI) oraz nie zakażonych M.tb.

Materiały i metody

U 192 osób objętych badaniem wykonano test interferonowy pełnej krwi, w którego hodowli stymulowanej antygenami M.tb oceniono poziom IL-18, IL-18BP oraz IFN- γ . Aktywną TB potwierdzono metodami bakterioskopii lub hodowli prątków na podłożach bakteriologicznych.

Wyniki

Osoby nie zakażone M.tb cechowały się znamienne podwyższonym poziomem IL-18 oraz IL-18BP przy jednocześnie słabej produkcji IFN- γ . Przeciwnie, w hodowlach osób z LTBI oraz TB obserwowano podwyższone stężenie IFN- γ i niską zawartość IL-18 oraz IL-18BP.

Wniosek

Łączna analiza poziomu IL-18, IL-18BP oraz IFN- γ w hodowlach krwi stymulowanych antygenami prątków pozwala zaproponować te białka jako pomocnicze wskaźniki w diagnozowaniu zakażenia M.tb. Grant MNiSW 2015/19/N/NZ6/01385

III-50

OCENA PRZYDATNOŚCI METODY REAL-TIME PCR OPARTEJ NA WYKORZYSTANIU NUKLEOLITYCZNYCH SOND TYPU TAQMAN DO IDENTYFIKACJI BACILLUS ANTHRACIS W MATERIALE BIOLOGICZNYM

Budniak S., Kędrak-Jabłońska A., Krupa M., Szczawińska A., Reksa M., Szulowski K.

Zakład Mikrobiologii, Państwowy Instytut Weterynaryjny-Państwowy Instytut Badawczy,
Puławy, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia

Bacillus anthracis wywołuje zakaźną chorobę zwaną węglikiem. Celem badań było zastosowanie Real-time PCR z wykorzystaniem sond nukleolitycznych typu TaqMan do wykrywania *B. anthracis* w próbkach biologicznych, takich jak krew i wątroba. Do badań użyto 4 szczepionkowe i 2 terenowe szczepy laseczki węglika oraz izolaty innych gatunków rodzaju *Bacillus*. Przy ocenie swoistości wykorzystano również szczepy 6 gatunków drobnoustrojów. Matrycowe DNA izolowano przy użyciu zestawu Genomic Blood Mini lub Genomic Mini, A&A Biotechnology. Do badań zastosowano zestaw QuantiTect Probe PCR Kit, Qiagen. Do wykrywania *B. anthracis* w kontaminowanych próbkach biologicznych w Real-time PCR użyto geny zlokalizowane w DNA plazmidów pXO1 (gen pag) i pXO2 (gen cap-C) oraz specyficzną sekwencję chromosomalną rpoB. Reakcje Real-time PCR na podstawie obserwacji krzywych amplifikacji pozwoliły na wykrywanie badanych genów w próbkach krwi i wątroby kontaminowanych doświadczalnie 6 szczepami *B. anthracis*. Określono czułość przeprowadzonych testów. Uzyskano produkty amplifikacji specyficzne dla *B. anthracis*, natomiast izolaty innych gatunków drobnoustrojów nie wykazały obecności produktów reakcji. Zastosowane testy Real-time PCR z wykorzystaniem sond typu TaqMan, w kontaminowanych *B. anthracis* próbkach biologicznych, charakteryzowały się znaczną czułością i wysoką swoistością.

III-51

UŻYCIE METODY REAL-TIME PCR OPARTEJ NA FLUORESCENCJI BARWNICA SYBR GREEN I DO IDENTYFIKACJI BACILLUS ANTHRACIS W MATERIALE BIOLOGICZNYM

Kędrak-Jabłońska A., Budniak S., Krupa M., Szczawińska A., Reksa M., Szulowski K.

Zakład Mikrobiologii, Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia

Wąglik jest chorobą zakaźną wywoływaną przez *Bacillus anthracis*. Celem badań było zastosowanie metody Real-time PCR z barwnikiem interkalującym SYBR Green I do wykrywania *B. anthracis* w próbkach biologicznych, takich jak krew i wątroba. Do badań użyto 4 szczepionkowe i 2 terenowe szczepy laseczki wąglika oraz izolaty innych gatunków rodzaju *Bacillus*. Przy ocenie swoistości testów wykorzystano także szczepy 6 gatunków drobnoustrojów. Matrycowe DNA izolowano przy użyciu zestawu Genomic Blood Mini oraz Genomic Mini, A&A Biotechnology. Do badań zastosowano zestaw QuantiTect Probe PCR Kit, Qiagen. Do wykrywania *B. anthracis* w kontaminowanych próbkach biologicznych w Real-time PCR jako markery użyto 2 geny odpowiedzialne za wirulencję, *pag* oraz *cap-C*, zlokalizowane w DNA plazmidów *pXO1* i *pXO2*. Przeprowadzono również test na obecność sekwencji chromosomalnej *rpoB*. Na podstawie obserwacji krzywych amplifikacji w Real-time PCR w próbkach krwi i wątroby kontaminowanych doświadczalnie 6 szczepami *B. anthracis* wykryto badane geny. Swoistość amplifikacji potwierdzono określając temperaturę topnienia produktu PCR. Testy charakteryzowały się znaczną czułością i wysoką swoistością. Zastosowane reakcje Real-time PCR z wykorzystaniem SYBR Green I pozwoliły na wykrycie markerów wirulencji i specyficznej sekwencji chromosomalnej w próbkach biologicznych kontaminowanych *B. anthracis*.

III-52

POZIOM LAKTOFERYNY W KALE PACJENTÓW Z BIEGUNKĄ POANTYBIOTYKOWĄ

Aptekorz M.¹, Wiechuła B.², Pomorska-Wesołowska M.³, Harmanus C.⁴, Kuijper E.⁴, Martirosian G.²

¹ Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

² Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Śląski Uniwersytet Medyczny/Wydział Lekarski w Katowicach, Polska

³ Korlab Laboratoria Medyczne Sp.Z.O.O, Polska

⁴ Department of Microbiology, Leiden University Medical Center, Netherlands

Słowa kluczowe: bakterie beztlenowe i kapnofilne

Wstęp: Zakażenia szczepem *C. difficile* 027 charakteryzują się ciężkością i częstymi nawrotami. Cel pracy: uzyskanie odpowiedzi na pytanie czy różni się poziom laktoferyny w kale pacjentów z biegunką poantybiotykową wywołaną szczepami o różnych rybotypach?

Materiał/Metody: przebadano 148 próbek kału od pacjentów z biegunką poantybiotykową ze szpitali Śląska stosując klasyczną metodykę. Laktoferynę oznaczono testem LACTOFERRIN SCAN™ (TechLab, USA). Poziom $\geq 7,25 \mu\text{g/mL}$ (g) interpretowano jako podwyższony.

Wyniki: ze 108 szczepów *C. difficile* 82,4% należało do rybotypu 027, 2,8% do 176, 2,8% do 014, 1,9% do 010 i 0,9% do rybotypów 001, 018, 020 i 046. 6,5% szczepów nie udało się rybotypować. Wszystkie szczepy 027 posiadały geny toksyn *tcdA&tcdB* i binarnej *cdtA&cdtB*. Stwierdzono znamienne różnice w poziomie laktoferyny ($p=0,004$) w próbkach kału toksynopozytywnych ($n=123$; zakres $0,2-290,2 \mu\text{g/mL}$) i toksynonegatywnych ($n=25$; zakres $0,3-287,0 \mu\text{g/mL}$). W próbkach kału z *C. difficile* 027 ($n=89$) zaobserwowano znamienne wyższy poziom laktoferyny ($p=0,03$) (zakres $0,2-290,2 \mu\text{g/mL}$; mediana $173,0 \mu\text{g/mL}$) niż w próbkach z *C. difficile* o innych rybotypach, lub nietypowalnych (zakres $0,3-287,0 \mu\text{g/mL}$; mediana $189,4 \mu\text{g/mL}$).

Wnioski: Uzyskane wyniki sugerują o przydatności laktoferyny jako nieinwazyjnego markera w ocenie stanu zapalnego jelit.

III-53

**DIAGNOSTYKA ZAKAŻENIA HELICOBACTER PYLORI
METODĄ PCR****Klesiewicz K.¹, Karczewska E.¹, Sito E.², Małek M.¹, Wójcik M.³, Marchewka M.³, Łodygowska A.³, Budak A.¹**¹ Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska² Centrum Medyczne Falck, Polska³ Studenckie Koło Naukowe przy Zakładzie Mikrobiologii Farmaceutycznej, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Kraków, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, diagnostyka zakażeń

Wstęp: Mała dostępność nieinwazyjnego ureazowego testu oddechowego (¹³C UBT) sprawia, że aktualne zakażenie H. pylori najczęściej diagnozowane jest z wycinka błony śluzowej żołądka pobranego podczas gastroskopii przy użyciu szybkiego testu ureazowego. Obecnie, do diagnostyki zakażenia H. pylori i wykrywania oporności na klarytromycynę wprowadzane są metody genetyczne, które skracają czas oczekiwania na wynik w porównaniu do klasycznego badania mikrobiologicznego.

Cel: Zastosowanie w diagnostyce zakażenia H. pylori metody genetycznej potwierdzającej obecność bakterii bezpośrednio w tkance pobranej podczas gastroskopii.

Materiał i metody: Do badania mikrobiologicznego i genetycznego pobrano od 117 pacjentów wycinki błony śluzowej podczas gastroskopii. Wykonano identyfikację fenotypową wyizolowanych szczepów, antybiogram oraz izolację bezpośrednio z wycinków genomowego DNA. W badaniu genetycznym zakażenie H. pylori identyfikowano na podstawie obecności genu 16S rRNA.

Wyniki: Szczepy H. pylori wyizolowano od 27 pacjentów (23,1%). Wykazano oporność na metronidazol u 29,6% (9) szczepów, na klarytromycynę u 18,5% (5) i na lewofloksacynę u 14,8% (4). Badania genetyczne potwierdziły zakażenie H. pylori u 37 pacjentów (31,6%).

Wnioski: Udokumentowano większą wykrywalność zakażeń H. pylori w badaniach genetycznych (PCR) w porównaniu do klasycznego badania mikrobiologicznego (31,6% vs. 23,1%).

III-54

**OCENA CZĘSTOŚCI WYSTĘPOWANIA PRZECIWCIAŁ DLA
WEROTOKSYCZNYCH PAŁECZEK ESCHERICHIA COLI U OSÓB
Z WYBRANYCH GRUP POPULACJI POLSKIEJ*****Rastawicki W., Gielarowiec K., Chróst A.**

Zakład Bakteriologii, Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - Państwowy Zakład Higieny, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, diagnostyka zakażeń, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Werotoksyczne pałeczki E. coli (VTEC) stanowią zagrożenie dla zdrowia publicznego będąc przyczyną występowania zatruc pokarmowych oraz różnych powikłań. Celem badań była ocena częstości występowania przeciwciał dla VTEC u osób z wybranych grup populacji polskiej.

Badania prowadzono odczynem ELISA poszukując przeciwciał dla LPS pałeczek E. coli z grupy O157 oraz non-O157 w surowicy dzieci do 18 roku życia (n=60), krwiodawców (n=62), kobiet w ciąży (n=43) i osób zamieszkałych na terenach wiejskich (n=43). Drugą grupę badanych osób stanowiły dzieci z biegunką (n=392) oraz osoby dorosłe z objawami reaktywnego zapalenia stawów (n=100). W badaniach wykorzystano także surowice od osób z jersiniozą, salmonelozą i kampylobakteriozą (n=73).

Przeciwciała dla LPS pałeczek E. coli z grupy serologicznej O157 oraz non-O157 stwierdzono odpowiednio w 18,3% oraz 26,4% próbek surowicy osób klinicznie zdrowych. Nie stwierdzono statystycznie istotnych różnic w częstości wykrywania przeciwciał w zależności od badanej grupy osób zdrowych. U dzieci z objawami biegunki oraz osób dorosłych z objawami zapalenia stawów przeciwciała dla E. coli O157 wykryto w 14,5% oraz 14,0% próbek, natomiast dla E. coli non-O157 w 17,6% oraz 15,0% próbek surowicy. Znamienne częściej przeciwciała dla LPS pałeczek E. coli grupy O157 i non-O157 wykrywano u osób z grupy kontrolnej (odpowiednio w 39,7% oraz 63,0% osób).

* Praca wykonana w ramach tematu naukowego 5/EM.1 NIZP-PZH na rok 2017

III-55

ZGODNOŚĆ OCENY DIAGNOZOWANIA WAGINOZY BAKTERYJNEJ WEDŁUG KRYTERIÓW HAY-ISON'A, SPIEGEL'A I NUGENTA MIĘDZY DIAGNOSTĄ LABORATORYJNYM A STUDENTAMI

Romanik M.¹, Madeja P.², Mosler A.², Smolarek O.², Martirosian G.¹

¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Śląski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Śląski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: diagnostyka zakażeń, bakterie beztlenowe i kapnofilne

Waginoza bakteryjna (BV) klinicznie manifestuje się występowaniem upławów i jest definiowana jako zaburzenie mikrobiomu pochwy. Celem pracy była odpowiedź na pytanie czy studenci bez doświadczenia diagnostycznego mogą po jednogodzinnym szkoleniu prawidłowo zdiagnozować BV. Wymazy z pochwy zostały pobrane od 100 kobiet w wieku rozrodczym, bez współistniejącego zapalenia szyjki macicy oraz niestosujących antybiotykoterapii. Zebrany materiał oceniono przy użyciu kryteriów Hay'a, Spiegel'a i Nugenta. Czulość oceny diagnozowania BV przy użyciu skali Nugenta wahała się między 50% a 93%, a swoistość między 98% a 99%. Stosując kryteria Hay'a i Spiegel'a czulość oceny BV oscylowała między 71% a 93%, natomiast swoistość między 87% a 99%. Wyniki otrzymane przez studentów przy użyciu skali Nugenta zostały porównane do otrzymanych przez diagnostę laboratoryjnego i wykazały zgodność w 86%, 83% i 99% odpowiednio dla rozpoznania BV, stanu pośredniego i prawidłowej mikroflory pochwy. Rozpoznawalność przez studentów przy użyciu skali Nugenta wyniosła 43% dla BV, 39% dla stanu pośredniego i 62% dla prawidłowej flory bakteryjnej pochwy. Przeprowadzone badanie wykazało, że skala Nugenta, szczególnie w przypadku stwierdzenia stanu pośredniego, jest trudniejsza do oceny niż pozostałe. Prawidłowe definiowanie rozpoznania stanu pośredniego wymaga uwzględnienia kryteriów klinicznych.

IV-56

KOROUN – 20 LAT DZIAŁALNOŚCI

Skoczyńska A., Kuch A., Waśko I., Gołębiowska A., Ronkiewicz P., Kiedrowska M., Wróbel I., Hryniewicz W.

Warszawa, Narodowy Instytut Leków, Polska

Słowa kluczowe: epidemiologia zakażeń i zarażeń

Krajowy Ośrodek Referencyjny ds. Diagnostyki Bakteryjnych Zakażeń Ośrodkowego Układu Nerwowego (KOROUN) został powołany decyzją Ministra Zdrowia w 1997r., do monitorowania pozaszpitalnych zakażeń inwazyjnych w Polsce wywoływanych, przede wszystkim przez *Neisseria meningitidis*, *Streptococcus pneumoniae* i *Haemophilus influenzae*. W KOROUN, poza potwierdzeniem zakażenia na podstawie wyhodowanych izolatów, wykonuje się diagnostykę niehodowlaną oraz typowanie, pozwalające ocenić pokrewieństwo izolatów.

Badania prowadzone w KOROUN przyczyniły się do zmiany systemu rejestracji w Polsce; od 2005r. obowiązuje monitorowanie wszystkich zakażeń inwazyjnych, a nie tylko przypadków zapaleń opon mózgowo-rdzeniowych. Działalność KOROUN, wzmocniona utworzeniem sieci BINet dostarcza danych do terapii empirycznej i immunoprofilaktyki zakażeń inwazyjnych; były one m.in. wykorzystywane przy wprowadzaniu masowych szczepień przeciw *H. influenzae* i *S. pneumoniae* oraz szczepieniach w ogniskach zakażeń meningokokowych. Ponadto, aktywność KOROUN wpłynęła na zintensyfikowanie współpracy pomiędzy lekarzami i mikrobiologami, co zaowocowało wzrostem liczby badań bakteriologicznych w zakażeniach inwazyjnych i znaczną poprawą wykrywania tych zakażeń w Polsce. Pomimo niewątpliwych osiągnięć, konieczne jest dalsze wzmocnienie monitorowania zakażeń inwazyjnych w naszym kraju, ponieważ ich liczba, w szczególności zakażeń pneumokokowych, jest wciąż niedoszacowana.

IV-57

20 LAT DOŚWIADCZEŃ OGÓLNOPOLSKIEGO SPRAWDZIANU WIARYGODNOŚCI W DIAGNOSTYCE MIKROBIOLOGICZNEJ – PROGRAMU POLMICRO**Stefaniuk E., Hryniewicz W.**

Centralny Ośrodek Badań Jakości w Diagnostyce Mikrobiologicznej, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, zakażenia szpitalne, diagnostyka zakażeń

Program POLMICRO, Ogólnopolski Sprawdzianu Wiarygodności w Diagnostyce Mikrobiologicznej, ma charakter badań biegłości poprzez porównania międzylaboratoryjne. Celem Programu jest ocena kompetencji medycznych laboratoriów mikrobiologicznych do identyfikacji drobnoustrojów, oceny ich lekowrażliwości, a także oceny preparatów mikroskopowych. Na przestrzeni 20 lat nastąpiły zmiany w liczbie i profilu uczestników Programu, w formule sprawdzianów i sposobie oceny wyników. Liczba uczestników sprawdzianu wzrosła blisko pięciokrotnie, zwiększyła się liczba laboratoriów komercyjnych. Sprawdziany organizowane są w wersji praktycznej laboratoryjnej i wersji elektronicznej; rocznie jest od 2 do 6 rund sprawdzianu. W kolejnych edycjach rocznych laboratoria otrzymują próbki zawierające ważne klinicznie i epidemiologicznie drobnoustroje, np. gronkowce MRSA i MSSA, enterokoki oporne na glikopeptydy i aminoglikozydy, pneumokoki oporne na penicylinę, pałeczki Gram-ujemne wytwarzające enzymy hydrolizujące antybiotyki β-laktamowe. W ciągu 20 lat odnotowano postęp laboratoriów w identyfikacji i oznaczaniu lekowrażliwości drobnoustrojów. W latach 2005-2015 zorganizowano także sprawdzian dla laboratoriów inspekcji sanitarnej z zakresu zakażeń przewodu pokarmowego. Szczegółowa analiza wyników POLMICRO pozwala podnosić jakość i wiarygodność diagnostyki mikrobiologicznej. Co roku średnio 80% laboratoriów mikrobiologicznych uzyskuje w POLMICRO oceny pozytywne i otrzymuje certyfikaty wiarygodności.

IV-58

INWAZYJNA CHOROBA PNEUMOKOKOWA U OSÓB POWYŻEJ 65 R.Ż. W POLSCE W ROKU 2016**Wróbel I., Kuch A., Waśko I., Gołębiowska A., Ronkiewicz P., Kiedrowska M., Hryniewicz W., Skoczyńska A.**

Narodowy Instytut Leków, Polska

Słowa kluczowe: epidemiologia zakażeń i zarażeń

Streptococcus pneumoniae jest głównym czynnikiem wywołującym pozaszpitalne bakteryjne zakażenia inwazyjne, zwłaszcza w skrajnych grupach wiekowych: u dzieci poniżej 2 r.ż. i u dorosłych powyżej 65 r.ż. Celem badania była charakterystyka inwazyjnej choroby pneumokokowej (ICHp) u osób powyżej 65 r.ż. w Polsce.

Materiał i metody: Badaniem objęto przypadki ICHp z 2016r. potwierdzone w KOROUN metodą hodowlaną lub z wykorzystaniem PCR. Izolaty reidentyfikowano, serotypowano i określono ich najmniejsze stężenia hamujące (MIC) zalecanymi metodami.

Wyniki: Wśród 699 przypadków potwierdzonych w 2016r., 289 (41,4%) wystąpiło u osób powyżej 65 r.ż. Zapadalność na ICHp w tej grupie wiekowej wyniosła 4,76/100tys., a wskaźnik śmiertelności 49,3% wśród przypadków o znanym zejściu zakażenia. Największą liczbę zakażeń wywołały pneumokoki o serotypach: 3 (28,5%), 14 (11,1%) i 19A (7,6%). Pokrycie szczepionkowe dla szczepionek PCV10, PCV13 i PCV23 wyniosło odpowiednio 29,2%, 67,0% i 81,9%. Izolaty niewrażliwe na penicylinę stanowiły 21,6%, a szczepy wielolekooporne (MDR) 20,1% wszystkich izolatów.

Wnioski: U osób powyżej 65 r.ż. pneumokoki są częstą przyczyną zakażeń obarczonych wysokim wskaźnikiem śmiertelności. Wprowadzenie szczepień populacyjnych przeciw pneumokokom u polskich dzieci urodzonych po 1 stycznia 2017r. powinno w znaczący sposób wpłynąć na zmniejszenie liczby przypadków ICHp nie tylko u dzieci, ale również u dorosłych, co wykazały doświadczenia innych krajów.

IV-59

CZĘSTOŚĆ WYSTĘPOWANIA ZAKAŻEŃ CLOSTRIDIUM DIFFICILE U PACJENTÓW HOSPITALIZOWANYCH W LATACH 2013-2015 W ODDZIALE INTERNISTYCZNYM SZPITALA POWIATOWEGO W ZAWIERCIU

Gniadek A.¹, Jaworska K.², Gabryś T.³

¹ Zakład Zarządzania Pielęgniarstwem i Pielęgniarstwa Epidemiologicznego Wydziału Nauk o Zdrowiu, Uniwersytet Jagielloński – Collegium, Polska

² Zakład Zarządzania Pielęgniarstwem i Pielęgniarstwa Epidemiologicznego Wydziału Nauk o Zdrowiu, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

³ Zakład Pielęgniarstwa Internistycznego i Środowiskowego Wydziału Nauk o Zdrowiu, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne, bakterie beztlenowe i kapnofilne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Wprowadzenie: W ostatnich latach obserwuje się znaczący wzrost liczby zakażeń Clostridium difficile odpowiedzialnych za występowanie biegunk poantybiotykowych o różnym stopniu nasilenia.

Cel pracy: Celem pracy była ocena częstości występowania zakażeń C.difficile u pacjentów hospitalizowanych w oddziale internistycznym.

Materiał i metody: Badania przeprowadzono w 2016 roku w oparciu o retrospektywną analizę dokumentacji medycznej 88 pacjentów zakażonych C.difficile hospitalizowanych w latach 2013-2015 w oddziale internistycznym Szpitala Powiatowego w Zawierciu. Do analizy włączono także wyniki badań 153 próbek kału w których stwierdzono obecność C.difficile, a które pochodziły od tychże 88 chorych.

Wyniki: Pacjentów zakażonych C.difficile powyżej 65 roku życia było istotnie więcej (76,1%), niż poniżej 65 roku życia. Nie było istotnej różnicy statystycznej w liczbie zakażonych kobiet i mężczyzn. U chorych poddanych antybiotykoterapii znacznie częściej dochodziło do zakażeń C.difficile, niż u tych nie leczonych antybiotykami oraz istotnie więcej zakażeń występowało u chorych otrzymujących antybiotyki o szerokim spektrum działania. Nawrót zakażeń C.difficile powodował cięższy przebieg choroby, doprowadzając częściej do zgonu. 81,8% zakażeń C.difficile zaliczono do zakażeń szpitalnych.

Wnioski: Wraz z wiekiem pacjentów dochodziło do zwiększenia częstości zakażeń C.difficile. Stosowanie antybiotyków istotnie zwiększyło częstość i liczbę zakażeń.

IV-60

TYPOWANIE GENETYCZNE SZCZEPÓW MYCOBACTERIUM KANSASII POCHODZĄCYCH Z RÓŻNYCH KRAJÓW ŚWIATA

Bakuła Z.¹, Safianowska A.², van Ingen J.³, Ulmann V.⁴, Unzaga Baranano M.⁵, Won-Jung K.⁶, Jagielski T.¹

¹ Warszawa, Zakład Mikrobiologii Stosowanej, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Polska

² Warszawa, Katedra i Klinika Chorób Wewnętrznych, Pneumonologii i Alergologii, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

³ Department of Medical Microbiology, Radboud University Medical Center, Netherlands

⁴ Ostrava, Institute of Public Health, Czech Republic

⁵ Clinical Microbiology and Infection Control, Basurto Hospital, Spain

⁶ Seoul, Division of Pulmonary and Critical Care Medicine, Department of Medicine, Samsung Medical Center, Sungkyunkwan University School of Medicine, Korea, Democratic People's Republic of Korea

Słowa kluczowe: epidemiologia zakażeń i zarażeń

WSTĘP: Mycobacterium kansasii jest jednym z najczęściej izolowanych prątków niegruźliczych z próbek klinicznych na świecie.

W pracy zbadano frekwencję typów genetycznych w międzynarodowej kolekcji szczepów klinicznych M. kansasii. Otrzymane wyniki, analizowane w kontekście danych medycznych, miały wyświetlić potencjał chorobotwórczy poszczególnych genotypów M. kansasii.

METODY: Badanie objęło 325 szczepów klinicznych M. kansasii izolowanych w latach 2000-2015 w 11 krajach. Szczepy klasyfikowano jako pochodzące z przypadków mykobakteriozy wywołanej zakażeniem M. kansasii, według kryteriów American Thoracic Society.

Szczepki hodowano na pożywce Löwenstein'a-Jensen'a. DNA prątków izolowano przy użyciu zestawu GenoLyse (Hain). Typowanie genetyczne prowadzono metodą PCR-RFLP dla genu *tuf*.

WYNIKI: 305 (93.8%) szczepków reprezentowało I typ genetyczny, zaś 15 (4.7%) – II typ genetyczny.

Dwa (0.6%) szczepki należały do typu III i po jednym (0.3%) – do typu IV, V i VI.

Analiza dokumentacji medycznej wykazała, że 196 (64.3%) szczepków typu I, 6 (40%) typu II oraz 1 (50%) typu III pochodziło z przypadków potwierdzonej mykobakteriozy.

WNIOSKI: Potwierdzono dominację I i II typu genetycznego wśród szczepków klinicznych *M. kansasii*. Identyfikacja obu typów, choć wzmacnia podejrzenie kliniczne mykobakteriozy, nie pozwala na jej rozpoznanie. Obecnie stosowany format typowania genetycznego *M. kansasii* uniemożliwia różnicowanie szczepków wykazujących potencjał chorobotwórczy i klinicznie obojętnych.

IV-61

OGÓLNODOSTĘPNE ZABAWKI DLA DZIECI JAKO CZYNNIK TRANSMISJI DROBNOUSTROJÓW CHOROBTWÓRCZYCH

Flaga J.¹, Światowska A.¹, Tomasik A.¹, Skowronek K.¹, Zawadowicz A.¹, Bieniasz M.¹, Mertas A.²

¹ Studenckie Koło Naukowe STN przy Katedrze i Zakładzie Mikrobiologii i Immunologii w Zabrze, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

² Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Katedra i Zakład Mikrobiologii i Immunologii w Zabrzu ul. Jordana 19, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiom, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Dzieci bardzo chętnie korzystają z ogólnodostępnych zabawek, jednak może to prowadzić do transmisji drobnoustrojów chorobotwórczych za pośrednictwem abiotycznej powierzchni zabawek. Celem przeprowadzonych badań była mikrobiologiczna ocena powierzchni zabawek dla dzieci dostępnych w centrach handlowych, przedszkolu oraz na oddziałach szpitali pediatrycznych. Materiał do badań stanowiły 32 wymazy pobrane z ogólnodostępnych zabawek w dwóch centrach handlowych, przedszkolu oraz na dwóch oddziałach szpitali pediatrycznych.

Z pobranych wymazów wyizolowano ogółem 61 szczepów bakterii, wśród których zidentyfikowano patogenne szczepki *Staphylococcus epidermidis* MRCNS, *Staphylococcus haemolyticus* MRCNS oraz *Burkholderia cepacia*. Wyniki badań wykazały, że istnieje realne ryzyko transmisji chorobotwórczych drobnoustrojów za pośrednictwem wspólnie użytkowanych przez dzieci ogólnodostępnych zabawek. Przeprowadzona analiza wykazała, że największe ryzyko transmisji patogennych drobnoustrojów stanowiły zabawki ogólnodostępne w centrach handlowych.

IV-62

CZNNIKI WPŁYWAJĄCE NA DECYZJĘ DOTYCZĄĄ SZCZEPIEŃ PRZECIW GRYPIE WŚRÓD STUDENTÓW WOJSKOWEJ AKADEMII TECHNICZNEJ W WARSZAWIE

Woźniak-Kosek A.¹, Kosek J.²

¹ Zakład Diagnostyki Laboratoryjnej, Wojskowy Instytut Medyczny, Polska

² Klinika Otolaryngologii i Onkologii Laryngologicznej z Klinicznym Oddziałem Chirurgii Czaszkowo-Szczękowo-Twarzowej, Wojskowy Instytut Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: wirusologia, wakcynologia, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Badania ankietowe przeprowadzono w sezonie epidemicznym 2016/2017. Zastosowano sondaż diagnostyczny z użyciem kwestionariusza opracowanego przez autorów pracy. Ankieta zawierała informacje o zakresie i celu badania, metryczkę, a także 15 pytań badawczych podzielonych na trzy bloki tematyczne. W większości odpowiedzi udzielali mężczyźni 87,9%. Uzyskano wysoki odsetek prawidłowych odpowiedzi wg których najlepszym czasem na szczepienie przeciw grypie jest początek jesieni 75,7%. Osób, które odpowiedziały twierdząco, że słyszały o powikłaniach było 90,9%. Respondenci wykazali się także wysoką znajomością danych dotyczących corocznej śmiertelności z zięzaniej z zagrożeniem grypą. Prawidłową odpowiedź, że na świecie corocznie

umiera od pół do miliona osób, podało 81,8% respondentów. Z przeprowadzonych analiz wynika, że w grupie 33 osób nikt nie zaszczepił się przeciwko grypie w sezonie 2016/2017, 78,8% nigdy nie szczepiło się przeciwko grypie, 15,2% populacji studentów uczestniczących w badaniu odpowiedziało, że szczepi się nieregularnie lub sporadycznie. Powody niepodjęcia szczepienia dotyczyły przede wszystkim braku wiary w skuteczność szczepionki, przekonanie, że szczepienia nie chronią przed zachorowaniem oraz obawa przed działaniami niepożądanymi.

Pomimo apeli i rekomendacji wielu organizacji eksperckich, stan zaszczepienia wśród studentów przeciwko grypie pozostaje bardzo niski. W Polsce szacuje się, że odsetek zaszczepionych w całej populacji wynosi około 3,4%.

V-63

ODTWARZANIE NAJBARDZIEJ PRAWDOPODOBNYCH ŚCIEŻEK ZAKAŻEŃ W POLSKICH SZPITALACH NA PODSTAWIE GENOTYPU I FENOTYPU PATOGENÓW ORAZ DANYCH EPIDEMIOLOGICZNYCH

Jarynowski A.¹, Belik V.²

¹ Instytut Badan Interdyscyplinarnych, Polska

² Instytut Epidemiologii i Biometrii, Wolny Uniwersytet Berlina, Germany

Słowa kluczowe: genetyka, zakażenia szpitalne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Transmisje patogenów stanowią jeden z podstawowych elementów dynamiki chorób zakaźnych, a w szczególności zakażeń szpitalnych. Wykorzystując analizę ognisk oraz wywiad epidemiologiczny badacze odtwarzają z różnym skutkiem domniemane zdarzenia transmisyjne. Szczegółowe wyniki pochodzące z laboratoriów mikrobiologicznych pozwalają na umiejscowienie patogenów na ewolucyjnym drzewie filogenetycznym, czy identyfikację fenotypową, a co za tym idzie na systematyczne porównanie populacji patogenów pobranych od różnych chorych w różnych punktach czasowych. Optymalnym rozwiązaniem jest więc połączenie wiedzy mikrobiologicznej z epidemiologiczną, w celu opracowania rozprzestrzeniania się zakażeń szpitalnych, zwłaszcza że matematyczne podstawy już istnieją.

Odtwarzanie ścieżek matematycznie polega na symulowanej nawigacji (zgodnie z informacjami z wywiadu epidemiologicznego) po macierzy odległości między poszczególnymi populacjami patogenu.

Najczęściej stosowaną w literaturze przedmiotu metodą ustalania odległości (wymagającą jednak wcześniejszego sekwencjonowania pełnych funkcjonalnych fragmentów genomu) jest zliczanie polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (zegar ewolucyjny). My dodatkowo definiujemy odległość porównując wektory cech fenomenologicznych (wyniki projektu System Informatyczny Zakażeń Szpitalnych www.sirsz.pl).

Efektem naszych analiz jest identyfikacja źródeł własnych zakażeń oraz wskazanie potencjalnych brakujących ogniw ścieżek zakażeń.

V-64

ANALIZA MIKROBIOLOGICZNA ZAKAŻEŃ BAKTERYJNYCH ODDZIAŁÓW SZPITALNYCH W IGICHP W LATACH 2010-2014

Petroniec V., Iwańska A., Nowak J., Dziedzicka B., Augustynowicz-Kopeć E.

Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Lekooporność bakterii jest problemem globalnym. Powszechne stosowanie leków przeciwbakteryjnych doprowadziło do pojawienia się szczepów wielolekoopornych. Monitorowanie czynników wywołujących zakażenia oraz analiza lekooporności pozwala na wprowadzenie właściwej terapii antybiotykowej.

CEL

Celem pracy była analiza drobnoustrojów wyhodowanych z różnych materiałów od chorych hospitalizowanych w IGICHP w latach 2010-2014 i analiza lekooporności.

MATERIAŁ I METODY

Analizie poddano 18393 materiały z oddziałów zachowawczych i 13322 materiały z oddziałów zabiegowych pochodzące głównie z dróg oddechowych.

WYNIKI

W oddziałach zabiegowych i zachowawczych dominującą florą patogenną były pałeczki Enterobacteriaceae (3186 szczepów-37%) oraz pałeczki niefermentujące *P.aeruginosa*, *Acinetobacter* spp. (3128 szczepów-34%) najczęściej izolowane od chorych w oddziałach zabiegowych. Wśród ziarniaków Gram dodatnich dominującym patogenem był *S. aureus* (2317 szczepów-23%), natomiast pozostałe patogeny izolowane były znacznie rzadziej. W analizowanym okresie w oddziałach zachowawczych oporność na wszystkie grupy antybiotyków utrzymuje się na stałym niskim poziomie.

WNIOSKI

1. Monitorowane częstości występowania patogenów bakteryjnych ma znaczenie epidemiologiczne i kliniczne.
2. Mapa epidemiologiczna pozwala na śledzenie narastania lekooporności wśród patogenów wywołujących zakażenia na terenie całego szpitala.

V-65

OPIS OGNISKA EPIDEMICZNEGO WYWOŁANEGO PRZEZ KLEBSIELLA PNEUMONIAE ESBL(+) NA ODDZIALE NEONATOLOGICZNYM W SPSK 1 W SZCZECINIE**Pruss A.¹, Masiuk H.¹, Biłska I.², Jarosz K.³, Kwiatkowski P.¹, Giedrys-Kalemba S.⁴**¹ Katedra Mikrobiologii, Immunologii i Medycyny Laboratoryjnej, Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie, Polska² Laboratorium Mikrobiologiczne, Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny nr 1 w Szczecinie, Polska³ Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny nr 1 w Szczecinie, Polska⁴ ALAB Laboratoria, Warszawa, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, zakażenia szpitalne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Wstęp

Ogniska epidemiczne wywołane szczepami *Klebsiella pneumoniae* *obecne* są na całym świecie. Celem badania była analiza makrorestrikcyjna szczepów *K. pneumoniae* ESBL(+) wyizolowanych od noworodków w trakcie ogniska epidemicznego.

Materiał i metody

Badania prowadzono na oddziale neonatologicznym w SPSK nr 1 w Szczecinie w okresie 10.10-6.12.16 r. Od 18 noworodków (wiek 4 dni-4 tyg.) pobrano: krew, PMR, mocz, wymaz ze spojówek, wymaz z odbytu. Lekowrażliwość określono metodą dyfuzyjno-krążkową. Do analizy pokrewieństwa genetycznego wykorzystano elektroforezę pulsacyjną (PFGE).

Wyniki

U wszystkich noworodków z wymazów z odbytu wyizolowano *K. pneumoniae* ESBL(+). U 6 zainfekowanych dzieci potwierdzono obecność *K. pneumoniae* we krwi (3), moczu (3), PMR (1), spojówkach (1). U pozostałych pacjentów stwierdzono jedynie kolonizację odbytu. Wszystkie szczepy prezentowały ten sam wzorzec oporności na antybiotyki i należały do jednego typu genetycznego. Kolonizacja odbytu *K. pneumoniae* ESBL(+) i zakażenia dotyczyły noworodków z niską masą urodzeniową, niskim wiekiem ciążowym, mechaniczną wentylacją, obecnością cewnika moczowego lub komplikacjami w okresie ciąży.

Wnioski

Kolonizacja *K. pneumoniae* ESBL(+) jest ważnym czynnikiem ryzyka zakażeń na oddziałach neonatologicznych. Wyniki wskazują na konieczność przeprowadzenia skринingu w poszukiwaniu wielolekoopornych pałeczek zwiększających ryzyko infekcji u noworodków.

V-66

ZAKAŻENIE WIELOLEKOOPORNYM SZCZEPEM ACINETOBACTER BAUMANNII PRZENIESIONYM OD DAWCY DO BIORCÓW NARZĄDÓW UNACZYNIONYCH W OKRESIE POTRANSPLANTACYJNYM

Górski Ł.¹, Kawecki D.², Bieniasz M.¹, Kuthan R.³, Karpeta E.¹, Kosieradzki M.¹

¹ Katedra i Klinika Chirurgii Ogólnej i Transplantacyjnej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

³ Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne

WSTĘP: Acinetobacter baumannii to Gram ujemna pałeczka zwykle wywołująca zakażenia oportunistyczne. Oporność naturalna na większość stosowanych antybiotyków oraz status immunologiczny pacjentów po przeszczepieniu narządów predysponuje do ciężkich zakażeń i stanowi istotny problem terapeutyczny.

CEL: Opis przeniesienia zakażenia A.baumannii od dawcy narządów do trzech biorców przeszczepu wątroby i nerek.

MATERIAŁ I METODY: Pobranie narządów od biorcy zgodne z zasadami dystrybucji narządów. Profilaktyka okołoperacyjna i schemat leczenia immunosupresyjnego u biorców narządów unaczynionych według schematu/zaleceń Kliniki Chirurgii Ogólnej i Transplantacyjnej Szpitala Klinicznego Dzieciątka Jezus w Warszawie. Badania mikrobiologiczne próbek materiałów klinicznych przeprowadzone w Katedrze i Zakładzie Mikrobiologii Lekarskiej WUM wg. zaleceń KORLD/EUCAST.

WYNIKI: Charakterystyka wyizolowanych szczepów A.baumannii wykazała zgodność fenotypową materiału pobranego od dawcy z identyfikacją zakażenia u biorców narządów unaczynionych. Stwierdzono klinicznie istotne zakażenia miejsca operowanego (ZMO) u biorców nerek i wątroby wymagające poza leczeniem farmakologicznym - kolistyną i.v., postępowania chirurgicznego.

OMÓWIENIE: Rosnąca liczba izolowanych szczepów opornych na karbapenemy ogranicza dostępne opcje terapeutyczne. Niezbędna jest ścisła współpraca zespołu transplantacyjnego z laboratorium mikrobiologicznym.

V-67

WRAŻLIWOŚĆ SZCZEPÓW PAŁECZEK GRAM-UJEMNYCH Z RODZINY ENTEROBACTERIACEAE NA KARBAPENEMY – IZOLOWANYCH Z PRÓBEK MATERIAŁÓW KLINICZNYCH POBRANYCH OD PACJENTÓW HOSPITALIZOWANYCH W

Kawecki D.¹, Kuthan R.¹, Szymanek-Majchrzak K.¹, Lisik W.², Sawicka-Grzelak A.¹, Lagiewska B.², Czerwiński J.², Pliszczynski J.², Jóźwik A.², Młynarczyk G.¹, Kosieradzki M.²

¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Katedra i Klinika Chirurgii Ogólnej i Transplantacyjnej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne

Wstęp: Szczepy wielolekoopornych bakterii (MDR) szczególnie szczepy oporne na karbapenemy stanowią coraz większy problem w diagnostyce mikrobiologicznej i postępowaniu terapeutycznym w leczeniu zakażeń. Szybki rozwój mechanizmów oporności na antybiotyki wśród drobnoustrojów sprawia, że możliwości terapeutyczne antybiotykoterapii "celowanej" są często ograniczone lub kończą się niepowodzeniem.

Cel: Ocena występowania pałeczek Gram-ujemnych z rodziny Enterobacteriaceae na karbapenemy – CRE (Carbapenem Resistant Enterobacteriaceae) izolowanych z próbek materiałów klinicznych.

Materiał i Metody: Występowanie szczepów - pałeczek Gram-ujemnych z rodziny Enterobacteriaceae opornych na karbapenemy. Pacjenci z 45 łóżkowego oddziału chirurgicznego. W latach 2010–2015 r. hospitalizowano 14813 pacjentów. Badania szczepów izolowanych z próbek zgodnie z rekomendacjami EUCAST/KORLD, z wykorzystaniem VITEK2.

Wyniki: Z próbek materiałów klinicznych izolowano – 574 dodatnie posiewy, łącznie izolowano z nich 974 szczepy pałeczek Gram-ujemnych z rodziny Enterobacteriaceae. Wśród nich odsetek szczepów opornych CRE – wyniósł dla Ertapenemu – 3,2%, Imipenemu – 3,4%, Meropenemu – 2,4%. **Wnioski:** W leczeniu zakażeń u chorych transplantacyjnych konieczne jest monitorowanie szczepów bakteryjnych. Celowe jest badanie nosicielstwa u pacjentów „immunosupresyjnych” i izolowanie chorych ze szczepami wielolekoopornymi MDR (ang. Multi Drug Resistant).

V-68

MOLEKULARNA ANALIZA PAŁECZEK Z RODZINY ENTEROBACTERIACEAE WYTWARZAJĄCYCH KARBAPENEMAZY NDM W POLSCE: SYTUACJA EPIDEMIOLOGICZNA W LATACH 2015-2016.**Machulska M.¹, Baraniak A.¹, Izdebski R.¹, Fielt J.¹, Żabicka D.², Bojarska K.², Literacka E.², Kozińska A.², Herda M.², Hryniewicz W.², Gniadkowski M.¹**¹ Zakład Mikrobiologii Molekularnej, Narodowy Instytut Leków, Polska² Zakład Epidemiologii i Mikrobiologii Klinicznej, Narodowy Instytut Leków, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, zakażenia szpitalne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Rozprzestrzenianie się wieloopornych pałeczek Gram-ujemnych jest obecnie wielkim wyzwaniem dla zdrowia publicznego. Dotyczy to szczególnie szczepów wszechobecnych pałeczek Enterobacteriaceae wytwarzających karbapenemazy, enzymy zdolne do hydrolizy karbapenemów, „leków ostatniej szansy” w leczeniu ciężkich zakażeń wywoływanych przez te drobnoustroje. Od końca 2012r. Polska odnotowuje szybki wzrost liczby izolatów *Klebsiella pneumoniae* wytwarzających NDM, który w latach 2012-2014 przypisano epidemii klonu *K. pneumoniae* ST11 NDM-1. Natomiast w marcu 2015r. u polskich ofiar zamachu terrorystycznego w Tunezji zidentyfikowano szczepy *K. pneumoniae* ST147 NDM-1. W pracy zbadano szczepy Enterobacteriaceae NDM z okresu 03.2015-12.2016. Analizowano 2138 izolaty potwierdzone jako NDM w Krajowym Ośrodku Referencyjnym ds. Lekowrażliwości Drobnoustrojów. Stwierdzono znaczący polimorfizm struktury transpozonu Tn125 (10 wariantów). Wariant charakterystyczny dla epidemicznego klonu *K. pneumoniae* ST11 NDM-1 zaobserwowano aż u 2094 izolatów (98%). Wariant typowy dla *K. pneumoniae* ST147 NDM-1 wykryto u 17 izolatów (0,8%). Typowanie PFGE i MLST obu grup szczepów wykazało ich przynależność odpowiednio do klonów ST11 i ST147. Wyniki te wskazują na dalszy postęp epidemii *K. pneumoniae* ST11 NDM oraz początki szerzenia się *K. pneumoniae* ST147 NDM w kraju.

V-69

ANALIZA WYSTĘPOWANIA GENU POMPY EFFLUKSOWEJ MSRA WŚRÓD WIELOLEKOPORNYCH SZCZEPÓW Z GATUNKU STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS**Skiba-Kurek I.¹, Nowak P.¹, Karczewska E.¹, Sowa-Sierant I.², Żak I.², Budak A.¹**¹ Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska² Zakład Mikrobiologii Klinicznej, Uniwersytecki Szpital Dzieciątka, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, zakażenia szpitalne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Staphylococcus epidermidis jest istotnym czynnikiem etiologicznym szpitalnych posocznici u noworodków. Szpitalne szczepy *S. epidermidis* charakteryzują się wysoką opornością na wiele leków. Zjawisko to może być uwarunkowane m.in. przez aktywne wypompowywanie leków z wnętrza komórki przy udziale pomp należących do rodziny transporterów błonowych ABC, ATP-zależnych. Celem badań było potwierdzenie obecności genu pompy effluksowej *msrA*, w grupie 101 metycylinoopornych szczepów *S. epidermidis*. Badaniem objęto 101 izolatów *S. epidermidis*, pochodzących z krwi od noworodków hospitalizowanych w Oddziale Intensywnej Terapii Uniwersyteckiego Szpitala Dzieciątka w Krakowie w latach 2012-2015. Wyselekcjonowane szczepy charakteryzowały się wielolekoopornością wykazaną w badaniach fenotypowych i genetycznych. Wykrywanie genów pompy effluksowej *msrA* przeprowadzono w reakcji multiplex PCR z zastosowaniem odpowiednich starterów, wobec szczepu *S. aureus* ATCC BAA-976 (*msr*⁺). U 9 (8,9%) szczepów *S. epidermidis* (MRSE), wykazano obecność genu *msrA* warunkującego występowanie badanej pompy effluksowej, o potwierdzonym w badaniach fenotypie MS_B. Poznanie i zbadanie bakteryjnego systemu wyrzutu leku ma istotne znaczenie kliniczne i sugeruje konieczność podjęcia badań mających na celu znalezienie inhibitorów pompy effluksowej *msrA*.

V-70

WYSTĘPOWANIE SYSTEMÓW POMP AKTYWNIE USUWAJĄCYCH ANTYBIOTYKI U KLINICZNYCH IZOLATÓW STENOTROPHOMONAS MALTOPHILIA.

Zajac O., Laudy A., Tyski S.

Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, zakażenia szpitalne

Stenotrophomonas maltophilia jest jedną z najczęściej izolowanych pałeczek Gram-ujemnych niefermentujących odpowiedzialnych z zakażenia szpitalne. Jednym z głównych mechanizmów oporności tych szczepów na związki przeciwbakteryjne jest obecność pomp MDR (multidrug-resistance), które usuwają antybiotyki i chemioterapeutyki na zewnątrz komórek bakterii. Celem prac było poszukiwanie obecności pomp błonowych, odpowiedzialnych za oporność wielolekową, należących do rodziny RND (t.j. systemów SmeVWX, SmeGH, SmeOP, SmeMN) u klinicznych szczepów *Stenotrophomonas maltophilia*.

Badania prowadzono na kolekcji 94 szczepów klinicznych *S. maltophilia* wyizolowanych od chorych hospitalizowanych w warszawskich szpitalach. Obecność pomp błonowych wykrywano przy użyciu reakcji PCR z zastosowaniem pojedynczej pary starterów. Uzyskiwano produkty reakcji PCR o wielkości od 314pz do 843pz, które rozdzielano elektroforetycznie w 1,5% żelach agarozowych. Obecność systemów pomp wykazano u każdego z badanych szczepów. System SmeVWX wykryto u 93 izolatów (98,9%), SmeOP u 90 izolatów (95,7%), natomiast systemy SmeGH i SmeMN były obecne u wszystkich badanych izolatów z kolekcji.

Wykazana u znacznego odsetka badanych szczepów *S. maltophilia* obecność różnych systemów pomp wskazuje na ich szerokie rozpowszechnienie, co może mieć znaczenie w tak częstej i dużej lekooporności izolatów tego gatunku.

V-71

PIERWSZA IDENTYFIKACJA PSEUDOMONAS AERUGINOSA NDM W POLSCE.

Urbanowicz P.¹, Baraniak A.¹, Machulska M.¹, Izdebski R.¹, Żabicka D.², Ziółkowski G.³, Hryniewicz W.², Gniadkowski M.¹¹ Zakład Mikrobiologii Molekularnej, Narodowy Instytut Leków, Polska² Zakład Epidemiologii i Mikrobiologii Klinicznej, Narodowy Instytut Leków, Polska³ Zakład Mikrobiologii, Wojewódzki Szpital Specjalistyczny nr 6, Sosnowiec., Polska

Słowa kluczowe: genetyka, zakażenia szpitalne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Pałeczki Gram-ujemne wytwarzające karbapenemazy (np. KPC, MBL, OXA) są jednym z największych zagrożeń współczesnej medycyny zakażeń. Posiadana przez te enzymy szeroka specyficzność wobec β -laktamów, plus obecność innych mechanizmów lekooporności powodują, że wytwarzające je patogeny są wielooporne, stanowiąc poważny problem kliniczny. W ostatnim czasie szczególną uwagę poświęca się pałeczkom jelitowym produkującym MBL typu NDM. Obecnie w Polsce obserwuje się gwałtowny wzrost przypadków zakażeń oraz kolonizacji *Klebsiella pneumoniae* NDM. W niniejszej pracy opisany jest pierwszy izolat *Pseudomonas aeruginosa* wytwarzający NDM w kraju, wyizolowany w 2014r. od pacjenta oddziału okulistycznego szpitala w Sosnowcu. Typowanie metodami PFGE-RFLP i MLST wykazało, że szczep ten posiada unikalny pulsotyp, inny od szczepów *P. aeruginosa* MBL izolowanych w latach 2005-2015 w Polsce. Ponadto, jako jedyny należał do rzadko identyfikowanego w kraju klonu ST234. Analiza struktury transpozonu Tn125, w którym zlokalizowany jest gen bla_{NDM1}, wykazała jego unikatowy wariant, nieobserwowany u *Enterobacteriaceae* w Polsce. Poza obszarami endemicznymi, *P. aeruginosa* NDM występuje rzadko, a historia pacjenta nie zawierała informacji o związkach z tymi regionami. Pojawienie się szczepu było niezależne od zachodzącej w kraju epidemii *K. pneumoniae* NDM, natomiast może zapoczątkować rozprzestrzenianie się kolejnego niebezpiecznego drobnoustroju.

VI-72

WRAŻLIWOŚĆ NA LEKI GŁÓWNYCH PATOGENÓW ODPOWIEDZIALNYCH ZA POZASZPITALNE ZAKAŻENIA DRÓG ODDECHOWYCH W POLSCE

Gołębiewska A.¹, Kuch A.¹, Waśko I.¹, Ronkiewicz P.¹, Wróbel I.¹, Kiedrowska M.¹,
Zieniuk B.², Hryniewicz W.¹, Skoczyńska A.¹

¹ Narodowy Instytut Leków, Polska

² SGGW, Polska

Słowa kluczowe: epidemiologia zakażeń i zarażeń

Pozaszpitalne zakażenia dróg oddechowych (ZDO) należą do najczęstszych infekcji u człowieka. Ich leczenie, na ogół empiryczne, wymaga wiedzy na temat wrażliwości bakterii na leki przeciwdrobnoustrojowe.

Cel pracy. Celem pracy było poznanie wrażliwości na antybiotyki głównych czynników etiologicznych pozaszpitalnych ZDO (*S. pneumoniae*, *H. influenzae* i *S. pyogenes*) wyizolowanych w 2016r.

Materiał i metody. Badaniu poddano 479 izolatów (*S. pneumoniae* n=238, *H. influenzae* n=98, *S. pyogenes* n=143), pochodzących z polskich ośrodków; przeprowadzono ich reidentyfikację i oznaczono najmniejsze stężenia hamujące (MIC) metodą mikrorozcieńczeń w bulionie.

Wyniki. W badanej puli pneumokoków wrażliwość na penicylinę charakteryzowała 81,1-95,0% izolatów, w zależności od możliwości zwiększenia dawki leku. Wrażliwość na makrolidy wykazało 68,9% pneumokoków; wśród izolatów opornych mechanizm konstytutywny wykryto u 83,8%, indukcyjny u 1,4%, a 14,9% wykazało oporność typu M. Wielolekooporność (MDR) charakteryzowała 28,1% izolatów. Wśród izolatów *H. influenzae* 85% było wrażliwych na ampicilinę. Wytwarzanie β-laktamaz zaobserwowano u 12,2%, natomiast mechanizm BLNAR wykryto u 14,3%. Odsetek izolatów *S. pyogenes* wrażliwych na erytromycynę i tetracyklinę wyniósł odpowiednio 83,9% i 83,2%.

VI-73

LEKOWRAŻLIWOŚĆ I POZIOM TWORZENIA BIOFILMU PRZEZ KLINICZNE SZCZEPY STAPHYLOCOCCUS IZOLOWANE OD OSÓB Z CHOROBYMI HEMETOLOGICZNYMI

Stefańska J.¹, Stępień K.², Wójcik A.³, Tyski S.⁴

¹ Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

³ Studenckie Koło Naukowe przy ZMF, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

⁴ Zakład Mikrobiologii i Antybiotyków, Narodowy Instytut Leków, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne, diagnostyka zakażeń

Celem pracy była ocena lekowrażliwości klinicznych szczepów gronkowców izolowanych w okresie ok. pół roku od osób z chorobami hematologicznymi oraz badanie zależności między zdolnością szczepów do produkcji śluzu na podłożu Congo Red Agar i poziomem tworzonego biofilmu. Lekowrażliwość 65 izolatów (32 *S. aureus*, oraz 33 z gatunków koagulazo-ujemnych) oznaczono metodą krążkowo-dyfuzyjną (wg. CLSI i EUCAST). Poziom tworzenia biofilmu oznaczano spektrofotometrycznie (MTT). Kontrolę stanowiły szczepy wzorcowe *S. epidermidis*: ATCC 12228 i ATCC 35984 oraz *S. aureus* ATCC 29213. Zdolność do produkcji śluzu badano na podłożu CRA, a wygląd kolonii oceniano po 48 h inkubacji (24 h, 37°C+ 24 h, temp. pokojowa w ciemności). W grupie badanej było 7 szczepów MRSA oraz 28 MRCNS. U 10 szczepów wykryto indukcyjny mechanizm oporności na makrolidy, linkozamidy i streptograminy B (MLS_B). Żaden szczep nie był oporny na linezolid i tygecylinę. Około 50% szczepów produkowało śluz na poziomie średnim, ok. 30% - nie produkowało śluzu. Ponad 40% izolatów tworzyło biofilm na poziomie średnim, a tylko ok. 20% - na poziomie niskim. Szczepy metycylinooporne zdecydowanie przeważały w grupie gronkowców koagulazo-ujemnych. Zaobserwowano zależność między zdolnością do tworzenia przez badane szczepy śluzu i poziomem produkcji biofilmu. Może to świadczyć o zdolności szczepu do kolonizacji wyrobów medycznych i jego większej patogenności.

VI-74

LEKOWRAŻLIWOŚĆ SZCZEPÓW KLINICZNYCH NEISSERIA GONORRHOEAE NA AZYTROMYCYNĘ IZOLOWANYCH W LATACH 2013-2014

Walter de Walthoffen S.¹, Młynarczyk A.²¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, I Wydział Lekarski Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego, Polska² Zakład Mikrobiologii Stomatologicznej, Wydział Lekarsko-Dentystyczny Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, choroby zakaźne, bakterie beztlenowe i kapnofilne

WSTĘP

Pojawienie się szczepów wielolekoopornych *Neisseria gonorrhoeae* stało się w ostatnich latach jednym ze światowych zagrożeń epidemiologicznych. Najbardziej istotna jest oporność na ceftriaksone i azytromycynę. Przyczyną oporności szczepów *Neisseria gonorrhoeae* na azytromycynę są mutacje genu kodującego domenę V 23S rRNA. Mutacje mogą występować we wszystkich 4 allelach genu lub w mniejszej liczbie alleli.

MATERIAŁ I METODY

Badaniom poddano 155 szczepów *N. gonorrhoeae* pozyskanych z Zakładu Diagnostyki Chorób Przenoszonych Drogą Płciową Szpitala Dzieciątka Jezus w Warszawie w latach 2013-2014. Ocena wrażliwości szczepów *N. gonorrhoeae* na antybiotyki przeprowadzona została z wykorzystaniem metody dyfuzyjno-krążkowej oraz metodą rozcieńczeń antybiotyku w podłożu stałym. Szczepy odporne badano dodatkowo metodą E-testów. Badanie przeprowadzono i wyniki interpretowano zgodnie z zaleceniami CLSI oraz EUCAST.

WYNIKI

Wśród 155 szczepów *N. gonorrhoeae* 153 szczepy w metodzie dyfuzyjno-krążkowej zinterpretowano jako odporne, a metodą rozliczeniową w podłożu stałym 6 szczepów wykazywało oporność na azytromycynę. Wszystkie odporne szczepy w metodzie rozcieńczeniowej miały MIC powyżej 1 mg/l, a 3 szczepy powyżej 4 mg/l.

WNIOSKI

1. Metoda dyfuzyjno-krążkowa jest obciążona dużym błędem i należało by zaktualizować interpretację tej metody.
2. Oporność na azytromycynę występowała wśród badanych szczepów *N. gonorrhoeae* z częstością 3,87%.

VI-75

AKTUALNY OBRAZ LEKOWRAŻLIWOŚĆ SZCZEPÓW NEISSERIA GONORRHOEAE IZOLOWANYCH Z ZAKAŻEŃ U MĘŻCZYZN

Biłatecka J.¹, Laskowska M.¹, Bucata-Śladowska K.¹, Kasprowicz A.¹¹ Centrum Badań Mikrobiologicznych i Autoszczepionek im. Jana Bobra w Krakowie, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, związki przeciwdrobnoustrojowe

WSTĘP

Neisseria gonorrhoeae (GNC) jest czynnikiem etiologicznym rzeżączki. Zgodnie z rekomendacjami antybiotykami z wyboru w leczeniu zakażenia są penicyliny lub fluorochinolony. Wyniki analiz mikrobiologicznych wskazują na narastanie lekooporności i konieczność wykonania antybiogramu.

CEL
Celem pracy była analiza aktualnego obrazu lekowrażliwości szczepów *N. gonorrhoeae*.

MATERIAŁ I METODY

Przeanalizowano 31 przypadków (mężczyźni z objawami uretritisa). U wszystkich pacjentów wykonano preparat bezpośredni barwiony metodą Grama i posiewy z uwzględnieniem selektywnego podłoża do hodowli GNC. Materiały inkubowano w atmosferze CO₂ w temp. 35°C przez 48h.

Po inkubacji wykonywano preparat barwiony metodą Grama, test na oksydazę oraz przeprowadzano identyfikacje z użyciem systemu MALDI TOF lub systemu VITEK 2. Oznaczono wrażliwość na antybiotyki zgodnie z zaleceniami EUCAST z użyciem E-testów stosując metodykę badań zgodnie z zaleceniami producenta.

WYNIKI

Przebadano 31 szczepów *N. gonorrhoeae*. Były one w 75% wrażliwe na penicylinę, w 100% na cefotaksym, w 70% na azytromycynę, w 35% na ciprofloksacynę i w 55% na tetracyklinę.

WNIOSKI

Wyniki wskazują na konieczność wykonywania oznaczeń lekowrażliwości szczepów *N. gonorrhoeae*.

VI-76

**OPORNOŚĆ KLINICZNYCH IZOLATÓW PAŁECZEK
CAMPYLOBACTER JEJUNI IZOLOWANYCH
W LATACH 2007 – 2015****Wołkowicz T.¹, Wieczorek K.², Duda U.³, Osek J.²**¹ Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - Państwowy Zakład Higieny, Polska² Zakład Higieny Żywności Pochodzenia Zwierzęcego, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy, Polska³ Oddział Laboratoryjny, Powiatowa Stacja Sanitarno - Epidemiologiczna, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, choroby zakaźne, związki przeciwdrobnoustrojowe

Wstęp

Pałeczki *Campylobacter jejuni* są w Europie najczęstszą przyczyną bakteryjnych biegunek. Według danych opublikowanych w raporcie EFSA/ECDC w roku 2015 odnotowano 229 213 przypadków zakażeń. Leczenie kampylobakteriozy, zazwyczaj nie wymaga antybiotykoterapii. W leczeniu stosuje się takie antybiotyki jak makrolidy, tetracyklina czy fluorochinolony.

Materiał i Metody

W poniższym badaniu zestawiono dane Zakładu Bakteriologii NIZP-PZH dotyczące lekowrażliwości pałeczek *C. jejuni* izolowanymi na terenie Polski w latach 2007–09 z nowszymi danymi z lat 2011–15. Łącznie przebadano 616 izolatów *C. jejuni*. Dla wszystkich szczepów oznaczono wartości MIC etyromycyny, tetracykliny oraz ciprofloksacyny. Wyniki interpretowano zgodnie z wytycznymi EUCAST.

Wyniki

Uzyskane wyniki wskazują na bardzo wysoki odsetek opornych na fluorochinolony pałeczek *C. jejuni* (wzrost z 68% w roku 2007 do aż 91% w roku 2013. Odnotowano także gwałtowny wzrost odsetka szczepów opornych na tetracyklinę (z 22% w roku 2007 do aż 79% w roku 2012). Oporność na makrolidy wciąż jest znikoma. Odnotowano jedynie 3 szczepy oporne w roku 2008 oraz 2 w roku 2009.

Wnioski

Przeprowadzone badania wskazują na bardzo wysoki wzrost odsetka opornych szczepów *C. jejuni* na fluorochinolony i tetracyklinę, co może się przekładać na bardzo duże prawdopodobieństwo niepowodzenia terapeutycznego. Równocześnie w dalszym ciągu oporność na makrolidy jest znikoma.

VI-77

**BADANIE ANTYBIOTYKOOPORNOŚCI BIOFILMU SZCZEPÓW
STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS I STAPHYLOCOCCUS
HAEMOLYTICUS, IZOLOWANYCH Z ZAKAŻEŃ NOWORODKÓW
Z BARDZO MAŁĄ MASĄ URODZENIOWĄ (VLBW).****Grzebyk M., Brzychczy-Włoch M., Heczko P.**

Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Katedra Mikrobiologii, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, zakażenia szpitalne, związki przeciwdrobnoustrojowe

W ostatnich latach znaczenie zakażeń związanych z biofilmem wzrasta, a za jedną z głównych przyczyn trudności terapeutycznych uznaje się jego niewrażliwość na antybiotyki. W pracy oceniono antybiotykooporność biofilmu 10 szczepów *S. epidermidis* i 10 szczepów *S. haemolyticus*, izolowanych z zakażeń noworodków z bardzo małą masą urodzeniową. Biofilm hodowano 24 godz. w płytce 96-dotkowej w podłożu płynnym MHIB. Następnie dodawano medium zawierające antybiotyki i inkubowano 20 godz. Zastosowano antybiotyki: amikacyna, klindamycyna, linezolid, ofloksacyna, teikoplanina i wankomycyna w stężeniach od 64 do 4096 µg/ml. Następnie dodawano 5 µl resazury, inkubowano 1 godz i mierzono absorbancję przy λ= 570nm oraz λ= 600nm. Granatowa resazury w obecności żywych komórek ulega redukcji, zmieniając barwę na różową. Wartość MIC stanowiło stężenie antybiotyku, skutkujące obniżeniem redukcji resazury poniżej 50%.

Dla *S. epidermidis* wartość MIC amikacyny, klindamycyny oraz linezolidu wynosiła 2048-4096 µg/ml, wankomycyny 1024-4096 µg/ml, teikoplaniny 256-4096 µg/ml, zaś ofloksacyny 64-1024 µg/ml. Dla *S. haemolyticus* wartość MIC amikacyny wynosiła 4096 µg/ml, linezolidu 2048-4096 µg/ml, klindamycyny i wankomycyny 1024-4096 µg/ml, teikoplaniny 512-4096 µg/ml, zaś ofloksacyny 64-512 µg/ml.

Biofilm tworzony przez badane szczepy charakteryzował się bardzo wysoką antybiotykoopornością. Większość szczepów tworzyło biofilm praktycznie niewrażliwy na wszystkie antybiotyki, poza ofloksacyną.

VI-78

ZMNIEJSZONY POTENCJAŁ WIRULENTNY ORAZ KODOWANE PLAZMIDOWO MECHANIZMY OPORNOŚCI NA FLUOROCHINOLONY (PMQR) U SZCZEPÓW ESCHERICHIA COLI IZOLOWANYCH OD PACJENTÓW AMBULATORYJNYCH Z ZUM

Chmielewska S., Król M., Daniluk T., Piskór B., Kaczmarzyk D., Leszczyńska K.
Białystok, Zakład Mikrobiologii, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, diagnostyka zakażeń

Narastająca oporność na antybiotyki u uropatogennych szczepów *Escherichia coli* (UPEC) skutecznie ogranicza terapię ZUM.

Celem pracy jest ocena zależności między występowaniem genów czynników wirulencji a opornością na antybiotyki jak również zbadanie kodowanych plazmidowo mechanizmów oporności na fluorochinolony (PMQR) u szczepów *E. coli* izolowanych od pacjentów ambulatoryjnych z ZUM.

Analizie mikrobiologicznej poddano łącznie 113 szczepów UPEC. Identyfikację przeprowadzono w oparciu o profil białkowy (MALDI-TOF-MS). Ocenę częstości występowania genów kodujących 1/czynnik wirulencji (*fimH*, *papC*, *sfaDE*, *afaBC*, *iroN*, *irp*², *hlyA*, *cnf1*, *vat*, *traT*, *agn43*, *usp*) jak również 2/PMQR przeprowadzono w oparciu o metodę PCR. Lekowrażliwość szczepów określono za pomocą metody dyfuzyjno-krążkowej.

Stwierdzono istotną statystycznie zależność pomiędzy opornością na fluorochinolony a brakiem u szczepów UPEC genów czynników wirulencji tj. *papC*, *sfaDE*, *vat*, *hlyA*, *cnf1*, *usp*. Ponadto, u 58,8% UPEC opornych na ciprofloksacynę wykazano PMQR, przy czym u 52,9% bakterii mechanizm ten związany był z produkcją białek Qnr, zaś u 11,7 % szczepów z produkcją enzymu AAC(6')-Ib-cr.

Podsumowując, wykazano zmniejszony potencjał wirulencji szczepów UPEC opornych na fluorochinolony. Co więcej, mechanizm PMQR związany był z obecnością genów *qnrS* i *aac(6')-Ib-cr*. Ponadto, ocena zależności między wirulotypem a lekoopornością UPEC może być pomocna w opracowaniu nowych opcji terapeutycznych w leczeniu ZUM.

VI-79

CHARAKTERYSTYKA GENETYCZNA SZCZEPÓW KLEBSIELLA PNEUMONIAE OPORNYCH NA ANTIBIOTYKI BETA-LAKTAMOWE

Daniluk T.¹, Fiedoruk K.¹, Kliber M.¹, Leszczyńska K.¹

¹ Zakład Mikrobiologii, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, zakażenia szpitalne

WSTĘP

W ostatnich latach obserwuje się szybki wzrost oporności *Klebsiella pneumoniae* na antybiotyki β-laktamowe, co w głównej mierze związane jest z powstawaniem i nabywaniem nowych wariantów β-laktamaz typu ESBL, głównie cefotaksymaz (CTX-M).

CEL

Ocena lekowrażliwości i stopnia zróżnicowania genetycznego ESBL-dodatnich szczepów *K. pneumoniae* oraz analiza sekwencji insercyjnych (IS) położonych w bezpośrednim sąsiedztwie genów *bla*CTX-M.

MATERIAŁ I METODY

Typowanie genetyczne 63 szczepów *K. pneumoniae* wyizolowanych z materiałów klinicznych przeprowadzono w oparciu o metodę PFGE. Lekowrażliwość oceniano wg zaleceń EUCAST. Typy β-laktamaz CTX-M oraz sekwencje IS identyfikowano w oparciu o reakcję PCR.

WYNIKI

Wśród przebadanych szczepów wykryto geny *bla*CTX-M z grup: CTX-M-1 (98,4%) i CTX-M-9 (1,6%), w otoczeniu których rozpoznano sekwencje IS typu: ISEcp1 (93,6%) oraz IS903 (1,6%). Oporność na aminoglikozydy (gentamicynę i amikacynę), wykryto odpowiednio u 87,3% i 58,7% szczepów. Szczepy wykazywały też wysoką częstość oporności na kotrimoksazol - 68,3% i tetracykliny - 23,8%. Wszystkie szczepy były wrażliwe na karbapenemy.

WNIOSKI

1. Typ CTX-M-1 okazał się dominującym typem β-laktamazy wśród przebadanych szczepów.
2. Najczęściej występującą sekwencją insercyjną o otoczeniu genów *bla*CTX-M jest ISEcp1.

VI-80

WYSTĘPOWANIE GENÓW ODPOWIEDZIALNYCH ZA TWORZENIE BIOFILMU U SZCZEPÓW PSEUDOMONAS AERUGINOSA ORAZ ICH KORELACJA Z WYSTĘPOWANIEM OPORNOŚCI NA POWSZECHNIE STOSOWANE ANTYBIOTYKI

Mikołajczyk D., Machul-Żwirbła A., Strus M., Heczko P.

UJ CM, Kraków, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, diagnostyka zakażeń

Tworzenie biofilmu bakteryjnego jest integralną częścią wielu schorzeń powodując znaczne komplikacje procesu leczenia. Z tych powodów uwaga naukowców skupia się na poznawaniu mechanizmów wywołujących powstawanie biofilmu oraz czynników, które wpływają na jego ilość jak i trójprzestrzenną budowę. Uzyskanie odpowiedzi na te pytania umożliwi następnie skuteczne zwalczanie tworzenia egzopolisacharydu oraz jego redukcję.

Głównym celem była analiza profili genetycznych szczepów *P.aeruginosa*. Ponadto postanowiono sprawdzić korelację między występowaniem genów odpowiedzialnych za wirulentność szczepów, a ich lekowrażliwością.

Do badań wykorzystano kolekcję szczepów *Pseudomonas aeruginosa* zgromadzonych przez Katedrę Mikrobiologii UJ CM od pacjentów z ranami stopy cukrzycowej. Badania wykonano w ramach grantu: K/DSC/003092. Pierwszym etapem badań było określenie lekowrażliwości skolekcjonowanych szczepów na antybiotyki rekomendowane przez EUCAST oraz charakterystyka pod względem genetycznym. Zostały przeprowadzone analizy dla genów odpowiedzialnych za tworzenie biofilmu m.in.: *algD* (koduje dehydrogenazę mannozy promującą produkcję alginianu przez komórki), *aprA* (zakłóca tworzenie fimbrii oraz dezaktywuje białka obronne gospodarza) oraz *rhlAB* (reguluje syntezę ramnolipidów).

Otrzymane wyniki wykazały wrażliwość izolatów na rekomendowane antybiotyki oraz potwierdziły obecność genów odpowiedzialnych za tworzenie biofilmu u większości szczepów.

VI-81

AKTYWNOŚĆ LIPOLITYCZNA WANKOMYCNOOPORNYCH IZOLATÓW ENTEROCOCCUS FAECIUM

Talaga-Ćwiertnia K., Krzyściak P., Bulanda M.

Katedra Mikrobiologii Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, zakażenia szpitalne

Aktywność lipolityczną oceniono dla 174 wankomycyopornych szczepów *E. faecium* (VREfm) wyizolowanych z różnych materiałów klinicznych. Do badania zastosowano podłoża agarowe z dodatkiem substratów tłuszczowych (ester kw. laurynowego – T20, ester kw. palmitynowego – T40, ester kw. stearynowego – T60, ester kw. oleinowego – T80) a aktywność fosfolipazy oznaczono na podłożu z dodatkiem żółtka jaja kurzego. Odpowiednio dla 124 (71,3%) T20, 76 (43,6%) T40, 69 (39,6%) T60, 124 (71,3%) T80 szczepów badanych potwierdzono wytwarzanie enzymu lipolitycznego na podłożu zawierającym dodatek odpowiedniego kwasu tłuszczowego, a 72 (43,4%) szczepów dla esterazy. Izolaty VREfm częściej wykazywały aktywność lipolityczną na podłożu z T20 i T80 w porównaniu do aktywności na podłożu z dodatkiem T40 i T60. Pomiędzy szczepami VREfm izolowanymi z odbytu a szczepami pochodzącymi z materiałów klinicznych (krew, mocz, rany, wymaz z drenu, ileostomia) nie wykazano różnic statystycznych w aktywności lipolitycznej na żadnym z badanych podłoży (test χ^2 ; dla T20 $p=1$, dla T40 $p=0,653$, dla T60 $p=0,403$, dla T80 $p=1$, dla żółtka $p=1$). Aktywność lipolityczna jest powszechną cechą wśród izolatów VREfm. Rodzaj materiału klinicznego, z którego izolowano szczepy VREfm nie wpłynął na zdolność hydrolizy estrów kw. tłuszczowych oraz żółtka jaja kurzego.

VI-82

OCENA WYSTĘPOWANIA WYBRANYCH DETERMINANT OPORNOŚCI W GRUPIE WIELOLEKOOPORNYCH SZCZEPÓW ACINETOBACTER BAUMANNII

Nowak P.¹, Skiba-Kurek I.¹, Mrowiec P.¹, Dziadecka J.², Kędzierska J.², Budak A.¹

¹ Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej Wydział Farmaceutyczny Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Zakład Mikrobiologii Szpitala Uniwersyteckiego w Krakowie, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka

WSTĘP

Acinetobacter baumannii to Gram-ujemna pałeczka stanowiąca istotny czynnik etiologiczny zakażeń u pacjentów hospitalizowanych. Szczepy z gatunku *A. baumannii* charakteryzują się wysoką naturalną opornością oraz dużą zdolnością do nabywania oporności na stosowane w terapii zakażeń leki. Oporność u *A. baumannii* jest uwarunkowana m.in. przez wytwarzanie enzymów inaktywujących antybiotyki oraz systemy aktywnego wyrzutu leków.

CEL

Celem badań była analiza występowania u szczepów *A. baumannii* genetycznych determinant oporności wybranych enzymów z grupy OXA oraz pompy efluksowej AdeABC.

MATERIAŁ I METODY

Badaniem objęto 36 szczepów *A. baumannii* pochodzących od hospitalizowanych pacjentów. Przy użyciu metody multiplex PCR zbadano występowanie genów spokrewnionych z *bla*_{OXA-51}, *bla*_{OXA-23} oraz *bla*_{OXA-40}. Wykrycie genów strukturalnych pompy AdeABC przeprowadzono w oddzielnych reakcjach PCR.

WYNIKI

U wszystkich badanych szczepów wykazano obecność genów spokrewnionych z *bla*_{OXA-51}. U 27 szczepów stwierdzono obecność genów *bla*_{OXA-23-like}, natomiast u 6 - *bla*_{OXA-40-like}. Występowanie genów *adeA*, *adeB*, *adeC* odnotowano u wszystkich szczepów.

WNIOSKI

1. Oporność w badanej grupie szczepów *A. baumannii* może być uwarunkowana przez współwystępujące karbapenemazy z grupy OXA oraz pompę AdeABC.
2. Wielolekooporność szczepów *A. baumannii* sugeruje konieczność badań związanych z opracowaniem nowych związków o działaniu przeciwdrobnoustrojowym.

VI-83

ANALIZA OPORNOŚCI NA PIRAZYNAMID WŚRÓD PRĄTKÓW Z RODZINY BEIJING

Napiórkowska A., Kozińska M., Augustynowicz-Kopeć E.

Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

Słowa kluczowe: choroby zakaźne

Rodzina Beijing jest jedną z najważniejszych grup molekularnych wśród prątków gruźlicy. Szczepy należące do tej rodziny cechuje łatwość nabywania lekooporności, wysoka zjadliwość, nieprzewidywalna odpowiedź na leczenie oraz łatwość i szybkość transmisji.

Celem pracy była charakterystyka szczepów opornych na pirazynamid (PZA) należących do rodziny Beijing.

Materiały i metody: Analizie poddano 45 szczepów Beijing-TB opornych na PZA. Szczepom wyznaczono miano oporności na pirazynamid oraz przeprowadzono analizę sekwencyjną genu *pncA*.

Wyniki: Wśród 45 szczepów Beijing-TB większość (73%) wykazywało bardzo wysokie miano oporności na lek $\geq 900 \mu\text{g/ml}$. 16% szczepów posiadało wartość MIC PZA równą $600 \mu\text{g/ml}$, a pozostałe 11% wartość $300 \mu\text{g/ml}$. Analiza sekwencyjna genu *pncA* wykazała, że prątki Beijing najczęściej posiadają mutacje w kodonach 132-142 (18% szczepów) i 143-187 (27% szczepów) genu oraz w regionie promotorowym (20% szczepów). W pracy stwierdzono, że wśród prątków Beijing najczęściej pojawiają się dwie mutacje: tranzycja A G w pozycji 523 genu *pncA* (175Met Val) – 16% szczepów oraz tranzycja w regionie promotorowym A G w pozycji -11 – 13% szczepów.

Wnioski:

1. Szczepy Beijing-TB charakteryzują się wysokim mianem oporności na pirazynamid.
2. Nie stwierdzono korelacji pomiędzy poziomem oporności na PZA a rodzajem lub miejscem występowania mutacji w genie *pncA*.

VI-84

KORELACJA POMIĘDZY TYPEM ACETYLEACJI A WYSTĘPOWANIEM NIEPOŻĄDANYCH OBJAWÓW U CHORYCH NA GRUŻLICĘ LECZONYCH IZONIAZYDEM?**Zabost A., Augustynowicz-Kopeć E.**

Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe

WSTĘP

Izoniazyd jest lekiem, który przyczynia się do występowania niepożądanych działań (lek metabolizowany do hepatotoksycznych produktów przy udziale N-acetylotransferazy 2 (NAT2)) podczas leczenia gruźlicy. Występowanie polimorfizmu w aktywności enzymu NAT2 jest przyczyną międzyosobniczych różnic w farmakologicznej i toksykologicznej odpowiedzi na leki.

CEL

Celem pracy było określenie związku pomiędzy częstością występowania niepożądanych objawów podczas leczenia gruźlicy izoniazydem a typem acetytacji u chorych.

MATERIAŁY I METODY

Analizie poddano wynik badań laboratoryjnych: ALT, AST i bilirubiny uzyskane od 300 chorych z gruźlicą leczonych izoniazydem. Chorym określono typ acetytacji z pomocą genotypowania N-acetylotransferazy 2 wg. Cascorbiego i wsp.

WYNIKI

Stwierdzono, że w grupie chorych z prawidłowymi wskaźnikami wątrobowymi i chorych z podwyższonymi wskaźnikami udział szybkich acetylatorów z genotypem NAT2*4/4 występował w podobnych odsetkach 6,9 versus 5,2. Wśród wolnych acetylatorów w obu analizowanych grupach najczęściej identyfikowano genotypy NAT2*5/5 i NAT2*5/6 średnio 50,0 versus 72,4. Wśród chorych z objawami hepatotoksycznymi w trakcie leczenia w grupie wolnych acetylatorów dominowali chorzy reprezentujący genotypy NAT2*5/7, NAT2*6/6 i NAT2*7/7 (średnio 45,5%).

WNIOSEK

Ryzyko wystąpienia objawów hepatotoksycznych było znamienne wyższe u chorych z genotypami NAT2*5/7, NAT2*6/6 i NAT2*7/7.

VI-85

BADANIE LEKOWRAŹLIWOŚCI MYCOBACTERIUM KANSASII METODĄ MIKROROCIEŃCZEŃ I Z WYKORZYSTANIEM PASKÓW E-TEST**Bakuła Z.¹, Modrzejewska M.¹, Safianowska A.², van Ingen J.³, Jagielski T.¹**¹Warszawa, Zakład Mikrobiologii Stosowanej, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Polska²Warszawa, Katedra i Klinika Chorób Wewnętrznych, Pneumonologii i Alergologii, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska³Nijmegen, Department of Medical Microbiology, Radboud University Medical Center, Netherlands

Słowa kluczowe: choroby zakaźne

WSTĘP

Celem pracy było określenie wrażliwości szczepów klinicznych *M. kansasii* na powszechnie stosowane w terapiach przeciwprątkowych leki, dwoma metodami tj. referencyjną metodą mikrozocieńczeń i z wykorzystaniem pasków E-test (Biomerieux, Marcy-l'Étoile, Francja). Dodatkowo, aby poznać molekularne podstawy oporności *M. kansasii*, sekwencjonowano loci związane wcześniej z opornością na leki w *M. tuberculosis*.

METODY

Badanie objęło 62 szczepy *M. kansasii* wyizolowane w latach 2000-2015 w Szpitalu Klinicznym Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego od chorych z pierwotnym podejrzeniem gruźlicy. Do badania włączono także 23 przedstawicieli typów genetycznych *M. kansasii* (I-VI; I/II; IIB). Oznaczenia przeprowadzono dla 13 leków metodą mikrozocieńczeń (SLOMYCO Sensititre®, TREK Diagnostic Systems, Cleveland, USA) i 8 leków dostępnych komercyjnie jako paski E-test. Do analizy sekwencyjnej włączono 10 loci tj. rpoB, rrl, katG, embB i embCA, rpsL, rrs, thyA, gyrA i gyrB.

WYNIKI

Wszystkie badane szczepy okazały się wrażliwe na SXT, RFB, MOX i LZD. Liczba szczepów opornych na EMB, CIP i RIF wyniosła odpowiednio 85, 16 i 2. Jeden szczep okazał się oporny na CLR i jeden na AMK. Mediana MIC określona metodą rozcieńczeń znacząco różniła się od tej oznaczonej paskami E-test ($P \leq 0.001$).

Zidentyfikowano jedynie dwie mutacje tj. A2266C w genie *rrl* wykrytą w jednym szczepie opornym na CLR oraz A128G w genie *rpsL* wykrytą w szczepie o wysokim MIC (>64 mg/L) dla STR).

VI-86

PRZECIWZAPALNE DZIAŁANIE PEPTYDU PBP10 STANOWIĄCEGO SEKWENCJĘ GELSOLINY WIĄŻĄCĄ PIP2

Piktel E.¹, Cieśluk M.¹, Durnaś B.², Wnorowska U.¹, Bucki R.¹

¹Samodzielna Pracownia Technik Mikrobiologicznych i Nanobiomedycznych, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Polska

²Zakład Mikrobiologii i Immunologii, Uniwersytet Jana Kochanowskiego w Kielcach, Polska

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe

Wzmoczona odpowiedź układu immunologicznego organizmu człowieka na obecność prozapalnych produktów bakteryjnych – LPS i LTA - może prowadzić do rozwoju sepsy. Dotychczas przeprowadzone badania wskazują, iż zahamowanie toksycznego działania metabolitów bakterii może odbywać się w przy udziale gelsoliny (GSN), jednego z białek wiążących aktywną. Uwarunkowane jest to strukturalnym podobieństwem pomiędzy LPS/LTA, a czynnikami regulującymi aktywność wewnątrzkomórkową GSN tj. fosfatydyloinozitolami (PIP, PIP2) oraz kwasem lizofosfatydowym (LPA). Mając na uwadze powyższe, sugeruje się, iż zbliżoną zdolność do neutralizacji czynników prozapalnych pochodzenia bakteryjnego posiada PBP10, 10-amino-kwasowy peptyd stanowiący sekwencję gelsoliny wiążącą PIP2.

Celem badań była ocena przeciwzapalnego działania peptydu PBP10 znakowanego rodaminą (RhB-PBP10) w stosunku do makrofagów mysich stymulowanych LTA oraz LPS. Wykazano, iż w porównaniu z GSN, peptyd RhB-PBP10 silniej hamuje wytwarzanie reaktywnych form tlenu oraz wydzielanie tlenu azotu oraz IL-8 z makrofagów. Badania z wykorzystaniem mikroskopu sił atomowych (AFM) wykazały również zmianę sztywności aktywowanych komórek traktowanych peptydem RhB-PBP10. Powyższe badania potwierdzają, iż peptyd PBP10 może zostać wykorzystany jako czynnik hamujący nadmierną odpowiedź prozapalną organizmu w trakcie rozwijającej się infekcji.

VI-87

PRZECIWBAKTERYJNA AKTYWNOŚĆ NOWYCH, CHIRALNYCH CZWARTORZĘDOWYCH, N-SPIRO SOLI AMONIOWYCH

Leszczyńska K.¹, Daniluk T.¹, Bielawski K.², Kałuża Z.³, Bielawska A.⁴, Kliber M.¹, Gornowicz A.⁴

¹Białystok, Uniwersytet Medyczny Zakład Mikrobiologii, Polska

²Białystok, Uniwersytet Medyczny Zakład Syntezy i Technologii Środków Leczniczych, Polska

³Warszawa, PAN Instytut Chemii Organicznej, Polska

⁴Białystok, Uniwersytet Medyczny Samodzielna Pracownia Biotechnologii, Polska

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe

Uzyskanie nowych związków o działaniu przeciwbakteryjnym i zarazem o niskiej cytotoksyczności ma obecnie ogromne znaczenie. Duża różnorodność budowy czwartorzędowych soli amoniowych (CSA) i pełnionych przez nie funkcji, przyczyniła się do intensywnych badań nad syntezą nowych pochodnych o specyficznej, ściśle określonej budowie chemicznej, w nadziei ich wykorzystania w leczeniu infekcji drobnoustrojowych oraz jako środki antyseptyczne.

Celem badań jest ocena aktywności przeciwbakteryjnej nowych związków CSA.

Przeciwbakteryjną aktywność nowych związków oceniono wobec szczepów z kolekcji ATCC (*Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes*, *S. mutans*, *S. salivarius*, *Enterococcus faecalis*, *Moraxella catarrhalis*, *Escherichia coli*, *Campylobacter jejuni* oraz wyizolowanych ze środowiska lasceczek *Bacillus subtilis*. MIC i MBC określono ilościową metodą mikrorozcieńczeń w podłożu płynnym.

Nowe pochodne CSA w 91% działały bakteriostatycznie w zakresie stężeń od 12,5 mg/L do 200 mg/L i wartość współczynnika MBC/MIC kształtowała się w zakresie od 1 do 2. Związki 2a, 3a, 3b, 4a, 4b w najniższych stężeniach hamowały wzrost *M. catarrhalis* (MIC w zakresie 12,5 – 50 mg/L ; śr. 27,5 mg/L), zaś związki 1c, 2b, 2c, 3c, 4c w najniższych stężeniach hamowały wzrost *C. jejuni* (MIC w zakresie 12,5 – 25 mg/L ; śr. 15 mg/L).

Stwierdzono wysoką aktywność bakteriobójczą i wybiórcze działanie badanych nowych związków wobec szczepów bakteryjnych.

VI-88

WPŁYW SUBINHIBICYJNYCH STĘŻEŃ α -AMINOPOCHODNYCH PENICYLIN PÓŁSYNTETYCZNYCH NA ADHEZJĘ PACIORKOWCÓW

Leszczyńska U.¹, Kaczmarzyk D.², Daniluk T.², Kliber M.², Chmielewska S.², Piskór B.², Reszeć J.¹, Leszczyńska K.²

¹ Białystok, Uniwersytet Medyczny Zakład Patomorfologii Lekarskiej, Polska

² Białystok, Uniwersytet Medyczny Zakład Mikrobiologii, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, mikrobiom, związki przeciwdrobnoustrojowe

Zdolność do adhezji to ważny czynnik wirulencji drobnoustrojów. Wiele chorób bakteryjnych rozpoczyna się od bezpośredniego kontaktu patogenu z komórkami nabłonkowymi gospodarza. Rezultatem końcowym adhezji jest agregacja bakterii i tworzenie biofilmu. Podczas terapii antybiotyki działają na drobnoustroje w stężeniu podprogowym (sub-MIC) modyfikującym przyleganie bakterii do śródbłonna. W przypadku tzw. bakterii probiotycznych nie jest to proces pożądaný.

Celem badania była ocena wpływu sub-MIC α -aminopochodnych penicylin na adhezję *Streptococcus salivarius* (bakterie pionierskie o obrej adhezji). Badanym antybiotykiem była amoksycylina, która jest powszechnie stosowana w zakażeniach paciorkowcowych.

Oceniono adhezję *S. salivarius* ATCC 13419 do powierzchni abiotycznych metodą ilościową z 1% TTC. MIC amoksycyliny określono ilościową metodą rozcieńczeniową w podłożu płynnym zgodnie z wytycznymi EUCAST. Oceniono wpływ amoksycyliny w stężeniach sub-MIC i MIC na adhezję *S. salivarius* do powierzchni abiotycznych. Stwierdzono, że amoksycylina w stężeniu $\frac{1}{2}$ MIC najefektywniej hamowała adhezję paciorkowca do powierzchni polistyrenowej w czasie 1 h inkubacji. Porównywalny efekt uzyskano przy stężeniu MIC w czasie 2 h inkubacji.

Wnioski

1/ Amoksycylina hamuje adhezję *S. salivarius* do powierzchni abiotycznych.

2/ Stężenie oraz czas działania antybiotyku ma wpływ na adhezję bakterii do powierzchni abiotycznej.

VI-89

AKTYWNOŚĆ PRZECIWDROBNOUSTROJOWA NOWYCH INDOLOWYCH POCHODNYCH 2H-PIRYDO[1,2-C]PIRYMIDYNO-1,3-DIONU

Laudy A.¹, Misiotek J.¹, Gomółka A.², Tyski S.¹

¹ Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Katedra i Zakład Technologii Leków i Biotechnologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe

Narastająca oporność bakterii jak i grzybów na stosowane w lecznictwie związki przeciwdrobnoustrojowe stwarza konieczność poszukiwania nowych grup substancji aktywnych wobec takich patogenów. W pracy badano aktywność 5 nowych pochodnych 4-fenyl-2-{4-[4-(1H-7-azaindol-3-ilo)piperydyn-1-yl]butyl}-2H-pirydo[1,2-c]pirymidyno-1,3-dionu (RED) oraz 9 pochodnych 4-fenyl-2-{4-[4-(1H-7-azaindol-3-ilo)-1,2,3,6-tetrahydropirydyn-1-yl]butyl}-2H-pirydo[1,2-c]pirymidyno-1,3-dionu (AEG) wobec szczepów wzorcowych bakterii (n=15) i grzybów drożdżopodobnych (n=6) metodą krążkowo-dyfuzyjną wg wytycznych CLSI i EUCAST. Najszerze

spektrum działania miał 4-fenylo-2-{4-[4-(1H-7-azaindol-3-ilo)piperydyn-1-ylo]butylo}-2H-pirydo[1,2-c]pirymidyn-1,3-dion. Był on aktywny wobec bakterii Gram-dodatnich (strefa zahamowania wzrostu 11-13 mm), pałeczek Enterobacteriaceae (10-11 mm), Gram-ujemnych pałeczek niefermentujących (11 mm) oraz grzybów *Candida* spp. (14-24 mm). Wykazano, że obecność podstawnika metylowego w grupie fenyłowej RED powoduje zwiększenie aktywności wobec bakterii z rodzaju *Staphylococcus* (z 12 mm do 16 mm w porównaniu do związku podstawowego). Natomiast 4-(2chlorofenylo)-2-{4-[4-(1H-7-azaindol-3-ilo)-1,2,3,6-tetrahydropirydyn-1-ylo]butylo}-2H-pirydo[1,2-c]pirymidyno-1,3-dion (z grupy AEG) miał najwyższą aktywność wobec *C. krusei* (20 mm). Obydwie grupy związków stanowią dobrą bazę do poszukiwania nowych substancji przeciwdrobnoustrojowych.

VI-90

OCENA DZIAŁANIA PRZECIWBAKTERYJNEGO NANOCZĄSTEK SREBRA ORAZ ICH POŁĄCZEŃ Z ANTYBIOTYKAMI

Mrowiec P.¹, Klesiewicz K.¹, Pater P.², Skiba-Kurek I.¹, Drożdż R.², Budak A.¹

¹ Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Zakład Diagnostyki Medycznej Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, związki przeciwdrobnoustrojowe

Wprowadzenie

Narastająca oporność bakterii na antybiotyki jest jednym z najważniejszych problemów współczesnej mikrobiologii oraz medycyny. W terapii zakażeń bakteryjnych alternatywą może stać się podawanie konwencjonalnych antybiotyków w połączeniu z nanocząstkami srebra (AgNPs).

Cel

Określenie wzajemnego oddziaływania AgNPs oraz wybranych antybiotyków wobec bakterii Gram-dodatnich.

Materiał i metodyka

Do badań wykorzystano nanocząstki srebra o kształcie kulistym, syntetyzowane przez termiczną redukcję stężonego roztworu azotanu srebra. Średnica nanocząstek, ustalona na podstawie maksimum widma powierzchniowego rezonansu plazmonowego, wynosiła 20-40 nm. Najmniejsze stężenia hamujące (MIC) AgNPs oraz gentamycyny, ciprofloksacyny i biseptolu, dla dwóch szczepów klinicznych *Staphylococcus aureus* oraz dwóch *S. epidermidis*, określono w metodzie mikrorozcieńczeń. W ocenie wzajemnego oddziaływania leku z nanocząstkami, zastosowano metodę szachownicy (checkerboard method) oraz obliczono indeks FIC (Fractional Inhibitory Concentration).

Wyniki

Tylko w przypadku połączenia gentamycyny z AgNPs zaobserwowano efekt synergistyczny oraz obniżenie początkowo wysokich wartości MIC antybiotyku (z >1000 µg/ml do 1,95 µg/ml).

Wnioski

Z badanych antybiotyków, najwyższą aktywność wobec *S. aureus* oraz *S. epidermidis* wykazało połączenie nanocząstek srebra z gentamycyną.

VI-91

OCENA AKTYWNOŚCI KOMPLEKSÓW POCHODNYCH TIOMOCZNIKA Z MIEDZIĄ WOBEC STAPHYLOCOCCUS AUREUS I STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS

Stępień K.¹, Dobrzyńska K.², Bielenica A.³, Stefańska J.¹

¹ Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Studenckie Koło Naukowe przy Zakładzie Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

³ Katedra i Zakład Biochemii, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe

Tiomocznik należy do związków często poddawanych modyfikacjom chemicznym, w celu otrzymania pochodnych o najlepszych właściwościach biologicznych. Celem pracy było porównanie

aktywności związków wobec hodowli planktonowej i biofilmu szczepów z rodzaju *Staphylococcus* spp. oraz oznaczanie ich genotoksyczności. Badania prowadzono dla 2 kompleksów 1,3-dwu-podstawionego tiomocznika z miedzią. Oznaczeń dokonano wobec 36 szczepów gronkowców: 4 referencyjnych i 14 klinicznych *S. aureus* oraz 2 referencyjnych i 16 klinicznych *S. epidermidis*. Aktywność przeciwbakteryjną oznaczono wg zaleceń CLSI. Tworzenie biofilmu i jego wrażliwość na badane kompleksy oceniono metodą redukcji MTT stosując 2 szczepy wzorcowe *S. epidermidis* oraz 7 klinicznych: 3 *S. epidermidis* i 4 *S. aureus*. Działanie genotoksyczne badano z użyciem testu rec-assay ze szczepami *B. subtilis* H17 (*rec+*) i M45 (*rec-*). Zaobserwowano silną aktywność związków wobec komórek planktonowych gronkowców (MIC=0,5-4 µl/ml). Stężenia kompleksów powodujące redukcję MTT w biofilmie były równie niskie (4 µl/ml) i w ponad 50% przypadków skuteczniej od referencyjnej cyprofloksacyny hamowały jego powstanie. Badane kompleksy nie wykazały genotoksyczności. Z uwagi na silną aktywność przeciwbakteryjną pochodne tiomocznika i jego kompleksy stanowią perspektywiczną grupę związków w walce z zakażeniami gronkowcowymi. Utworzenie kompleksu z miedzią nie wpływa jednak znacząco na ich działanie.

VI-92

AKTYWNOŚĆ ANTYDROBNOUSTROJOWA PEPTYDU PENETRUJĄCEGO - MAGAININY

Durajski M.¹, Tuz D.¹, Waśko J.¹, Chaberska A.¹, Frączyk J.¹, Rygała A.², Kamiński Z.¹,
Kolesińska B.¹, Kręgiel D.²

¹ Instytut Chemii Organicznej PŁ, Polska

² Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii PŁ, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiologia środowiska, mikrobiologia przemysłowa,
związki przeciwdrobnoustrojowe

Peptydy penetrujące błony komórkowe, poprzez specyficzne oddziaływania z błonami komórkowymi, wykazują zdolność przenikania przez te struktury. Zawierają one od 5 do 40 reszt aminokwasowych i oddziałują na grupy kwasowe fosfolipidów błon komórkowych.

Celem badań była ocena aktywności peptydu magaininy w stosunku do bakterii gramujemnych *Aeromonas hydrophila* oraz drożdży killerowych *Saccharomyces cerevisiae*. Badane bakterie mają istotne znaczenie w patogeniezie u ludzi i zwierząt oraz wykazują szczególne właściwości adhezyjne. Białka killerowe drożdży uczestniczą natomiast w mechanizmach współzawodnictwa, umożliwiając ich producentom eliminację wrażliwych konkurentów i opanowanie danej niszy ekologicznej. Mogą stanowić zatem uciążliwe zanieczyszczenie różnych procesów fermentacyjnych.

Peptyd - magaininę syntetyzowano w Instytucie Chemii Organicznej PŁ. Jego aktywność antydrobnoustrojową badano metodą zawieszinową. Porównano morfologię komórek przed i po działaniu preparatu peptydowego.

Po 24-godzinnej inkubacji komórek z magaininą o stężeniu 0,6% odnotowano zahamowanie wzrostu badanych mikroorganizmów. W preparatach mikroskopowych obserwowano zmianę morfologii bakterii i drożdży, a w przypadku szczepu killerowego utratę zdolności pączkowania.

Zatem badana magainina może stanowić bezpieczną strategię przeciwdziałania zakażeniom wywołanym przez oportunistyczne patogeny *A. hydrophila* oraz zanieczyszczeniom procesów biotechnologicznych przez drożdże killerowe.

VI-93

SAPONINY QUILLAJA SAPONARIA ZWIĘKSZAJĄCE EFEKTYWNOŚĆ DEZYNFEKTANTÓW

Antolak H., Falih M., Bertowska J., Kręgiel D.

Łódź, Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiologia żywności, mikrobiologia przemysłowa,
związki przeciwdrobnoustrojowe

Biofilmy bakteryjne wytworzone na liniach produkcyjnych napojów odpowiedzialne są za wtórne zanieczyszczenia produktów. Jako mikroflorę tworzącą izolowane są bakterie octowe należące do rodzaju *Asaia*, które uważane są za drobnoustroje oportunistyczne, mogące negatywnie oddziaływać na zdrowie konsumentów. Dodatkowo stwierdzono, że bakterie te są odporne na działanie typowych konserwantów oraz dezynfektantów.

Celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu roślinnych saponin Q. saponaria na wrażliwość szczepów bakterii *Asaia* sp. na dezynfektanty.

W badaniach wykorzystano kwas nadoctowy (PAA) oraz czwartorzędową sól amoniową (QAC) w stężeniach 0,0039÷0,25%, badając wzrost bakterii i ich zdolności adhezyjne metodą luminometryczną, metodą wysiewów płytkowych oraz mikroskopii fluorescencyjnej. Minimalne stężenie hamujące (MIC) dezynfektantów wyznaczono metodą spektrofotometryczną.

Badania dowiodły, że *Asaia* sp. wykazują większą wrażliwość na QAC niż PAA. Działanie saponin przed zastosowaniem właściwego środka dezynfekcyjnego, zwiększyło istotnie wrażliwość zarówno komórek planktonowych jak i komórek w biofilmach. Wykazano, że zastosowanie 1% roztworu saponiny przed procesem dezynfekcji znacznie zwiększa skuteczność działania PAA i QAC. Zatem saponiny mogą stanowić dodatkową, bezpieczną strategię zwiększającą skuteczność procesów mycia i dezynfekcji w przemyśle napojów bezalkoholowych.

Praca finansowana z Narodowego Centrum Nauki. Numer projektu 2015/17/N/NZ9/03635

VI-94

WPŁYW KWASU LIPONOWEGO NA UREAPLASMA UREALYTICUM I UREAPLASMA PARVUM

Biernat-Sudolska M.¹, Bilska-Wilkosz A.², Rojek-Zakrzewska D.³, Kosz-Vnenchak M.³

¹ Zakład Wirusologii Katedra Mikrobiologii, UJ CM, Polska

² Katedra Biochemii Lekarskiej, UJ CM, Polska

³ Zakład Wirusologii Katedra Mikrobiologii, UJ CM, Polska

Słowa kluczowe: drobnoustroje atypowe, związki przeciwdrobnoustrojowe

Ureaplazmy to tzw. atypowe bakterie uznawane za składnik fizjologicznej flory żeńskich dróg moczowo-płciowych. Wzrost liczebności populacji tych drobnoustrojów w drogach rodnych (>104) może być jednak przyczyną komplikacji w przebiegu ciąży, takich jak przedwczesne pęknięcie błon płodowych (PROM) i przedwczesny poród.

Badanie nasze, którego celem była wstępna ocena aktywności kwasu liponowego na namnażanie, *Ureaplasma urealyticum* i *Ureaplasma parvum*, miało charakter pilotażowy.

KWAS LIPONOWY LA jest związkiem o szerokim, korzystnym spektrum działania na organizm człowieka (działanie antyoksydacyjne, immunomodulacyjne, niwelowanie stresu oksydacyjnego), wykorzystywanym w terapiach licznych chorób przewlekłych.

Materiał i metody: Wykorzystano szczepy ureaplazm izolowane w Katedrze Mikrobiologii UJ CM od kobiet z zakażeniami dróg moczowo-płciowych.

Oznaczenie przeprowadzono dla 3 stężeń LA: 1200, 120 i 12 µl/ml, określając bezpośredni wpływ LA na atypowe bakterie oraz jego wpływ na ich proliferację.

Wyniki: Nie stwierdzono bezpośredniego wpływu LA na szczepy ureaplazm, natomiast obserwowano wyraźny wpływ na proliferację. Związek ten redukował miano badanych szczepów ureaplazm o 3 logarytmy, a u 30 % szczepów nawet o 4 logarytmy.

Wnioski: Wstępne wyniki wskazują, że LA będzie mógł być wykorzystany jako preparat wspomagający redukcję liczby ureaplazm do stanów uznawanych za fizjologiczne, wymaga to jednak dalszych badań, w tym badań *in vivo*.

VI-95

WPŁYW NATURALNIE WYSTĘPUJĄCYCH IZOTIOCYJANIANÓW NA VIBRIO CHOLERAЕ

Krausek K.¹, Nowicki D.¹, Herman-Antosiewicz A.², Szalewska-Pałasz A.¹

¹ Gdańsk, Uniwersytet Gdański, Katedra Genetyki Molekularnej Bakterii, Polska

² Gdańsk, Uniwersytet Gdański, Katedra Biologii i Genetyki Medycznej, Polska

Słowa kluczowe: choroby zakaźne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Wstęp: Każdego roku na cholere zapada ponad 4 mln osób. Głównym czynnikiem wirulencji *Vibrio cholerae* jest toksyna cholery, której geny kodowane są na genomie bakteriofaga CTXphi. Celem pracy jest ocena aktywności przeciwbakteryjnej związków pochodzenia roślinnego, izotiocyanianów (ITC), przeciwko *V. cholerae*, a w szczególności ich wpływu na ekspresję genów wirulencji.

Metody: Określono wartości minimalnych stężeń hamujących wzrost bakterii oraz minimalnych stężeń bakteriobójczych. Krzywe określające kinetykę wzrostu bakterii utworzono na podstawie

pomiarów wartości gęstości optycznej OD600. Krzywe przeżywania utworzono na podstawie wartości CFU/ml w jednostce czasu. W celu zbadania mechanizmu działania ITC zbadano ich wpływ na wydajność syntezy kwasów nukleinowych w komórce. Dokonano także oceny poziomu alarmonu głodu (p)ppGpp poprzez znakowanie izotopem ³²P oraz oceny ekspresji genów za pomocą RT-qPCR.

Wyniki: Izotiocyaniany: fenetylu, benzylu oraz sulforafan wykazują silne właściwości przeciwbakteryjne. Analiza wyników wskazuje na zahamowanie wzrostu hodowli *V.cholerae*. Efekt bójczy związków zależy od stężenia badanych związków. Najwyższe badane stężenie 10xMIC działa bakteriobójczo w ciągu 24h, niższe stężenia działają bakteriostatycznie. Wykazano, iż aktywność ITC hamuje syntezę kwasów nukleinowych-RNA i DNA. Wszystkie badane izotiocyaniany prowadzą do wywołania odpowiedzi ścisłej, a suplementacja specyficznymi aminokwasami odwraca efekt badanych związków.

VI-96

MECHANIZM ANTYBAKTERYJNEGO DZIAŁANIA POCHODNYCH GLUKOZYNOLANÓW PRZECIW *V. CHOLERA*

Krause K.¹, Nowicki D.¹, Herman-Antosiewicz A.², Szalewska-Pałasz A.¹

¹ Katedra Genetyki Molekularnej Bakterii, Uniwersytet Gdański, Polska

² Katedra Biologii i Genetyki Medycznej, Uniwersytet Gdański, Polska

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe

Wstęp: Każdego roku na cholerę zapada ponad 4 mln osób. Głównym czynnikiem wirulencji *Vibrio cholerae* jest toksyna cholery, której geny kodowane są na genomie bakteriofaga CTXphi. Celem pracy jest ocena aktywności przeciwbakteryjnej związków pochodzenia roślinnego, izotiocyanianów (ITC), przeciwko *V.cholerae*, a w szczególności ich wpływu na ekspresję genów wirulencji.

Metody: Określono wartości minimalnych stężeń hamujących wzrost bakterii oraz minimalnych stężeń bakteriobójczych. Krzywe określające kinetykę wzrostu bakterii utworzono na podstawie pomiarów wartości gęstości optycznej OD600. Krzywe przeżywania utworzono na podstawie wartości CFU/ml w jednostce czasu. W celu zbadania mechanizmu działania ITC zbadano ich wpływ na wydajność syntezy kwasów nukleinowych w komórce. Dokonano także oceny poziomu alarmonu głodu (p)ppGpp poprzez znakowanie izotopem ³²P oraz oceny ekspresji genów za pomocą RT-qPCR.

Wyniki: Izotiocyaniany: fenetylu, benzylu oraz sulforafan wykazują silne właściwości przeciwbakteryjne. Analiza wyników wskazuje na zahamowanie wzrostu hodowli *V.cholerae*. Efekt bójczy związków zależy od stężenia badanych związków. Najwyższe badane stężenie 10xMIC działa bakteriobójczo w ciągu 24h, niższe stężenia działają bakteriostatycznie. Wykazano, iż aktywność ITC hamuje syntezę kwasów nukleinowych-RNA i DNA. Wszystkie badane izotiocyaniany prowadzą do wywołania odpowiedzi ścisłej, a suplementacja specyficznymi aminokwasami odwraca efekt badanych związków.

VI-97

PRZECIWDROBNOUSTROJOWE WŁASNOŚCI ZIELONEGO PROPOLISU BRAZYLIJSKIEGO PRZYDATNE W ASPEKCIE POPRAWY HIGIENY JAMY USTNEJ

Mertas A., Bobela E., Czuba Z.

Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Katedra i Zakład Mikrobiologii i Immunologii w Zabrze ul. Jordana 19, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiom, związki przeciwdrobnoustrojowe

Mikrobiom jamy ustnej jest źródłem potencjalnie patogennych drobnoustrojów odpowiedzialnych za rozwój szeregu schorzeń tkanek jamy ustnej. Działaniem profilaktycznym zapobiegającym rozwojowi tych schorzeń jest systematyczne i prawidłowe przeprowadzanie zabiegów higieny jamy ustnej z użyciem preparatów zawierających składniki o działaniu przeciwdrobnoustrojowym oraz przeciwzapalnym. Coraz częściej wykorzystywane są w tym celu substancje pochodzenia naturalnego spośród których coraz większe uznanie zyskuje propolis.

W niniejszej pracy badaniom *in vitro* poddano etanolowy ekstrakt zielonego propolisu Brazylijskiego (EEP-B) uzyskany z Nihon Natural Foods Co. Ltd. (Tokio, Japonia). Do oceny przeciwdrobnoustrojowego działania EEP-B wykorzystano: *Streptococcus mutans* ATCC 33535, *Streptococcus sanguinis* ATCC 10556, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *Staphylococcus aureus* 209 P, *Lactobacillus acidophilus* ATCC 4356, *Porphyromonas gingivalis* ATCC 33277, *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* ATCC 33384 oraz *Candida albicans* ATCC 10231. Działanie EEP-B oceniano po 15, 30, 60 i 120 minutach inkubacji zawiesiny o gęstości $3,0 \times 10^7$ CFU/mL każdego z badanych wzorcowych szczepów drobnoustrojów z EEP-B w stężeniu 10, 20 i 50 mikrogramów / mL. Wraz z upływem czasu inkubacji, jak i wzrostem stężenia EEP-B, wzrastał stopień redukcji liczby żywych komórek wzorcowych szczepów drobnoustrojów ekspozycyjnych na działanie EEP-B.

VI-98

PRZECIWDROBNOUSTROJOWE DZIAŁANIE WYBRANYCH STOPÓW MIEDZI WOBEC BAKTERII Z RODZAJU ACINETOBACTER

Różańska A.¹, Chmielarczyk A.¹, Romaniszyn D.¹, Bulanda M.¹, Walkowicz M.², Osuch P.², Knych T.²

¹ Katedra Mikrobiologii CM UJ, Polska

² Wydział Metali Nieżelaznych, Akademia Górniczo-Hutnicza, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne, związki przeciwdrobnoustrojowe

Wstęp

Celem niniejszej pracy była ocena właściwości przeciwbakteryjnych wybranych stopów miedzi, o potencjalnym przeznaczeniu na powierzchnie dotykowe w jednostkach ochrony zdrowia, w odniesieniu do różnych szczepów bakterii z rodzaju *Acinetobacter* wyizolowanych od pacjentów bądź ze środowiska polskich szpitali.

Materiał i metoda

Badania wykonano wykorzystując zmodyfikowane zalecenia tzw. normy japońskiej. Badania wykonano dla mosiądzu, brązu cynowego, nowego srebra, miedzi oraz stali nierdzewnej (kontrola ujemna). Wybrane szczepy *Acinetobacter* spp. różniły się profilem lekooporności i potencjałem biofilmotwórczym. Dla oceny właściwości przeciwbakteryjnych stopów miedzi przyjęto następujące kryteria: redukcja gęstości zawiesiny bakteryjnej w granicach 2 – 3 log; powyżej 3 log: działanie bakteriobójcze.

Wyniki

Dla testowanych stopów miedzi stwierdzono działanie bakteriobójcze po czasie od 240 do 300 min (w zależności od stopu), a miedzi po czasie 180 min. Nie stwierdzono bakteriobójczych bądź -statycznych właściwości dla stali nierdzewnej. Nie stwierdzono istotnych różnic pomiędzy wrażliwością na badane materiały pomiędzy poszczególnymi szczepami.

Wnioski

Powierzchnie dotykowe wykonane ze stopów miedzi mogą przyczynić się do eliminacji bakterii z rodzaju *Acinetobacter* ze środowiska szpitalnego.

Praca powstała w ramach realizacji projektu finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju nr PBS3/A9/32/2015.

VI-99

MECHANICZNE MIKROOBRÓBKA POWIERZCHNI STOPÓW MIEDZI A SKUTECZNOŚĆ ICH PRZECIWDROBNOUSTROJOWEGO DZIAŁANIA

Różańska A.¹, Chmielarczyk A.¹, Romaniszyn D.¹, Bulanda M.¹, Walkowicz M.², Osuch P.², Knych T.²

¹ Katedra Mikrobiologii CM UJ, Polska

² Wydział Metali Nieżelaznych, Akademia Górniczo-Hutnicza, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne, związki przeciwdrobnoustrojowe

Wstęp

Zastosowanie materiałów o właściwościach przeciwdrobnoustrojowych na powierzchnie dotykowe oddziałów szpitalnych stanowi uzupełnienie tradycyjnych metod dezynfekcji. Celem niniejszej pracy była ocena właściwości przeciwbakteryjnych wybranych stopów miedzi poddanych mechanicznej obróbce modyfikującej ich mikrostrukturę powierzchniową.

Materiał i metoda

Badania wykonano dla stopów: CuZn37, CuSn6, CuNi18Zn24 oraz miedzi – każdy materiał w sześciu wariantach, różniących się mikrostrukturą powierzchni. W badaniu wykorzystano szczepy z gatunku *Staphylococcus aureus* oraz *Escherichia coli*. Dla oceny właściwości przeciwbakteryjnych stopów miedzi przyjęto następujące kryteria: redukcja gęstości zawiesiny bakteryjnej w granicach 2–3 log; działanie bakteriostatyczne; o 3 lub więcej log; działanie bakteriobójcze.

Wyniki

Dla wszystkich przebadanych stopów potwierdzono działanie bakteriobójcze lub bakteriostatyczne. Stwierdzono różnice w tempie i stopniu redukcji gęstości zawiesiny w zależności od składu stopu. Nie stwierdzono natomiast różnic w obrębie poszczególnych stopów, dla próbek zróżnicowanych pod względem mikrostruktury powierzchni. Najsilniejsze właściwości bakteriobójcze stwierdzono dla miedzi oraz brązu cynowego.

Wnioski

Długotrwałe użytkowanie, w tym mikrouszkodzenia powierzchni stopów miedzi, nie pogarsza ich właściwości przeciwdrobnoustrojowych.

Praca powstała w ramach realizacji projektu finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju nr PBS3/A9/32/2015.

VII-100

**EPIDEMIOLOGIA ZAKAŻEŃ GRZYBICZYCH CHORYCH
NA POCHP LECZONYCH W IGICHP W LATACH 2007-2016****Garczeńska B.¹, Kantorska K.², Maliszewska M.², Augustynowicz-Kopeć E.²**¹ Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska² Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

Słowa kluczowe: mykologia

Wstęp

Przewlekła obturacyjna choroba płuc (POCHP) to choroba charakteryzująca się zmniejszeniem przepływu powietrza przez drogi oddechowe oraz nieprawidłową odpowiedzią zapalną na czynniki środowiska. W przebiegu choroby dochodzi do rozwoju nawracających i przewlekłych infekcji bakteryjnych oraz grzybiczych.

Cel

Określenie etiologii i częstości występowania zakażeń grzybiczych u pacjentów z POCHP leczonych w latach 2007-2016.

Materiał i metody

Analizie poddano wyniki badań 39 chorych (116 materiałów) z podejrzeniem zakażenia grzybiczego. Materiał posiewano na podłoże Sabourauda. Grzyby identyfikowano na podstawie cech morfologicznych i biochemicznych. Wrażliwość oznaczono metodą E-testu, wyniki interpretowano wg EUCAST.

Wyniki

Z 116 materiałów wyizolowano 65 (56%) szczepów grzybów od 28 (74%) chorych. Wśród drożdżaków zidentyfikowano: *C. albicans* – 41 szczepów (35,9%), *C. tropicalis* – 16 (14,0%), *C. glabrata* – 8 (7%) i inne. Wśród 46 szczepów pleśni dominował *A. fumigatus* – 25 (21,9%). Wszystkie szczepy *A. fumigatus* były wrażliwe na worykonazol, 1 szczep był oporny na itrakonazol (MIC 1,5 mg/l).

Wnioski

1. U chorych z POCHP z podejrzeniem infekcji grzybiczej najczęściej izolowano *A. fumigatus* i *C. albicans*.

2. Wśród 25 szczepów *A. fumigatus* zarejestrowano 1 szczep z opornością na itrakonazol.

VII-101

CZĘSTOŚĆ WYKRYWANIA ROZPUSZCZALNYCH ANTYGENÓW CANDIDA SPP. I ASPERGILLUS SPP. METODAMI SEROLOGICZNYMI W PŁYNACH USTROJOWYCH PACJENTÓW SZPITALA KLINICZNEGO W WARSZAWIE

Jarzynka S.¹, Przybylski M.², Sulowska A.², Dzieciatkowski T.², Olędzka G.¹, Wróblewska M.²

¹ Zakład Biologii Medycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Zakład Mikrobiologii, Samodzielny Publiczny Centralny Szpital Kliniczny w Warszawie, Polska

Słowa kluczowe: mykologia, diagnostyka zakażeń

Wstęp

Diagnostyka inwazyjnych zakażeń grzybiczych obejmuje badania serologiczne, pozwalające na szybkie wdrożenie leczenia przeciwgrzybiczego. Celem pracy było określenie częstości wykrywania rozpuszczalnych antygenów grzybów *Candida* spp. i *Aspergillus* spp. w próbkach klinicznych, pobranych od pacjentów Samodzielnego Publicznego Centralnego Szpitala Klinicznego (SP CSK) w Warszawie w latach 2010-2016 oraz określenie grup chorych narażonych na inwazyjne zakażenia grzybicze.

Materiał i metody

Badaniom serologicznym poddano 17418 próbek surowicy krwi i płynu z popłuczyn oskrzelowo-pęcherzykowych (BALF), pobranych od 4693 pacjentów. Antygeny oznaczono przy użyciu testów immunoenzymatycznych PlateliaCandida Ag Plus i PlateliaAspergillus Ag (Bio-Rad), zgodnie z zaleceniami producenta.

Wyniki

Zaobserwowano systematyczny wzrost liczby oznaczeń antygenów grzybiczych, od 1311 badań w 2010 r. do 3196 w 2016 r. Antygeny *Candida* spp. wykryto ogółem w 206 próbkach surowicy krwi, antygeny *Aspergillus* spp. w 703 próbkach surowicy krwi oraz 20 próbkach BALF. Najwięcej badań wykonano u pacjentów Kliniki Hematologii, Onkologii i Chorób Wewnętrznych - 12614 (72,4%).

Wnioski

Większość dodatnich próbek krwi na obecność galaktomannanu (86,8%) pochodziła od pacjentów onko-hematologicznych, co wskazuje główną grupę wysokiego ryzyka zakażeń inwazyjnych *Aspergillus* spp. Drugą istotną grupę ryzyka infekcji grzybiczych stanowili biorcy przeszczepów narządów unaczynionych (8,3%).

VII-102

CHARAKTERYSTYKA GRZYPÓW DROŹDŻOPODOBNYCH Z KOMPLEKSU CANDIDA PARAPSILOSIS

Swoboda-Kopeć E.¹, Gołaś-Prądyńska M.¹, Piskorska K.¹, Sikora M.²

¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Zakład Mikrobiologii Stomatologicznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: mykologia, diagnostyka zakażeń

Gatunek *Candida parapsilosis* przy użyciu metod biologii molekularnej został podzielony na trzy grupy. Analiza sekwencji tych grup wykazała znaczące różnice pozwalające na wydzielenie 3 blisko spokrewnionych gatunków: *C. parapsilosis* sensu stricto, *C. orthopsilosis* i *C. metapsilosis*.

Celem pracy była izolacja i identyfikacja gatunków kompleksu *C. parapsilosis* oraz ocena ich wybranych cech fenotypowych i lekowrażliwości.

Identyfikację gatunków przeprowadzono metodą spektrometrii masowej. Izolaty poddano badaniom enzymatycznym. Wytwarzanie biofilmu oszacowano spektrofotometrycznie. Określono morfotypy kolonii. Wykonano badanie wrażliwości na antymikotyki.

W grupie 171 szczepów z kompleksu zidentyfikowano 9 *C. metapsilosis* i 4 *C. orthopsilosis*. Szczepy gatunków *C. metapsilosis* i *C. orthopsilosis* występowały wyłącznie w formie morfotypu gładkiego. Najwyższą aktywnością enzymatyczną charakteryzowały się szczepy *C. parapsilosis* sensu stricto. Szczepy *C. orthopsilosis* cechowała pełna wrażliwość na badane antymikotyki. W obrębie *C. parapsilosis* sensu stricto i *C. metapsilosis* zaobserwowano zróżnicowaną lekowrażliwość. Brak zdolności tworzenia biofilmu in vitro wykazywało 77.8% szczepów *C. metapsilosis*.

Wnioski:

1. W obrębie kompleksu *C. parapsilosis* szczepy gatunku *C. parapsilosis* sensu stricto stanowiły 93%, *C. metapsilosis* 5%, *C. orthopsilosis* 2%
2. Największe zróżnicowanie profili oporności wykazano w grupie azoli

VII-103

ANALIZA WYNIKÓW POSIEWÓW MATERIAŁÓW ZE ZMIAN NA SKÓRZE I PAZNOKCIACH OD PACJENTÓW DIAGNOZOWANYCH W PRACOWNI MIKOLOGII IGICHP W LATACH 2014-2015

Kantorska K., Garczewska B., Maliszewska M., Augustynowicz-Kopeć E.

Zakład Mikrobiologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc, Polska

Słowa kluczowe: mykologia

Powierzchnowe infekcje grzybicze stanowią poważny problem terapeutyczny i społeczny. Śledzenie zmienności czynników etiologicznych i lokalizacji zakażenia ma duże znaczenie w podejmowaniu leczenia.

CEL

Określenie częstości występowania grzybów wywołujących grzybicę powierzchniową u pacjentów zgłaszających się do Pracowni Mikologii.

MATERIAŁ I METODY

Badaniami objęto 549 pacjentów z podejrzeniem o grzybicę (606 materiałów). Materiał pobierano z miejsc chorobowo zmienionych paznokci, skóry gładkiej i skóry owłosionej głowy. Z materiału wykonywano preparat bezpośredni oraz posiew. Identyfikacji szczepów dokonywano na podstawie cech morfologicznych i biochemicznych.

WYNIKI

Z 606 materiałów wynik dodatni uzyskano w 215 przypadkach (35,5%). Z 215 szczepów grzybów 52% stanowiły dermatofity, 39% grzyby drożdżopodobne, a 9% pleśnie. Najczęściej występującym dermatofitem był *T. mentagrophytes* (97 przypadków – 45%). W grupie grzybów drożdżopodobnych najczęściej izolowano *C. parapsilosis* (27%).

WNIOSKI

1. Badanie kliniczne i mikologiczne powinno być podstawą rozpoznania grzybic skóry i jej wytworów.
2. Najczęstszą przyczyną zmian na skórze w analizowanej grupie badanych był *T. mentagrophytes*.
3. Wśród grzybów drożdżopodobnych dominującym gatunkiem była *C. parapsilosis*.

VII-104

ASPERGILLUS FUMIGATUS JAKO CZYNNIK ETIOLOGICZNY OWRZODZENIA ROGÓWKI

Swoboda-Kopeć E.¹, Piskorska K.², Stelmach E.², Sikora M.³, Udziela M.²

¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

² Samodzielny Publiczny Kliniczny Szpital Okulistyczny, Polska

³ Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, Szpital Kliniczny Dzieciątka Jezus, Polska

Słowa kluczowe: mykologia, diagnostyka zakażeń

Zakażenie o etiologii *Aspergillus* spp. najczęściej dotyczy układu oddechowego, w tym płuc, zatok obocznych nosa oraz ucha środkowego. Niejednokrotnie infekcja lokalizować może się w innych narządach np. w gałce ocznej. Celem pracy było ustalenie czynnika etiologicznego zakażenia u pacjenta z owrzodzeniem rogówki.

Od pacjenta pobrano zeszkrobiny z rogówki oka prawego. Materiał posiano na płynne podłoże BHI. Po kilku dniach inkubacji uzyskano wzrost patogenu. Na podstawie cech morfologicznych wyhodowanego mikroorganizmu ustalono obecność grzyba pleśniowego. Hodowlę przesiano na podłoże Sabouraud z dodatkiem chloramfenikolu. Posiew inkubowano w 30°C przez 48 godzin. Identyfikacja gatunkowa otrzymanych kolonii drobnoustroju została przeprowadzona na podstawie cech morfologicznych hodowli oraz preparatu mikroskopowego. Wykonano również badanie wrażliwości izolatu na worykonazol.

Na podstawie obserwacji cech morfologicznych kolonii oraz obrazu uzyskanego w preparatach mikroskopowych ustalono, że czynnikiem zakażenia jest *Aspergillus fumigatus*. Szczep był wrażliwy na worykonazol (MIC = 0,094).

Wnioski:

Potwierdzono czynnik etiologiczny zakażenia u pacjenta z owrzodzeniem rogówki

Wyizolowany szczep *A. fumigatus* był wrażliwy na worykonazol

VII-105

AKTYWNOŚĆ ENZYMATYCZNA PLEŚNI IZOLOWANYCH Z PRZYPADKÓW GRZYBIC PAZNOKCI

Krzyściak P.¹, Biedrzyńska P.²

¹ Zakład Mykologii Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Kierunek Biotechnologia, Uniwersytet Rolniczy, Polska

Słowa kluczowe: mykologia

Grzybica paznokci w znaczący sposób oddziałująca na zdrowie pacjentów. Stanowi ok. 50% schorzeń paznokci, z czego pleśnice stanowią 2-5%. Gatunki wywołujące pleśnice są również saprofitami i mogą być mylnie uznawane za patogenne.

Przestanką do podjęcia badań jest teza, że izolaty będące pierwotnymi patogenami mają inny profil enzymatyczny od szczepów będących wtórnymi kolonizatorami.

W badaniach wykorzystano 21 szczepów pleśni (głównie *Aspergillus* i *Scopulariopsis*) oraz szczepy kontrolne (*C. albicans* ATCC 90028 i *Trichophyton mentagrophytes*). Aktywność enzymów oznaczono na podłożach statych: z albuminą bydlęcą - proteinaza kwaśna, z żółtkiem jaja - fosfolipaza, Tweenem - lipaza, skrobią - amylaza. Ponadto oceniono wzrost grzybów na podłożu ze zmielonymi paznokciami ludzkimi.

Aktywność proteolityczną wykazywała większość szczepów *Scopulariopsis*, natomiast nie stwierdzono jej u *A. flavus*. Pleśnie z gatunku *A. flavus* wykazują natomiast wysoką aktywność fosfolipolityczną. Wysoką aktywnością amylolityczną cechowały się szczepy *Aspergillus sydowii*, *Aspergillus tritici*.

Uzyskane wyniki wskazują na pewne zależności mogące wskazywać, że pleśnie odpowiedzialne za grzybicę paznokci mają określone profile enzymatyczne, ale wymagają weryfikacji na większej liczbie szczepów pochodzących z potwierdzonych przypadków pleśnic.

VII-106

SCREENING AKTYWNOŚCI KERATYNOLITYCZNEJ BYDLĘCYCH SZCZEPÓW TRICHOPHYTON VERRUCOSUM

Gnat S.¹, Nowakiewicz A.¹, Łagowski D.¹, Trościańczyk A.¹, Zięba P.²

¹ Zakład Mikrobiologii Weterynaryjnej, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Polska

² Zakład Higieny Weterynaryjnej w Lublinie, Polska

Słowa kluczowe: mykologia, choroby zakaźne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Enzymy dermatofitów budzą zainteresowanie w aspekcie ich roli w patogenezie grzybic skórnych. Dermatofity, a wśród nich *Trichophyton verrucosum*, atakują przede wszystkim powierzchnie zrogowaciałe warstwy skóry, włosy, rzadziej paznokcie i pazury. Keratynazy dermatofitów pozwalają czerpać substancje odżywcze z keratyny atakowanych tkanek. Istnieje przy tym bezpośrednia zależność między aktywnością keratynolityczną a intensywnością i przebiegiem procesu chorobowego. Wykazano, że podczas infekcji *T. mentagrophytes* szczepy o wysokiej aktywności keratynolitycznej indukowały grzybicę krótkotrwałą, lecz o ostrym przebiegu. Podobnie w przypadku *T. rubrum* zdolność wydzielania keratynaz posiadały jedynie te szczepy, które izolowano od pacjentów z ostrym przebiegiem choroby. Podobnych wyników badań nie ma dla *T. verrucosum*. Celem badań było określenie aktywności keratynolitycznej terenowych szczepów *T. verrucosum* izolowanych od bydła. Badaniom zostało poddanych 21 izolatów pozyskanych z różnych gospodarstw, w których notowano przypadki dermatomikoz, a także szczep wzorcowy *T. verrucosum* CBS 365.63. Wykonano 60-dniową, fenotypową obserwację zmian degeneracyjnych włosów świnki morskiej, bydlęcych, końskich, owczych, kurzych, psich, kocich oraz ludzkich w hodowli płynnej w podłożu Czapka. Analiza *in vitro* ujawniła zróżnicowany czas indukcji oraz intensywność zmian we włosach. Wykazano ponadto odmienny zakres aktywności keratynolitycznej wobec włosów różnych gatunków zwierząt i człowieka.

VII-107

**AKTYWNOŚĆ PRZECIWGRZYBICZA IN VITRO AMOROLFINY
W STOSUNKU DO SCOPULARIOPSIS BREVICAILIS****Skóra M., Talaga-Ćwiertnia K., Krzyściak P.**

Zakład Mykologii, Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: mykologia, związki przeciwdrobnoustrojowe

Scopulariopsis brevicaulis jest jednym z najczęściej identyfikowanych czynników etiologicznych pleśni paznokci. Uchodzi za gatunek wielolekooporny, dlatego też efekty terapeutyczne tych zakażeń mogą być niezadowalające.

W niniejszym projekcie wykonano oznaczenia in vitro aktywności przeciwgrzybiczej amorolfiny (AMO) w stosunku do *S. brevicaulis* w porównaniu do trzech innych antymykotyków wykorzystywanych również w terapii grzybicy paznokci: itrakonazolu (ITC), terbinafiny (TRB) i cyklopiroksu (CIC). Badania wykonano na 49 szczepach izolowanych z paznokci i skóry, w oparciu o procedurę M38-A2 opracowaną przez CLSI.

Uzyskano następujące zakresy wartości MIC: AMO 0,0625-1 µg/ml, ITC 1->16 µg/ml, TRB 0,5-8 µg/ml, CIC 1-2 µg/ml. MIC₅₀ i MIC₉₀ wyniosły odpowiednio: 0,0625 µg/ml dla AMO, >16 µg/ml dla ITC, 2 µg/ml i 4 µg/ml dla TRB, 2 µg/ml dla CIC.

Uzyskane wyniki wskazują, że amorolfina wykazuje dobrą aktywność przeciwgrzybiczą in vitro w stosunku do *S. brevicaulis*, wyższą niż itrakonazol, terbinafina i cyklopiroks. Zastosowanie tego leku i jego skuteczność in vivo mogą być jednak ograniczone ze względu na sposób podania leku – lek dostępny jest bowiem jedynie w postaci do podania miejscowego na płytkę paznokciową. Wśród przebadanych leków, dla których dostępne są preparaty w postaci doustnej, terbinafina ma zdecydowanie większe działanie przeciwgrzybicze in vitro w stosunku do *S. brevicaulis* niż itrakonazol.

VII-108

**ZMIANY W GRZYBNI ASPERGILLUS NIGER PO DZIAŁANIU
N,N-BIS(3-AMINOPROPYLO)DODECYLOAMINY****Koziróg A.¹, Brycki B.², Michlewska S.³**¹ Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i NAuk o Żywności, Politechnika Łódzka, Polska² Pracownia Chemii Mikrobiocydów, Wydział Chemii, Uniwersytet im. A.Mickiewicza w Poznaniu, Polska³ Pracownia Obrazowania Mikroskopowego i Specjalistycznych Technik Biologicznych, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, Polska

Słowa kluczowe: mykologia, związki przeciwdrobnoustrojowe

N,N-bis(3-aminopropyl)dodecyloamina należy do grupy triamin, które mogą być wykorzystywane jako substancje biobójcze. Niszczą one konidia i grzybnie – podstawowe formy morfologiczne pleśni. Celem pracy była ocena działania APDA w stężeniach MIC (0,1%) i sub-MIC (0,05%) w stosunku do grzybni (jej suchej masy, ergosterolu i zmian w ultrastrukturze) szczepu *Aspergillus niger* LOCK 0439. Na podstawie badań stwierdzono, że grzybnia w kontakcie z APDA w stężeniu 0,05% przez pierwsze 4h adaptowała się do warunków środowiska. Nie odnotowano przyrostu biomasy, zakłócenia występowały w syntezie ergosterolu. W ultrastrukturze grzybni obserwowano zniszczenie protoplastu i zmiany morfologii mitochondriów. Po 24h ultrastruktura grzybni odbudowała się, zaobserwowano wzrost biomasy i wzmożenie produkcji ergosterolu. Triamina w stężeniu 0,1% powodowała stopniowe zahamowanie rozwoju grzybni. W miarę upływu czasu kontaktu APDA z grzybną biomasa malała, a stężenie ergosterolu pozostało na wysokim poziomie. Obserwacje ultrastruktury grzybni wykazały, że po 24h działania APDA w stężeniu 0,1% komórki składały się z pozostałości błoniastych struktur, które mogły być źródłem ergosterolu, co może tłumaczyć jego wysoki poziom w suchej masie grzybni. Ten składnik błon komórkowych nie uległ rozkładowi w trakcie działania triaminy. Stwierdzono, że zmiany zachodzące w grzybnii po działaniu związków biobójczych to złożony proces, w którym sucha masa i ergosterol nie zawsze są wyznacznikami jej rozwoju.

VIII-109

KORONAWIRUSY SARS-COV I MERS-COV WSPÓŁCZESNE ZAGROŻENIE EPIDEMIOLOGICZNE

Stopnicka K.¹, Walter de Walthoffen S.¹

¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Lekarskiej, I Wydział Lekarski Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego, Polska

Słowa kluczowe: wirusologia, choroby zakaźne, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Koronawirusy ludzkie (HCoV) najczęściej powodują zakażenia układu oddechowego. Endemiczne gatunki: HCoV-NL63, HCoV-229E (zaliczanych do alfa-koronawirusów) i HCoV-OC43, HCoV-HKU1 (zaliczanych do beta-koronawirusów) związane są raczej z łagodnymi, samoograniczającymi się chorobami układu oddechowego. Betakoronawirusy: SARS-CoV i MERS-CoV, w większości przypadków mogą powodować poważne i zagrażające życiu zakażenia dolnych dróg oddechowych w tym ciężkie uszkodzenie płuc (ALI) i zespół ostrej niewydolności oddechowej (ARDS).

Łatwość z jaką wirusy SARS i MERS przekroczyły barierę gatunkową zwiększa prawdopodobieństwo że epidemie będą się pojawiać i rozprzestrzeniać. Choć liczba przypadków śmiertelnych MERS-CoV jest wysoka to zdolności transmisji wydaje się być znikoma. Mediana wieku pacjentów zakażonych SARS-CoV i MERS-CoV jest różna. MERS-CoV powoduje zakażenia u mężczyzn w średnim wieku, natomiast SARS-CoV u osób starszych. Ogólny wskaźnik śmiertelności dla zakażeń MERS-CoV (40%) jest większy niż dla SARS-CoV (10%). Zakażenia SARS-CoV i MERS-CoV stanowią poważny problem dla zdrowia publicznego dlatego ważne jest ciągłe monitorowanie ognisk epidemiologicznych. Szybka diagnostyka i skuteczna terapia antywirusowa może pozwolić na skuteczne zapobieganie rozprzestrzenianiu się zakażeń. Niezbędna jest również prewencja i edukacja, szczególnie pracowników służby zdrowia, ale i osób przebywających lub wyjeżdżających na tereny gdzie występują ogniska epidemiologiczne.

VIII-110

WSPÓŁZAKAŻENIA HERPESWIRUSAMI PO ALLOGENICZNYM PRZESZCZEPIENIU KOMÓREK HEMATOPOETYCZNYCH (ALLO-HSCT)

Zawiłńska B.¹, Piątkowska-Jakubas B.², Szostek S.¹, Kopeć J.¹, Małska-Woźniak A.¹, Kosz-Vnenchak M.¹

¹ Zakład Wirusologii, Katedra Mikrobiologii UJ CM, Polska

² Katedra i Klinika Hematologii UJ CM, Polska

Słowa kluczowe: wirusologia

Celem pracy była ocena wzajemnych oddziaływań pomiędzy CMV a wybranymi limfotropowymi herpeswirusami (EBV-1/2, HHV-6A/6B i HHV-7) u pacjentów leczonych allo-HSCT.

Obserwacje prowadzono u 55 biorców, badanych wielokrotnie (śr. 1-2/mies.) w ciągu 6-35 mies. po allo-HSCT. W oznaczeniach korzystano z DNA izolowanego z 1 mln. leukocytów krwi obwodowej. W próbkach pozytywnych określano poziom wirusowego load (z wyjątkiem HHV-7). W materiałach z potwierdzonym EBV oznaczano specyficzne transkrypty różniące produktywną i latentną infekcję.

Zakażenia CMV i EBV-1 wystąpiły u badanych pacjentów z podobną częstością (63,6%), rzadziej HHV-6B (49%) i HHV-7 (45%). Nie wykrywano EBV-2 i HHV-6A. Load DNA CMV wynosił 0,48-4,54 log, HHV-6B był dużo niższy (0,3-2,28 log). DNA EBV-1 był w zakresie 3,3-5,3 log, ale wykrywane transkrypty świadczyły jedynie o produktywniej infekcji. Zakażenia mieszane, będące wynikiem ujawniania się poszczególnych herpeswirusów w różnym czasie po transplantacji, rozpoznano u większości osób (70%). Występowały one znamienne częściej u osób z replikującym CMV niż w grupie bez replikacji i dotyczyły odpowiednio 91% i 30% biorców. Zakażenia HHV-7 dominowały u biorców z chronicznym/nawrotowym zakażeniem CMV w przeciwieństwie do biorców bez CMV lub tylko pojedynczym incydentem. Pojawienie się CMV było często poprzedzone innym herpeswirusem. Przeprowadzona analiza może sugerować bezpośredni lub pośredni udział limfotropowych herpeswirusów w inicjacji replikacji CMV.

VIII-111

**MIEJSCA PRZERWANIA SEKWENCJI GENÓW E1 I E2
PAPILLOMAWIRUSA TYPU 16 U KOBIET
ZE ŚRÓDNABŁONKOWĄ NEOPLAZJĄ (LSIL) I RAKIEM
SZYJKI MACICY****Szostek S.¹, Zawilińska B.¹, Kopeć J.¹, Klimek M.², Kosz-Vnenchak M.¹**¹ Zakład Wirusologii Katedra Mikrobiologii Collegium Medicum, Uniwersytet Jagielloński, Polska² Klinika Ginekologii Onkologicznej, Centrum Onkologii, Instytut im. M. Skłodowskiej-Curie, Oddział w Krakowie, Polska

Słowa kluczowe: wirusologia

WSTĘP

Integracja DNA HPV-16 z genomem komórki gospodarza związana jest z rozerwaniem/delecją wirusowej sekwencji E2 lub E1, co wpływa na niekontrolowaną ekspresję wirusowych onkoprotein E6/E7, związanych z transformacją nowotworową szyjki macicy.

CEL

Wykrycie miejsc przerwania sekwencji wirusowych genów E1 i E2 HPV16 w komórkach raka szyjki macicy (Ca) i śródnabłonkowej neoplazji małego stopnia (LSIL).

MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono u 26 kobiet z infekcją HPV-16 (test INNO-LiPA Genotyping), z rozpoznaniem Ca (n=11) i LSIL (n=15). Całkowite sekwencje E1 i E2 amplifikowano fragmentami odpowiednio przy pomocy 2 i 4 par specyficznych starterów (overlapping primer sets). Polimorfizm genu E1 i E2 identyfikowano metodą sekwencjonowania. Wyniki porównywano z sekwencją prototypową (GenBank no.K02718).

WYNIKI

W grupie kobiet z LSIL przerwanie sekwencji genu E1 lub E2 HPV16 wystąpiło z podobną częstością (13%), natomiast u 46% badanych wykrywano uszkodzenia w obu genach jednocześnie. W 4 przypadkach nie wykazano żadnych uszkodzeń. W raku szyjki macicy dominowało przerwanie sekwencji E2. Miejscem najczęściej występujących uszkodzeń tej sekwencji był region zawiasowy E2, zlokalizowany pomiędzy nukleotydami 3172 i 3649.

WNIOSEK

Wstępne badania sugerują, że miejsce przerwania sekwencji E2 może być czynnikiem rokowniczym raka szyjki macicy.

VIII-112

**OCENA WPŁYWU TOKSYN BAKTERYJNYCH (LPS, SEA)
ORAZ WIRUSA HPIV 3 NA UWALNIANIE KATELICYDYNY LL-37
PRZEZ LIMFOCYTY KRWI OBWODOWEJ CZŁOWIEKA****Michalak A.¹, Kubicka-Sierszeń A.², Brauncajs M.¹, Konieczka M.¹, Grzegorzczak J.¹**¹ Uniwersytet Medyczny w Łodzi Zakład Mikrobiologii i Laboratorium Immunologii Medycznej, Polska² Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Studium Doktoranckie, Polska

Słowa kluczowe: wirusologia, mikrobiologia środowiska, związki przeciwdrobnoustrojowe

Wstęp

Katelicydyna LL-37 jest białkiem o właściwościach przeciw mikrobowych oraz regulujących funkcję komórek - w tym limfocytów znajdujących się w krążeniu. Niewiele jest informacji na temat uwalniania tego biomarkera przez limfocyty poddane działaniu toksyn bakteryjnych czy wirusa HPIV3.

Cel:

Ocena wpływu toksyn bakteryjnych (LPS, SEA) oraz wirusa HPIV3 na uwalnianie Katelicydyny LL-37 przez limfocyty krwi obwodowej człowieka.

Materiały i metody

Komórki jednojądrowe (PBMC) izolowano z krwi obwodowej od 30 honorowych dawców krwi. Limfocyty były hodowane przez 48h w obecności LPS(1µg/ml), SEA(1µg/ml) oraz HPIV3 (MOI 0,1).

Próby: kontrolną stanowiły komórki indukowane PHA(10µg/ml); spontaniczną komórki zawieszone w medium hodowlanym. Katelicydynę LL-37 oznaczano w nadsączach metodą immuno-enzymatyczną ELISA.

Wyniki

Wykazano istotny statystycznie wzrost stężenia Katelicydyny LL-37 w obecności PHA, LPS, SEA w odniesieniu do próby spontanicznej SP. Średnie wartości wynosiły odpowiednio: PHA 7,75±0,88ng/ml vs 6,04±0,70ng/ml ($p<0,01$); LPS 7,51±0,80ng/ml vs 6,04±0,70ng/ml ($p<0,01$); SEA 7,72±0,94ng/ml vs 6,07±0,70ng/ml ($p<0,01$). Natomiast pod wpływem HPIV 3 uwalnianie było porównywalne do próby spontanicznej.

Wniosek

Toksyny bakteryjne LPS, SEA a także wirus HPIV3 w zróżnicowany sposób wpływają na uwalnianie Katelicydyny LL-37 co może przełożyć się na aktywację limfocytów.

Praca wykonana w ramach projektu "Młodzi Naukowcy" nr:502-03/1-137-02/502-14-219, 503/1-137-02/503-11-002

VIII-113

OKREŚLENIE AKTYWNOŚCI PRZECIWWIRUSOWEJ WYBRANYCH ZWIĄZKÓW Z GRUPY ANTYOKSYDANTÓW.

Biernat-Sudolska M.¹, Biłska-Woźniak A.², Kleszcz E.¹, Kosz-Vnenchak M.¹

¹ Zakład Wirusologii Katedra Mikrobiologii, UJ CM, Polska

² Katedra Biochemii Lekarskiej, UJ CM, Polska

Słowa kluczowe: wirusologia, związki przeciwdrobnoustrojowe

Opracowanie nowych leków przeciwwirusowych stwarza wiele wyzwań. Leki takie muszą być wysoce selektywne by ograniczyć toksyczny wpływ na komórki w których wirus się replikuje.

Celem naszych badań było określenie aktywności przeciwwirusowej 3 związków zarejestrowanych i dopuszczonych do obrotu jako leki/suplementy o szerokim, korzystnym działaniu na organizm człowieka:

Kwasu liponowego LA wykazującego m.in. właściwości immunomodulacyjne i antynowotworowe

Kwasu 2-merkaptotanosulfonowego Mesna stosowanego w leczeniu przeciwnowotworowym, w chorobach dróg oddechowych i moczowych

N acetylocysteiny NAC usprawniającej czynność nabłonka dróg oddechowych, wspomagającej odporność.

Badanie zostało przeprowadzone na modelu wirus HSV w linii komórkowej RK13. W badaniach zastosowano szczep McIntyre w mianie 10, 100, 1000 TCID₅₀

W pierwszym etapie określono najwyższe nietoksyczne stężenie badanych związków. Wynosiło ono dla LA 20µl/ml, MESNA 1200µl/ml, NAC 2500µl/ml. W badaniu aktywności przeciwwirusowej oceniono bezpośredni wpływ związków na wirusa, wpływ na adsorpcję wirusa do komórki i na kolejne etapy replikacji oraz określenie profilaktycznego działania związków.

Żaden z badanych związków nie zapobiegał wnikaniu wirusa do komórek i nie hamował replikacji wirusa Herpes. W przypadku NAC zauważono jedynie korzystny wpływ związku na morfologię komórek linii RK13.

IX-114

OCENA WYSTĘPOWANIA ZACHOROWAŃ NA MALARIĘ W SZPITALU UNIWERSYTECKIM W KRAKOWIE W LATACH 2008 – 2016

Kłyś A.¹, Mastalska K.¹

¹ Zakład Mikrobiologii, Szpital Uniwersytecki w Krakowie, Polska

Słowa kluczowe: parazytologia, choroby zakaźne

Pierwotniaki z rodzaju Plasmodium sp. wywołują chorobę pasożytniczą zwaną malarią (zimnicą). W skali światowej jest ona obok gruźlicy i zakażenia HIV najczęstszą chorobą zakaźną. Wektorem przenoszenia są samice komarów z rodzaju Anopheles. Spośród ok. 150 gatunków Plasmodium tylko 5 jest chorobotwórcza dla człowieka: P. falciparum, P. vivax, P. ovale, P. malariae, P. knowlesi.

Zwiększająca się świadomość zagrożeniem malarii wśród turystów przyczynia się do wzrostu badań wykonywanych w tym kierunku. W Szpitalu Uniwersyteckim (w latach 2008–2016) badania prowadzono w oparciu o tzw.: „złoty standard” (badanie mikroskopowe cienkich rozmazów i „grubej kropli” krwi włośniczkowej pełnej) oraz od 2010 r. test immunochromatograficzny. Wyniki testu potwierdzano badaniem mikroskopowym.

W Polsce malaria objęta jest nadzorem sanitarno – epidemiologicznym. W latach 2008-2016 w SU, wyniki dodatnie stanowiły 10% wykonywanych badań w diagnostyce malarii, za wyjątkiem 2013 r. kiedy potwierdzenie malarii dotyczyło aż 28%. W 2016 r. największą liczbę hospitalizacji wynikającej z zarażenia malarią stwierdzono w województwach: Małopolskim (9 przypadków), Mazowieckim (7 przypadków) i Zachodniopomorskim (5 przypadków). Wszystkich dziewięć przypadków odnotowanych w 2016 roku stwierdzono w SU w Krakowie. Najczęściej zalekanymi gatunkami Plasmodium były w kolejności: *P. falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale*.

IX-115

NOWE SPOJRZENIE NA PODZIAŁ *TRICHOMONAS VAGINALIS*

Kochan P.¹, Pietrzyk A.², Papir B.², Bulanda M.³

¹ Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Katedra Mikrobiologii/Pracownia Parazytologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

³ Kierownik Katedry Mikrobiologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: parazytologia

Wstęp

Rzęsistek pochwy (*Trichomonas vaginalis*) to pierwotniak wywołujący rzęsistkowicę. Choroby przenoszone drogą płciową (ChDP) są jednymi z najczęstszych schorzeń na świecie, według szacunków Światowej Organizacji Zdrowia (WHO), codziennie dochodzi do 1 miliona nowych zakażeń i zarażeń. Pomimo dostępnego leczenia, w światowym rankingu częstości ChDP, rzęsistkowica klasyfikuje się miejscu 4 z ponad 143 milionami osób zarażonych, po HSV na miejscu 1. (>500 milionów zakażonych), HPV na miejscu 2. (>290 milionów) oraz HBV (>250 milionów), prześcigając chłamydie (ok.131 milionów), rzeżączkę (ok.78 milionów), HIV (ok.36,7 miliona) i kiłę (ok. 5,6 miliona). Celem pracy jest zrewidowanie dotychczasowej wiedzy na temat cyklu replikacyjnego rzęsistka pochwowego.

Materiał i metody

W badaniu wykorzystano zarówno szczep referencyjny *Trichomonas vaginalis* ATCC PRA-92 jak i szczep pochodzący z kolekcji Katedry Mikrobiologii UJCM. Po namnożeniu w 24h hodowli Diamonda, rzęsistek został poddany wnikliwej obserwacji oraz dokumentacji (zdjęcia i filmy) w mikroskopie świetlnym (obiektywy 10-100x).

Wyniki

Dokonano obserwacji podziałów komórkowych, które odbiegają od opisów w literaturze nt. podziałów prostych. Ponadto zaobserwowano łączenie się trofozoitów między sobą.

Dyskusja i wnioski

W literaturze są nieliczne dane na temat łączenia się komórek, a pomimo różnorodności szczepów, niewiele nt. wymiany genetycznej. Należy zrewidować naszą wiedzę nt. cyklu rozwojowego *Trichomonas vaginalis*.

IX-116

ZARAŻENIA *GIARDIA LAMBLIA*, *CRYPTOSPORIDIUM PARVUM* I *BLASTOCYSTIS HOMINIS* U DZIECI.

Pietrzyk A.¹, Ponanta-Gawron K.², Kochan P.³, Papir B.¹, Sroka-Oleksiak A.³, Fyderek K.², Bulanda M.³

¹ Katedra Mikrobiologii/Pracownia Parazytologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Klinika Pediatrii, Gastroenterologii i Żywienia, Uniwersytecki Szpital Dziecięcy w Krakowie, Polska

³ Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: parazytologia

Wprowadzenie

G.lamblia i *C.parvum* są uważane za jedne z częstszych przyczyn parazytoz jelita cienkiego u ludzi powodowanych przez pierwotniaki. Powszechnie występującym w środowisku drobnoustrojem, przenoszonym wraz z zanieczyszczoną żywnością jest także *B.hominis*, który bytuje w jelicie grubym. Dzieci stanowią szczególną grupę ryzyka zarażenia pierwotniakami jelitowymi, co wiąże się z nie w pełni sprawnym układem immunologicznym lub z brakiem nawyków higienicznych.

Celem badań była ocena częstości występowania inwazji *G.lamblia*, *C.parvum* i *B.hominis* u dzieci z ostrą i przewlekającą się biegunką.

Materiały i metody

Materiał do badań stanowiły próbkę kału biegunkowego i uformowanego. Badaniami objęto grupę 110 dzieci do 16 roku życia z biegunką, przewlekającymi się bólami brzucha i innymi dolegliwościami (wzdęcia, zaparcia, nudności, wymioty, spadek masy ciała) leczonych w oddziale szpitalnym o profilu gastroenterologicznym. W badaniach diagnostycznych wykorzystano metodę immunoenzymatyczną, immunochromatograficzną i molekularną.

Wyniki

W grupie badanej stwierdzono obecność *G.lamblia* u 3 dzieci, *C.parvum* u jednego dziecka a *B.hominis* u 11 dzieci.

Wnioski

Uzyskane wyniki badań, prowadzonych równolegle za pomocą 3 różnych metod diagnostycznych wykazały, że u małych dzieci do 7 roku życia i u dzieci w wieku od 7 do 16 lat *G.lamblia* i *C.parvum* i stanowią bardzo rzadką przyczynę biegunek i innych dolegliwości ze strony przewodu pokarmowego, rzadszą niż *B.hominis*.

X-117

CHARAKTERYSTYKA MYKOBIOMU JELITA GRUBEGO U PACJENTÓW Z CUKRZYCĄ PRZY UŻYCIU TECHNIKI SEKWENCJONOWANIA NOWEJ GENERACJI (NGS).

Salamon D.¹, Sroka- Oleksiak A.¹, Kapusta P.², Szopa M.³, Bulanda M.¹, Małecki M.³, Ludwig-Gałęzowska A.², Wołkow P.², Gosiewski T.¹

¹ Katedra Mikrobiologii, Wydział Lekarski, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Ośrodek Genomiki Medycznej OMICRON, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

³ Katedra Chorób Metabolicznych Wydział Lekarski, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: mykologia, mikrobiom

Celem pracy była ocena jakościowa i ilościowa flory grzybiczej jelita grubego pacjentów z cukrzycą przy użyciu metody NGS.

Materiały i metody

Z DNA izolowanego z próbek kału od pacjentów z T1DM (n=16) i z T2DM (n=13) oraz od zdrowych wolontariuszy (n=16) zsekwencjonowano metodą NGS (aparaturę MiSeq - Illumina) fragmenty ITS, wchodzące w skład rybosomalnego DNA grzybów.

Wyniki

W 3 grupach badanych dominowały grzyby należące do typów: Basidiomycota i Ascomycota; odpowiednio: 89.7%, 82.8%, 89.3% oraz 3.4%, 15.0%, 8.3%. Statystycznie istotną różnicę wykazano dla Ascomycota między grupą T1DM a T2DM (p=0.0004) i między grupą kontrolną a T2DM (p=0.02). Na poziomie rzędu istotną różnicę wykazano między T1DM a kontrolą dla m.in. Cystofilobasidiales i Atheliales oraz między T1DM a T2DM dla Saccharomycetes; o__unidentified i Russulales. Na poziomie typu wykazano istotną dodatnią korelację względnego odsetka Ascomycota ze stężeniem trójglicerydów w grupie T2DM (p=0,04) oraz ujemną korelację ze stężeniem HDL w grupie kontrolnej (p=0,001). Podobne zależności stwierdzono na poziomie rzędu.

Wnioski

Metoda NGS umożliwiła wykrycie wielu jednostek taksonomicznych grzybów, które nie poddają się hodowli. Skład grzybów zasiedlających jelito grube pacjentów różni się istotnie w grupie T1DM i T2DM. Wydaje się, że istnieje zależność między składem mykobiomu a stężeniem lipidów we krwi osób z grupy kontrolnej oraz T2DM. Badanie finansowane ze środków NCN (SONATA, nr DEC-2011/03/D/NZ5/00551).

X-118

BADANIE MIKROBIOTY DWUNASTNICZEJ PACJENTÓW Z OTYŁOŚCIĄ I Z CUKRZYCĄ TYPU 2 (T2DM) Z ZASTOSOWANIEM SEKWENCJONOWANIA NOWEJ GENERACJI (NGS)

Sroka-Oleksiak A.¹, Salamon D.¹, Bulanda M.¹, Kapusta P.², Ludwig-Gaęzowska A.², Wołkow P.², Gosiewski T.¹

¹ Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum Wydział Lekarski, Katedra Mikrobiologii, Polska

² Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum Wydział Lekarski, Ośrodek Genomiki Medycznej – OMICRON, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, mikrobiom

Badanie mikrobioty jelitowej jest często prowadzone, szczególnie w przebiegu otyłości oraz cukrzycy T2DM. Dotychczasowe prace koncentrują się na poznawaniu flory bakteryjnej, zasiedlającej dystalną część jelit, z pominięciem proksymalnej, w której zachodzi większość procesów trawienia i wchłaniania.

CEL PRACY: Kompleksowa analiza mikrobioty dwunastniczej pacjentów z otyłością oraz z T2DM przy zastosowaniu NGS.

METODYKA: Materiałem badanym były biopaty dwunastnicze, pobrane za pomocą gastrokopu od uczestników badania:

- pacjentów z otyłością bez T2DM (n=17)
- pacjentów z otyłością i T2DM (n=22)
- zdrowych wolontariuszy bez T2DM i otyłości (n=27)

Z próbek izolowano bakteryjne DNA i przygotowywano do sekwencjonowania według procedury producenta.

WYNIKI: Dominujące we wszystkich trzech grupach były bakterie należące do typu Proteobacteria (42,4%) oraz Firmicutes (36,1%). Różnice istotne występowały pomiędzy grupą pacjentów T2DM i wolontariuszy, a pacjentami otyłymi, jedynie w przypadku bakterii należących do typu Actinobacteria (p=0,001). Z kolei na poziomie rodzaju w grupie pacjentów otyłych charakterystyczny był brak Bifidobacterium oraz ich znikomy odsetek (1%) w grupie pacjentów z T2DM w porównaniu do grupy kontrolnej (6%), (p=0,002).

WNIOSKI:

1. Charakterystyczna dla odcinka proksymalnego jelit jest dominacja bakterii należących do rodzaju Protobacteria.
2. W przebiegu zarówno T2DM jak i otyłości występuje deficyt ilościowy bifidobakterii.

X-119

MIKROFLORA POCHWY W CZASIE CIĄŻY – CZY COŚ SIĘ ZMIENIA?

Sroka-Oleksiak A., Brzychczy-Włoch M., Bulanda M., Gosiewski T.

Katedra Mikrobiologii UJ CM, Kraków, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, mikrobiom

Naturalna flora bakteryjna pochwy odpowiada za utrzymanie właściwego pH oraz stanowi barierę ochronną. Zaburzenie równowagi w jej składzie przyczynia się do zmniejszenia udziału głównego rodzaju Lactobacillus, co może prowadzić do rozwoju infekcji i komplikacji w trakcie ciąży.

Celem badań była jakościowa i ilościowa analiza składu bakteryjnego pochwy pacjentek na początku każdego z trzech trymestrów ciąży.

METODYKA: Badaniem objęto 36 kobiet, od których pobrano wymazy z pochwy w trakcie kolejnych trymestrów ciąży. Z próbek wyizolowano bakteryjne DNA, które następnie amplifikowano metodą PCR i przygotowywano do sekwencjonowania zgodnie z protokołem producenta.

WYNIKI: W każdym z trzech trymestrów dominujące były bakterie należące do typu Firmicutes (98,4%), w obrębie, którego zidentyfikowano 4 rodzaje: Lactobacillus (97,3%), Enterococcus (0,1%), Streptococcus (0,7%), Megaspheera (0,2%). Pozostałe typy: Actinobacteria, Bacteroidetes, Proteobacteria stanowiły śladowe ilości (kolejno 1,1%, 0,1% i 0,4%).

WNIOSKI:

1. Zastosowanie metody NGS umożliwiło uzyskanie profili bakteryjnych pochwy kobiet ciężarnych na przestrzeni kolejnych trymestrów.
2. Brak różnic istotnie statystycznych pomiędzy trymestrami oraz dominacja bakterii z rodzaju Lactobacillus świadczą o zachowaniu równowagi bakteryjnej w czasie ciąży.
3. Sekwencjonowanie metagenomowe może posłużyć w ginekologii do kontroli składu bakteryjnego pochwy.

Badania finansowane ze środków UJCM: K/ZDS/007048

X-120

ZMIANA MIKROBIOMU JELITOWEGO U DZIECI Z CHOROBA LEŚNIEWSKIEGO I CROHNA POZOSTAJĄCYCH NA WYŁĄCZNYM LECZENIU ŻYWIENIOWYM

Kowalska-Duplaga K.¹, Gosiewski T.², Wędrychowicz A.¹, Pieczarkowski S.¹, Sroka-Oleksiak A.², Wołkow P.³, Kapusta P.³, Ludwig-Gatęzowska A.³, Fyderek K.¹

¹ Klinika Pediatrii, Gastroenterologii i Żywienia, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum Wydział Lekarski, Katedra Mikrobiologii, Polska

³ Ośrodek Genomiki Medycznej OMICRON, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, mikrobiom

W etiologii choroby Leśniowskiego i Crohna (CD) bierze się pod uwagę m.in. wpływ diety oraz zmiany flory bakteryjnej. Czynniki te mogą odgrywać rolę zarówno w inicjowaniu jak i wygaszaniu procesu zapalnego. Celem badania była ocena wpływu wyłączonego żywienia enteralnego (EEN), stosowanego w indukcji remisji na mikrobiom jelitowy dzieci z CD oraz porównanie mikrobiomu pacjentów z CD z florą jelitową dzieci zdrowych.

Badaniem objęto 22 dzieci z nowo rozpoznaną CD oraz 13 dzieci z grupy kontrolnej. U pacjentów z CD próbki stolca pobierano przed rozpoczęciem leczenia (CD-1), w trakcie EEN (CD-2) i po rozszerzeniu diety (CD-3). U dzieci zdrowych pobierano jedną próbkę stolca (K). Próbki zostały poddane analizie metagenomicznej z zastosowaniem programu QIIME.

We wszystkich badanych grupach stwierdzono dominację bakterii typu Firmicutes (CD-1: 63,3%, CD-2: 57%, CD-3: 72,8%, K: 71,6%) i Actinobacteria (CD-1: 21,9%, CD-2: 35,9%, CD-3: 20,9%, K: 22,9%). W trakcie EEN i po jego zakończeniu wzrastała ilość Clostridium (odpowiednio: 29,7%, 39,3%, 49%) osiągając poziom zbliżony do grupy kontrolnej (64,1%) oraz spadała ilość Bacilli (27,3%, 11,6%, 17,3% vs. 4,3%). EEN powoduje zmniejszenie ilości bakterii rodzaju Enterococcus (14,5% vs 5,2%), które praktycznie nie występują u dzieci zdrowych oraz wzrost Bifidobacterium (z 8% do 11,3% vs. 16% w gr.K).

Wyniki badania wskazują, że EEN zmienia profil mikrobioty na wszystkich poziomach taksonomicznych.

Finansowanie: K/ZDS/005790

X-121

WPŁYW LECZENIA BIOLOGICZNEGO NA MIKROBIOM JELITA W CHOROBY LEŚNIEWSKIEGO-CROHNA

Fyderek K.¹, Kowalska-Duplaga K.¹, Gosiewski T.², Salamon D.², Sroka-Oleksiak A.², Wołkow P.³, Kapusta P.³, Ludwig-Gatęzowska A.³

¹ Klinika Pediatrii, Gastroenterologii i Żywienia Wydział Lekarski, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

² Katedra Mikrobiologii, Wydział Lekarski, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

³ Ośrodek Genomiki Medycznej OMICRON, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiom

Jednym z mechanizmów wyzwalających objawy choroby Leśniowskiego-Crohna (CD) jest zaburzenie mikrobiomu jelitowego. Najbardziej efektywnym sposobem leczenia ciężkich postaci choroby jest terapia biologiczna anty TNF- α , która powoduje wyciszenie stanu zapalnego śluzówki jelit. Interesujące jest czy leczenie infliksimabem, skutkujące wygojeniem śluzówki jelit, równocześnie przyczynia się do normalizacji mikroflory przewodu pokarmowego dzieci z CD.

Celem badania było porównanie mikrobiomu jelitowego pacjentów przed rozpoczęciem terapii biologicznej (TB-1) i po zakończeniu leczenia indukcyjnego (TB-2) oraz porównanie mikrobiomu pacjentów z CD z florą jelitową dzieci zdrowych (K).

Badaniem objęto 8 dzieci z CD poddanych leczeniu anty TNF- α i 13 dzieci z grupy kontrolnej. Próbki stolca zostały poddane analizie metagenomicznej z zastosowaniem programu QIIME.

We wszystkich badanych grupach stwierdzono dominację bakterii typu Firmicutes (TB-1: 57,4%, TB-2: 60%, K: 71,6%) i Actinobacteria (TB-1: 37,39, TB-2: 35,5%, K: 22,9%). Leczenie biologiczne nie wpływa na zmianę ilości Clostridium, która pozostaje mniejsza niż w grupie kontrolnej (40% vs 64,1%). Powoduje natomiast wzrost Bifidobacterium (z 12,7 % do 24% vs. 16% w gr. K), a także zmniejszenie ilości bakterii rodzaju Enterococcus (4,7% vs 1,2%), które praktycznie nie występują u dzieci zdrowych.

Wyniki badania wskazują, że leczenie infliksimabem zmienia liczebność wybranych grup taksonomicznych.

Finansowanie: K/ZDS/005789

X-122

IDENTYFIKACJA MICROBIOTA W ORGANIZMIE SZCZURÓW O OPTYMISTYCZNEJ LUB PESYMISTYCZNEJ TENDENCYJNOŚCI POZNAWCZEJ

Wójcik K.¹, Kubera M.², Witana K.¹, Curzytek K.³, Gil M.¹, Trojan E.³, Leja J.¹,
Ryguła R.⁴, Potempa J.¹

¹ Zakład Mikrobiologii WBBiB, Uniwersytet Jagielloński, Polska

² Instytut Farmakologii PAN, Zakład Endokrynologii Doświadczalnej, Polska

³ Zakład Endokrynologii Doświadczalnej, Instytut Farmakologii PAN, Polska

⁴ Pracownia Neurobiologii Emocji i Procesów Poznawczych, Zakład Badań Nowych Leków,
Instytut Farmakologii PAN, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiom

Optymizm jest różnicą między oczekiwaniami, a rzeczywistością. Celem pracy było zbadanie występowania zależności między migracją bakterii do tkanek zwierząt, a ich indeksem optymizmu. Do badań użyto samców szczurów. W testach interpretacji bodźca niejednoznacznego przypisano każdemu zwierzęciu tzw. indeks optymizmu, gdzie wartości dodatnie charakteryzują zwierzęta cechujące się większym "optymizmem", a wartości ujemne - zwierzęta o nastawieniu "pesymistycznym". Zwierzęta podzielono na dwie grupy. Jedną grupę poddano stresowi przez unieruchomienie przez 1 godz. przed dekapitacją. Druga grupa nie była stresowana. Oznaczono obecność bakterii w węzłach chłonnych krezkowych, w śledzionie i wątrobie szczurów metodą hodowlaną oraz za pomocą hybrydyzacji FISH. Bakterie identyfikowano metodą PCR oraz spektrometrii MALDI-TOF. W węzłach chłonnych zarówno szczurów stresowanych jak i nie stresowanych wykryto żywe bakterie w ilości od 0 do ok. $6,5 \times 10^3$ na 1 mg tkanki. Natomiast liczba bakterii w śledzionie i wątrobie zwierząt stresowanych była wyższa niż u zwierząt nie poddanych stresowi, a także u zwierząt zakwalifikowanych jako "pesymiści" liczba bakterii dochodziła u niektórych stresowanych osobników do znacznie wyższych wartości (ok. $1,4 \times 10^3$), niż u zwierząt „optymistów”. „Pesymizm”, jak dowiodły nasze wcześniejsze badania, związany był także ze znacznie wyższą produkcją prozapalnych cytokin. Najwięcej bakterii wyizolowanych od „pesymistów” należało do *Lactobacillus*.

X-123

ZASTOSOWANIE SEKWENCJONOWANIA METODĄ SANGERA W IDENTYFIKACJI GATUNKOWEJ NAJWAŻNIEJSZYCH ELEMENTÓW MIKROBIOMU

Piotrowska A., Brzychczy-Włoch M., Bulanda M.

Kraków, Katedra Mikrobiologii UJ CM, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, mikrobiom, diagnostyka zakażeń

Mikrobiom człowieka stanowią liczne gatunki bakterii. Szybka i precyzyjna identyfikacja gatunków jest kluczowa w podjęciu skutecznej antybakteryjnej terapii w przypadku wystąpienia zakażenia. Dostępne komercyjnie testy są często drogie i nie zawsze dają powtarzalne wyniki. Celem niniejszego badania była ocena skuteczności sekwencjonowania metodą Sangera, przy użyciu jednej pary starterów, do identyfikacji gatunkowej wybranych składników mikrobiomu człowieka.

Badaniem objęto 28 szczepów referencyjnych z kolekcji ATCC (American Type Culture Collection) reprezentujących różne gatunki, których DNA wyizolowano przy pomocy komercyjnego zestawu. Amplifikacji poddano fragment konserwatywnej sekwencji 16s rDNA przy użyciu jednej pary starterów. Amplikon rozdzielono w wyniku elektroforezy, a następnie sekwencjonowano metodą Sangera. Wygenerowany konsensus wprowadzono do bazy danych NCBI Blast w celu identyfikacji gatunku. Badane sekwencje, których podobieństwo do sekwencji wzorcowych, zamieszczonych w bazie danych wynosiło $\geq 98\%$ identyfikowano do gatunku.

W badanej puli szczepów 23 gatunki zostały zidentyfikowane ze 100% podobieństwem. Jednak pięciu z nich: *Bifidobacterium adolescentis* (ATCC 20083), *Bacteroides fragilis* (ATCC 25285), *Clostridium perfringens* (ATCC 3624), *Clostridium difficile* (ATCC 43593) i *Prevotella bivia* (ATCC 29303) nie zidentyfikowano poprawnie, co może wynikać z błędów podczas sekwencjonowania i wymaga weryfikacji.

X-124

PRODUKTY PROBIOTYCZNE – JOGURTY CZY SUPLEMENTY DIETY?

Zawistowska-Rojek A.¹, Kociszewska A.¹, Zaręba T.¹, Tyski S.²

¹ Zakład Antybiotyków i Mikrobiologii, Narodowy Instytut Leków, Polska

² Zakład Antybiotyków i Mikrobiologii, Narodowy Instytut Leków;

Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Polska

Słowa kluczowe: probiotyki

Bakterie probiotyczne z rodzaju *Lactobacillus* stosowane są w produktach leczniczych, suplementach diety, dietetycznych środkach spożywczych specjalnego przeznaczenia medycznego, wyrobach medycznych, a także w produktach spożywczych np. jogurtach.

Celem pracy była ocena jakości wybranych produktów probiotycznych oraz analiza wybranych właściwości – izoantagonizm bakterii z rodzaju *Lactobacillus* oraz oporność na żółć.

Przeprowadzono analizę przeżywalności bakterii w 15 produktach probiotycznych oraz w 8 jogurtach. Antagonizm oznaczano metodą słupkową, użyto szczepów wyizolowanych z preparatów probiotycznych (25) oraz z materiału klinicznego (13). Wpływ żółci na wzrost bakterii oznaczano mierząc przyrost absorbancji w hodowlach na podłożu MRS i MRS z dodatkiem 0,3% żółci.

Większość przebadanych produktów zawiera liczbę bakterii niższą niż deklarowana przez producenta w okresie ważności preparatu (11 z 15 produktów probiotycznych i 4 z 8 jogurtów). Produkty te nie posiadają minimalnej dawki terapeutycznej, stosowanie ich np. w trakcie biegunki czy antybiotykoterapii prawdopodobnie nie przyniesie oczekiwanych efektów. Wszystkie przebadane szczepy wykazują antagonizm wobec bakterii należących do tego samego rodzaju, powinno się zatem oznaczyć izoantagonizm przed zastosowaniem w danym produkcie różnych szczepów, ponadto szczepy dobrze tolerują środowisko z dodatkiem 0,3% soli żółci.

X-125

WPŁYW FERMENTACJI MLEKOWEJ NA ZAWARTOŚĆ BIOLOGICZNIE CZYNNEGO IZOMERU WITAMINY B8 W FERMENTOWANYCH MĄKACH GRZYZANYCH

Majkowska A., Honke J.1, Zieliński H.

Oddział Nauk o Żywności, Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Polska

Słowa kluczowe: probiotyki, mikrobiologia żywności

Gryka jest jednym ze źródeł D-chiro-inozytolu (DCI). W diecie gryczanej obniża poziom glukozy we krwi szczurów. Fermentacja mąk gryczanych przy użyciu wyselekcjonowanych bakterii kwasu mlekowego może prowadzić do zmian zawartości tego związku w mąkach.

Celem badań było poznanie wpływu wybranych gatunków bakterii kwasu mlekowego (14 szczepów z gatunków: *L. acidophilus*, *L. casei*, *L. delbrueckii*, *L. plantarum*, *L. rhamnosus*, *L. salivarius*, *S. thermophilus*) na zawartość D-chiro-inozytolu w mąkach gryczanych.

Materiał stanowiła mąka gryczana z pełnego przemiału obtuszczonej gryki (1,06 mg DCI/g s.m.) i mąka gryczana z pełnego przemiału gryki prażonej (0,75 mg DCI/g s.m.). Fermentowano 5% zawiesinę mąk gryczanych w 37°C przez 24 godziny. Zawartość D-chiro-inozytolu w zliofilizowanym materiale wyznaczono metodą HPLC z detekcją refraktometryczną.

Zastosowanie wybranych bakterii kwasu mlekowego prowadziło generalnie do redukcji zawartości D-chiro-inozytolu w fermentowanych mąkach gryczanych w zakresie od 21-59%, szczep *L. rhamnosus* GG nie wykazywał istotnego wpływu na zawartość D-chiro-inozytolu, natomiast fermentacja przy użyciu szczepu *L. salivarius* AWH prowadziła do dwukrotnego zwiększenia zawartości D-chiro-inozytolu w mąkach.

Wyniki wskazują na konieczność selekcji szczepów do fermentacji mąk gryczanych ukierunkowanej na zachowanie jak najwyższej zawartości D-chiro-inozytolu w fermentowanych mąkach gryczanych.

Badania wykonano w ramach projektu NCN Nr 2014/15/B/NZ9/04461

X-126

WPŁYW RODZAJU MĄKI GRYCZANEJ NA WZROST I AKTYWNOŚĆ KWASZĄCĄ WYBRANYCH GATUNKÓW BAKTERII KWASU MLEKOWEGO

Majkowska A., Lenkiewicz M., Rostek D., Zieliński H.

Oddział Nauk o Żywności, Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Polska

Słowa kluczowe: probiotyki, mikrobiologia żywności

Fermentacja mąk gryczanych przy użyciu wyselekcjonowanych bakterii kwasu mlekowego może prowadzić do zmian fizyko-chemicznych i funkcjonalnych.

Celem badań było poznanie wpływu rodzaju mąki gryczanej na wzrost i aktywność kwaszającą wybranych bakterii kwasu mlekowego (14 szczepów z gatunków: *L. acidophilus*, *L. casei*, *L. delbrueckii*, *L. plantarum*, *L. rhamnosus*, *L. salivarius*, *S. thermophilus*).

Materiał do badań była mąka gryczana z pełnego przemiału obtuszczonej gryki i mąka gryczana z pełnego przemiału gryki prażonej. Fermentację prowadzono w 5% zawiesinie mąk gryczanych przy użyciu szczepów bakterii kwasu mlekowego w 37°C przez 24 godziny. Monitorowano wzrost bakterii oraz zmiany pH.

Mąka gryczana wywierała większy wpływ na wzrost i aktywność kwaszającą wybranych gatunków bakterii kwasu mlekowego w porównaniu do mąki uzyskanej z gryki prażonej. Stwierdzono, że zastosowanie bakterii kwasu mlekowego *L. acidophilus* V, *L. rhamnosus* GG, *L. rhamnosus* 8/4, oraz *L. salivarius* AWH w 5% zawiesinie mąk gryczanych prowadziło do najwyższego wzrostu liczby bakterii oraz optymalnego ukwaszenia mierzonego obniżeniem pH zawiesiny.

Uzyskane wyniki wskazują na wpływ mąk gryczanych na wzrost i aktywność kwaszającą wskazanych bakterii kwasu mlekowego, co może mieć znaczenie w dalszej ocenie fizyko-chemicznej i funkcjonalnej fermentowanych mąk gryczanych.

Badania wykonano w ramach projektu NCN Nr 2014/15/B/NZ9/04461

X-127

PRODUKCJA PREPARATÓW SYNBIOTYCZNYCH DLA ZWIERZĄT MONOGASTRYCZNYCH

Pacesz A.¹, Białas W.¹, Dembczyński R.¹, Śliżewska K.², Sip A.¹¹ Uniwersytet Przyrodniczy, Polska² Politechnika Łódzka, Polska

Słowa kluczowe: probiotyki, mikrobiologia przemysłowa

Zakaz stosowania antybiotykowych stymulatorów wzrostu w żywieniu zwierząt gospodarskich wymusił konieczność poszukiwania ich zamienników. Mogą być nimi preparaty synbiotyczne. Preparaty takie zawierają szczepy drobnoustrojów, które w korzystny sposób modyfikują mikroflorę przewodu pokarmowego zwierząt, oraz substancje prebiotyczne działające odżywczo i ochronnie na komórki mikroorganizmów probiotycznych. Na polskim rynku brakuje jednak produktu synbiotycznego, w skład którego wchodziłyby drobnoustroje wyizolowane z rodzimego ekosystemu. Dlatego w ramach projektu PBS3/A8/32/2015 podjęto próbę opracowania składu i technologii wytwarzania takiego preparatu. Aby zapewnić rentowność jego produkcji, zoptymalizowano warunki hodowli i utrwalania wyizolowanych szczepów probiotycznych. Hodowle pięciu wytypowanych szczepów probiotycznych prowadzono w bioreaktorach o pojemności 30-150L w podłożach półstałych złożonych z surowców roślinnych będących naturalnym źródłem substancji prebiotycznych. W warunkach ustalonych w ramach pracy otrzymywano biomasę o stężeniu komórek powyżej 10⁹ jtk/ml. Biomasa tę wraz ze złożem hodowlanym z pominięciem etapu separacji komórek, suszono rozpyłowo w emulsjach stabilizowanych odtłuszczonego mlekiem w proszku, uzyskując preparaty o zawartości komórek co najmniej 10⁹ jtk/g. Wytworzone według opracowanej technologii preparaty synbiotyczne są aktualnie testowane na zwierzętach.

X-128

ZANIECZYSZCZENIE BAKTERYJNE MIĘŚNI AMURA BIAŁEGO I JESIOTRA SYBERYJSKIEGO

Pyz-Łukasik R.¹, Paszkiewicz W.²

¹ Katedra Higieny Żywności Zwierzęcego Pochodzenia, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin, Polska

² Katedra Higieny Żywności Zwierzęcego Pochodzenia, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiologia żywności

Amur biały (*Ctenopharyngodonidella*) i jesiotr syberyjski (*Acipenserbaerii*) należą do ryb hodowlanych o istotnym znaczeniu gospodarczym. Obowiązujące w krajach UE rozporządzenie 2073/2005 określające mikrobiologiczne kryteria bezpieczeństwa oraz higieny procesywności nie uwzględnia wymagań dla ryb świeżych. Dopuszczalne poziomy ogólnego zanieczyszczenia bakteryjnego dla świeżych ryb zostały zaproponowane przez International Commission on Microbiological Specification for Foods (ICMSF). Ponadto, z punktu widzenia bezpieczeństwa żywności, ryby przeznaczone do konsumpcji nie powinny zawierać drobnoustrojów chorobotwórczych. Na rodzaj i poziom zanieczyszczenia mikrobiologicznego ryb może wpływać m. in. środowisko hodowli.

Celem badań było określenie ewentualnej obecności drobnoustrojów chorobotwórczych *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes* i *E. coli* oraz ogólnego zanieczyszczenia bakteryjnego w mięśniach amura białego (n=6) i jesiotra syberyjskiego (n=6) pochodzących z różnych hodowli. Badania przeprowadzono wg Polskich Norm: PN-EN ISO 6579:2003, PN-EN ISO 11290-1:1999, PN-ISO 16649-2:2004 i PN-EN ISO 48332:2013-12.

W badanych próbkach nie stwierdzono obecności *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes* i *E. coli*. Ogólna liczba drobnoustrojów tlenowych w mięśniach badanych gatunków ryb wynosiła średnio log 4.5 jtk/g. Miejsce pozyskania badanych gatunków ryb nie miało wpływu na poziom ich ogólnego zanieczyszczenia bakteryjnego.

XI-129

STYMULACJA BAKTERII ŚRODOWISKOWYCH Z WYKORZYSTANIEM NANOKOMPOZYTÓW KRZEMOWYCH I WĘGLOWYCH

Augustyniak A.¹, Cendrowski K.², Barylak M.², Mijowska E.², Nawrotek P.¹

¹ Katedra Immunologii, Mikrobiologii i Chemii Fizjologicznej, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, Polska

² Katedra Nanotechnologii, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, mikrobiologia środowiska, związki przeciwdrobnoustrojowe

Nanomateriały znajdują zastosowanie jako środki przeciwdrobnoustrojowe. Jednym z bardziej istotnych czynników warunkujących antymikrobiologiczne działanie nanomateriałów jest ich biodostępność. Dotychczas wykazano, że zmniejszenie dostępności i występowanie substancji w dawkach subletalnych mogą m. in. stymulować bakterie do formowania biofilmu. Dlatego celem pracy była ocena wpływu wybranych nanokompozytów krzemowych i węglowych na wybrane parametry życiowe wybranych drobnoustrojów środowiskowych.

Materiał badawczy to pięć szczepów z rodzajów *Pseudomonas* i *Streptomyces*. Nanomateriały wybrane do badań stanowiły nanokompozyty krzemowe i węglowe funkcjonalizowane jonami metali lub ditlenkiem tytanu. Doświadczenia wykonywane były z użyciem metod hodowlanych, mikroskopowych, spektrofotometrycznych oraz cytometrii przepływowej.

Uzyskane wyniki wykazały, że nanomateriały stymulowały analizowane bakterie do wytwarzania metabolitów wtórnych, w tym barwników. Prawdopodobnie miały również wpływ na cykl rozwojowy promieniowców. Stwierdzono ponadto wnikanie nanocząstek do komórek bakteryjnych, co w przypadku pałeczek *Pseudomonas* spp. zwiększyło zdolność do formowania biofilmu. Zastosowanie nanomateriałów w roli środków przeciwbakteryjnych może nie przynieść oczekiwanego efektu, jeżeli nanocząstki nie wykazują odpowiedniej dyspersji i występują w koncentracjach subletalnych.

XI-130

INTEGRONY OPORNOŚCI BAKTERII WYZIOLOWANYCH ZE ŚCIEKÓW MIEJSKICH

Dzięgielewski W.¹, Sobala D.¹, Szymkowiak L.¹, Makowska N.¹, Koczura R.¹, Mokracka J.¹¹ Zakład Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Polska

Słowa kluczowe: genetyka, mikrobiologia środowiska

Oczyszczalnia ścieków jest środowiskiem sprzyjającym intensywnemu horyzontalnemu transferowi genów ze względu na dużą liczbę bakterii, presję wywołaną obecnością antybiotyków w subinhibicyjnych stężeniach i metali ciężkich. Celem badań było określenie występowania i zawartości genowej integronów oporności bakterii heterotroficznych, wyizolowanych z Centralnej Oczyszczalni Ścieków w Koziegłównach k. Poznania.

Bakterie izolowano ze ścieku surowego, komory napowietrzania i ścieku oczyszczonego. Łącznie wyosobniono 172 szczepy mające integrony klasy 1 i dwa z integronami klasy 2. Bakterie te należały do rodzin Aeromonadaceae, Vibrionaceae i Enterobacteriaceae.

Regiony zmienne integronów klasy 1 zawierały szeregi kaset genowych: aadA1, aadA2, aadA3, dfrA1, dfrA1-aadA1, dfrA17-aadA2, dfrA17-aadA5, bla_{OXA-2}-orfD, catB8-aadA1, dfrB1-aadA1b i dfrA12-orfF-aadA1. Region zmienny 6% integronów nie zawierał kaset genowych.

Spośród szczepów z integronami, 71,7% było wieloopornych. Bakterie najczęściej odporne były na sulfametoksazol (93,2%) i ceftarolinę (67,1%), a najrzadziej na meropenem (3,4%).

Proces oczyszczania ścieków sprzyja zwiększaniu się różnorodności kaset genowych integronów klasy 1 u bakterii; w genomach szczepów pochodzących ze ścieku oczyszczonego stwierdzono największą liczbę odmiennych genów oporności na antybiotyki w porównaniu do ścieku surowego i osadu czynnego.

Praca sfinansowana ze środków Narodowego Centrum Nauki przyznanych na podstawie decyzji nr DEC-2015/17/N/NZ9/00954.

XI-131

PROFILE BIOCHEMICZNE IZOLATÓW ESCHERICHIA ALBERTII POCHODZĄCYCH OD DZIKIEGO PTACTWA

Fiedoruk K.¹, Kaczmarzyk D.¹, Daniluk T.¹, Kliber M.¹, Świecicka I.², Leszczyńska K.¹¹ Zakład Mikrobiologii, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Polska² Zakład Mikrobiologii, Uniwersytet w Białymstoku, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, genetyka, choroby zakaźne

WSTĘP

Escherichia albertii, podobnie jak niektóre szczepy *Escherichia coli*, jest enteropatogenem ludzi i ptaków. Jednak ze względu na niedawne opisanie tego gatunku brakuje danych dotyczących charakterystyki i różnicowania cech fenotypowych *E. albertii*.

CEL

Ocena stopnia różnicowania biochemicznego szczepów *E. albertii*.

MATERIAŁ I METODY

Szczepy *E. albertii* izolowano z próbek kału ptaków wędrownych i osiadłych oraz zbiorników wodnych w miejscu ich bytowania. Próbkę pobierano w latach 2015-2016 na terenie województwa podlaskiego. Izolaty *E. albertii* identyfikowano za pomocą PCR. Podobieństwo genetyczne szczepów oceniono z użyciem metody PFGE, a profile biochemiczne porównano w oparciu o testy API50CHE i API20E (bioMérieux).

WYNIKI

Spośród 27 przebadanych szczepów, 96% (API20E) i 74% (API50CHE) zostały zidentyfikowane jako *E. coli* (identyfikacja na poziomie bardzo dobrym lub dobrym). W pozostałych przypadkach cechy biochemiczne wskazywały na takie gatunki jak: *H. alvei*, *Y. ruckeri*, *M. morgani* i *V. parahaemolyticus*.

WNIOSKI

1. Ze względu na duże różnicowanie profili biochemicznych szczepów *E. albertii* metody genetyczne pozostają obecnie jedyną wiarygodną metodą ich identyfikacji.

2. Istnieje potrzeba rozszerzenia dostępnych testów biochemicznych o cechy różnicujące *E. albertii* od pozostałych pałeczek z rodziny Enterobacteriaceae.

Praca powstała w wyniku realizacji projektu badawczego o nr 2015/17/B/NZ6/03470 finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki.

XI-132

STRUKTURA ZESPOŁÓW BAKTERII W GLEBIE SKAŻONEJ ERYTROMYCYNĄ I/LUB INOKULOWANEJ ERYTROMYCYNOPORNYM SZCZEPEM RAOULTELLA SP.

Cycoń M.¹, Orlewska K.¹, Piotrowska-Seget Z.²¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii i Wirusologii, Wydział Farmaceutyczny z Oddziałem Medycyny Laboratoryjnej w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska² Katedra Mikrobiologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiologia środowiska

Stosowanie antybiotyków doprowadziło do zanieczyszczenia gleby, w której mogą wywierać presję selekcyjną w obrębie zespołów mikroorganizmów i zwiększać liczbę antybiotykoopornych mikroorganizmów. Celem pracy była ocena wpływu jednego z częściej stosowanych antybiotyków, tj. erytromycyny oraz erytromycyno-opornego szczepu *Raoultella* sp. na genetyczną bioróżnorodność zespołów bakterii glebowych. Do tego celu wykorzystano elektroforezę w gradiencie czynnika denaturującego (DGGE) poprzedzoną izolacją genomowego DNA z gleby oraz amplifikacją fragmentu genu kodującego 16S rRNA.

Analiza profili DGGE wykazała okresowe zmiany w strukturze bakterii glebowych w trakcie 90-dniowego eksperymentu. Analiza indeksów S i H potwierdziła istotny spadek wartości mierzonych parametrów, co sugeruje spadek liczby i bioróżnorodności gatunków. Analiza ANOVA wykazała, że na wartość indeksu S istotny wpływ miała dawka antybiotyku i czas oraz interakcja pomiędzy tymi czynnikami. Z kolei, na wartość indeksu H istotny wpływ miała dawka erytromycyny i czas. W przypadku indeksu E_H , na jego wartość istotny wpływ miał tylko czas. Nie wykazano istotnego wpływu szczepu *Raoultella* sp. na wartości indeksów S, H i E_H w trakcie doświadczenia.

*Badania prowadzono w ramach projektu badawczego o nr 2014/15/B/NZ9/04414 finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki.

XI-133

IZOLACJA DROBNOUSTROJÓW KLEBSIELLA PNEUMONIAE ORAZ KLEBSIELLA OXYTOCA OD INWAZYJNYCH GATUNKÓW ŻÓŁWI W POLSCE

Budniak S.¹, Kedrak-Jabłońska A.¹, Szczawińska A.¹, Rekxa M.¹, Krupa M.¹, Szulowski K.¹¹ Zakład Mikrobiologii, Państwowy Instytut Weterynaryjny-Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia

Klebsiella pneumoniae oraz *Klebsiella oxytoca* są oportunistycznymi patogenami często izolowanymi z przypadków zakażeń u zwierząt i ludzi. Celem pracy było stwierdzenie obecności *K. pneumoniae* oraz *K. oxytoca* u inwazyjnych gatunków żółwi, jako wektora drobnoustrojów patogennych dla innych zwierząt i ludzi. Materiał pochodził od 25 żółwi należących do wszystkich podgatunków żółwia ozdobnego (czerwonolicy, żółtolicy, żółto brzuchy). Do badań pobierano przyżyciowo wymazy i sekcynie narządy wewnętrzne. Próbkę były posiewane na podłożu MacConkeya. Podejrzane kolonie identyfikowano na podstawie morfologii, właściwości biochemicznych, a także metod biologii molekularnej. Przeprowadzono testy PCR wg Chander i wsp. (2011) na obecność genu *gyrA*, *rpoB*, *pehX*, które pozwoliły na zakwalifikowanie badanych izolatów do rodzaju *Klebsiella*, gatunków *K. pneumoniae* i *K. oxytoca*. Z badanych próbek wyosobniono siedemnaście izolatów *K. pneumoniae* oraz dziewięć *K. oxytoca*. Przeprowadzone badania świadczą o obecności potencjalnie patogennych drobnoustrojów z rodzaju *Klebsiella* u inwazyjnych gatunków żółwi.

Praca została zrealizowana ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach projektu „Inwazyjne gatunki żółwi jako źródło i wektor mikroflory patogennej dla zwierząt i ludzi” (Grant nr 2013/11/B/NZ7/01690)

XI-134

**IZOLACJA I IDENTYFIKACJA PASTEURELLA MULTOCIDA
WYOSOBNIONYCH OD ŻUBRÓW W POLSCE****Kędrak-Jabłońska A.¹, Budniak S.¹, Szczawińska A.¹, Rekxa M.¹, Krupa M.¹,
Krzysiak M.², Szulowski K.¹**¹ Zakład Mikrobiologii, Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy,
Puławy, Polska² Białowiecki Park Narodowy, Białowieża, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia

Pasteurella multocida wykazuje znaczne różnice w morfologii kolonii, aktywności biochemicznej, strukturze antygenowej i patogenności. Drobnoustrój ten może być pierwotnym lub wtórnym czynnikiem w procesach chorobowych występujących u domowych oraz dzikich ssaków i ptaków. Może także występować jako komensal w okolicy nosowo-gardłowej klinicznie zdrowych zwierząt. Celem pracy było stwierdzenie obecności *P. multocida* u żubrów w Polsce i ich identyfikacja. Do badań użyto trzynaście izolatów wyosobnionych z narządów wewnętrznych padłych oraz eliminowanych zwierząt. Właściwości fizjologiczne i biochemiczne badano testem API 20E firmy bioMérieux oraz metodami tradycyjnymi według ogólnie przyjętych zasad. Przeprowadzono również test multiplex PCR (OIE Terrestrial Manual 2012) pozwalający na równoczesną identyfikację gatunku oraz określenie typów otoczkowych A, B, D lub F. Stwierdzono, że badane szczepy wytwarzały katalazę, nie posiadały zdolności ruchu i nie rosły na podłożu MacConkeya. Na podstawie badań biochemicznych, zgodnie z kryteriami Muttersa i wsp. oraz Bisgaard i wsp., wszystkie badane izolaty zostały zakwalifikowane do podgatunku *P. multocida* subsp. *multocida*. W reakcji multiplex PCR w przypadku wszystkich szczepów stwierdzono obecność fragmentu o wielkości 460 pz swoistego dla gatunku *P. multocida* oraz fragmentu 1044 pz świadczącego o obecności otoczki typu A.

XI-135

**KRAJOWE GATUNKI NIETOPERZY JAKO REZERWUAR
WIELOLEKOOPORNYCH SZCZEPÓW E. COLI I ENTEROCOCCUS
SPP.- ANALIZA I OCENA SKALI ZJAWISKA****Nowakiewicz A.¹, Zięba P.², Gnat S.¹, Waśko D.³, Żyła S.³**¹ Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin, Polska² Zakład Higieny Weterynaryjnej, Lublin, Polska³ Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia

Progresywny rozwój oporności na leki przeciwbakteryjne stanowi wciąż aktualny problem, co potwierdzają wyniki monitoringu oporności wyselekcjonowanych gatunków drobnoustrojów. Do grupy tej należą min. odzwierzęce izolaty *E. coli* (ESBL i AmpC), *E. faecalis*/*E. faecium* (HLAR i VAN) uznane przez międzynarodowe organizacje zajmujące się ochroną zdrowia publicznego za stanowiące poważne zagrożenie zdrowia publicznego. Ze względu na fakt, że dane z obszaru Polski, dotyczące nosicielstwa szczepów opornych występujących u zwierząt wolno żyjących są bardzo nieliczne, cel naukowy projektu stanowiła ocena zakresu i poziomu oporności wśród izolatów bakteryjnych pochodzących od wybranych gatunków nietoperzy. Materiał do badania stanowiło 112 próbek pobranych z 7 kolonii *Vespertilionidae*. Izolacja i identyfikacja została przeprowadzona w oparciu o standardowe procedury mikrobiologiczne i molekularne. Fenotypową analizę oporności przeprowadzono w oparciu o normę CLSI (M100-S24). Zakres i rodzaj oporności został również potwierdzony molekularnie (geny oporności). W badanym materiale wykazano obecność 44 wielolekoopornych szczepów *E. faecalis*/*E. faecium*, w tym odpowiednio 69,9% i 6,8% szczepów o fenotypie/genotypie HLAR i VAN. Z materiału wyizolowano również 16 wielolekoopornych szczepów *E. coli*, w tym 3 izolaty o fenotypie ESBL. Wykazano, iż krajowe gatunki nietoperzy mogą stanowić istotny rezerwuuar szczepów wielolekoopornych

XI-136

WYKRYWANIE BETA-LAKTAMAZ O ROZSZERZONYM SPEKTRUM SUBSTRATOWYM WŚRÓD BAKTERII ESCHERICHIA COLI IZOLOWANYCH Z ODCHODÓW PTASICH.

Rybak B.¹, Ziółkowski P.², Furmanek-Blaszk B.³

¹ Kolekcja Plazmidów i Drobnoustrojów, Zakład Medycyny Tropikalnej i Epidemiologii
Katedra Medycyny Tropikalnej i Parazytologii Gdański Uniwersytet Medyczny, Polska

² Uniwersytet Gdański, Katedra Mikrobiologii, Polska

³ Uniwersytet Gdański, Katedra Mikrobiologii, Polska

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne, mikrobiologia środowiska, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Escherichia coli jest jednym z ważniejszych patogenów szpitalnych. Do niedawna szczepy *E. coli* ESBL (Extended-Spectrum Beta-Lactamases) były typowymi patogenami szpitalnymi, jednakże w ciągu ostatnich lat coraz częściej identyfikowane są w zakażeniach poza szpitalnych a także od zwierząt hodowlanych i domowych. Wśród szczepów *E. coli* ESBL+ dominują beta-laktamazy z rodziny CTX-M.

W pracy wykorzystano szczepy *E. coli* pochodzące z materiału pobranego z kloaki ptaków obrączkowanych w okolicach Trójmiasta w okresie wrzesień 2016 – maj 2017. Materiał pobrano od 23 ptaków z gatunków: *F. atra* (6 sztuk); *C. olor* (2 sztuki), *Ch. ridibundus* (2 sztuki), *L. canus* (3 sztuki), *L. argentatus* (7 sztuk); *C. monedula* (2 sztuki), *C. frugilegus* (1 sztuka).

Wykrywanie beta-laktamaz ESBL wykonano metodą dwóch krążków. Wykorzystując technikę PCR zamplikowano fragment genu kodującego ESBL z rodziny CTX-M a powstałe produkty poddano sekwencjonowaniu. Szczepy *E. coli* wytwarzające ESBL wykryto u 5 ptaków. U jednego osobnika *F. atra* odłowionego dwukrotnie wyizolowano dwa szczepy *E. coli* ESBL+ o różnym fenotypie lekooporności.

Nosicielstwo bakterii z rodziny Enterobacteriaceae wytwarzających beta-laktamazy ESBL w przewodzie pokarmowym dzikich zwierząt synantropijnych stanowi istotny rezerwuuar szczepów wielolekoopornych niebrany pod uwagę w rozważaniach epidemiologicznych.

XI-137

BADANIE EFEKTU TERAPEUTYCZNEGO PREPARATÓW STOSOWANYCH W LECZENIU MASTITIS U BYDŁA ORAZ ANALIZA GENETYCZNA I FENOTYPOWA SZCZEPÓW S. AUREUS

Lisowska K.¹, Kosecka-Strojek M.¹, Wójcik P.², Walczak J.², Dudko P.³, Międzobrodzki J.¹

¹ Uniwersytet Jagielloński, Kraków, Polska

² Państwowy Instytut Badawczy, Kraków, Polska

³ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Polska

Słowa kluczowe: bakteriologia, związki przeciwdrobnoustrojowe, epidemiologia zakażeń i zarażeń

Mastitis jest często występującym schorzeniem gruczołów mlecznych. Przez wzgląd na bogaty aparat enzymatyczny i rosnącą lekooporność, istotnym czynnikiem etiologicznym tego schorzenia jest gatunek *Staphylococcus aureus*.

Celem badań było określenie zmian mikroflory oraz liczby komórek somatycznych w próbach mleka pobranych od bydła z potwierdzonym mastitis oraz próba oszacowania efektu terapeutycznego preparatów. Celem była także analiza fenotypowa i genetyczna szczepów *S. aureus* wyizolowanych z danych prób.

Efekt terapeutycznym jest spadek liczby komórek somatycznych oraz liczebności patogenu lub jego eradykacja. U części badanych krów wykazano efekt terapeutyczny zastosowanych preparatów. Większość spośród wyizolowanych 14 szczepów *S. aureus* charakteryzowała się niską lekoopornością i silną aktywność enzymatyczną. Wszystkie szczepy wykazywały aktywność nukleaz, 93% szczepów wykazywało aktywność proteolityczną, 78% szczepów aktywność hemolityczną. W wyniku analizy MLVA wyróżniono 4 klaster, 3 z klastery grupowały szczepy pochodzące z różnych farm, a jeden klastery obejmował szczepy z farmy Semanicki i Kuśnier. Efekt terapeutyczny zastosowanych preparatów jest niejednoznaczny i wymaga dalszych analiz oraz uzupełnienia eksperymentów o dodatkowe dane. Uzyskane wyniki wskazują na wysoką aktywność enzymatyczną szczepów, co wpływa na zaostrzony przebieg infekcji. Badania genetyczne sugerują transmisję szczepów jedynie dla farm Semanicki i Kuśnier.

XI-138

BAKTERIE ANAMMOX – WYJĄTKOWE OGNIWO PROCESU PRZEMIAN AZOTU W ŚRODOWISKU NATURALNYM I TECHNOLOGICZNYM**Ziemińska-Buczyńska A.¹, Banach A.¹, Tomaszewski M.¹, Gutwiński P.¹, Poprawa I.¹, Cema G.¹**¹ Katedra Biotechnologii Środowiskowej, Wydział Inżynierii Środowiska i Energetyki, Politechnika Śląska, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiologia środowiska

Azot jest jednym z dwóch pierwiastków biogennych, którego efektywne usuwanie ze ścieków jest od lat przedmiotem wielu badań, zarówno z zakresu technologii oczyszczania ścieków, jak i mikrobiologii. Większość procesów biogeochemicznego obiegu azotu była znana już na początku ubiegłego wieku. Jednak obliczenia termodynamiczne, przeprowadzone w latach 70. XX wieku wskazywały, że nitryfikatory nie są jedyną grupą bakterii zdolnych do utleniania azotu amonowego. To założenie potwierdziło odkrycie w 1995 roku procesu beztlenowego utleniania amoniaku – Anammox, a zaraz potem bakterii, które go prowadzą. Od tamtej pory mikrobiolodzy dysponują coraz szerszą wiedzą, dotyczącą tych mikroorganizmów, z której korzystają technologowie, projektując coraz to efektywniejsze systemy biologicznego oczyszczania ścieków oparte o proces Anammox. Bakterie Anammox, poza ogromnym potencjałem wykorzystywanym w inżynierii środowiska, budzą żywe zainteresowanie mikrobiologów m. in. ultrastrukturą komórki, dalece odbiegającą od typowo prokariotycznego modelu. W tym eksperymencie poddano analizie zbiorowisko bakterii Anammox w biocenozie osadu czynnego w sekwencyjnym reaktorze biologicznym, podczas technologicznego wpracowania procesu. Badania prowadzono metodą RT-PCR-DGGE oraz FISH. Takie analizy dostarczają informacji o zmianach w strukturze zbiorowiska bakteryjnego, co pomaga zwiększyć stabilność i efektywność procesu technologicznego. Badania z użyciem transmisyjnej mikroskopii elektronowej pozwoliły potwierdzić w osadzie czynnym obecność bakterii Anammox, posiadających charakterystyczne dla nich struktury błoniaste (anammoksosomy).

Badania finansowane przez NCN:UMO-2013/09/D/NZ9/02438

XI-139

OCENA LEKOWRAŻLIWOŚCI SZCZEPÓW PSEUDOMONAS AERUGINOSA IZOLOWANYCH ZE ŚRODOWISKA PRODUKCJI FARMACEUTYCZNEJ**Ratajczak M.¹, Kamińska D.¹, Długaszewska J.¹, Gajęcka M.²**¹ Katedra i Zakład Genetyki i Mikrobiologii Farmaceutycznej, Uniwersytet Medyczny, Polska² Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu, Katedra i Zakład Genetyki i Mikrobiologii Farmaceutycznej, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiologia przemysłowa

Pałeczki *P. aeruginosa* są drobnoustrojami chorobotwórczymi dla człowieka, występującymi powszechnie w środowisku naturalnym. Ponieważ bakterie te mają niewielkie wymagania odżywcze mogą być izolowane z powierzchni abiotycznych w środowisku produkcji farmaceutycznej.

Celem badań była ocena lekowrażliwości szczepów *P. aeruginosa* wyizolowanych ze środowiska produkcyjnego zakładów farmaceutycznych.

Ocenę wrażliwości szczepów *P. aeruginosa* na antybiotyki wykonano metodą dyfuzyjno-krążkową zgodnie z zaleceniami EUCAST. Dla szczepów *P. aeruginosa* średniowrażliwych lub opornych na karbapenemy i opornych na tikarcylinę z kwasem klawulanowym wykonano test Carba NP oraz fenotypowy test przesiewowy z EDTA w kierunku wykrycia wytwarzania metalo-β-laktamazy (MBL). Spośród 46 analizowanych szczepów dziewięć wykazało oporność na co najmniej jeden antybiotyk. Najwyższy odsetek szczepów wrażliwych stwierdzono wobec ciprofloksacyny (97,8%). Najwięcej szczepów opornych zanotowano na antybiotyki aminoglikozydowe.

Wśród antybiotyków betalaktamowych największy odsetek szczepów opornych odnotowano na ceftazydym i imipenem (4,3%). Analizując profil lekooporności szczepów pałeczki ropy błękitnej możemy zauważyć, iż najwięcej izolatów wykazywało wrażliwość na tikarcylinę z kwasem klawulanowym. Dwa izolaty okazały się być producentami metalo-β-laktamazy MBL.

W środowisku farmaceutycznym występują szczepy *P. aeruginosa*, które wykazują oporność na rutynowo stosowane antybiotyki.

XI-140

WYKORZYSTANIE METABOLOMIKI W ANALIZIE ZJAWISKA BIODETERIORACJI OBIEKTÓW BUDOWLANYCH ZASIEDLANYCH PRZEZ MIKROORGANIZMY HALOFILNE

Adamiak J.¹, Bonify V.², Otlewska A.¹, Stryszewska T.³, Kańka S.³, Sunner J.², Beech I.², Gutarowska B.¹

¹ Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Politechnika Łódzka, Polska

² Department of Microbiology and Plant Biology, The University of Oklahoma, United States

³ Instytut Materiałów i Konstrukcji Budowlanych, Politechnika Krakowska, Polska

Słowa kluczowe: mikrobiologia środowiska

Aby ustalić przyczyny biodeterioracji obiektów budowlanych, będącej wynikiem rozwoju mikroorganizmów halofilnych, podjęto działania zmierzające do ustalenia ich fenotypu metabolicznego. Celem badań była analiza metaboliczna z zastosowaniem wysokosprawnej chromatografii cieczowej sprzężonej ze spektrometrią mas (HPLC/HRMS), umożliwiającą stworzenie profilu metabolicznego mikroorganizmów halofilnych zasiedlających obiekty budowlane. W ramach przeprowadzonych badań próbki cegły nasyczone roztworami soli (NaCl, KCl, Mg(NO₃)₂, MgSO₄) zaszczerpiono 7 wyselekcjonowanymi szczepami mikroorganizmów halofilnych i inkubowano w komorze wilgotnościowej (RH= 80%, 28°C). W analizie szczególny nacisk położono na metabolity korozyjne. Stwierdzono aktywację szlaków metabolicznych związanych zarówno z degradacją materiałów budowlanych (produkcja kwasów, biosynteza karotenoidów), jak również z adaptacją i przeciwdziałaniem stresowi osmotycznemu, wywołanemu przez wysokie stężenie soli (synteza betain, zmiany w składzie lipidów budujących membranę biologiczną). Wykryto 2368 metabolitów, przy czym największe zróżnicowanie obserwowano w próbce nasyconej roztworem Mg(NO₃)₂, najmniejsze zaś w próbce nasyconej roztworem KCl. Najliczniejszą grupę wśród zidentyfikowanych metabolitów stanowiły lipidy oraz peptydy.

Autor uzyskał środki finansowe w ramach finansowania doktorskiego z Narodowego Centrum Nauki (ETIUDA 4; numer umowy: UMO-2016/20/T/NZ9/00569).

A-141

AKTYWNOŚĆ CHLORHEKSYDYN W STOSUNKU DO CANDIDA ALBICANS IZOLOWANYCH Z BŁON ŚLIZOWYCH JAMY USTNEJ

Biernasiuk A.¹, Szymańska J.², Grzegorzczak A.¹, Kuśtra A.¹, Mendrycka M.³, Malm A.¹

¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej z Pracownią Diagnostyki Mikrobiologicznej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie,

² Katedra i Zakład Stomatologii Wieku Rozwojowego, Uniwersytet Medyczny w Lublinie,

³ Zakład Pielęgniarstwa, Wydział Nauk o Zdrowiu i Kultury Fizycznej, Uniwersytet Technologiczno-Humanistyczny im. K. Pułaskiego w Radomiu

Słowa kluczowe: mykologia

Grzyby z rodzaju *Candida*, głównie *C. albicans*, należą do drobnoustrojów oportunistycznych, które w przypadku zaistniałych czynników predysponujących (tj. niedobory odporności, immunosupresja, chemioterapia, antybiotykoterapia, niedostateczna higiena jamy ustnej czy noszenie protez stomatologicznych) mogą powodować zakażenia endogenne zlokalizowane m.in. w obrębie jamy ustnej. Schorzenia te wymagają często wdrożenia skutecznej terapii przeciwgrzybiczej obejmującej m.in. środki antyseptyczne.

Celem badań była ocena aktywności chlorheksydyny dla 120 izolatów *C. albicans* pochodzących z jamy ustnej: pacjentów z rakiem płuca (N=30), z wirusowym zapaleniem wątroby typu C (N=31), z obniżoną odpornością (N=28), osób w wieku podeszłym (N=30) oraz zdrowych dzieci w wieku szkolnym (N=31). Badanie wrażliwości drożdżaków na antyseptyk prowadzono zgodnie z zaleceniami EUCAST i CLSI.

Wykazano, iż minimalne stężenie chlorheksydyny hamujące wzrost badanych drożdżaków (MIC) mieściło się w zakresie 0,625–5 µg/ml i dla większości izolatów wynosiło 5 µg/ml. Minimalne stężenie działające bójczo (MFC) dla tych drobnoustrojów osiągało wartość 2,5–20 µg/ml (dla przeważającej liczby izolatów – 5 µg/ml). Stwierdzono korzystny efekt grzybobójczy w przypadku 74–100% izolatów, zależnie od badanej populacji.

Bardzo silna aktywność chlorheksydyny w odniesieniu do izolatów *C. albicans* wskazuje na jej potencjalne wykorzystanie w profilaktyce i leczeniu kandydoz zlokalizowanych w obrębie jamy ustnej.

A-142

PROFIL LEKOWRAŻLIWOŚCI SZCZEPÓW STAPHYLOCOCCUS AUREUS IZOLOWANYCH OD DZIECI Z POCZĄTKOWĄ ASTMĄ**Grzegorz A.¹, Korona-Główniak I.¹, Biernasiuk A.¹, Mendrycka M.², Malm A.¹**¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej z Pracownią Diagnostyki Mikrobiologicznej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie,² Zakład Pielęgniarstwa, Wydział Nauk o Zdrowiu i Kultury Fizycznej, Uniwersytet Technologiczno-Humanistyczny im. K. Pułaskiego w Radomiu

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe i lekooporność

Choroby przewlekłe układu oddechowego sprzyjają kolonizacji górnych dróg oddechowych przez bakterie, w tym *Staphylococcus aureus*.

Celem pracy była ocena lekowrażliwości szczepów *S. aureus* izolowanych z górnych oddechowych od dzieci z początkową astmą.

Wymazy z górnych dróg oddechowych pobrano od 23 pacjentów. Badanie lekowrażliwości wykonywano według zaleceń EUCAST metodą krążkowo-dyfuzyjną i metodą mikrorozcieńczeń w bulionie w celu określenia MIC (minimal inhibitory concentration).

Wyizolowano 33 szczepy *S. aureus*. Wśród nich wykazano jeden szczep, zaklasyfikowany jako MRSA, oporny na cefoksytynę, norfloksacynę i amikacynę oraz na erytromycynę i klindamycynę (oporność konstytutywna MLSB). Odsetek pozostałych izolatów opornych na erytromycynę wynosił 12,1%, w przypadku każdego ze szczepów była to oporność indukcyjna MLSB. Pozostałe szczepy były wrażliwe na β -laktamy (z wyjątkiem penicyliny), fluorochinolony, aminoglikozydy, chinuprystynę z dalfooprystyną, rifampicynę, linezolid, mupirocynę, kwas fusydowy, trimetoprim/sulfametoksazol i chloramfenikol. Stwierdzono skuteczne działanie bakteriobójcze glikopeptydów (wankomycyny i teikoplaniny).

Szczepy *S. aureus* kolonizujące górne drogi oddechowe w badanej grupie dzieci z astmą wykazywały wysoką wrażliwość na antybiotyki rekomendowane w leczeniu zakażeń gronkowcowych, jak również w zwalczaniu nosicielstwa *S. aureus*. Wśród badanych gronkowców wykazano występowanie szczepu gronkowca złocistego metacylinyopornego.

A-143

TWORZENIE BIOFILMU NA CEWNIKACH MEDYCZNYCH PRZEZ KLINICZNE IZOLATY HAEMOPHILUS PARAINFLUENZAE**Kosikowska U.¹, Chudzik-Rząd B.¹, Juda M.¹, Stępień-Pyśniak D.², Malm A.¹**¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej z Pracownią Diagnostyki Mikrobiologicznej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie,² Zakład Prewencji Weterynaryjnej i Chorób Ptaków, Instytut Biologicznych Podstaw Chorób Zwierząt Wydziału Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Słowa kluczowe: zakażenia szpitalne

Biofilm tworzony na biomateriałach może być ważnym czynnikiem biorącym udział w patomechanizmie zakażeń. Celem badań było wykazanie, czy oportunistyczne pałeczki *Haemophilus parainfluenzae* mogą rosnąć w postaci biofilmu na różnego typu cewnikach medycznych.

H. parainfluenzae (3 izolaty kliniczne) zawieszano w bulionie tryptozowo-sojowym z dodatkiem NAD i hematyny. Do dołków na mikroptłkach 24-dołkowych wprowadzano zawiesiny bakterii, w których zanurzano fragmenty cewników: urologicznych (typu Foley, Nelaton, Tiemann, Pezzer) oraz do drenażu dróg oddechowych (typu Thorax). Po inkubacji fragmenty cewników ptukano i barwiono 0,1% fioletem krystalicznym, przemywano, suszono, następnie ekstrahowano barwnik etanolem i dokonywano odczytu w spektrofotometrze.

Wykazano, że izolaty *H. parainfluenzae* rosną na cewnikach w postaci biofilmu. Najbardziej intensywnie biofilm był tworzony na cewniku Thorax (PCW z kontrastem RTG, $OD_{570} = 0,428-5,481$). W nieco mniejszym stopniu biofilm powstawał na cewniku Pezzer'a (rubber latex, $OD_{570} = 0,601-1,176$), natomiast cewnik Foley'a, wykonany z lateksu i pokryty warstwą silikonową, był najmniej podatny na kolonizację ($OD_{570} = 0,0-0,072$).

Otrzymane dane sugerują, że drobnoustroje oportunistyczne z gatunku *H. parainfluenzae* mogą kolonizować biomateriały i być czynnikiem etiologicznym endogennych zakażeń odcewnikowych. Zdolność formowania biofilmu przez *H. parainfluenzae* zależała zarówno od budowy chemicznej jak i typu cewnika oraz od szczepu bakterii.

A-144

FENOTYPOWA OCENA LEKOOPORNOŚCI IZOLATÓW HAEMOPHILUS PARAINFLUENZAE WYOSOBNIIONYCH Z MIKROBIOTY ODDECHOWEJ W OPARCIU O REKOMENDACJE EUCAST

Kosikowska U.¹, Andrzejczuk S.¹, Gorajek A.², Stępień-Pyśniak D.³, Malm A.¹

¹ Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej z Pracownią Diagnostyki Mikrobiologicznej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie,

² Studenckie Koło Naukowe przy Katedrze i Zakładzie Mikrobiologii Farmaceutycznej z Pracownią Diagnostyki Mikrobiologicznej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie,

³ Zakład Prewencji Weterynaryjnej i Chorób Ptaków Instytut Biologicznych Podstaw Chorób Zwierząt Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe i lekooporność

Oportunistyczne pałeczki *Haemophilus parainfluenzae* występują powszechnie w mikrobiocie oddechowej u ludzi, gdzie są narażone na działanie czynników środowiskowych sprzyjających nabywaniu oporności.

Celem pracy była fenotypowa ocena oporności izolatów *H. parainfluenzae*, nie będących czynnikami etiologicznymi infekcji, na wybrane leki przeciwdrobnoustrojowe.

Przebadano 58 izolatów pochodzących z dróg oddechowych. Antybiogramy wykonywano metodą krążkowo-dyfuzyjną, otrzymane dane interpretowano w oparciu o rekomendacje EUCAST (European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing).

Wykazano, że 49 (84%) szczepów *H. parainfluenzae* charakteryzowało się opornością na leki przeciwdrobnoustrojowe, w tym aż 41 (71%) izolatów było opornych na beta-laktamy (ampicylinę, cefotaksym i meropenem). Stwierdzono także bardzo wysoki odsetek izolatów opornych na chloramfenikol (33%), tetracyklinę (12%), kotrimoksazol (10%) i ciprofloksacynę (7%); 5 (8%) izolatów charakteryzowało się wielolekoopornością.

Wykazano znaczną oporność *H. parainfluenzae* na antybiotyki beta-laktamowe i leki z innych grup terapeutycznych (tetracyklina, ciprofloksacyna, kotrimoksazol i chloramfenikol), rzadziej lub w ogóle nie stosowanych w lecznictwie ambulatoryjnym. Oporność ta jest ważna dla przeżywania pałeczek hemofilnych w niekorzystnych warunkach, np. w czasie antybiotykoterapii. Jednocześnie dane te sugerują, że bakterie te mogą być rezerwuarem i potencjalnym źródłem genów oporności.

A-145

CHOROBY SKÓRY A CZĘSTOŚĆ STOSOWANIA ANTYBIOTYKÓW I LEKÓW STERYDOWYCH – BADANIA ANKIETOWE

Mendrycka M.¹, Kosikowska U.², Stępień-Pyśniak D.³, Chudzik-Rząd B.², Malm A.²

¹ Zakład Pielęgniarstwa, Wydział Nauk o Zdrowiu i Kultury Fizycznej, Uniwersytet Technologiczno-Humanistyczny im. K. Pułaskiego w Radomiu,

² Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej z Pracownią Diagnostyki Mikrobiologicznej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie,

³ Zakład Prewencji Weterynaryjnej i Chorób Ptaków, Instytut Biologicznych Podstaw Chorób Zwierząt Wydziału Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe i lekooporność

Choroby lub zmiany na powierzchni skóry wywoływane różnymi czynnikami, w tym zakaźnymi lub alergicznymi, są obecnie ważnym problemem społecznym. Celem pracy było określenie częstości stosowania leków przeciwdrobnoustrojowych i sterydowych u osób o różnym stanie skóry w oparciu o badania ankietowe.

Badania prowadzono w grupie 100 osób, które wyraziły ustną zgodę na wypełnienie ankiety. W ankiecie zadawano pytania m.in. na temat występowania i rodzaju chorób skóry lub zmian na jej powierzchni, czy i jak długo oraz jak często były stosowane antybiotyki i/lub leki sterydowe.

Wykazano, że wśród badanych, 49 osób zgłaszało problemy związane ze skórą, głównie trądzik (29), alergię z wypryskiem (14), rumień (7) i atopowe zapalenie skóry (4). Tylko 21 osób było pod stałą kontrolą dermatologa lub alergologa, natomiast 19 odwiedzało tych lekarzy sporadycznie.

Leki sterydowe i antybiotyki stosowało 46 osób, w tym u 25 terapię kontynuowano przez tydzień do ok. miesiąca. W ciągu roku terapię powtarzano u 38 osób: u 22 dwukrotnie, a u 16 co najmniej trzykrotnie.

Otrzymane dane sugerują, że pacjenci z chorobami skóry lub zmianami występującymi na jej powierzchni często są poddawani terapii z użyciem antybiotyków i/lub leków sterydowych, dysponowanych przez lekarzy nie będących specjalistami w zakresie chorób skórnych. Brak stałej opieki dermatologa lub alergologa oraz konsekwencji w stosowaniu tych leków może przyczyniać się do nawrotów oraz pogłębiania się zmian i chorób skóry.

A-146

WSTĘPNA OCENA AKTYWNOŚCI PRZECIWBAKTERYJNEJ EMULSJI ZAWIERAJĄCYCH OLEJKI ROŚLINNE, NANOSREBRO KOLOIDALNE I HYDROLIZAT KOLAGENU WOBEC BAKTERII IZOLOWANYCH ZE SKÓRY

Mendrycka M.¹, Kosikowska U.², Zagoździńska K.³, Juda M.², Myjak W.³, Malm A.²

¹ Zakład Pielęgniarstwa, Wydział Nauk o Zdrowiu i Kultury Fizycznej, Uniwersytet Technologiczno-Humanistyczny im. K. Pułaskiego w Radomiu,

² Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej z Pracownią Diagnostyki Mikrobiologicznej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie

³ Zakład Ekotechnologii Kolagenu i Tłuszczów, Wydział Materiałoznawstwa, Technologii i Wzornictwa, Uniwersytet Technologiczno-Humanistyczny im. K. Pułaskiego w Radomiu

Słowa kluczowe: związki przeciwdrobnoustrojowe i lekooporność

Pozyskiwanie produktów kosmetycznych, bezpiecznych dla osób o wrażliwej i atopowej skórze, jest stale aktualnym problemem. Celem pracy była ocena aktywności przeciwdrobnoustrojowej emulsji zawierających naturalne olejki roślinne (z wiesiołka, kietków pszenicy, orzechów laskowych, awokado), hydrolizat kolagenu i koloidalne nanosrebro oraz emulgatory, na wzrost bakterii izolowanych ze skóry.

Aktywność tę badano metodą dołkową (objętość emulsji 0,04 ml) na agarze Mueller-Hinton, po uprzednim naniesieniu zawiesiny (0,5 McFarlanda) bakterii. Po 1,5 h wstępnej inkubacji w temp. pokojowej płytki inkubowano przez 24 h w 35°C. Wynik odczytywano na podstawie wielkości stref zahamowania wzrostu bakterii wokół dołka z emulsją.

Aktywność badanych emulsji zależała zarówno od ich składu jak i gatunku bakterii. W przypadku najbardziej wrażliwego gatunku *Micrococcus luteus*, jak i izolatów koagulazo-ujemnych *Staphylococcus* spp, *Leuconostoc* spp. oraz *Dermaococcus* spp. największą zdolność inhibicji obserwowano dla emulsji zawierających nanosrebro i hydrolizat kolagenu oraz olej z wiesiołka, kietków pszenicy lub awokado. Aktywność przeciwbakteryjna niektórych emulsji malała po dodaniu emulgatora oraz obniżeniu zawartości nanosrebra lub hydrolizatu kolagenu.

Występowanie naturalnych olejków roślinnych oraz hydrolizatu kolagenu i koloidalnego nanosrebra w emulsjach o potencjalnym zastosowaniu kosmetycznym pozytywnie wpływało na aktywność przeciwbakteryjną tych produktów.

SESJA POSTEROWA

Z PODZIAŁEM NA KATEGORIE TEMATYCZNE

Kat. tematyczna

- I **mikrobiologia ogólna**
- II **genetyka drobnoustrojów**
- III **diagnostyka zakażeń**
- IV **epidemiologia**
- V **zakażenia szpitalne**
- VI **związki przeciwdrobnoustrojowe i lekooporność**
- VII **mykologia**
- VIII **wirusologia**
- IX **parazytologia**
- X **mikrobiom, probiotyki i mikrobiologia żywności**
- XI **mikrobiologia środowiskowa i mikrobiologia przemysłowa**
- A **Addenda**

kategoria tematyczna	numer posteru	pierwszy autor streszczenia	tytuł streszczenia
VI	93	Antolak H	Saponiny Quillaja saponaria zwiększające efektywność dezynfektantów
XI	140	Adamiak J	Wykorzystanie metabolomiki w analizie zjawiska biodeterioracji obiektów budowlanych zasiedlanych przez mikroorganizmy halofilne
I	5	Adamowicz K	Charakterystyka wybranych czynników wirulencji Porphyromonas gulae
III	52	Aptekorz M	Poziom laktoferyny w kale pacjentów z biegunką poantybiotykową
XI	129	Augustyniak A	Stymulacja bakterii środowiskowych z wykorzystaniem nanokompozytów krzemowych i węglowych
IV	60	Bakuła Z	Typowanie genetyczne szczepów Mycobacterium kansasii pochodzących z różnych krajów świata
VI	85	Bakuła Z	Badanie lekowrażliwości Mycobacterium kansasii metodą mikrorocieńczeń i z wykorzystaniem pasków E-test
VI	75	Białecka J	Aktualny obraz lekowrażliwości szczepów Neisseria gonorrhoeae izolowanych z zakażeń u mężczyzn
I	12	Bieleń J	Wpływ probiotyku zawierającego Lactobacillus salivarius na biofilm mieszany Streptococcus mutans i Candida albicans.
VIII	113	Biernat-Sudolska M	Określenie aktywności przeciwwirusowej wybranych związków z grupy antyoksydantów.
VI	94	Biernat-Sudolska M	Wpływ kwasu liponowego na Ureaplasma urealyticum i Ureaplasma parvum.
II	33	Bodaszewska-Lubaś M	Porównanie systemów ekspresyjnych bakteryjnego i drożdżowego na przykładzie produkcji i oczyszczania roślinnego rekombinowanego białka CDKF-1*
III	37	Bogiel T	Wykorzystanie metod molekularnych w charakterystyce i ocenie podobieństwa genetycznego drobnoustrojów
III	46	Borkowska D	Diagnostyka mykobakterioz, a testy wydzielania interferonu gamma
III	47	Brzezińska S	Analiza molekularna materiałów klinicznych utrwalonych w parafinie jako uzupełnienie diagnostyki mikrobiologicznej gruźlicy

II	25	Brzozowski M	Zakonserwowanie ewolucyjnie genów wirulencji bakterii <i>Pseudomonas aeruginosa</i>
I	3	Buda A	Charakterystyka bakteriofagów bakterii gatunku <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .
III	50	Budniak S	Ocena przydatności metody Real-time PCR opartej na wykorzystaniu nukleolitycznych sond typu TaqMan do identyfikacji <i>Bacillus anthracis</i> w materiale biologicznym
XI	133	Budniak S	Izolacja drobnoustrojów <i>Klebsiella pneumoniae</i> oraz <i>Klebsiella oxytoca</i> od inwazyjnych gatunków żółwi w Polsce
I	17	Bukowski M	Rozprzestrzenianie się lekooporności poprzez transfer horyzontalny genów na przykładzie plazmidów pochodzących z odzwierzęcych szczepów <i>Staphylococcus aureus</i>
VI	78	Chmielewska S	Zmniejszony potencjał wirulentny oraz kodowane plazmidowo mechanizmy oporności na fluorochinolony (PMQR) u szczepów <i>Escherichia coli</i> izolowanych od pacjentów ambulatoryjnych z ZUM
XI	132	Cycoń M	Struktura zespołów bakterii w glebie skażonej erytromycyną i/lub inokulowanej erytromycyno-opornym szczepem <i>Raoultella</i> sp.
VI	79	Daniluk T	Charakterystyka genetyczna szczepów <i>Klebsiella pneumoniae</i> opornych na antybiotyki beta-laktamowe
I	14	Długaszewska J	Wpływ przesączu bakteryjnego na żywotność ludzkich komórek mezotelium otrzewnowego
VI	92	Durajski M	Aktywność antydrobnoustrojowa peptydu penetrującego - magaininy
XI	130	Dzięgielewski W	Integriny oporności bakterii wyizolowanych ze ścieków miejskich
II	28	Erdenebat P	Analiza aktywności promotorów białek szoku cieplnego <i>Lactobacillus</i> w warunkach stresowych z wykorzystaniem genu reporterowego <i>nuc</i>
XI	131	Fiedoruk K	Profile biochemiczne izolatów <i>Escherichia albertii</i> pochodzących od dzikiego ptactwa
IV	61	Flaga J	Ogólnodostępne zabawki dla dzieci jako czynnik transmisji drobnoustrojów chorobotwórczych
X	121	Fyderek K	Wpływ leczenia biologicznego na mikrobiom jelita w chorobie Leśniowskiego-Crohna
VII	100	Garczewska B	Epidemiologia zakażeń grzybiczych chorych na POCHP leczonych w IGICHP w latach 2007-2016
VII	106	Gnat S	Screening aktywności keratynolitycznej bydlęcych szczepów <i>Trichophyton verrucosum</i>
IV	59	Gniadek A	Częstość występowania zakażeń <i>Clostridium difficile</i> u pacjentów hospitalizowanych w latach 2013-2015 w oddziale internistycznym Szpitala Powiatowego w Zawierciu
VI	72	Gołębiewska A	Wrażliwość na leki głównych patogenów odpowiedzialnych za pozaszpitalne zakażenia dróg oddechowych w Polsce
II	26	Góra B	Ocena profilu toksyn szczepów <i>Clostridium perfringens</i> izolowanych z kału pacjentów z ASD (autistic spectrum disorders)
V	66	Górski Ł	Zakażenie wielolekoopornym szczepem <i>Acinetobacter baumannii</i> przeniesionym od dawcy do biorców narządów unaczynionych w okresie potransplantacyjnym
VI	77	Grzebyk M	Badanie antybiotykooporności biofilmu szczepów <i>Staphylococcus epidermidis</i> i <i>Staphylococcus haemolyticus</i> , izolowanych z zakażeń noworodków z bardzo małą masą urodzeniową (VLBW).
II	24	Iwańska A	Wstępna analiza pokrewieństwa genetycznego szczepów <i>P. aeruginosa</i> izolowanych od chorych na mukowiscydę leczonych w IGICHP
III	38	Janeczek A	Identyfikacja bakterii na poziomie szczepu metodami powierzchniowo wzmocnionej spektroskopii ramanowskiej (SERS)
V	63	Jarynowski A	Odtwarzanie najbardziej prawdopodobnych ścieżek zakażeń w polskich szpitalach na podstawie genotypu i fenotypu patogenów oraz danych epidemiologicznych
III	39	Jarzębowski T	Innowacyjna metoda badania moczu oceniająca ryzyko rozwoju zakażenia- założenia badań pilotażowych
VII	101	Jarzynka S	Częstość wykrywania rozpuszczalnych antygenów <i>Candida</i> spp. i <i>Aspergillus</i> spp. metodami serologicznymi w płynach ustrojowych pacjentów szpitala klinicznego w Warszawie
II	29	Jaworska K	Rola regulatorów OmpR oraz sRNA OmpR w regulacji ekspresji hemR <i>Y. enterocolitica</i> 2/O:9

VII	103	Kantorska K	Analiza wyników posiewów materiałów ze zmian na skórze i paznokciach od pacjentów diagnozowanych w pracowni mikologii IGICHP w latach 2014-2015
III	41	Kasprowicz A	Identyfikacja <i>Lactobacillus</i> spp. kolonizujących drogi rodne zdrowych kobiet z wykorzystaniem techniki spektrometrii mas
V	67	Kawecki D	Wrażliwość szczepów pałeczek Gram-ujemnych z rodziny Enterobacteriaceae na karbapenemy – izolowanych z próbek materiałów klinicznych pobranych od pacjentów hospitalizowanych w
III	51	Kędrak-Jabłońska A	Użycie metody Real-time PCR opartej na fluorescencji barwnika SYBR Green I do identyfikacji <i>Bacillus anthracis</i> w materiale biologicznym
XI	134	Kędrak-Jabłońska A	Izolacja i identyfikacja <i>Pasteurella multocida</i> wyisobnionych od żubrów w Polsce
II	36	Kiryszewska A	Ekspresja mRNA katelicydyny LL-37 w komórkach nabłonka oskrzeli zakażonych <i>Mycoplasma pneumoniae</i>
III	53	Klesiewicz K	Diagnostyka zakażenia <i>Helicobacter pylori</i> metodą PCR
IX	114	Kłyś A	Ocena występowania zachorowań na malarię w Szpitalu Uniwersyteckim w Krakowie w latach 2008 - 2016.
IX	115	Kochan P	Nowe spojrzenie na podział <i>Trichomonas vaginalis</i>
II	19	Kosecka-Strojek M	Opracowanie i optymalizacja referencyjnej bazy danych dla nowej metody molekularnej do identyfikacji bakterii z rodzaju <i>Staphylococcus</i>
II	31	Kościelniak D	Analiza porównawcza efektywności edycji mRNA zależnej od poślizgu transkrypcji bakteryjnej i bakteriofagowej polimerazy RNA
X	120	Kowalska-Duplaga K	Zmiana mikrobiomu jelitowego u dzieci z chorobą Leśniowskiego i Crohna pozostających na wyłącznym leczeniu żywieniowym
III	48	Kozińska M	Wykrywanie laboratoryjnych kontaminacji krzyżowych w oparciu o metody genotypowania prątków gruźlicy
VII	108	Koziróg A	Zmiany w grzybni <i>Aspergillus niger</i> po działaniu N,N-bis(3-aminopropyl)ododecyloaminy
VI	95	Krause K	Wpływ naturalnie występujących izotiocyanianów na <i>Vibrio cholerae</i>
VI	96	Krause K	Mechanizm antybakteryjnego działania pochodnych glukozynolanów przeciw <i>V. cholerae</i>
I	4	Krawczyk B	<i>Escherichia coli</i> jako czynnik etiologiczny przewlekłego zapalenia zatok – charakterystyka pod względem czynników wirulencji i przynależności do grupy filogenetycznej
II	22	Krawczyk B	Wpływ leków immunosupresyjnych na ekspresję genu <i>fimA</i> dla szczepów <i>Klebsiella pneumoniae</i> izolowanych z dróg moczowych pacjentów po przeszczepie nerki
VII	105	Krzyściak P	Aktywność enzymatyczna pleśni izolowanych z przypadków grzybic paznokci
I	1	Lasek R	Co czyni z bakterii oportunistycznego patogena? Przypadek szczepu <i>Paracoccus yeei</i> CCUG 32053
III	40	Laskowska M	Diagnostyka zakażeń <i>Actinomyces</i> w stomatologii z wykorzystaniem techniki spektrometrii mas typu MALDI-TOF
VI	89	Laudy A	Aktywność przeciwdrobnoustrojowa nowych indolowych pochodnych 2H-pirydo[1,2-c]pirymidyno-1,3-dionu
VI	87	Leszczyńska K	Przeciwbakteryjna aktywność nowych, chiralnych czwartorzędowych, N-spiro soli amoniowych
VI	88	Leszczyńska U	Wpływ subinhibicyjnych stężeń alfa-aminopochodnych penicylin półsyntetycznych na adhezję paciorkowców
II	20	Liczbinski P	Podział i różnorodność systemu CRISPR/Cas
XI	137	Lisowska K	Badanie efektu terapeutycznego preparatów stosowanych w leczeniu mastitis u bydła oraz analiza genetyczna i fenotypowa szczepów <i>S. aureus</i>
V	68	Machulska M	Molekularna analiza pałeczek z rodziny Enterobacteriaceae wytwarzających karbapenemazy NDM w Polsce: sytuacja epidemiologiczna w latach 2015-2016.
I	9	Machul-Żwirbła A	Czynniki regulujące tworzenie biofilmu bakterii z rodzaju <i>Staphylococcus</i> u pacjentów z przewlekłym zapaleniem ucha środkowego.
X	125	Majkowska A	Wpływ fermentacji mlekowej na zawartość biologicznie czynnego izomeru witaminy B8 w fermentowanych mąkach gryczanych

X	126	Majkowska A	Wpływ rodzaju maki gryczanej na wzrost i aktywność kwaszącą wybranych gatunków bakterii kwasu mlekowego
II	35	Mądry A	Rola operonu saoABC gronkowca złocistego (<i>Staphylococcus aureus</i>) w odpowiedzi na warunki stresowe, przeżywalności wewnątrzkomórkowej oraz powstawaniu komórek typu persister
VI	97	Mertas A	Przeciwdrobnoustrojowe własności zielonego propolisu Brazylijskiego przydatne w aspekcie poprawy higieny jamy ustnej
VIII	112	Michalak A	Ocena wpływu toksyn bakteryjnych (LPS, SEA) oraz wirusa HPIV 3 na uwalnianie Katelicyny LL-37 przez limfocyty krwi obwodowej człowieka
VI	80	Mikołajczyk D	Występowanie genów odpowiedzialnych za tworzenie biofilmu u szczepów <i>Pseudomonas aeruginosa</i> oraz ich korelacja z występowaniem oporności na powszechnie stosowane antybiotyki
I	6	Mikucka A	Właściwości biologiczne szczepów <i>Corynebacterium tuberculostearicum</i>
II	32	Milewska K	Wpływ czynników odpowiedzi ściślej na regulację transkrypcji promotorów tRNA
II	34	Możejko-Ciesielska J	Zmiany w proteomie <i>Pseudomonas putida</i> KT2440 podczas syntezy polihydroksykwasów
VI	90	Mrowiec P	Ocena działania przeciwbakteryjnego nanocząstek srebra oraz ich połączeń z antybiotykami
VI	83	Napiórkowska A	Analiza oporności na pirazynamid wśród prątków z rodziny Beijing
I	15	Natkaniec J	Gronkowiec złocisty jako etiologiczny czynnik zakażeń skóry
VI	82	Nowak P	Ocena występowania wybranych determinant oporności w grupie wielolekoopornych szczepów <i>Acinetobacter baumannii</i>
XI	135	Nowakiewicz A	Krajowe gatunki nietoperzy jako rezerwuar wielolekoopornych szczepów <i>E. coli</i> i <i>Enterococcus</i> spp.- analiza i ocena skali zjawiska
II	21	Ochońska D	MLST oraz spa typowanie metycylooopornych szczepów <i>Staphylococcus aureus</i> , gospodarzy bakteriofagów
I	16	Ograczyk E	Porównanie wybranych parametrów immunologicznych u myszy C57BL/6 i C3H, immunizowanych BCG i rekombinowanym szczepem rBCGmIL-18, immunokompetentnych i poddanych immunosupresji
X	127	Pacesz A	Produkcja preparatów synbiotycznych dla zwierząt monogastrycznych
V	64	Petroniec V	Analiza mikrobiologiczna zakażeń bakteryjnych oddziałów szpitalnych w IGiChP w latach 2010-2014
IX	116	Pietrzyk A	Zarażenia <i>Giardia lamblia</i> , <i>Cryptosporidium parvum</i> i <i>Blastocystis hominis</i> u dzieci.
VI	86	Piktel E	Przeciwzapalne działanie peptydu PBP10 stanowiącego sekwencję gelsoliny wiążącą PIP2
I	11	Pilarczyk-Żurek M	Rola bakterii <i>Escherichia coli</i> jako chelatorów jonów żelaza w środowisku stanu zapalnego u chorych z wrzodziejącym zapaleniem jelita grubego.
I	7	Piotrowska A	Charakterystyka immunoreaktywnych peptydów czynnika elongacji Tu <i>Streptococcus agalactiae</i> rozpoznawanych przez przeciwciała krwi pępowinowej.
I	8	Piotrowska A	Zastosowanie metody PEPSCAN do mapowania epitopów immunogennych białek <i>Streptococcus agalactiae</i> na przykładzie czynnika elongacji Tu.
X	123	Piotrowska A	Zastosowanie sekwencjonowania metodą Sangera w identyfikacji gatunkowej najważniejszych elementów mikrobiomu.
I	2	Pobiega M	Mechanizmy obrony bakterii przed bakteriofagami
V	65	Pruss A	Opis ogniska epidemicznego wywołanego przez <i>Klebsiella pneumoniae</i> ESBL(+) na oddziale neonatologicznym w SPSK 1 w Szczecinie
X	128	Pyz-Lukasik R	Zanieczyszczenie bakteryjne mięśni amura białego i jesiotra syberyjskiego
III	54	Rastawicki W	Ocena częstości występowania przeciwciał dla werotoksycznych pałeczek <i>Escherichia coli</i> u osób z wybranych grup populacji polskiej*
XI	139	Ratajczak M	Ocena lekowrażliwości szczepów <i>Pseudomonas aeruginosa</i> izolowanych ze środowiska produkcji farmaceutycznej
III	55	Romanik M	Zgodność oceny diagnozowania waginozy bakteryjnej według kryteriów Hay-Ison'a, Spiegel'a i Nugent'a między diagnostą laboratoryjnym a studentami

VI	98	Różańska A	Przeciwdrobnoustrojowe działanie wybranych stopów miedzi wobec bakterii z rodzaju <i>Acinetobacter</i>
VI	99	Różańska A	Mechaniczne mikroobróbka powierzchni stopów miedzi a skuteczność ich przeciwdrobnoustrojowego działania
XI	136	Rybak B	Wykrywanie beta-laktamaz o rozszerzonym spektrum substratowym wśród bakterii <i>Escherichia coli</i> izolowanych z odchodów ptasich.
X	117	Salamon D	Charakterystyka mykobioty jelita grubego u pacjentów z cukrzycą przy użyciu techniki sekwencjonowania nowej generacji (NGS).
III	42	Seliga D	Wykorzystanie metody spektrometrii masowej do typowania szczepów na podstawie opracowania ogniska epidemicznego VRE
III	43	Sękowska A	Ocena przydatności testu eazyplex SuperBug CRE w wykrywaniu mechanizmów oporności u pałeczek Gram-ujemnych
V	69	Skiba-Kurek I	Analiza występowania genu pompy effluksowej msra wśród wielolekoopornych szczepów z gatunku <i>Staphylococcus epidermidis</i>
IV	56	Skoczyńska A	KOROUN - 20 lat działalności
VII	107	Skóra M	Aktywność przeciwgrzybicza in vitro amorolfiny w stosunku do <i>Scopulariopsis brevicaulis</i>
II	27	Stoczyńska A	Wykrywanie genów kodujących karbapenemazy typu OXA u szczepów klinicznych <i>Acinetobacter baumannii</i>
III	44	Sroka-Oleksiak A	Nested PCR real time- alternatywne narzędzie w detekcji <i>Borrelia burgdorferi</i>
X	118	Sroka-Oleksiak A	Badanie mikrobioty dwunastniczej pacjentów z otyłością i z cukrzycą typu 2 (T2DM) z zastosowaniem sekwencjonowania nowej generacji (NGS).
X	119	Sroka-Oleksiak A	Mikroflora pochwy w czasie ciąży - czy coś się zmienia?
IV	57	Stefaniuk E	20 lat doświadczeń Ogólnopolskiego Sprawdzianu Wiarygodności w Diagnostyce Mikrobiologicznej - Programu POLMICRO
VI	73	Stefańska J	Lekowrażliwość i poziom tworzenia biofilmu przez kliniczne szczepy <i>Staphylococcus aureus</i> i <i>Staphylococcus epidermidis</i>
VI	91	Stępień K	Ocena aktywności kompleksów pochodnych tiomocznika z miedzią wobec <i>Staphylococcus aureus</i> i <i>Staphylococcus epidermidis</i>
VIII	109	Stopnicka K	Koronawirusy SARS-CoV i MERS-CoV współczesne zagrożenie epidemiologiczne
I	13	Stralova H	Identyfikacja substratów tiolowej oksydoreduktazy <i>Helicobacter pylori</i> - białka HP0231
VII	102	Swoboda-Kopeć E	Charakterystyka grzybów drożdżopodobnych z kompleksu <i>Candida parapsilosis</i>
VII	104	Swoboda-Kopeć E	<i>Aspergillus fumigatus</i> jako czynnik etiologiczny owrzodzenia rogówki
VIII	111	Szostek S	Miejsca przerywania sekwencji genów E1 i E2 papillomawirusa typu 16 u kobiet
VI	81	Talaga-Ćwiertnia K	Aktywność lipolityczna wankomycynoopornych izolatów <i>Enterococcus faecium</i>
I	10	Torzewska A	Synergistyczne oddziaływanie <i>Proteus mirabilis</i> i <i>Escherichia coli</i> w powstawaniu infekcyjnych kamieni moczowych
V	71	Urbanowicz P	Pierwsza identyfikacja <i>Pseudomonas aeruginosa</i> NDM w Polsce.
VI	74	Walter de Walthoffen S	Lekowrażliwość szczepów klinicznych <i>Neisseria gonorrhoeae</i> na azytromycynę izolowanych w latach 2013-2014
III	49	Wawrocki S	Interleukina 18 (IL-18) oraz wiążące ją białko (IL-18BP) w odpowiedzi odpornościowej na prątki <i>Mycobacterium tuberculosis</i>
II	30	Wilkowska K	Niski poziom produkcji białek systemu restrykcyjno-modyfikacyjnego EcoRI jest najefektywniejszy w restrykcji inwazyjnego DNA
II	23	Wołkowicz T	Analiza hipotetycznego proteomu nietoksynotwórczych szczepów <i>Corynebacterium diphtheriae</i>
VI	76	Wołkowicz T	Oporność klinicznych izolatów pałeczek <i>Campylobacter jejuni</i> izolowanych w latach 2007- 2015
IV	62	Woźniak-Kosek A	Czynniki wpływające na decyzję dotyczącą szczepień przeciw grypie wśród studentów Wojskowej Akademii Technicznej w Warszawie

X	122	Wójcik K	Identyfikacja microbiota w organizmie szczurów o optymistycznej lub pesymistycznej tendencji poznawczej
IV	58	Wróbel I	Inwazyjna choroba pneumokokowa u osób powyżej 65 r.ż. w Polsce w roku 2016
III	45	Zabost A	Nowość w molekularnej diagnostyce prątków atypowych - test genotype NTM-DR
VI	84	Zabost A	Korelacja pomiędzy typem acetylacji a występowaniem niepożądanych objawów u chorych na gruźlicę leczonych izoniazidem?
V	70	Zając O	Występowanie systemów pomp aktywnie usuwających antybiotyki u klinicznych izolatów <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> .
VIII	110	Zawilińska B	Współzakażenia herpeswirusami po allogenicznym przeszczepieniu komórek hematopoetycznych (allo-HSCT)
X	124	Zawistowska-Rojek A	Produkty probiotyczne - jogurty czy suplementy diety?
XI	138	Ziembińska-Buczyńska A	Bakterie Anammox - wyjątkowe ogniwo procesu przemian azotu w środowisku naturalnym i technologicznym
I	18	Ziomber A	Zmiany w ilościowym i jakościowym składzie microbioty jelitowej u szczurów otyłych po przezczaszkowej stymulacji prądem stałym
A	141	Biernasiuk A.	Aktywność chlorheksydyny w stosunku do <i>Candida albicans</i> izolowanych z błon śluzowych jamy ustnej
A	142	Grzegorzczak A.	Profil lekowrażliwości szczepów <i>Staphylococcus aureus</i> izolowanych od dzieci z początkową astmą
A	143	Kosikowska U.	Tworzenie biofilmu na cewnikach medycznych przez kliniczne izolaty <i>Haemophilus parainfluenzae</i>
A	144	Kosikowska U.	Fenotypowa ocena lekooporności izolatów <i>Haemophilus parainfluenzae</i> wyosobnionych z microbioty oddechowej w oparciu o rekomendacje EUCAST
A	145	Mendrycka M.	Choroby skóry a częstość stosowania antybiotyków i leków sterydowych – badania ankietowe
A	146	Mendrycka M.	Wstępna ocena aktywności przeciwbakteryjnej emulsji zawierających olejki roślinne, nanosrebro koloidalne i hydrolizat kolagenu wobec bakterii izolowanych ze skóry

SESJA HISTORYCZNA

HISTORIA ODDZIAŁÓW TERENOWYCH PTM

Nr posteru	Kat. temat.	Pierwszy autor streszczenia	Oddział terenowy PTM
1	H	Daniluk T.	Białystok
2	H	Sękowska A.	Bydgoszcz
3	H	Krawczyk B.	Gdańsk
4	H	Ekiel A.	Katowice
5	H	Adamus-Białek W.	Kielce
6	H	Białycka A.	Kraków
7	H	Małek W.	Lublin
8	H	Gutarowska B.	Łódź
9	H	Łaniewska-Trokenheim Ł.	Olsztyn
10	H	Czarczyk K.	Poznań
11	H	Woźniakowski G.	Puławy
12	H	Karakulska J.	Szczecin
13	H	Jagielski T.	Warszawa
14	H	Doroszkiewicz W.	Wrocław

WYSTAWCY



HCS Europe – Hygiene & Cleaning Solutions – od ponad 20 lat opracowuje i wdraża, a zarazem prowadzi badania B+R dotyczące rozwiązań ustanawiających nowe standardy w dziedzinie higieny i bezpieczeństwa w obszarze *patient safety*, jak również w obszarze produkcji bezpiecznej żywności.

Nowe wyzwania wymagają szerokiej współpracy różnych środowisk o charakterze zarówno globalnym, jak i lokalnym, uwzględniających współdzielenie wiedzy, doświadczeń, osiągnięć na poziomie naukowym, badawczym, wdrożeniowym.

Obecnie firma współpracuje z kilkoma ośrodkami naukowymi w Polsce i za granicą w zakresie prac B+R. Prowadzone prace kładą szczególny nacisk na opracowanie i rozwój innowacyjnych technologii umożliwiających m.in.:

- w zakresie ochrony zdrowia — predykcję ryzyka występowania zakażeń szpitalnych oraz ograniczanie występowania zakażeń w obiektach ochrony zdrowia poprzez reagowanie w czasie rzeczywistym na brak spełnienia procedur dot. higieny rąk, a w wyniku czego doprowadzenie do ich przestrzegania. Zespół badawczy skupia się na opracowaniu i rozwijaniu innowacyjnych modeli oraz algorytmów uczenia maszynowego (w tym *data mining*, *deep learning*), a także strumieniowego przetwarzania i identyfikacji zdarzeń, które w synergicznym zastosowaniu umożliwiają reagowanie na sytuacje krytyczne w czasie rzeczywistym;
- w zakresie produkcji bezpiecznej żywności — zapewnienie stałej i niezbędnej komunikacji w zakładzie poprzez „System Zarządzania Higieną — HMS” oparty o najnowsze rozwiązania w zakresie technologii IT i sztucznej inteligencji w celu kształtowania inteligentnych łańcuchów wytwarzania łączących dostawców, producentów, odbiorców i konsumentów.



Służymy Państwu pomocą, zapewniając: najlepszą ochronę środowiska pracy przed patogenami powodującymi zakażenia podczas leczenia pacjentów, bezpieczeństwo i wygodę personelu, funkcjonalność posiadanego sprzętu i urządzeń.

Nasza oferta obejmuje:

- higienę rąk i skóry,
- reprocessowanie instrumentów medycznych,
- utrzymanie czystości powierzchni,
- urządzenia dozujące.

Przemysł farmaceutyczny, biotechnologiczny i kosmetyczny, a także produkcja wyrobów medycznych wymagają jak najdalej zachowanego bezpieczeństwa i wysokich standardów jakościowych. W tym przypadku Ecolab jest partnerem doskonałym. W naszej szerokiej ofercie znajdą Państwo produkty spełniające wymagania USP, które zapewnią kompleksowe rozwiązania we wszystkich klasach czystości.

Ofertę dla obszarów sterylnych uzupełnia paleta różnego rodzaju aplikatorów, dozowników oraz zaawansowanych systemów dozujących. Wszystkie produkty wytwarzane są zgodnie z najwyższymi międzynarodowymi standardami — włącznie z normą GMP.



Merck Sp. z o.o. i Sigma-Aldrich Sp. z o.o. są częścią międzynarodowej grupy Merck KGaA z siedzibą w Darmstadt (Niemcy) i dostarczają na rynek polski wysokiej jakości produkty farmaceutyczne i biologiczno-chemiczne.

Oferujemy 300 000 produktów w tym wiele najbardziej poszukiwanych i cenionych marek w branży.

Oferta obejmuje m.in. każdy etap łańcucha produkcyjnego w obszarze biotechnologii, tworząc kompleksowy system ze sprawną obsługą klienta, uproszczonym interfejsem i wiodącą platformą dystrybucyjną.

Szerokie portfolio produktów mikrobiologicznych, w tym pożywek granulowanych **GranuCult**[®], gotowych do użycia **ReadyPlate**[®] na płytkach, w butelkach i w probówkach, systemy oparte na zasadzie filtracji membranowej **Milliflex**[®], **EZ-FiT**[®], system **Steritest**[™] do badania jakości oraz inne systemy wykrywania drobnoustrojów, a także pełen zakres rozwiązań do monitorowania środowiska gwarantuje uzyskanie szybkich i wiarygodnych wyników, w celu zapewnienia najwyższych standardów jakości i bezpieczeństwa produktu końcowego.

Poza pełną gamą rozwiązań mikrobiologicznych zapewniamy również wiedzę z zakresu obowiązujących regulacji prawnych, a także gwarantujemy szeroko pojęty serwis.



diag-med

DIAG-MED jest rodzinną firmą handlową z prawie 25-letnim doświadczeniem. Oprócz najlepszego na rynku sprzętu diagnostycznego oferujemy też pomoc merytoryczną i wiedzę specjalistyczną. Codziennie obsługujemy niemal tysiąc odbiorców instytucjonalnych i prywatnych w całej Polsce. www.diag-med.pl



Laboratorium Mikrobiologii JCI to jedno z laboratoriów badawczych działających w Jagiellońskim Centrum Innowacji. Założycielem i jedynym udziałowcem JCI jest Uniwersytet Jagielloński w Krakowie. Spółka została powołana, aby wspierać jednostki naukowe oraz firmy (farmaceutyczne, kosmetyczne, spożywcze) poprzez m.in. świadczenie specjalistycznych usług badawczych z wykorzystaniem nowoczesnej aparatury. Laboratorium Mikrobiologii wyposażono w spektrometr mas typu MALDI-TOF (model Microflex LT, MaldiBiotyper Bruker), dzięki któremu w zaledwie kilka minut zostaje przeprowadzona szybka identyfikacja mikroorganizmów.

Oferta Laboratorium Mikrobiologii JCI:

- szybka identyfikacja bakterii, grzybów drożdżopodobnych, grzybów pleśniowych i dermatofitów (z wykorzystaniem MALDI-TOFa),
- projektowanie badań mikrobiologicznych,
- realizacja zleconych projektów,
- przeprowadzanie badań wg norm,
- doradztwo, konsultacje,
- wykonywanie zdjęć, filmów spod mikroskopu,
- badania starzeniowe,
- pokazy pracy z MALDI TOFem.

Ceny:

Cena szybkiej identyfikacji: 35 zł netto plus 23% VAT/ jeden gatunek.

Ceny dla pozostałych pozycji z oferty są kalkulowane indywidualnie dla każdego zlecenia.



Merazet to dystrybutor aparatury kontrolno-pomiarowej i łączeniowej, działający na rynku aparatury kontrolno-pomiarowej od 1952 roku. Misją firmy jest sprzedaż produktów wysokiej jakości od sprawdzonych producentów produkujących dla 5 dziedzin: laboratoriów, firm geodezyjnych i drogowniczych, działów automatyki, elektrycznej aparatury pomiarowej i szkolnictwa. Oferujemy również serwis i kalibrację większości oferowanych urządzeń. Zapraszamy do współpracy!



Roche Diagnostics to światowy lider w diagnostyce medycznej, dostawca innowacyjnych i wiarogodnych rozwiązań w zakresie badań molekularnych.

Naszym celem jest dostarczenie wyników diagnostycznych, umożliwiających pracownikom służby zdrowia podejmowanie odpowiednich decyzji dotyczących zarówno leczenia pacjentów, jak i wprowadzenia odpowiednich środków ostrożności ograniczających rozprzestrzenianie się powszechnie występujących w placówkach zdrowia infekcji.

Jesteśmy coraz bardziej świadomi faktu, że diagnostyka molekularna w mikrobiologii jest kluczem do doboru skutecznych terapii.

Nasza najnowsza oferta obejmuje:

System **cobas**[®] Liat[®] - wyjątkowo mały, łatwy w użyciu aparat real-time PCR, zaprojektowany do wykonywania badań w trybie „cito” w laboratoriach, gabinetach lekarskich i na oddziałach szpitalnych. **Cobas**[®] Liat[®] automatyzuje proces wykonania testów molekularnych, pozwalając otrzymać wiarygodny wynik w bardzo krótkim czasie. Proste w wykonaniu badanie polega na umieszczeniu próbki testowej z próbka pacjenta w aparacie i przeprowadzenie badania.

Obecnie dostępne jakościowe testy diagnostyczne (CE-IVD):

- **cobas®** Influenza A / B — wykrywający i różnicujący wirusa RNA grypy typu A i B w 20 minut,
- **cobas®** Influenza A / B & RSV — wykrywający i różnicujący wirusa RNA grypy typu A i B oraz RNA wirusa RSV w 20 minut,
- **cobas®** Strep A wykrywający fragment genomu *Streptococcus pyogenes* (paciorkowiec β -hemolizujący grupy A) w 15 minut,
- **cobas®** Cdiff — wykrywający gen toksyny B (tcdB) w toksynotwórczych szczepach *Clostridium difficile* w 20 minut,
- **cobas®** MRSA/SA — jednoczesna detekcja i różnicowanie metycylinoopornych *Staphylococcus aureus* (MRSA) i *Staphylococcus aureus* (SA) przeznaczonym do zapobiegania i kontroli zakażeń MRSA/SA w placówkach medycznych, wynik poniżej 30 minut.



Firma TK Biotech została założona w 2001 r. Jesteśmy wyłącznym przedstawicielem w Polsce ponad 30 światowych producentów wybranych produktów z dziedziny biologii molekularnej, biotechnologii, mikrobiologii oraz wspomaganego rozrodu, których charakteryzuje ciągłe dążenie do innowacji. Produkty naszych partnerów przyczyniają się do rozwoju nowoczesnej diagnostyki i leczenia.

Naszą pozycję zbudowaliśmy na współpracy i rzetelności. Nasz zespół tworzą specjaliści z dziedziny biologii molekularnej, biotechnologii, biochemii oraz biologii, dzięki czemu jesteśmy w stanie zapewnić naszym klientom profesjonalne konsultacje, wsparcie oraz pomoc w wyborze optymalnych rozwiązań.

Każdego roku współorganizujemy oraz bierzemy udział w wielu spotkaniach naukowych z dziedziny biologii molekularnej, biotechnologii, mikrobiologii oraz wspomaganego rozrodu, podczas których promujemy najnowsze osiągnięcia swoich partnerów z zagranicy.

Zapewniamy:

- konsultacje i specjalistyczne wsparcie dla naszych klientów,
- szkolenia aplikacyjne oraz eksploatacyjne,
- serwis techniczny.

Nasza misja.

Chcemy brać udział w rozwoju biologii molekularnej, mikrobiologii i biotechnologii, prowadzącym do nowych odkryć w badaniach podstawowych oraz diagnostyce, aby w ten sposób działać na rzecz poprawy zdrowia i jakości życia społeczeństwa.

Nasze cele.

Chcemy wspierać rozwój laboratoriów biologii molekularnej, mikrobiologii oraz firm biotechnologicznych skierowanych na odkrycia, z udziałem wybitnych naukowców pracujących w Polsce, których rezultaty będą miały charakter przełomowy w nauce i w postępie medycyny.



VWR dla mikrobiologii.

VWR dysponuje szerokim portfolio produktów dedykowanych do mikrobiologii. Nasza oferta obejmuje zarówno odwodnione media, jak i podłoża gotowe do użycia, które znajdują swoje zastosowanie w szeroko rozumianym przemyśle, w tym farmaceutycznym, kosmetycznym, spożywczym, mleczarskim, a także do analiz środowiskowych i kontroli wody.

Wszystkie nasze media, wytwarzane są z surowców o wysokiej czystości i poddawane są wielu restrykcyjnym analizom, w środowisku zgodnym z GMP.

- Wyselekcjonowane surowce wysokiej czystości do produkcji produktów najwyższej jakości.
- Zgodne z międzynarodowymi normami, tj. ISO czy Farmakopea.
- Dostępne w standardowej formie.
- Istnieje możliwość wytworzenia produktu pod specjalne zamówienia klienta.

Dokumentacja:

Wszelka dokumentacja dostępna jest na naszej stronie internetowej <https://pl.vwr.com>

- Specyfikacje techniczne (TDS).
- Certyfikaty analizy (CoA) zgodne z normą ISO 11133.
- Karty Charakterystyki (MSDS).

Produkty dostępne są w różnych opakowaniach w celu wygody i optymalizacji użytkowania.

- Odwodnione media: butelki 500 g, 5 kg wiaderka,
 - saszetki (dodatek wody pozwala sporządzić media od 50 ml do 10 L), sterylne, zgodne z różnymi normami.
- Gotowe do użycia podłoża na płytkach Petriego:
 - dostępne w wymiarach 90 i 55 mm, sterylne, niesterylne, pojedynczo, podwójnie i potrójnie pakowane
- Płytki kontaktowe do kontroli powierzchni i powietrza:
 - dostępna opcja dodatkowej sterylizacji opakowania, pakowane w blisterach po 6 sztuk lub w opakowaniu PET po 8 sztuk.
- Płytki kontaktowo-zanurzeniowe do kontroli powierzchni i płynów.
- Gotowe podłoża w probówkach, butelkach oraz w torebkach do próbek o wysokiej czystości.

W naszej ofercie znajdują Państwo również wiele produktów wykorzystywanych przy analizach mikrobiologicznych np. do kontroli higienicznej i dezynfekcji, szybkie testy, niezbędny sprzęt, do ochrony osobistej, materiały zużywalne (szkło, plastiki), serwis sprzętu, kwalifikacja IQ/OQ.



5



8



10



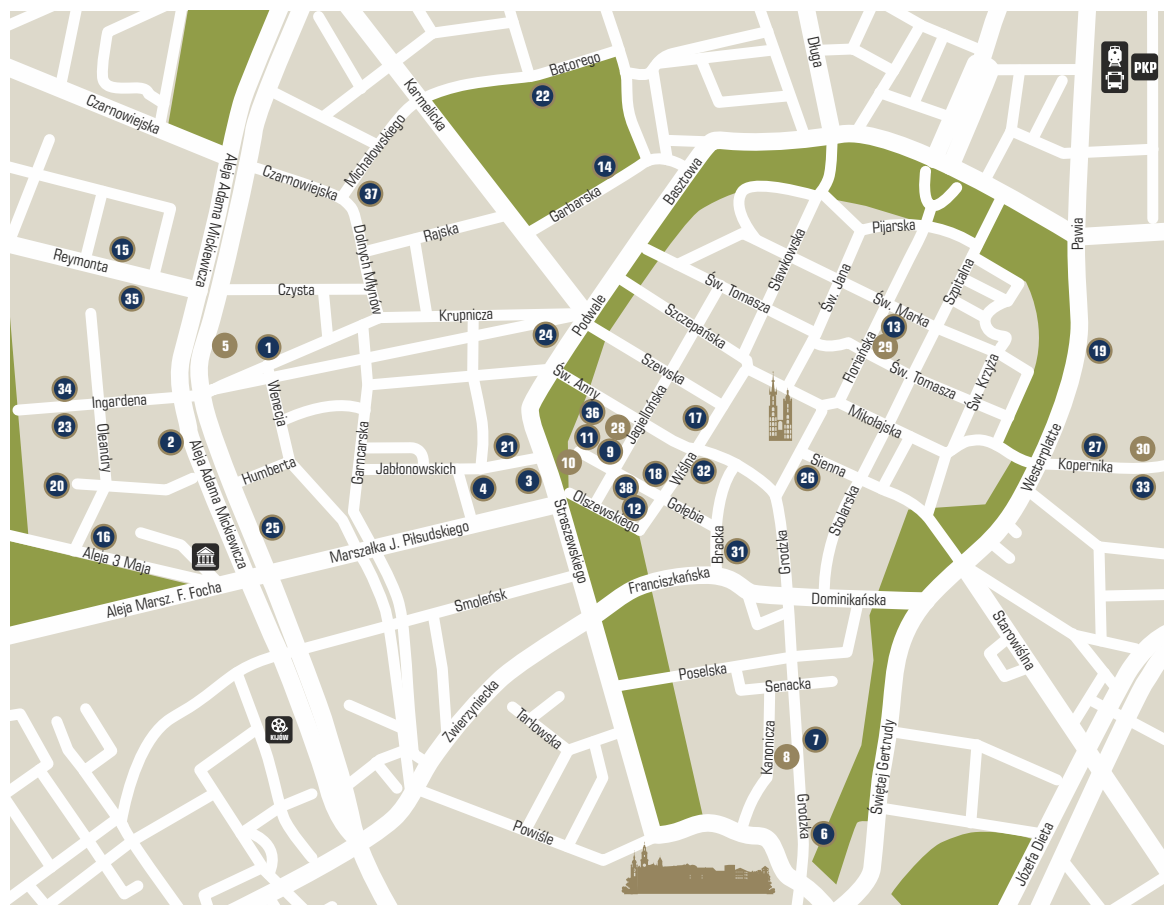
28



29



30



Obiekty UJ w centrum Krakowa

- 1 Auditorium Maximum, ul. Krupnicza 33
- 2 Biblioteka Jagiellońska, Archiwum, al. Mickiewicza 22
- 3 Sekcja Karier UJ, ul. Straszewskiego 25
- 4 Centrum Innowacji, Transferu Technologii i Rozwoju Uniwersytetu, ul. Czapskich 4
- 5 Collegium Paderevianum II, Wydział Filologiczny, Dział ds. Osób Niepełnosprawnych, Al. Mickiewicza 9
- 6 Centrum Języka i Kultury Polskiej w Świecie, ul. Grodzka 64
- 7 Collegium Broscianum, Instytut Religioznawstwa, Instytut Filozofii, Katedra Porównawczych Studiów Cywilizacji, ul. Grodzka 52
- 8 Collegium Iuridicum, Instytut Historii Sztuki, WPIA, ul. Grodzka 53
- 9 Collegium Minus, Instytut Archeologii, ul. Gołębia 11
- 10 Collegium Novum, władze UJ, dziekanaty: Wydział Prawa i Administracji, Wydział Filologiczny, Wydział Historyczny, Wydział Filozoficzny, Wydział Studiów Międzynarodowych i Politycznych, ul. Gołębia 24
- 11 Collegium Witkowskiego, Instytut Historii, ul. Gołębia 13
- 12 Collegium Wróblewskiego, Wydział Prawa i Administracji, ul. Olszewskiego 2
- 13 Dom Gościnny UJ, ul. Floriańska 49
- 14 Dom Profesorski – Bursa im. S. Pigonia, Instytut Europeistyki, ul. Garbarska 7a
- 15 Dom Studencki Nawojka, ul. Reymonta 11
- 16 Dom Studencki Żaczek, Al. 3 Maja 5
- 17 Instytut Amerykanistyki i Studiów Polonijnych, Rynek Główny 34
- 18 Instytut Etnologii i Antropologii Kulturowej, WPIA, ul. Gołębia 9
- 19 Instytut Muzykologii, ul. Westerplatte 10
- 20 Instytut Nauk Geologicznych, ul. Oleandry 2a
- 21 Instytut Nauk Politycznych i Stosunków Międzynarodowych, ul. Jabłonowskich 5
- 22 Instytut Pedagogiki, ul. Batorego 12
- 23 Instytut Psychologii, ul. Ingardena 27
- 24 Jagiellońskie Centrum Językowe, ul. Krupnicza 2
- 25 Kolegium Śląskie, Al. Mickiewicza 3
- 26 Międzywydziałowe Indywidualne Studia Humanistyczne, Instytut Socjologii, Rynek Główny 8
- 27 Muzeum Anatomii CM, ul. Kopernika 12
- 28 Muzeum UJ Collegium Maius, ul. Jagiellońska 15
- 29 Muzeum Farmacji, ul. Floriańska 25
- 30 Ogród Botaniczny, Instytut Botaniki, ul. Kopernika 27
- 31 Pałac Larischa, ul. Bracka 12
- 32 Studium Pedagogiczne UJ, ul. Wiślna 3
- 33 Szpital Uniwersytecki w Krakowie, ul. Kopernika 36
- 34 Wydział Chemii, ul. Ingardena 3
- 35 Wydział Filologiczny, Wydział Filozoficzny, ul. Reymonta 4
- 36 Wydział Lekarski, ul. Św. Anny 12
- 37 Wydział Nauk o Zdrowiu, ul. Michałowskiego 12
- 38 Wydział Polonistyki, ul. Gołębia 16



www.microbiology.pl



UNIWERSYTET
JAGIELLOŃSKI
W KRAKOWIE

... Sidentopfa).

Samiczka, opita krwią

ANIE MIKROCYST Sporocytophaga myxococcoides