

 Zawartość zarchiwizowana w dniu 2024-06-18



Evolution and Transfer of Antibiotic Resistance

Wyniki w skrócie

Dynamika antybiotykooporności mikroorganizmów

Antybiotykooporność mikroorganizmów jelita rozwija się poprzez dobór wcześniej występujących opornych bakterii i transfer genów. Naukowcy badali dynamikę całego zbioru czynników antybiotykooporności (ARD), znanego też pod nazwą rezystomu, w jelicie człowieka.



ZDROWIE



© Thinkstock

Pojawianie się antybiotykooporności u bakterii radykalnie ograniczyło możliwości leczenia zakażeń bakteryjnych. W związku z tym, w ramach finansowanego przez UE projektu [EVOTAR](#)  (Evolution and transfer of antibiotic resistance) badano mechanizmy ewolucji i rozprzestrzeniania się antybiotykooporności u patogenów człowieka.

Konsorcjum korzystało z różnych technik, w tym sekwencjonowania metagenomicznego, czynnościowego selekcjonowania metagenomicznego i platform wychwyty genu oporności. Celem był scharakteryzowanie rezerwuaru genów antybiotykooporności, tj. rezystomu, u człowieka.

Dzięki sekwencjonowaniu metagenomicznemu ustalono, że długoterminowe (przewlekłe) narażenie na antybiotyki zmniejsza różnorodność mikrobiomu,

zwiększając ilość ARD. Wykazano wyraźnie, że narażenie sprzyja doborowi gatunków, które mogą przetrwać stałą obecność antybiotyków dzięki kodowanym przez siebie ARD. Podczas selekcjonowania czynnościowego stwierdzono, że hospitalizacja i antybiotykoterapia mają poważne skutki dla niektórych pacjentów, przejawiające się zwiększeniem ilości ARD. Co istotne, niektóre uzyskane dane wskazują, że po sześciu miesiącach ilość genów antybiooporności wraca do pierwotnego poziomu.

Opracowano zoptymalizowane metody hodowli mikroflory jelita człowieka, aby określić reprezentatywną większość komórek w próbce. Te innowacyjne technologie hodowli w połączeniu z sekwencjonowaniem całego genomu umożliwiły identyfikację rezerwuaru antybioopornych mikroorganizmów i genów antybiooporności w glebie i środowiskach morskich.

W projekcie EVOTAR opracowano też narzędzie PLACNET do rekonstrukcji plazmidów będących nośnikami genów oporności z danych o sekwencji całego genomu, aby śledzić przekazywanie tych plazmidów i ich historię naturalną. Ponadto opracowano metodę identyfikacji ARD w dużych, złożonych zestawach danych. Pomoże to znacząco poszerzyć listę znanych genów oporności.

Uczestnicy projektu wprowadzili nowe modele matematyczne do badania rozprzestrzeniania się genów oporności na antybiotyki w organizmie gospodarza. Te modele umożliwiły badanie rozprzestrzeniania się różnych chorób i antybiooporności w grupie gospodarzy (np. pacjentów, osób przebywających w szpitalu lub gospodarstwie rolnym) oraz identyfikację gospodarzy z grupy ryzyka zakażenia.

Konsorcjum z powodzeniem zaprojektowało i stworzyło platformę do wychwytu genu oporności na antybiotyki, obejmującą 80 000 celów genów oporności i genów związanych z ruchomymi elementami genetycznymi. Pomoże to w uzyskaniu niespotykanej dotąd jakości i szybkości analizy rozprzestrzeniania się oporności.

W projekcie EvoTAR przyjęto innowacyjne podejście interwencyjne: podawano związek, który absorbuje pozostałości antybiotyków i hamuje ich działanie w okrężnicy człowieka. Zgodnie z oczekiwaniami to podejście minimalizowało presję selekcyjną, prowadzącą do rozwoju antybiooporności w przypadku zaburzenia równowagi mikroflory komensalnej, nie mając wpływu na wchłanianie antybiotyku i jego potencjalną skuteczność w zwalczaniu zakażenia, z powodu którego został podany.

Podsumowując, projekt EVOTAR przełożył się na nowe informacje o ewolucji, rozprzestrzenianiu i pojawianiu się genów oporności. Innowacyjne modele in vitro i in vivo stanowią platformę dla przyszłych badań nad skutecznością tego typu interwencji.

Słowa kluczowe

Antybiotykooporność, czynniki warunkujące oporność mikroorganizmów, EVOTAR, metagenomika

Znajdź inne artykuły w tej samej dziedzinie zastosowania



Nowy portal kluczem do obserwacji patogenów na świecie

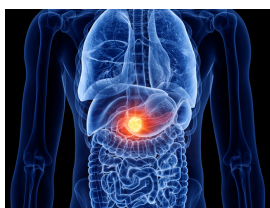


Unijna inicjatywa promuje podejście „Jedno zdrowie” na rzecz ludzi, zwierząt i środowiska



Ograniczanie zakażeń szpitalnych: lepiej zapobiegać niż leczyć





Sztuczna inteligencja umożliwia wcześniejsze rozpoznanie raka trzustki



Informacje na temat projektu

EVOTAR

Identyfikator umowy o grant: 282004

[Strona internetowa projektu](#)

Projekt został zamknięty

Data rozpoczęcia
1 Października 2011

Data zakończenia
30 Września 2015

Finansowanie w ramach

Specific Programme "Cooperation": Health

Koszt całkowity

€ 16 044 083,62

Wkład UE

€ 11 997 391,97

Koordynowany przez
**UNIVERSITAIR MEDISCH
CENTRUM UTRECHT**
 Netherlands

Ten projekt został przedstawiony w...

MAGAZYN RESEARCH*EU



**Drilling in thick ice:
lessons from the past**

Ostatnia aktualizacja: 27 Października 2016

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/91614-microbial-dynamics-of-antibiotic-resistance/pl>

European Union, 2025

