

Biológia szekció

Antibiotikum-rezisztencia folyamatok feltérképezése irányított genommódosítással

Szili Petra Éva

MTA SZBK Biokémiai Intézet, Kísérleti Evolúciobiológiai Csoport

SZTE Eötvös Loránd Kollégium

szilipetraeva@gmail.com

Pesszimista becslések szerint 2050-re vezető halálokká válhat az antibiotikumokra rezisztens kórokozók megjelenése. A különböző baktériumfajok ugyanis folyamatosan képesek alkalmazkodni a klinikumban használt szerekhez, így újra és újra kihívás elé állítják az orvostudományt. Ezeknek a jelenségeknek a tanulmányozására lassúságuk okán a természetes mutációs folyamatok nem alkalmasak. A genommódosítás olyan gyors mutagenézis módszereket kínál, amelyekkel az evolúciónak nem csak egy-egy elemi lépését vagyunk képesek vizsgálni, hanem átfogó képet kapunk a teljes evolúciós folyamatról.

Kutatásom során egy klinikai szempontból jelentős antibiotikum rezisztencia mechanizmusra fókuszálok: a húgyúti fertőzések esetén alkalmazott trimetoprim antibiotikumra. Az ellene kialakuló rezisztenciának a molekuláris genetikai háttere jól jellemzett, a dihidrofolát reduktáz (folA) génhez kötődik. A folA gén evolúcióját két közeli rokon *Escherichia coli* törzsben hasonlítom össze: egy széles körben használt laboratóriumi törzsben, illetve egy húgyúti fertőzést okozó klinikai izolátumban. Elsősorban arra vagyok kíváncsi, hogy mennyiben térnek el a rezisztenciát okozó mutációk a két törzs között.

Régóta felmerülő kérdés, hogy a laboratóriumi törzsekben modellezve az antibiotikum rezisztencia kialakulását mennyire kapunk pontos képet arról, ami a valóságban, a kórházakban történik. A munkám jelentősége, hogy elsőként kaphatok erről képet, klinikai izolátumokban végzett részletes vizsgálatokkal.