

Streszczenie

Bakterie z rodzaju *Aeromonas* są czynnikiem etiologicznym choroby MAI/MAS, powodującej masowe zakażenia i śnięcia ryb w gospodarstwach hodowlanych. Obecnie aby ograniczyć skalę stosowania antybiotykoterapii, przy zakażeniach bakteryjnych w akwakulturach, podejmuje się działania mające na celu podniesienie poziomu odporności swoistej ryb poprzez stosowanie (auto)szczepionek opracowanych na bazie szczepów o profilu antygenowym charakterystycznym dla serogrup, wśród których najczęściej identyfikuje się gatunki chorobotwórcze i dedykowanych dla konkretnych gospodarstw. Celem niniejszej rozprawy doktorskiej były badania immunochemiczne (strukturalne i serologiczne) polisacharydów O-swoistych (OPS) szczepów *Aeromonas* sp., serogrupy PGO1, istotnej w patogenności tego rodzaju dla ryb przeznaczonych do konsumpcji oraz poznanie organizacji regionu kodującego syntezę antygeny O (OGC). Materiał badawczy stanowiły trzy izolaty: *Aeromonas hydrophila* Pt679 (pstrąg), *A. popoffii* A4 (karp) i *A. sobria* K928 (karp). Test aglutynacji oraz eksperyment Western blotting i test ELISA potwierdziły klasyfikację szczepów do grupy serologicznej PGO1. Wyekstrahowane z błony zewnętrznej preparaty LPS hydrolizowano, a uzyskane po rozdiale GPC polisacharydy O-swoiste poddano badaniom chemicznym i strukturalnym, metodą GC-MS oraz techniką spektroskopii ^1H i ^{13}C NMR. Wykazano, że antygeny O A4, K928 i Pt679 są zbudowane z pięciocukrowych, rozgałęzionych podjednostek, które posiadają wspólny, liniowy czterocukier, składający się z trzech reszt L-ramnozy i amino-6-deoksyheksozy (D-FucN lub D-QuiN). Z kolei, cukier terminalny stanowi 3-amino-D-fukoza, która u A4 i K928 zawiera amidowo-związaną grupę 3-hydroksymasłową (Fuc3NRHb), a u Pt679 grupę N-acetylową. Określono, że swoistość serologiczną immunotypów warunkują reszty 3-amino-D-fukozy z niecukrowymi podstawnikami, i na tej podstawie dokonano podziału serogrupy PGO1 na dwie podgrupy: PGO1a dla serotypów mających w antygenie O, jako immunodominujący epitop, terminalną α -D-Fuc3NRHb (A4 i K928) oraz podgrupę PGO1b, z α -D-Fuc3NAc (Pt679). Analizy bioinformatyczne OGC, wykazały obecność genów kluczowych dla syntezy podjednostek i ich polimeryzacji, potwierdzając badania fenotypowe antygenów O, oraz genów dodatkowych, różnicujących regiony. Analizy umożliwiły także wytypowanie genów, jako potencjalnych markerów do serotypowania molekularnego serogrupy PGO1 oraz obu podgrup PGO1a i PGO1b.

słowa kluczowe: *Aeromonas* sp., lipopolisacharyd (LPS), region kodujący antygen O (OGC), serogrupa PGO1, GC-MS, NMR

Katarzyna Sempłowska - Kubiś