

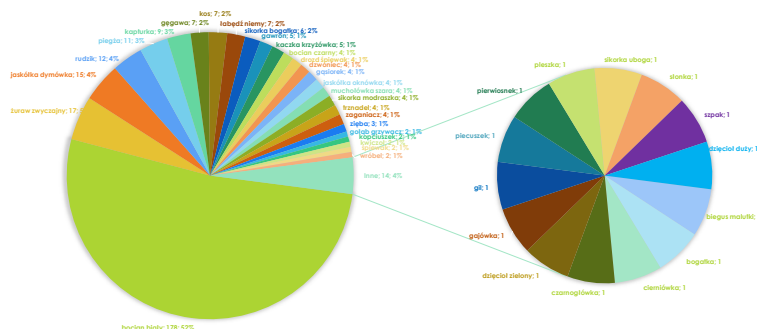
Występowanie i charakterystyka genomowa *Klebsiella pneumoniae* izolowanych od dzikich ptaków w Polsce

Magdalena Zając, Aleksandra Śmiałowska-Węglińska, Inga Bona, Magdalena Skarżyńska, Sylwia Hudzik-Pałosz, Ewelina Skrzypiec, Emilia Mikos-Wojewoda, Weronika Koza, Dariusz Wasyl¹

Dział Bakteriologii i Chorób Bakteryjnych Zwierząt, Państwowy Instytut Weterynaryjny - Państwowy Instytut Badawczy,
Al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy

Wstep

Klebsiella (K.) pneumoniae jest jedną z najczęstszych przyczyn zakażeń szpitalnych ludzi. Światowa Organizacja Zdrowia zalicza ją do najniebezpieczniejszych patogenów opornych na substancje przeciwdrobnoustrojowe. Celem prowadzonych badań była ocena częstości występowania *K. pneumoniae* u dzikich ptaków oraz charakterystyka genotypowa uzyskanych izolatów.



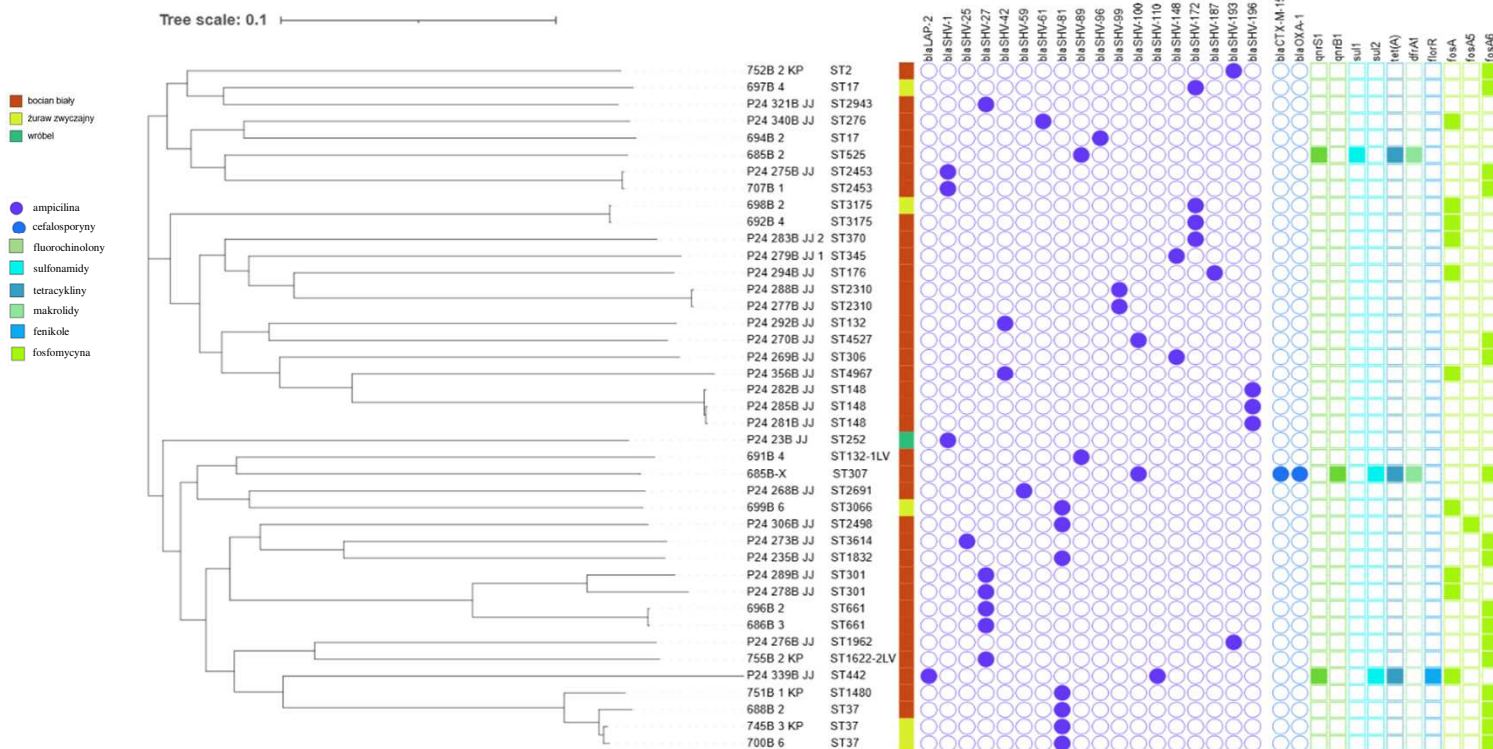
Rycina 1. Liczba i gatunki ptaków, od których pobrano próbki do badań w kierunku wykrywania *Klebsiella*

Material i metody

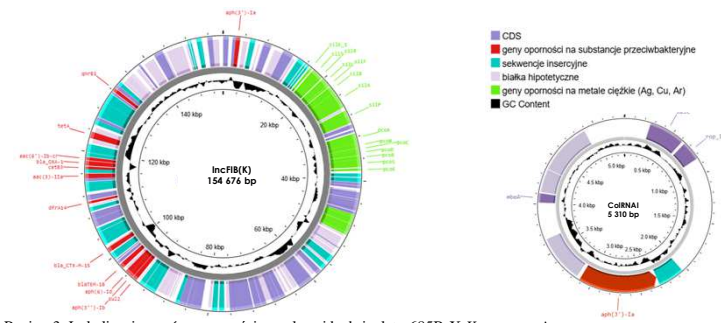
Badania przeprowadzono na 342 próbkach kału, wymazów z wola i wypluwek pochodzących od 41 gatunków ptaków (Rycina 1). *Klebsiella* izolowano z wykorzystaniem podłoża MacConkey'a oraz *Klebsiella* Chromagar. Do identyfikacji zastosowano technikę MALDI-TOF MS. Izolację DNA wykonano z użyciem Maxwell RSC Cultured Cells DNA Kit (Promega), a jego jakość oceniono przy użyciu Qubit 3.0. Biblioteki przygotowano przy użyciu zestawu KAPA HyperPlus Kit (Roche). Sekwencjonowanie genomowe szczepów wykonano z wykorzystaniem platformy Illumina. Analizę genomów wykonano przy użyciu narzędzi: Kleborate, CSIPhylogeny oraz CARD.

Wyniki

W toku prowadzonych badań uzyskano 41 izolatów *K. pneumoniae* wykrytych 40 próbkach (11,7%) pochodzących od bocianów białych (n=32), żurawi (n=7) oraz wróbla. Analizowane sekwencje charakteryzowały się dużą różnorodnością i należały do 32 typów sekwencyjnych. W trzech izolatach zidentyfikowano geny kodujące oporność m.in. na tetracykliny, sulfonamidy, chinolony, a w jednym dodatkowo na cefalosporyny.



Rycina 2. Pokrewieństwo filogenetyczne izolatów *Klebsiella pneumoniae* uzyskanych od żurawi i bocianów białych



Rycina 3. Lokalizacja genów oporności na plazmidach izolatu 685B-X *K. pneumoniae*

Wnioski

Uzyskane wyniki dostarczają cennych informacji na temat występowania, różnorodności genetycznej i oporności wśród *Klebsiella pneumoniae* u ptaków wolno żyjących, podkreślając potrzebę ciągłego monitorowania i badania sytuacji epidemicznej w kontekście „Jedno Zdrowie”.

Finansowanie

Badanie zostało sfinansowane z dotacji Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach grantu nr S/556 przyznanego na lata 2023-2025 i realizowanego w Państwowym Instytucie Weterynaryjnym - Państwowym Instytucie Badawczym w Puławach.