

Wprowadzenie

Identyfikacja bakterii stanowiła przedmiot zainteresowania wśród naukowców. Do ich odróżnienia stosowane były różne kryteria i metody. Przełom nastąpił wraz z rozwojem biologii molekularnej, której techniki umożliwiły genotypowanie, czyli typowanie bakterii na podstawie różnic w ich genomach. Genotypowanie bakterii jest kluczowym narzędziem w badaniach mikrobiologicznych, umożliwiającym analizę różnorodności genetycznej oraz identyfikację poszczególnych polimorfizmów w genach.

Metody genotypowania oparte na sekwencji DNA

- **Analiza 16S rRNA**
- **MLST** (ang. Multilocus sequence typing)
- **WGS** (ang. Whole Genome Sequencing)
- **cgMLST** (ang. core genome multilocus sequence typing)
- **wgMLST** (ang. whole genome multi locus sequence typing)
- **SNPs** (ang. single nucleotide polymorphisms)
- **typowanie na podstawie K-mer**

Zastosowanie

- śledzenie ewolucji mikroorganizmów
- identyfikacja szczepów chorobotwórczych przenoszonych różnymi ścieżkami transmisji
- diagnostyka chorób zakaźnych
- monitorowanie rozprzestrzeniania oporności na antybiotyki
- identyfikacja nowych patogenów
- możliwość opracowania skutecznej strategii zapobiegania transmisji patogenów
- ocena potencjalnego zagrożenia dla zdrowia publicznego

Dziedziny wykorzystujące genotypowanie

- medycyna
- rolnictwo
- przemysł spożywczy
- ochrona środowiska

Krótką historia

Po tym jak Ludwik Pasteur pod koniec lat pięćdziesiątych XIX wieku postulował teorię drobnoustroju choroby, która następnie została rozwinięta przez Roberta Kocha w latach osiemdziesiątych XIX wieku, znacznie rozwinęły się techniki hodowli i izolacji drobnoustrojów. Umożliwiły one mikrobiologom odróżnianie bakterii od siebie, nawet gatunkowo, co przyczyniło się do rozwoju taksonomii mikroorganizmów prokariotycznych. Początkowo do identyfikacji gatunkowej wykorzystywane były właściwości fenotypowe. W latach trzydziestych XX wieku w oparciu o reakcje antygen-przeciwciała identyfikowano bakterie do gatunku i podgatunku tzw. serotypowanie.

Dzięki odkryciu kwasów nukleinowych przez Watsona i Cricka w połowie lat 50 XX wieku utworzyła się nowa dziedzina – biologia molekularna, której metody pozwoliły na typowanie bakterii na podstawie różnic w genomach tzw. genotypowanie.

Czym jest genotypowanie?

Genotypowanie można wytłumaczyć jako sprawdzanie lub określanie za pomocą różnych technik molekularnych określonych sekwencji nukleotydowych wybranych rejonów DNA, którymi mogą to być całe geny lub ich fragmenty

Podsumowanie

Genotypowanie ma potencjał zastąpić większość testów diagnostycznych i mechanizmów detekcji. Krokiem w przyszłość jest wykorzystanie sztucznej inteligencji do pełnego zautomatyzowania procesu sekwencjonowania w oparciu o zgromadzone bazy danych i bioinformatyczne narzędzia do analizy. Będzie to sporym ułatwieniem w zestawieniu i interpretacji większej liczby próbek.

Źródła

- Brzozowski, M., Kwiatkowski, P., Kosik-Bogacka, D., & Jursa-Kulesza, J. (2017). Metody Genotypowe I Fenotypowe Wykorzystywane W Typowaniu Drobnoustrojów Do Celów Epidemiologicznych. *Postępy Mikrobiologii*, 56(3).
- Friães, A., Mamede, R., Ferreira, M., Melo-Cristino, J., & Ramirez, M. (2022). Annotated Whole-Genome Multilocus Sequence Typing Schema for Scalable High-Resolution Typing of *Streptococcus pyogenes*. *Journal of Clinical Microbiology*, 60(6). <https://doi.org/10.1128/jcm.00315-22>
- Ho, Y. N., Chou, M. Y., Tsai, H. C., Huang, T. Y., Fan, C. W., & Hsu, B. M. (2017). Empirical testing of modified *Salmonella* MLST in aquatic environmental samples by in silico analysis. *Science of the Total Environment*, 581–582. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.12.144>
- Jolley, K. a., & Maiden, M. C. J. (2014). Using multilocus sequence typing to study bacterial variation : prospects in the genomic era. *Future Microbiology*, 9(5).
- Land, M., Hauser, L., Jun, S. R., Nookaew, I., Leuze, M. R., Ahn, T. H., Karpinet, T., Lund, O., Kora, G., Wassenaar, T., Poudel, S., & Ussery, D. W. (2015). Insights from 20 years of bacterial genome sequencing. In *Functional and Integrative Genomics* (Vol. 15, Issue 2). <https://doi.org/10.1007/s10142-015-0433-4>
- Morgil, H., Can Gereck, Y., & Tulum, I. (2020). Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) in Plant Genetics and Breeding. In *The Recent Topics in Genetic Polymorphisms*. <https://doi.org/10.5772/intechopen.91886>
- Palma, F., Mangone, I., Janowicz, A., Moura, A., Chiaverini, A., Torresi, M., Garofolo, G., Criscuolo, A., Brisse, S., Di Pasquale, A., Cammà, C., & Radomski, N. (2022). In vitro and in silico parameters for precise cgMLST typing of *Listeria monocytogenes*. *BMC Genomics*, 23(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08437-4>
- Uelze, L., Grützke, J., Borowiak, M., Hammer, J. A., Juraschek, K., Deneke, C., Tausch, S. H., & Malorny, B. (2020). Typing methods based on whole genome sequencing data. *One Health Outlook*, 2(1). <https://doi.org/10.1186/s42522-020-0010-1>