

STRESZCZENIE PRACY DOKTORSKIEJ

mgr. anal. med. Marcelina Jaworska

„Charakterystyka bakteryjnego elementu mikrobiomu układu moczowego u pacjentów dializowanych i u pacjentów po transplatacji nerki”

Rozwój metod biologii molekularnej i ich zastosowanie w badaniach pozwolił na wykrycie wielu nowych uropatogenów, będących przyczyną zakażeń układu moczowego (ZUM). Pomimo postępu wynikającego z wykorzystania nowych technik badawczych, etiopatogeneza ZUM nie jest wciąż dokładnie poznana.

Celem pracy była identyfikacja uropatogenów, w tym drobnoustrojów hodowlanych o zwiększonych wymaganiach wzrostowych oraz bakterii niehodowlanych, a także charakterystyka bakteryjnego elementu mikrobiomu układu moczowego u pacjentów poddawanych dializoterapii i po transplatacji nerki.

W ramach rozprawy doktorskiej w 30% posiewów moczu pacjentów poddawanych dializoterapii i pacjentów po transplatacji nerek odnotowano znamienno bakteriomocz. W 22 przypadkach przyczyną znamienno bakteriomoczu były bakterie *Escherichia coli*, stanowiące 73% wszystkich wyizolowanych za pomocą metod mikrobiologii klasycznej drobnoustrojów.

Następnie, przy użyciu sekwencjonowania fragmentów genu 16S rRNA bakteryjnego DNA w badanych próbkach wykazano zróżnicowanie bakteryjnego elementu mikrobiomu układu moczowego pomiędzy próbkami moczu pochodzącymi od trzech grup badanych.

Wykazano między innymi, że bakterie z rodzaju *Finegoldia*, *Leptotrichia* oraz *Corynebacterium* występują istotnie częściej u pacjentów po dializoterapii i transplatacji nerek w porównaniu do grupy osób bez dysfunkcji układu moczowego.

Bakterie z rodzaju *Finegoldia*, *Leptotrichia* oraz *Corynebacterium*, jako istotne w grupach pacjentów dializowanych i po transplatacji nerek z pozytywnym wynikiem posiewu moczu w mikrobiologii klasycznej, w przyszłości mogą posłużyć jako markery wskaźnikowe przydatne w diagnostyce zakażeń bakteryjnych układu moczowego. Uzyskane różnice w kompozycji elementu bakteryjnego układu moczowego u pacjentów dializowanych, pacjentów po transplatacji nerek oraz osób bez dysfunkcji układu moczowego, wskażą kierunek przyszłych badań potrzebnych do lepszego zrozumienia roli elementu bakteryjnego mikrobiomu układu moczowego w patogenezie chorób układu moczowego.

Marcelina Jaworska
70med, 12.01.2022