

Több ezer fertőző betegség lesz nyomon követhető a szennyvíz segítségével

Egy európai együttműködés keretében az ELTE Komplex Rendszerek Fizikája Tanszék kutatói átfogó tanulmányban mutatták be a szennyvízben előforduló fertőző betegségek monitorozására fejlesztett új módszert, amely segíthet azonosítani, hogy a betegségeket okozó baktériumok, vírusok és az antimikrobiális rezisztencia emberekből, állatokból vagy a környezetből származnak, így egyszerre több ezer fenyegetés forrását is képes feltárni.

A kezeletlen szennyvíz egyre jelentősebb forrása az anonim egészségügyi megfigyeléseknek a nagyvárosi lakosság körében. Ez a megközelítés már a COVID-19 járvány idején is fontos eszköznek bizonyult a vírus koncentrációjának nyomon követésére, azonban az erre alkalmazott PCR-módszerek hátránya, hogy egyszerre csak egy adott kórokozót képesek kimutatni. A metagenomikai alapú módszerek - amelyek a metagenomot, vagyis az adott mintában található élőlények DNS-állományának (genomjának) összeségét vizsgálják - lehetővé teszik akár több ezer potenciális patogén egyidejű nyomon követését is.

A Csabai István [kutatócsoportjában](#) dolgozó **Becsei Ágnes** közreműködésével zajló vizsgálat során a VEO H2020 európai kollaboráció kutatói metagenomikai módszerekkel vizsgálták, hogyan segíthet a szennyvízben található baktériumközösségek viselkedésének elemzése a jövőbeli járványok megelőzésében. A Budapesti Központi Szennyvíztisztító Telepről három év alatt gyűjtött minták mellett még négy másik európai város - Bologna, Koppenhága, Róma és Rotterdam - mintáit elemezték egy új metagenomikai megközelítéssel, amely a baktériumközösségek változásait követi nyomon.

Az értékes adatok kinyerése azonban nem egyszerű feladat, hiszen a szennyvíz összetett közeg, amelybe emberekből, állatokból, növényekből, valamint a talajból és a csatornarendszer saját élővilágából is kerülnek baktériumok. Ráadásul a szennyvíz bakteriális összetétele időben is változó. A kutatás során kidolgozott innovatív módszerrel meghatározható, hogy a baktériumok, vírusok és antimikrobiális rezisztencia gének emberi, állati, vagy környezeti forrásból származnak.

Az alkalmazott módszer során a szennyvízminták DNS-tartalmát szekvenálják, majd a szekvenciákból bioinformatikai módszerekkel rekonstruálják az egyes mintákra és helyszínekre jellemző baktériumok genomjait. Ezt követően a baktériumokat hálózatelméleti módszerekkel közösségekbe rendezik. A közösségek vizsgálata során világossá vált, hogy

minden városnak megvannak a saját, egyedi baktériumközösségei,

amelyek közül egyesek szezonálisan jelennek meg a szennyvízben. Emellett a potenciálisan azonos forrásból származó baktériumok jellemzően egy közösségbe rendeződnek. Például az emberi bélmikrobiomból származó baktériumok különálló közösségeket alkotnak.

Ezek a megfigyelések különösen fontosak, hiszen bár a metagenomikai alapú vizsgálatok jelenleg még költségesebbek, óriási potenciállal bírnak a környezeti monitorozás területén, mivel lehetővé teszik a szennyvízben található több millió mikroorganizmus egyidejű vizsgálatát. Ráadásul a módszer értéke az idő előrehaladtával növekszik, a folyamatosan gyűjtött adatok révén egyre pontosabb elemzések végezhetők majd, miközben a fajlagos költségek is csökkennek.

A kutatásról szóló [cikk](#) a Nature Communications folyóiratban jelent meg.

Sajtókapcsolat:

- kommunikacio@elte.hu

Eredeti tartalom: Eötvös Loránd Tudományegyetem

Továbbította: Helló Sajtó! Üzleti Sajtószolgálat

Ez a sajtóközlemény a következő linken érhető el:

<https://hellosajto.hu/15227/tobb-ezer-fertozo-betegseg-lesz-nyomon-kovetheto-a-szennyviz-segitsegevel/>