

Dlouhodobé přežívání kmenů *Listeria monocytogenes* v potravinářských podnicích

Mgr. Tereza Gelbíčová, Ph.D., doc. MVDr. Renáta Karpíšková, Ph.D., Mgr. Martina Florianová, Ph.D., Ing. Lucie Hlucháňová

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i., Brno

ABSTRAKT

Bakterie *Listeria monocytogenes* se vyznačují rozsáhlou schopností environmentální adaptace, která přispívá k jejich přežívání v prostředí, dalšímu šíření v potravinovém řetězci a vzniku listerióz. Cílem této studie bylo za využití metody celogenomového sekvenování (WGS) porovnat diverzitu genomu suspektně perzistentních kmenů *L. monocytogenes* a současně sledovat vybrané genetické determinanty spojované s adaptací listerií na podmínky prostředí. Klonální podobnost mezi kmeny *L. monocytogenes* ST204 pocházejícími od dvou výrobců zrajících sýrů, ST3 výrobce pařených sýrů a ST451 výrobce králíčího masa potvrdila výskyt perzistentních kmenů v jednotlivých potravinářských podnicích po dobu několika let. U kmenů ST204 a ST3 byl potvrzen výskyt genů SSI-1 (stress survival islet 1) spojovaných s adaptací na kyselé a slané prostředí. Pro perzistentní kmeny ST204 byl typický výskyt genů rezistence k arsenu a kadmiu, nesených na mobilním elementu LGI2 (*Listeria* genomic island 2). U perzistentních kmenů ST3 byly detekovány geny rezistence ke kadmiu na plasmidově neseném transposonu. Naproti tomu perzistentní kmeny ST451 se nevyznačovaly žádnými specifickými genetickými determinantami spojovanými s jejich adaptací vůči nepříznivým podmínkám. Výsledky studie potvrdily, že metoda WGS je vhodným nástrojem umožňujícím poskytnout provozovatelům potravinářských podniků informace o výskytu perzistentních kmenů bakterií a jejich specifické genetické výbavě, která by mohla přispívat k dlouhodobému přežívání v daném provozu.

ABSTRACT

Listeria monocytogenes is characterized by an extensive ability of environmental adaptation, which contributes to its survival in the environment, further spread in the food chain and the development of listeriosis. The aim of this study was to compare the genome diversity of suspected persistent *L. monocytogenes* strains using the whole genome sequencing (WGS) approach and to detect selected genetic determinants associated with the adaptation of listeria to the environmental conditions. Clonal similarity between *L. monocytogenes* strains ST204 from two ripened cheese producing plants, ST3 from a steamed cheese producer and ST451 from a rabbit meat producer plant confirmed the presence of persistent strains in individual food processing plants for several years. Strains of ST204 and ST3 were confirmed to carry genes of SSI-1 (stress survival islet 1) associated with adaptation to acidic and saline environments. Persistent strains of ST204 were characterized by the presence of arsenic and cadmium resistance genes carried on the LGI2 mobile element (Listeria genomic island 2). Cadmium resistance genes were detected on a plasmid-borne transposon in persistent strains of ST3. In contrast, persistent strains of ST451 did not carry any specific genetic determinants associated with their adaptation to adverse conditions. The results of this study confirmed that the WGS method is an appropriate tool to provide food producers with information on the occurrence of persistent bacterial strains and their specific genetic content which may contribute to their long-term survival in the given food processing plant.