

Epidemia „nieuleczalnej” cholery ma związek z antybiotykami

2 października 2023

Międzynarodowy zespół naukowy odkrył dowody na to, że lekooporny szczep, który spowodował największą epidemię cholery we współczesnej historii w Jemenie, pojawił się pod koniec 2018 roku w wyniku powszechnego stosowania azytromycyny i innych antybiotyków makrolidowych. Odkrycia naukowców opublikowano w artykule w czasopiśmie „Nature Microbiology”.



„Nasza analiza wykazała, że epidemia rozpoczęła się w wyniku jednorazowego przedostania się do Jemenu krążącego po całym świecie szczepu VcH.9. Jego późniejsze rozprzestrzenianie się doprowadziło do pojawienia się kilku podwariantów *Vibrio cholerae*, z których jedna, VcH.9.g, nabyła pod koniec 2018 roku zestaw genów chroniących ją przed cefalosporynami, makrolidami i sulfonamidami. Pojawienie się tego zestawu zbiega się z powszechnym stosowaniem makrolidów” – czytamy w badaniu.

Do takiego wniosku doszła grupa naukowców z Jemenu i Europy pod przewodnictwem profesora Nicholasa Thomsona z London School of Hygiene and Tropical Medicine (LSHTM) po przeanalizowaniu genomu 260 próbek czynnika wywołującego cholerę, *Vibrio cholerae*. Próbki pobrano w latach 2018–2019, w szczytowym okresie epidemii cholery w Jemenie.

Badaczy interesowało, dlaczego czynnik wywołujący cholerę był początkowo wrażliwy na działanie antybiotyków, ale w 2019 roku zaczęły pojawiać się szczepy odporne na większość istniejących leków. Aby odpowiedzieć na to pytanie, autorzy pracy

rozszyfrowali i porównali genomy bakterii pobranych z ciał pacjentów w różnym czasie.

Analiza wykazała, że „niewrażliwe” szczepy *Vibrio cholerae* nie zostały sprowadzone do Jemenu z zewnątrz – pojawiły się na jego terytorium pod koniec 2018 roku w wyniku długotrwałego kontaktu swoich poprzedników z antybiotykami z klasy makrolidowej. Doprowadziło to do mniej zakaźnych wariantów bakterii niosących geny oporności na antybiotyki, które przekazały tę „supermoc” zakaźnemu podszczepowi VcH.9.g, czyniąc go odpornym na większość leków.

Podszczep VcH.9.g zaczął niezwykle szybko rozprzestrzeniać się w Jemenie w 2019 r. i zastąpił wszystkie inne szczepy *Vibrio cholerae*, co spowodowało niezwykle ciężką i długotrwałą sezonową epidemię cholery latem 2019 r. Naukowcy zauważają, że ten scenariusz pojawienia się „niewrażliwej” cholery podkreśla potrzebę monitorowania genetycznego podczas epidemii w celu kontrolowania pojawiania się patogenów lekoopornych.

W 2016 roku w Jemenie rozpoczęła się największa epidemia cholery we współczesnej historii ludzkości. Sytuacja stała się szczególnie dotkliwa w 2019 roku, kiedy na terenie całego kraju zaczęły rozprzestrzeniać się nowe szczepy *Vibrio cholerae*, odporne na dużą liczbę leków i środków dezynfekcyjnych.

Do listopada 2021 r. liczba zarażonych przekroczyła 2,5 mln, a z powodu tej choroby zmarło ponad 4 tys. Jemeńczyków. Według najnowszych danych WHO w całym kraju nadal odnotowuje się przypadki zakażenia cholera, a około jedną czwartą przypadków stanowią dzieci poniżej piątego roku życia.

Autorstwo: tallinn

Źródło: [ZmianyNaZiemi.pl](https://zmiany.naziemi.pl)