Lactobacillus sensu lato törzsek antibiotikum-rezisztencia profiljának és genetikai hátterének vizsgálata élelmiszeripari izolátumokban

Investigation of antibiotic resistance profiles and genetic background of *Lactobacillus* sensu lato strains in food isolates

drd. ing. FIKÓ-LÁSZLÓ Szilvia[1], dr. SALAMON Pál[2]

[1] Pécsi Tudományegyetem, Kémia Doktori Iskola, Magyarország, Pécs, tel.: +40747 434 926
e-mail: laszloszilvia@uni.sapientia.ro

[2] Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem, Csíkszeredai kar, Biomérnöki tanszék, Románia, tel.: +40744 599 793,
e-mail: salamonpal@uni.sapientia.ro

ABSTRACT

In this study, we investigated the phenotypic and genotypic antibiotic resistance profiles of 25 lactic acid bacteria strains isolated from fermented dairy products. MALDI-TOF MS identified six distinct species, with *Limosilactobacillus fermentum* (32%), *Lactiplantibacillus plantarum* (24%), and *Lacticaseibacillus rhamnosus* (24%) most prevalent. Based on minimum inhibitory concentration (MIC) determinations, we evaluated susceptibility to eight antibiotics according to EFSA cut-off values. The most common phenotypic resistance observed was a triple aminoglycoside resistance pattern against kanamycin, gentamicin, and streptomycin. PCR analysis of plasmid DNA showed that resistance to streptomycin and ampicillin was predominantly mediated by mobile plasmids, whereas resistance to kanamycin and gentamicin was attributed to intrinsic chromosomal mechanisms. Multidrug-resistant strains (*L. rhamnosus, L. paracasei*) represent a major food safety concern because of their potential for horizontal gene transfer. Conversely, strains harboring no resistance genes (*Pediococcus acidilactici, L. paracasei*) may serve as safe candidates for future applications in the food industry.

Keywords: *Lactobacillus* sensu lato, antibiotic resistance, minimum inhibitory concentration, plasmid, horizontal gene transfer

KIVONAT

Kutatásunk során 25 fermentált tejtermékből izolált tejsavbaktérium-törzs fenotípusos és genotípusos antibiotikumrezisztencia-profilját vizsgáltuk. A MALDI-TOF–MS azonosítás során hat fajt különítettünk el, amelyek közül a *Limosilactobacillus fermentum* (32%), a *Lactiplantibacillus plantarum* (24%) és a *Lacticaseibacillus rhamnosus* (24%) azonosítottuk. A minimális gátlási koncentráció (MIC) mérések alapján nyolc antibiotikum hatását az EFSA határértékei szerint értékeltük. A leggyakoribb fenotípusos ellenállást a kanamicin, gentamicin és sztreptomicin hármas aminoglikozid-rezisztenciája alkotta. A plazmid-DNS-ből végzett PCR-analízis kimutatta, hogy a sztreptomicin- és ampicillin-rezisztencia döntően mobilis plazmidhoz kötött, míg a kanamicin és gentamicin elleni védelem mögött intrinszikus kromoszómális mechanizmusok állnak. Kiemelt élelmiszerbiztonsági kockázatot a multirezisztens törzsek (*L. rhamnosus*, *L. paracasei*) jelentenek a horizontális géntranszfer lehetősége miatt. Ezzel szemben a rezisztenciagént nem hordozó törzsek (*Pediococcus acidilactici, L. paracasei*) biztonságos jelöltként szolgálhatnak jövőbeli élelmiszeripari fejlesztésekhez.

Kulcsszavak: *Lactobacillus* sensu lato, antibiotikum-rezisztencia, minimális gátlási koncentráció, plazmid, horizontális géntranszfer