

Pierwszy muzealny mikrobiom - wyniki badań realizowanych w ramach projektu „Wawel – dziedzictwo dla przyszłości”

Magdalena Dyda^{1*}, Adam Pyzik², Oliwia Buchwald-Zięcina⁴, Ewa Wiłkojć⁴

1) Zakład Geomikrobiologii, Instytut Mikrobiologii Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego; RDLs sp. z o.o.

2) Zakład Mikrobiologii i Biotechnologii Środowiskowej, Instytut Mikrobiologii Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego

3) Instytut Biologii Ewolucyjnej Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego; Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych UW

4) Muzeum Zamku Królewskiego na Wawelu, Kraków

*magdalena.dyda@biol.uw.edu.pl

Zamek Królewski na Wawelu jako jedno z najważniejszych muzeów w kraju ma oczywisty obowiązek możliwie szerokiego udostępniania swych zbiorów. Z drugiej strony ów szeroki dostęp nie może prowadzić do przyspieszonej deterioracji cennych dzieł sztuki, często i tak już mocno doświadczonych przez historię. Mając na uwadze, że jest to jeden z najliczniej odwiedzanych obiektów zabytkowych na turystycznej mapie Krakowa (w 2019 roku Muzeum odwiedziło ponad 1,4 mln turystów) opieka nad cennymi zbiorami stanowi nie lada wyzwanie. Razem z rzeszą turystów do sal muzealnych trafiają również liczne mikroorganizmy. Mikroorganizmy obecne w powietrzu mogą osadzać się na powierzchniach, a w trakcie wzrostu mogą przyczyniać się do pogorszenia stanu zachowania cennych obiektów zabytkowych. Nie bez znaczenia jest również negatywny wpływ mikroorganizmów na zdrowie ludzi.

W ramach projektu „Wawel – dziedzictwo dla przyszłości” podjęliśmy próbę identyfikacji wszystkich bakterii i grzybów znajdujących się w aerozolu powietrza, osadzających się na zabytkowych tkaninach i obiektach, a także zasiedlających powierzchnie najstarszej budowli na Wzgórzu Wawelskim – Rotundy ŚŚ. Feliksa i Adaukta (N P Marii). Analizy prowadzone były w wytypowanych pomieszczeniach w różnych porach roku i przy różnym nasileniu ruchu turystycznego. W badaniach określano różnorodność mikroorganizmów, które izolowano na różnych podłożach mikrobiologicznych jak i z pominięciem etapu hodowli. Różnorodność bakterii i grzybów ustalono dzięki zastosowaniu wysokoprzepustowej metody sekwencjonowania nowej generacji. Do ustalenia przynależności taksonomicznej wykorzystano sekwencje regionów hiperzmiennych: V3-V4 genu 16S rDNA dla identyfikacji bakterii i regionu ITS2 w celu ustalenia taksonomii grzybów.

Przeprowadzone badania wykazały, że etap hodowli ogranicza ilość uzyskiwanych taksonów mikroorganizmów. Z kolei analizy DNA izolowanego bezpośrednio z powietrza jak i z zebranych próbek osadów wykazały, że nagromadzony na powierzchniach pył jest bogatszym repozytorium drobnoustrojów niż powietrze. Stwierdzono również, że różnorodność bakterii izolowanych z powietrza w niewielkim stopniu pokrywała się z różnorodnością bakterii obserwowaną w próbkach kurzu. Z kolei różnorodność grzybów w obu rodzajach próbek była zbliżona.

W efekcie po raz pierwszy w Polsce, a może nawet w Europie czy na świecie przeprowadzono kompleksową analizę MIKROBIOMU MUZEUM z wykorzystaniem technologii omicznych.