ABSTRACT

Pseudomonas aeruginosa is frequently isolated nosocomial pathogen in hospital-acquired infections and they have evolved into becoming resistant to more than one antibiotic, making treatment due to infection by these bacteria more difficult to treat. In order to combat the bacteria evolution, an increased interest in using bacteriophages - the natural 'predator' to the bacteria is studied as they lyse *P. aeruginosa* with a mechanism independent of any known antibiotics. Hence, the objective of this research is to isolate and characterize the bacteriophages that are specific to *P. aeruginosa* from wastewater samples that were collected from Kuching Centralized Sewage Treatment Plant in Sarawak, Malaysia. Prospective bacteriophages were purified and characterized based on their host range, pH and thermal stability, multiplicity of infection, morphology, and gene identification. A number of 32 clinical isolates of *P. aeruginosa* were isolated and confirmed by 16S rRNA. Bacteriophage host range were carried out with the isolates with four promising bacteriophages namely ZP1, ZP2, ZP3 and ZP4 with a 78.79%, 60.60%, 93.94%, and 93.94% clear lysis rate respectively. Furthermore, transmission electron microscopy displayed the morphology of ZP1 and ZP2 which resembles bacteriophages from the family of *Siphoviridae* whereas bacteriophages ZP3 and ZP4 resembles bacteriophages from the family of *Myoviridae*. All the bacteriophages were also relatively stable for up to 50 °C and remained active from pH 3.0 to pH 13.0 with optimal multiplicity of infection of 0.01. Bacteriophage gene identification through tail fibre protein gene found an 82-91% similarities between the four bacteriophages to *P. aeruginosa* bacteriophage and *P. aeruginosa* strains in the literature which will aid in determining the bacteriophages further characteristics in the future. The differences possessed by the four bacteriophages including their high efficiency to lyse *P. aeruginosa* isolates made them potentially effective bacteriophage candidates in making bacteriophage mixtures to treat any infection caused by *P. aeruginosa*.

Keywords: Bacteriophage, lysis, characteristics, predator, *Pseudomonas aeruginosa*

Pencirian Bakteriofaj Pemusnah Bakteria yang Menjangkiti Pseudomonas aeruginosa

ABSTRAK

Pseudomonas aeruginosa adalah salah satu daripada patogen nosokomial yang paling kerap didapati dalam jangkitan yang diperolehi di hospital dan mereka telah berkembang menjadi rintang terhadap lebih dari satu antibiotik, membuatkan rawatan terhadap bakteria ini lebih sukar untuk dirawat. Untuk memerangi evolusi bakteria, penggunaan bakteria - pemangsa semulajadi untuk bakteria adalah dikaji kerana mereka menggunakan mekanisma yang berlainan dengan mana-mana antibiotik yang diketahui. Dalam kajian ini, bakteriofaj khusus untuk P. aeruginosa telah diasingkan daripada sampel air kumbahan yang dikumpul dari Pusat Pembetungan Kuching di Sarawak, Malaysia. Prospektif bakteriofaj telah dicirikan berdasarkan julat tuan rumah, pH dan kestabilan haba, kepelbagaian jangkitan, morfologi dan pengenalpastian gen. Sebanyak 32 isolat klinikal P. aeruginosa diasingkan daripada pesakit dan disahkan oleh rRNA 16S. Pengenalpastian pelbagai hos bakteria telah dijalankan dengan empat bakteriofaj iaitu ZP1, ZP2, ZP3, dan ZP4 dengan kadar 78.79%, 60.60%, 93.94%, dan 93.94% lisis masing-masing. Tambahan pula, mikroskop elektron penghantaran menunjukkan bahawa morfologi ZP1 dan ZP2 menyerupai bakteriofaj dari keluarga Siphoviridae manakala bakteriofaj ZP3 dan ZP4 menyerupai bakteriofaj dari keluarga Myoviridae. Semua bakteriofaj stabil sehingga 50 °C dan kekal aktif dari pH 3.0 hingga pH 13.0 dengan Multiplicity of infection optimum 0.01. Pengenalan gen bakteriofaj melalui gen protein serat ekor mendapati persamaan 82-91% di antara empat bakteriofaj kepada bakteriofaj lain dalam sastera yang akan membantu pelajari ciri-ciri lanjut bakteriofaj ini pada masa akan datang. Perbezaan empat bakteriofaj yang mempunyai kecekapan lisis tinggi untuk isolat P. aeruginosa menjadikan mereka bakteriofaj yang berpotensi berkesan dalam *membuat campuran bakteria untuk merawat mana-mana jangkitan oleh P. aeruginosa.*

Kata kunci: *Bakteriofaj, ciri-ciri, lisis, pemangsa, Pseudomonas aeruginosa*