

Bakteriofagi są najbardziej rozpowszechnionymi organizmami w biosferze (Clockie, 2011). Występują naturalnie w wodach oceanów, ściekach, jeziorach (Clockie, 2011, Muniesa, 1998) oraz w organizmach ludzi i zwierząt (Puig, 1999). Najbardziej istotną cechą, charakteryzującą tę grupę wirusów, jest zdolność infekowania jedynie komórek bakteryjnych (Duckworth, 2002). Bakteriofagi mogą być stosowane w leczeniu chorych z zakażeniami bakteriami wieloleko-opornymi (Międzybrodzki 2012, Abedon 2011, Kutter 2012, Burrowes, 2011). Fagi są wykorzystywane m.in. w Ośrodku Terapii Fagowej (IITD PAN) do leczenia zakażeń wywołanych m.in. przez bakterie: Staphylococcus, Enterococcus, Escherichia, Enterobacter, Salmonella, Pseudomonas. Wiadomo również, że fagi są ważnym, ale ciągle jeszcze niedocenianym elementem naturalnego mikrobiomu człowieka (Letarov, 2009). Organizmy wyższe stanowią jednak naturalne środowisko życia fagów, które regulują florę bakteryjną (Bäckhed, 2005). W przewodzie pokarmowym człowieka fagi występują najliczniej i są stale obecne w jelicie (Duerkop, 2012). Zdolność tych wirusów do utrzymania się w układzie pokarmowym sugeruje, że fagi wykształciły specjalne cechy dostosowujące je do życia w tym środowisku. Jednakże, niewiele wiadomo na temat oddziaływań fagów z komórkami ssaków, co stanowi znaczącą lukę w wiedzy.

Celem projektu jest uzyskanie nowej wiedzy dotyczącej farmakokinetyki bakteriofagów w organizmie ssaków, co przyczyni się do lepszego zrozumienia biologii tych wirusów bakteryjnych. Ponadto, zcharakteryzowana zostanie zdolność bakteriofagów do penetracji tkanek / narządów.

Ze względu na możliwość stosowania fagów w medycynie, szczególnie w czasach bakterii wielolekoopornych, wzrasta zainteresowanie naukowców tymi wirusami. Kluczowe jest jak najlepsze poznanie biologii tych organizmów; interakcji z komórkami ssaków.