

### **Popularnonaukowe streszczenie projektu**

Bakterie z rodzajów *Streptococcus* (paciorkowce) i *Enterococcus* (enterokoki) stanowią klinicznie istotne oportunistyczne patogeny. Oznacza to, że stanowią one składnik naturalnej mikroflory człowieka i zwierząt, jednak w sprzyjających warunkach takich jak obniżenie odporności organizmu są zdolne wywoływać infekcje. Zakażenia związane z tymi mikroorganizmami to przede wszystkim bakteriemie, zapalenie wsierdzia, ropnie, próchnica, a także zakażenia układu moczowo-płciowego.

Paciorkowce i enterokoki to grupy mikroorganizmów składające się z wielu gatunków. W rutynowej diagnostyce najczęściej identyfikacja tych mikroorganizmów na poziomie gatunku ogranicza się do zastosowania metod fenotypowych, które często nie są w stanie właściwie zróżnicować poszczególnych gatunków. Dotychczas opracowanych zostało kilka metod identyfikacji genetycznej gatunków z rodzaju *Streptococcus* i *Enterococcus*, jednak żadna z tych metod nie może być stosowana jako jedyna metoda, ponieważ nie daje na tyle wiarygodnych wyników. Istnieje zatem potrzeba opracowania metody diagnostycznej pozwalającej identyfikować poszczególne gatunki z wysoką siłą dyskryminującą. Metoda oparta na sekwencjonowaniu nowej generacji regionu *16S-23S rRNA*, występującego u wszystkich bakterii wychodzi naprzeciw tym oczekiwaniom. Jest to metoda, która pozwala osiągnąć wiarygodne wyniki identyfikacji gatunkowej danego mikroorganizmu w próbce w ciągu 24 godzin, a także bez hodowli, bezpośrednio z próbki od pacjenta. Jednak, w powszechnie dostępnych bazach danych brakuje sekwencji referencyjnych regionu *16S-23S rRNA*, które pozwolą porównać otrzymany wynik do sekwencji referencyjnej danego mikroorganizmu. Celem projektu jest opracowanie sekwencji referencyjnych regionu *16S-23S rRNA* dla większości gatunków z rodzajów *Streptococcus* i *Enterococcus*.