

Techniki typowania molekularnego bakterii polegające na analizie sekwencji DNA zrewolucjonizowały w ciągu ostatnich 15 lat badania populacyjne, epidemiologiczne i ewolucyjne wielu gatunków drobnoustrojów, w tym licznych patogenów człowieka. Jest to przede wszystkim tzw. metoda MLST (ang. *multi-locus sequence typing*), polegająca na analizie porównawczej sekwencji 7 genów metabolizmu podstawowego. Między innymi pozwoliła ona jednoznacznie identyfikować i charakteryzować szczepy o podwyższonym potencjale epidemicznym, w tym szczepy pandemiczne lub „wysokiego ryzyka”. Są one często odpowiedzialne za gros zakażeń, a ponadto mogą akumulować w sobie większość oporności danego gatunku na leki. W czasach głębokiego kryzysu medycyny zakażeń, w wielkiej mierze wynikającego z narastania lekooporności drobnoustrojów, posiadanie w pełni wystandaryzowanych metod typowania, głównie MLST, ma bardzo duże znaczenie poznawcze i praktyczne. Dlatego też obecnie istnieje już ponad 100 schematów MLST.

Niniejszy projekt zakłada opracowanie schematu MLST wraz z internetową bazą danych dla gatunku *Pseudomonas putida*, który byłby trzecim takim schematem dla bakterii z rodzaju *Pseudomonas*. Podobnie do wielu innych przedstawicieli tego rodzaju, *P. putida* jest przede wszystkim gatunkiem środowiskowym, niemniej, od lat 1990. pojawia się coraz więcej doniesień o zakażeniach szpitalnych wywoływanych przez ten drobnoustrój, epidemiach na tzw. oddziałach wysokiego ryzyka (np. oddziały noworodkowe, onkologiczne, intensywnej terapii), a także o nabywaniu przez *P. putida* licznych mechanizmów lekooporności, w tym metalo- β -laktamaz (MBL). MBL są dzisiaj jednym z najgroźniejszych mechanizmów oporności, m. in. ze względu na to, że eliminują skuteczność tzw. antybiotyków ostatniej szansy w leczeniu ciężkich zakażeń szpitalnych. Dlatego też można sądzić, że schemat MLST dla *P. putida* powinien spotkać się z zainteresowaniem badaczy epidemiologii zakażeń i lekooporności. W drugiej części, projekt przewiduje wykonanie kompleksowej analizy molekularno-epidemiologicznej kolekcji szczepów *P. putida* MBL⁺, zebranych na przestrzeni ok. 14 lat z terenu całej Polski. Były one odpowiedzialne za poważne zakażenia pacjentów szpitalnych. Skala tej analizy postawi ją wśród największych prac tego rodzaju, jakie wykonano dotąd na świecie nad *P. putida*. Powinna ona pozwolić na weryfikację hipotezy, że podobnie do wielu innych gatunków, wśród *P. putida* ewoluują szczególne genotypy, zdolne przystosowywać się do środowiska szpitalnego, utrzymywać się w nim i epidemicznie rozprzestrzeniać, stanowiąc zagrożenie dla pacjentów obarczonych ryzykiem zakażenia.