

Projekt lokuje się w obrębie epidemiologii oporności na antybiotyki bakterii chorobotwórczych, która jest obecnie jednym z najważniejszych wyzwań medycyny zakażeń i zdrowia publicznego, a także bardzo ciekawym zagadnieniem naukowym. Dotyczy on szczególnie groźnego drobnoustroju, *Pseudomonas aeruginosa*, wywołującego powszechne zakażenia szpitalne o wysokiej śmiertelności, co wynika zarówno z jego zjadliwości, jak i lekooporności. Projekt skupia się na szczepach wytwarzających metalo- β -laktamazy (MBL), które są wyspecjalizowanymi enzymami hydrolizującymi karbapenemy, tzn. antybiotyki ostatniej szansy w leczeniu ciężkich zakażeń szpitalnych. Wytwarzanie MBL jest najważniejszym mechanizmem oporności nabytej u *P. aeruginosa*, obserwowanym obecnie na całym świecie. Badania ostatnich lat wykazały, że większość mechanizmów oporności, w tym MBL, gromadzi się w niewielkiej grupie pandemicznych klonów *P. aeruginosa*, takich jak ST235 lub ST111. Szczepy *P. aeruginosa* wytwarzające MBL (MPPA) w Polsce obserwuje się od 1998r. Badania na wczesnym etapie rozwoju sytuacji (1998-2004) wykazały jego ściśle regionalny przebieg w pięciu obszarach kraju, obejmujący zjawiska klonalnego rozprzestrzeniania się odrębnych szczepów i horyzontalnego przenoszenia genetycznych determinant MBL. Od 2005r. Krajowy Ośrodek Referencyjny ds. Lekowrażliwości Drobnoustrojów (KORLD) obserwuje dynamiczny wzrost liczby przypadków i ich postępujące rozprzestrzenienie. Ogółem w latach 2005-2015 potwierdzono 1314 przypadków w 258 szpitalach i 37 przychodniach we wszystkich województwach.

Celem ogólnym projektu jest wyjaśnienie mechanizmów niepokojącego wzrostu występowania MPPA w Polsce w latach 2005-2015. Sposobem jego realizacji będzie dokonanie wszechstronnego opisu sytuacji epidemiologicznej z wykorzystaniem metod biologii molekularnej (tzw. epidemiologia molekularna) oraz porównanie jej z wczesnym etapem z lat 1998-2004 i z sytuacją w innych krajach. Proporcjonalna reprezentacja ~500 izolatów bakteryjnych z poszczególnych lat i regionów oraz zdecydowanej większości szpitali pozwoli uchwycić zarówno aspekt geograficzny, jak i czasowy problemu narastania zakażeń MPPA. Projekt pozwoli zrozumieć podłoże zjawiska, uwzględniając rozprzestrzenianie klonalne szczepów, horyzontalne przenoszenie genów MBL w populacjach bakterii oraz zjawiska selekcji lub importów nowych typów MPPA. Dzięki badaniom będzie można zidentyfikować pandemiczne klony, ich warianty lub odrębne genotypy *P. aeruginosa*, jak również determinanty genetyczne MBL, które są szczególnie odpowiedzialne za wybitnie niebezpieczną sytuację. Realizacja projektu będzie miała podstawowe znaczenie dla rozwoju epidemiologii lekooporności w Polsce, może dostarczyć ważnych przesłanek do działania służb i systemów kontroli zakażeń w kraju, oraz przyczynić się do wzrostu aktualnej wiedzy o jednym z najistotniejszych patogenów szpitalnych. Powinna też otworzyć pole do dalszych prac naukowych nad zidentyfikowanymi w trakcie, wyróżniającymi się potencjałem epidemicznym genotypami *P. aeruginosa* lub wariantami elementów genetycznych zawierających geny MBL.