

Zespół jelita drażliwego (ang. *Irritable Bowel Syndrome*, IBS) jest przewlekłą chorobą przewodu pokarmowego. Szacuje się, że cierpi na nią nawet 50% wszystkich chorych z dolegliwościami żołądkowo-jelitowymi, chociaż statystyki nie są adekwatne do sytuacji epidemiologicznej, ze względu na często błędnie stawianą diagnozę. Choroba dotyczy obu płci, jednak zachorowalność wśród kobiet na IBS jest dwa razy częstsza niż u mężczyzn. Ocenia się, że IBS jest drugim, po przeziębieniach, powodem absencji w pracy i przyczyną co drugiej konsultacji gastrologicznej. Etiologia IBS nie jest do końca znana. Rozpoznanie IBS jest rozpoznaniem „z wykluczenia” – polegającym na wyeliminowaniu innych chorób dających podobne/takie same objawy podmiotowe i/lub przedmiotowe [World Gastroenterology Organisation, 2015].

Najnowsze doniesienia naukowe sugerują, że mikroflora jelitowa może mieć ogromne znaczenie w patogenezie IBS, choroby którą ze względu na odczuwane dolegliwości, stopień ich nasilenia, brak dokładnych kryteriów diagnostycznych, skutecznej terapii oraz liczebność zachorowań, można zaliczyć do chorób cywilizacyjnych. Obecnie jednak wiedza na temat składu ekosystemu jelitowego naszego organizmu jest w dalszym ciągu bardzo ograniczona. Ponadto, obecnie dostępne dane nie określają jednoznacznie, czy i jakie drobnoustroje mogą mieć wpływ na występowanie objawów żołądkowo-jelitowych odczuwanych przez pacjentów z IBS.

Hipoteza badawcza, stawiana przez autorów projektu, zakłada występowanie różnic w jakościowym składzie drobnoustrojów, stanowiących mikroflorę jelitową u pacjentów ze stwierdzonym IBS, a osobami bez dolegliwości żołądkowo-jelitowych.

Celem niniejszego projektu jest identyfikacja flory bakteryjnej pacjentów z IBS oraz porównanie składu mikrobiota u tych pacjentów z elementem bakteryjnym mikrobiomu jelit osób zdrowych bez jakichkolwiek dolegliwości żołądkowo-jelitowych. Uzyskane wyniki pozwolą na analizę pełnego składu elementu bakteryjnego mikrobiota pacjentów z IBS oraz osób zdrowych, a tym samym wpływu mikroflory jelitowej na dolegliwości bólowe odczuwane przez pacjentów cierpiących na zespół jelita drażliwego.

Sformułowaną hipotezę weryfikować będziemy przy użyciu metod biologii molekularnej, sekwencjonowania 16S rRNA (sekwencjonowanie następnej generacji, NGS) z wykorzystaniem systemu Illumina Miseq. W wyniku realizacji projektu możliwa będzie ocena tych mikrobiota, które mogą mieć znaczenie w patogenezie IBS oraz równocześnie całego elementu bakteryjnego mikrobiomu jelita. Ponadto, w wyniku realizacji projektu możliwe będzie wykazanie korelacji pomiędzy dysbiozą bakteryjnej mikroflory jelita wśród kobiet i mężczyzn, a występowaniem specyficznych objawów żołądkowo-jelitowych u badanych pacjentów.

Wyniki uzyskane w niniejszym projekcie pozwolą na weryfikację założonej hipotezy badawczej zakładającej występowanie dysbiozy mikrobiomu, uwzględniając płeć respondentów badania i jej wpływ na powstawanie dolegliwości odczuwanych przez pacjentów z IBS. Uzyskane informacje mogą stać się podstawą do wdrożenia w przyszłości nowych kryteriów oraz metod diagnostycznych niezbędnych w kwalifikacji i dalszym leczeniu pacjentów z IBS.