

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Prątki niegruźlicze (ang. nontuberculous mycobacteria, NTM) to grupa około 240 różnych gatunków prątków, niebędących czynnikami etiologicznymi gruźlicy i trądu. Bakterie te występują powszechnie w otoczeniu, i są szczególnie dobrze przystosowane do życia w środowiskach pochodzenia antropogenicznego, takich jak systemy dystrybucji wody pitnej i instalacje wodno-kanalizacyjne. Co więcej, badania wskazują, że NTM izolowane są powszechnie w placówkach opieki zdrowotnej. Znacząca większość gatunków NTM to patogeny oportunistyczne ludzi i zwierząt. Najczęstszą postacią kliniczną jaką przybiera zakażenie NTM (mykobakterioza) jest przewlekła choroba płuc. Znacznie rzadziej dochodzi do zakażeń tkanek innych niż płuca, np. węzłów chłonnych, skóry i tkanek miękkich czy choroby uogólnionej, szczególnie u pacjentów z AIDS.

W dzisiejszych czasach, równoległe ze spadkiem częstości występowania gruźlicy w krajach rozwiniętych, obserwowany jest wzrost liczby zakażeń wywołanych NTM. Częstsze występowanie tych zakażeń oraz ich szersze rozpowszechnienie geograficzne związane jest z globalnymi zmianami populacyjnymi i środowiskowymi, takimi jak: starzenie się społeczeństwa, rosnąca liczba osób cierpiących z powodu immunosupresji, postępująca urbanizacja i ocieplenie klimatu. Rosnąca liczba diagnozowanych mykobakterioz wraz z osobami z grup ryzyka sprawiła, że infekcje NTM otrzymały status „choroby rozprzestrzeniającej się” (ang. "emerging infections") a same NTM – nowych superbakterii (ang. „the new uber-bugs”).

Ekologia NTM stanowi zaniedbany obszar badań na świecie. W Polsce literatura poświęcona środowiskowym zagadnieniom związanym z NTM jest prawie nieobecna. Aspekty takie jak rezerwuar patogenu, zakaźność, drogi transmisji, rozpowszechnienie w różnych regionach geograficznych pozostają niejasne.

Proponowany projekt pozwoli szczegółowo rozpoznać rozpowszechnienie NTM w różnych środowiskach w Polsce (naturalnych, domowych i szpitalnych). Uzyskane w ramach wielkoskalowego badania środowiskowego próby, poddane zostaną konwencjonalnym analizom z wykorzystaniem metod opartych na kulturach, a także nowoczesnym analizom molekularnym, takim jak niezależne od hodowli analizy metagenomiczne i wysokoprzepustowe sekwencjonowanie całych genomów.

Wyniki projektu dostarczą odpowiedzi na pytania, takie jak: jakie są naturalne rezerwuary patogenu?; jaki jest związek między rezerwuarami patogenu a chorobą u ludzi?; czy wszystkie gatunki NTM mają podobny potencjał epidemiologiczny?; czy istnieją konkretne czynniki biotyczne lub abiotyczne wpływające na częstość izolacji NTM ze środowiska? jakie są molekularne podstawy wirulencji i oporności na leki w NTM? Wiedza na ten temat może mieć ogromne znaczenie dla opracowania wdrożenia nowych strategii profilaktycznych i przyczynić się do całkowitej eliminacji chorób wywoływanych przez NTM jako problemu zdrowotnego populacji ludzkiej.