

Zapalenie płuc nabyte w środowisku zamieszkania jest wiodącą przyczyną hospitalizacji i wysokiej śmiertelności ludzi na całym świecie. Poza *Streptococcus pneumoniae*, który jest najczęstszą przyczyną zapalenia płuc, wewnątrzkomórkowe patogeny z rodzaju *Legionella* są również znaczącym czynnikiem etiologicznym pneumonii. Pałeczki *Legionella* występują w wielu naturalnych środowiskach, takich jak rzeki, jeziora i gleby, gdzie namnażają się w komórkach wolnożyjących pierwotniaków z rodzaju *Acanthamoeba*, *Vermamoeba*, *Tetrahymena*. Pierwotniaki stanowią nie tylko źródło niezbędnych składników odżywczych dla *Legionella* ale chronią bakterie przed niesprzyjającymi warunkami środowiska oraz wpływają na zwiększenie ich oporności na antybiotyki, stres osmotyczny i termiczny. Bakterie po przedostaniu się ze środowiska naturalnego kolonizują urządzenia i systemy dystrybucji wody, które mogą być źródłem niebezpiecznego dla zdrowia i życia ludzi skażonego, wodno-powietrznego aerozolu. Nabyta w toku ewolucji z pierwotniakami zdolność bakterii *Legionella* do infekcji makrofagów człowieka i przełamania ich mechanizmów bójczych prowadzi do rozwoju ostrego zapalenia płuc zwanego chorobą legionistów. W ciągu ostatniej dekady liczba zachorowań na chorobę legionistów znacznie wzrosła wśród mieszkańców Unii Europejskiej i Stanów Zjednoczonych, co wskazuje, że choroba ta może stać się poważnym problemem zdrowotnym, szczególnie w kontekście starzejącego się społeczeństwa, zmian klimatycznych i wzrastającej presji na zasoby wodne. Wszystkie spośród 70 znanych gatunków *Legionella* są uważane za potencjalnie patogenne dla ludzi, ale dwa gatunki *L. pneumophila* i *L. longbeachae* są odpowiedzialne za większość potwierdzonych przypadków choroby legionistów. Pomimo że ostatnie badania wykazały, że *L. longbeachae* jest bardziej zjadliwa niż *L. pneumophila* w mysim modelu choroby legionistów, wciąż niewiele wiadomo na temat biologii i procesu infekcji tego gatunku. Projekt zakłada, że wysoka wirulencja szczepów *L. longbeachae* jest uwarunkowana obecnością specyficznych determinant okrywy komórkowej bakterii (lipopolisacharydu, lipidów, białek), które decydują o ich zwiększonej zdolności do oddziaływania z komórkami gospodarza. Bakterie przypuszczalnie modyfikują skład uwalnianych z ich powierzchni pęcherzyków, promując cząsteczki o wysokim potencjale patogennym. Projekt zakłada również że, bakterie po kontakcie z komórkami pierwotniaków i makrofagów zmieniają swój profil ekspresji genów, promując te odpowiedzialne za zwiększony potencjał chorobotwórczy, w szczególności geny syntezy struktur powierzchniowych. Porównawcza analiza na poziomie transkryptomu bakterii uwolnionych z komórek pierwotniaków i makrofagów pozwoli zidentyfikować te geny, które specyficznie adoptują się do komórek człowieka. Identyfikacja kluczowych markerów wirulencji *L. longbeachae* pozwoli na poznanie złożonych interakcji między gospodarzem a patogenem, co potencjalnie może ułatwić rozwój narzędzi diagnostycznych i terapeutycznych choroby legionistów.