

Obecny i przyszły koszt oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe (AMR) jest ogromny i przewiduje się, że do 2050 r. prawie połowa zgonów może być skutkiem powikłań po zakażeniu opornymi bakteriami. Walka ze szkodliwymi bakteriami była przez długi czas trudna, ponieważ techniki stosowane w tradycyjnej mikrobiologii wymagały hodowania bakterii w laboratorium. Bakterie żyją w dużych społecznościach, w których mają zarówno przyjaciół, jak i wrogów, a ich skład zależy od warunków środowiskowych. Tylko niewielka część członków tych społeczności wzrośnie po przeniesieniu do laboratoriów i umieszczeniu na „podłożach wzrostu”, co daje co najwyżej pobieżny obraz badanej dynamiki. Dzięki sekwencjonowaniu nowej generacji możliwa jest uzyskanie danych o wiele dokładniejszych. Tutaj pobierane jest DNA ze wszystkich organizmów obecnych w próbce i odczytywane są ich sekwencje. Umożliwia to uzyskanie bardzo bogatej informacji o wszystkich organizmach obecnych w próbce. Ta technologia umożliwia zupełnie nowe rodzaje badań, które poszerzą naszą wiedzę w kierunku zrozumienia, w jaki sposób drobnoustroje rozwijają oporność na leki przeciwdrobnoustrojowe. W naszych badaniach chcemy zastosować tę nową technologię i zbadać społeczności mikroorganizmów obecnych w środowisku szpitalnym, na powierzchniach i w powietrzu, a także izolowanych z zakażeń u pacjentów. Planujemy pobierać próbki we wszystkich porach roku przez rok, na oddziałach różnego typu w szpitalach o odmiennym poziomie referencyjności i w różnej lokalizacji (duża miasto, szpital powiatowy) aby zrozumieć, jak potencjalnie szkodliwe bakterie odporne na antybiotyki przemieszczają się w środowisku szpitalnym, a także w jaki sposób profil bakteryjny zmienia się między sezonami. Badanie pozwoli nam również zbudować mapę szkodliwych bakterii i przewidzieć ich przyszłe zmiany. Dodatkowo, wyniki dotyczące rozprzestrzenienia genów oporności w środowisku zamierzamy porównać z danymi o zużyciu antybiotyków, zarówno odnotowywanym lokalnie, jak i regionalnie, aby zidentyfikować dominujące źródło i przyczynę zjawiska lekooporności. Porównując środowisko szpitalne w Polsce i Chinach, uzyskamy dodatkową wiedzę na temat wpływu warunków panujących w danym państwie / mieście na rozkład oporności na antybiotyki. Musimy pamiętać, że bakterie są wszędzie wokół nas, na nas i wewnątrz nas. Tylko niewielka część to „złe”, ale wiele z nich ma duży wpływ na to, jak się czujemy. Zrozumienie otaczającego świata metagenomicznego -ekspozycji człowieka jest zatem ważnym wyzwaniem na drodze do poprawy zdrowia ludzkiego, dzięki pozyskaniu wiedzy o źródłach i mechanizmach lekooporności bakterii wywołujących zakażenia u ludzi.