

Nasze ciała zamieszkują biliony bakterii, które tworzą złożoną i dynamiczną społeczność, znaną jako mikrobiom. Ten niewidzialny ekosystem odgrywa kluczową rolę w utrzymaniu naszego zdrowia — wspomaga trawienie, wzmacnia układ odpornościowy, a nawet wpływa na funkcjonowanie naszego mózgu. Wśród różnych mikrobiomów największe znaczenie ma mikrobiom jelitowy, który oddziałuje na wiele narządów, takich jak mózg, wątroba, serce czy skóra. Równowaga tego ekosystemu ma ogromny wpływ na nasz organizm, a jej zaburzenie, zwane dysbiozą, może prowadzić do stanów zapalnych, chorób metabolicznych i innych problemów zdrowotnych.

Dzięki nowoczesnym technologiom, takim jak sekwencjonowanie DNA, naukowcy zyskali wgląd w świat mikroorganizmów, ale większość badań kończy się na identyfikacji bakterii na poziomie gatunków. Tymczasem bakterie należące do tego samego gatunku mogą się od siebie znacznie różnić — poszczególne szczepy wykazują często zupełnie odmienne właściwości. Na przykład bakteria *Faecalibacterium prausnitzii* jest uznawana za korzystną dla zdrowia, ale już różne szczepy *Blautia wexlerae* mogą mieć zarówno pozytywny, jak i negatywny wpływ, w zależności od swoich unikalnych cech. Aby lepiej zrozumieć, jak mikrobiom wpływa na nasze zdrowie, musimy więc zejść na poziom szczepów bakteryjnych, a nie zatrzymywać się na poziomie gatunków.

Właśnie temu poświęcony jest ten projekt. Jego celem jest zbadanie, jak różnorodność szczepów bakteryjnych kształtuje nasze zdrowie i ryzyko chorób. Skupiając się na jednym gatunku bakterii, znanym ze złożonych powiązań z chorobami, zamierzam stworzyć narzędzia pozwalające określić, jak różne szczepy wpływają na funkcjonowanie organizmu. Projekt obejmuje:

- Budowę szczegółowej bazy danych szczepów bakteryjnych, wzbogaconej o informacje na temat ich funkcji i właściwości.
- Identyfikację różnych szczepów w dostępnych globalnych badaniach mikrobiomu i analizę ich występowania w różnych kontekstach zdrowotnych i geograficznych.
- Badanie polskiego mikrobiomu jelitowego, aby sprawdzić, na ile lokalne szczepy różnią się od tych obecnych w innych częściach świata.

Dzięki tak szczegółowej analizie na poziomie szczepów projekt ten pomoże rozwiązać wiele zagadek mikrobiomu — na przykład wyjaśnić, dlaczego ten sam gatunek bakterii może być związany zarówno ze zdrowiem, jak i z chorobą. Korzystając z zaawansowanych danych genomowych, takich jak złożone z metagenomu genomy (MAG) i izolowane szczepy, zamierzam nie tylko wzbogacić obecną wiedzę, ale też stworzyć narzędzia, które będzie można wykorzystać w badaniach nad innymi mikroorganizmami.

Wyniki tego projektu mogą przyczynić się do rozwoju precyzyjnych metod diagnostycznych i terapeutycznych opartych na mikrobiomie, a także znaleźć praktyczne zastosowanie w polskim systemie opieki zdrowotnej. Co więcej, projekt wpisuje się w globalny trend personalizowanej medycyny, dostosowującej leczenie do indywidualnych cech pacjenta. Dzięki lepszemu zrozumieniu roli, jaką odgrywają różne szczepy bakterii, możemy zbliżyć się do bardziej skutecznych, spersonalizowanych strategii leczenia i poprawy zdrowia.