Krakowscy naukowcy zaangażowani w polsko-chiński projekt badawczy

2026-06-24

Małopolskie Centrum Biotechnologii UJ oraz Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego łączą siły z East China Normal University. W poniedziałek 22 czerwca br. oficjalnie rozpoczął się projekt dotyczący badań nad opornością bakterii na środki przeciwdrobnoustrojowe oraz rozprzestrzenianiem się tej oporności w polskich i chińskich szpitalach.

„Systematyczna analiza profili lekooporności i rozprzestrzeniania oporności w zróżnicowanej społeczności bakterii i fagów w chińskich i polskich szpitalach i ich otoczeniu” to nazwa projektu, na który naukowcy z Uniwersytetu Jagiellońskiego otrzymali ponad 3,24 mln zł w konkursie Sheng 4, ogłoszonym wspólnie przez Narodowe Centrum Nauki (NCN) oraz National Natural Science Foundation of China (NSFC). Koncepcja okazała się jedną z 8 najlepszych ze 103 propozycji rywalizujących w kategorii nauki o życiu. Łącznie w konkursie złożono 337 wniosków, z których do finansowania zakwalifikowano zaledwie 21 projektów.

Według szacunków do 2050 r. prawie połowa zgonów może być skutkiem powikłań po zakażeniu opornymi bakteriami, dlatego badania w tym obszarze są tak istotne. *Projekt ma trzy cele. Po pierwsze, stworzenie kompleksowej mapy potencjalnie niebezpiecznych, antybiotykoopornych bakterii oraz przewidywanie ich zachowania w przyszłości. Po drugie, identyfikacja źródeł i mechanizmów, które umożliwiają rozprzestrzenianie się genów oporności, w powiązaniu z lokalnym i regionalnym zużyciem antybiotyków. Po trzecie, porównanie profili oporności między szpitalami w Polsce i Chinach, co pozwoli lepiej zrozumieć wpływ uwarunkowań krajowych* – wyjaśnia prof. Paweł Łabaj z Małopolskiego Centrum Biotechnologii UJ.

Zagadnienie podjęte przez krakowskich naukowców ma duże znaczenie dla szeroko rozumianego zdrowia publicznego. Zespół w składzie: dr hab. inż. Paweł Łabaj, prof. UJ z MCB, dr hab. Anna Różańska, prof. UJ oraz dr hab. Agnieszka Chmielarczyk, prof. UJ z Collegium Medicum zastosuje nowoczesne techniki metagenomiki oparte na sekwencjonowaniu nowej generacji (Next-Generation Sequencing – NGS), aby badać mikroorganizmy występujące w środowisku szpitalnym, w szczególności na powierzchniach i w powietrzu. Tradycyjna mikrobiologia zwykle nie pozwala na uchwycenie pełnego obrazu społeczności drobnoustrojów.

Więcej na ten temat można przeczytać w materiałach opublikowanych na stronach: www.mcb.uj.edu.pl oraz www.cm-uj.krakow.pl.