

## **Popularnonaukowe streszczenie projektu**

Związki chemiczne obecne w środowisku bardzo często powodują negatywny wpływ na zdrowie człowieka. Najpoważniejsze z nich to nowotwory i mutacje na poziomie komórkowym. Związki te, z analitycznego punktu widzenia, mogą pełnić funkcję biomarkerów, ukazujących wymierne zmiany w komórkach organizmu i procesach biochemicznych w nim zachodzących. Wyzwaniem XXI wieku jest więc poszukiwanie skutecznych i niezawodnych metod identyfikacji biomarkerów oraz zrozumienie funkcji procesów, które występują w organizmach żywych na poziomie molekularnym. Identyfikacja bakterii stosowana jest w wielu różnych dziedzinach, w tym: mikrobiologii, diagnostyce medycznej, dochodzeniach karnych, zagrożeniach bioterroryzmem i badaniach środowiska. Istnieje wiele różnych metod, które są wykorzystywane w celu szybkiego wykrywania i identyfikacji szkodliwych mikroorganizmów: różnorakie procedury barwienia za pomocą specyficznych przeciwciał w reakcji łańcuchowej polimerazy (PCR) lub wzorcowego DNA. Ogólnie rzecz biorąc, metody te polegają na fenotypowej identyfikacji organizmu za pomocą barwienia metodą Grama, metodach hodowlanych i metodach biochemicznych. Niestety mają dwie podstawowe wady. Mogą być wykorzystywane tylko dla organizmów, które można hodować *in vitro* i są one czasochłonne.

Lekarze zwykle dokonują rozpoznania zakażenia za pomocą badań okresowych obserwując zmiany temperatury, ciśnienia krwi, węchu i wzroku. W zależności od stopnia zakażenia i czynników zakaźnych, może ono spowodować niewydolność wielonarządową, niewydolność wielu układów, ostatecznie prowadząc do śmierci. Z tego powodu, szybkie i niedrogie testy przesiewowe zdolne wykluczyć infekcję, identyfikujące patogeny o wysokim stopniu dokładności mogą być wysoce pożądane w leczeniu empirycznym. Biorąc pod uwagę wyżej omówiony problem, jako główny problem badawczy, który chcielibyśmy rozwiązać jest zastosowanie technik rozdzielania (CE-LIF-MS/MS, LCxLC-MALDI-TOF-MS, GCxGC-Q-TOF) dla celów szybkiej identyfikacji patogenów w próbkach biologicznych w diagnostyce medycznej. Finalnie zaproponowane procedury mają mieć zastosowanie jako szybki test służący do „skryningowej” – przesiewowej identyfikacji wybranych czynników etiologicznych objawowych infekcji wywoływanych przez mikroorganizmy. Test ten ma za zadanie w krótkim czasie określić, czy rozwija się infekcja czy nie, a jeśli są obecne w badanej próbce bakterie, czy są one Gram-dodatnie czy Gram-ujemne. Jest to obecnie najszybsza informacja dla lekarza przed wprowadzeniem wyniszczającej organizm terapii antybiotykowej. Wówczas, dalsze szczegółowe badania wskazujące na konkretny szczep bakterii mogą być prowadzone bez ryzyka wprowadzania niejednokrotnie zbędnej terapii.