

Проект Н23/24 „Проучване върху геномните характеристики, обуславящи лекарствената резистентност (резистом) и вирулентността (вирулом) при екстензивно и пан-резистентни *Pseudomonas spp.*” – ръководител Доц. Иван Иванов, дм

Партньорска организация: УСБАЛ по онкология ЕАД София, Лаборатория по микробиология – проф. д-р Стефана Събчева, дм

През последните години резистентността на микроорганизмите към антимикробни средства (АМР) се превърна в един от най-значимите проблеми за медицината и общественото здравеопазване, като все по-често тя се определя като глобална заплаха. Според някои експерти, появата на пан-резистентни бактерии (вкл. и в България) и липсата на нови ефективни препарати за терапия, предвещават края на антибиотичната ера. Световната здравна организация (СЗО) както и Европейският център за превенция и контрол на заболяванията (ECDC) са категорични в необходимостта от спешни мерки за ограничаване на АМР в глобален мащаб. Един от основните компоненти на тези мерки е детайлното проучване на генетичните механизми на АМР. Най-съвременният и комплексен подход за решаването на тази задача, е целогеномното ДНК секвениране (WGS), даващо възможност едновременно да се проучат всички генни детерминанти асоциирани не само с множествената лекарствена резистентност, но и с патоадаптивните механизми на даден микроорганизъм.

Целта на настоящото проектно предложение е извършването на задълбочен геномен анализ на екстензивно (XDR) и пан-резистентни (PDR) щамове *Pseudomonas spp.*, причиняващи трудно-лечими инфекции. Чрез комплекс от съвременни фенотипни и генетични техники (MLVA, MLST, PFGE, плазмиден анализ и др.) първоначално ще бъде характеризирани и селектирани уникален набор от XDR и PDR щамове (Работни пакети 1-3), който ще бъде изпитан за чувствителност към най-новото поколение антибиотици. В следващия етап ще бъде извършено целогеномно секвениране (ПП4), при което чрез мащабен биоинформатичен анализ ще се локализируют и функционално характеризират (геномно аотиране), специфичните генни детерминанти отговорни за антимикробната резистентност и вирулентните фактори, а сглобените геномни секвенции ще бъдат депозирани в световните геномни банки. На базата на тези анализи ще се направят стратегически изводи за епидемичния потенциал и риска от разпространение на определени клонални типове резистентност към критични антибиотици като карбапенеми и полимиксини.

Усвоените техники за целогеномен, биоинформатичен анализ ще дадат възможност за сформирането на екип от млади специалисти (докторанти и пост-докторанти), който успешно и конкурентно да участва в по-нататъшни проекти и разработки.