



Резюме на проект по Фонд „Наука“ № 24019 – Есенна конкурсна сесия 2024:

„Микробна резистентност и инвазивни инфекции при пациенти след трансплантация на хематопоеични стволови клетки“

Ръководител: Проф. д-р Теменуга Жекова Стоева, дм, дн

Цел: Проучване резистентността към антимикробни лекарствени средства в клинично значими микроорганизми (бактерии, вируси, гъбички), изолирани от клинични проби на пациенти след трансплантация на хематопоеични стволови клетки (ХСКТ) и с данни за инвазивна инфекция, и сравняване получените изолати с високорискови хипервирулентни щамове с глобално разпространение.

Задачи:

1. Селектиране по определени критерии на пациентите, преминали трансплантация на хематопоеични стволови клетки, които са с данни за инвазивна инфекция (инфекция на кръвта, на централната нервна система или белия дроб);
2. Събиране на необходимите биологични проби от пациентите според локализацията на инфекциозния процес (кръв, ликвор, хрчка, бронхоалвеоларен лаваж, пунктати, др.), подлежащи на изследване;
3. Идентифициране етиологичния причинител на инвазивната инфекция;
4. Определяне чувствителността към антимикробни лекарствени средства в случаите на бактериален или микотичен причинител;
5. Селектиране на пациентите на антивирусна терапия, при които се наблюдава задържане или повишаване на вирусния товар (липса на отговор към терапията);
6. Идентифициране на молекулярно-генетичните механизми на резистентност към основни групи антимикробни лекарствени средства (бета-лактами, гликопептиди, хинолони, аминогликозиди, сулфонамиди, триазоли, ехинокандини, антивирусни агенти);
7. Проучване генетичното родство между инвазивните микробни изолати и високорискови множествено-резистентни щамове с доказано глобално разпространение.

Материали: изследване на клинични материали (кръв, ликвор, хрчка, бронхоалвеоларен лаваж, пунктати) на пациенти след ХСКТ с данни за инвазивна инфекция.

Методи:

1. Определяне на видовата идентификация на патогените чрез MALDI BIOTYPER SIRIUS (Bruker, Germany) и молекулярно-генетични методи (PCR, секвениране);

2. Определяне на чувствителността, респ. резистентността към антимикробни лекарствени средства чрез класически (дисково-дифузионен метод, епсилометрия) и автоматизирани (Vitek 2, bioMérieux, France) методи и потвърждаване чрез ДНК секвениране;
3. Проучване на генетичното родство между изолатите чрез ДНК секвениране от ново поколение.

Очаквани резултати:

1. Доминиране (над 50%) на множествоно-резистентни Грам-отрицателни бактерии в етиологичния спектър на инвазивните инфекциозни усложнения при пациенти след ХСКТ;
2. Реактивация на латентни вирусни инфекции (основно за сметка на Cytomegalovirus) в около 70% от изследваните пациенти;
3. По-нисък относителен дял инвазивните микотични инфекции (около 15%) и основно за сметка на *Aspergillus* sp.;
4. Голяма част от резистентните микробни изолати ще са генетично близки с глобално разпространени, високорискови и високо епидемични щамове.