



Информация за изпълнение на етап на проект

Наименование на конкурса:
Конкурс за финансиране на фундаментални научни изследвания – 2017 г.
Основна научна област:
Селскостопански науки
№ на договор:
Биологични науки
Начална и крайна дата на проекта:
Заглавие на проекта:
Генетично разнообразие и популационна структура на щамове <i>Mycobacterium bovis</i> , изолирани от говеда от различни региони на България
Базова организация:
Институт по Микробиология „Стефан Ангелов” – Българска Академия на Науките
Партньорски организации:
Ръководител на научния колектив (академична длъжност, научна степен, име):
Доцент, доктор по ветеринарна медицина, Магдалена Георгиева Боновска
Общ размер на отпуснатото финансиране за първи етап:
60 000,00 лева
Интернет страница на проекта (ако има такава):
Научни публикации по проекта:
1. Detection and molecular identification of <i>M. bovis</i> in cattle in Bulgaria – M. Bonovska, V. Valcheva, T. Savovoa-Lalkovska, A. Dimitrova, Y. Petkov, G. Hadjieva, H. Najdenski, изпратена в списание Bulgarian Journal of Veterinary Medicine, SJR 0,17.
2. Use of 8MIRU-VNTR loci and spoligotyping for first molecular characterization of <i>Micbacterium bovis</i> from cattle in Bulgaria – V. Valcheva, M. Bonovska, T. Savovoa-Lalkovska, A. Dimitrova, H. Najdenski, изпратена в списание Tuberculosis с IF 2,790.



Описание на очакваните резултати по проекта (до 1 стр. в рамките на полето по-долу):

Очакваните резултати могат да се опишат в няколко главни групи:

- Установяване на специфични за туберкуозна инфекция лезии в диагностичните материали
- Наличие на киселинно-устойчиви микобактерии в оцветени по Цил-Нилсен нативни препарати
- Наблюдаване на растеж в течни среди и на колонии върху твърди хранителни среди;
- Доказване видовата принадлежност на изолатите чрез експресен имунохроматографски тест
- Установяване броя на бактериологично потвърдените *Mycobacterium bovis* щамове в изследваните диагностични материали от различни региони на страната;
- Потвърждаване принадлежността на изолираните щамове към вида *Mycobacterium bovis* чрез установяване наличието на инсерционна секвенция *IS6110*, специфична за *M.bovis*;
- Установяване на видово специфични RD4 делеции в генома на *Mycobacterium bovis*;
- Диференциране на *M. bovis* щамове чрез определяне на 8 MIRU-VNTR локуси и установяване дискриминиращата способност на метода.
- Установяване степента на генетично сходство и диференциране на щамове чрез *IS6110*-RFLP анализ;



Членове на научния колектив

<i>Организации/участници¹</i>	<i>Бележка²</i>
<i>Базова организация:</i>	
Институт по Микробиология „Стефан Ангелов” – Българска Академия на Науките, Департамент по инфекциозна микробиология	
<i>Ръководител на научния колектив</i>	
Магдалена Георгиева Боновска, доцент, двм, Имикб - БАН	
<i>Участници:</i>	
Христо Миладинов Найденски, , чл. кор., Имикб-БАН	ПО
Виолета Вълчева Русева, главен асистент, доктор по биология, Имикб-БАН	
Таня Петрова Савова-Лалковска, доцент, двм, НДНИВМИ	
Албена Димитрова Ангелова, доцент, двм, НДНИВМИ	
Гергана Пламенова Хаджиева, докторант в НДНИВМИ	
	ДО
<i>Партньорска организация:</i>	
<i>Участници:</i>	

1 Отбележете академичната длъжност, научната степен, име и фамилия на всеки участник като включите и участниците, които са работили по проекта не през целия период за изпълнение на проекта

2 Отбележете дали участникът в колектива е млад учен (МУ), постдокторант (ПД), докторанти (ДО) или студенти (СТ), или учен от чужбина (УЧ).



Постигнати резултати от изпълнението на проекта и кратък анализ на тяхната приложимост (до 1 стр. в рамките на полето по-долу)

- Установено е съотношението между изолираните *Mycobacterium bovis* щамове и изследваните диагностични материали.
- Потвърдена е принадлежността на изолираните щамове към вида *Mycobacterium bovis* чрез прилагане на RD4-PCR като по-чувствителен и бърз метод за рутинен скрининг на диагностични материали от говеда за видова идентификация и диференциране на микобактериите.
- За първи път е извършено молекулярно-генетично проучване на циркулиращите в България щамове *M. bovis*. Доказано е, че в изследваната популация преобладават 5 международни сполиготипа, разпространени предимно в страните от Централна Европа (Испания, Италия, Белгия и Холандия).
- Оценени са дискриминиращите способности на 8 MIRU-VNTR локуси, които дават възможност за по-детайлен анализ и щамово диференциране на разпространените в страната щамове *M. bovis*.
- Използваният панел от 8 MIRU-VNTR локусова схема е лесен за прилагане и е надеждна техника, осигуряваща добро първоначално типизиране на щамовете.
- Откриването на групи от микобактериални изолати със сходен тип и общ произход по време и място, би могло да ни даде ранен сигнал за потенциални епизоотични огнища, с цел осъществяване на ефективен мониторинг на туберкулозата по говедата в България и подпомагане оценката на риска от появата на нови туберкулозни огнища.