

Информация за финансиран на проект

Наименование на конкурса:
Конкурс за финансиране на фундаментални научни изследвания – 2020 г.
Основна научна област:
Медицински науки
№ на договор:
КП-06-Н43-1
Начална дата на проекта и срок на договора:
27.11.2020
Заглавие на проекта:
Молекулярно-вирусологичен анализ на въведения и разпространен нововъзникнал пандемичен вирус SARS-CoV-2 в България, чрез новогенерационно секвениране и комбиниран епидемиологичен и филогенетичен анализ
Базова организация:
Национален център по заразни и паразитни болести, София, България
Партньорски организации:
Няма
Ръководител на научния колектив (академична длъжност, научна степен, име):
Доцент, Ивайло Алексиев Иванов, доктор по вирусология
Общ размер на договореното финансиране:
120 000 лв.

Резюме на проекта (до 1 стр. в рамките на полето по-долу):

Пандемията от COVID-19 е причинена от новъзникналия коронавирус SARS-CoV-2. В момента SARS-CoV-2 е повсеместно разпространен в целия свят и доведе до безпрецедентна пандемия, свързана с предизвикателствата пред националните здравни системи, социалните системи и глобалната икономика. Към септември 2020 г. повече от 30 милиона души са заразени по целия свят и около един милион са починали. В България инфекцията е потвърдена при повече от 19 хиляди души, 789 от които са починали.

Геномното секвениране на патогени е от първостепенно значение за съвременната наука и осигурява незаменима подкрепа за бърза реакция на общественото здраве. С помощта на технологията за секвениране от следващо поколение (NGS) са идентифицирани промени в генома на SARS-CoV-2 и в резултат на тези генетични промени, в различни части на света се разпространяват различни щамове, отличаващи се от генома на оригиналните вирусни изолати от Ухан, Китай.

Еволюцията на вирусния геном може да има отношение към локалните огнища и някои мутации могат да имат значение за глобалното разпространение, включително промени във фитнеса и патогенезата с всички произтичащи от това последствия. Голямото значение на секвенирането като главен съвременен инструмент за вирусологично наблюдение на COVID-19 е призната от Световната здравна организация и Европейския център за профилактика и контрол на заболяванията, които насърчават всички страни да секвенират представителни щамове на SARS-CoV-2.

Целта на настоящото проектно предложение на Националния център по заразни и паразитни болести е да се извърши секвениране на цял геном на SARS-CoV-2 от проби на пациенти, изолирани в България с помощта на NGS технология, и да се извърши филогенетичен и филодинамичен анализ, характеризиращ специфични за региона мутации и щамове.

Подбрани проби от пациенти с COVID-19 ще бъдат секвенирани с NGS, за да се постигнат две основни цели: (1) Допринасяне за глобалните знания за еволюцията на вируса, което е от първостепенно значение за усилията за подобряване на диагностиката и идентифициране на възможностите за лечение; (2) Получаване на данни, които ще ни позволят да характеризираме по-добре вирусните мутации и специфичните щамове, които са въведени в България, да се изясни техния географския произход и трансмисионните клъстери на предаване на инфекцията в страната.

Използването на комбиниран епидемиологичен и вирусологичен подход за подбор на клиничните проби и анализ на резултатите ще ни позволи да анализираме разнообразието от циркулиращи щамове на SARS-CoV-2 в различни периоди от време. Ще бъде приложен NGS подходът за обогатяване на сонда, за да се осигури максимално покритие на вирусния геном, като в същото време ще предостави геномна информация за възможни ко-инфекции с поне 30 семейства респираторни вируси в допълнение към COVID-19.

Чрез използване на сравнителен геномен ще бъдат анализирани профилите на мутациите на целия вирусен геном, както и честотата на всяка мутация в изследваната популация. Ще бъде идентифицирано и натрупването на мутации по време на епидемичния период с техните географски местоположения. Комбинираните епидемиологични и генетични доказателства ще дадат възможност за по-добро разрешаване и характеризиране на разпространението в България, което е съществена част от базата знания в усилията за борба с пандемията.

Настоящото проучване ще бъде основна част от приноса на България за по-доброто характеризиране на локалното разпространение на SARS-CoV-2 в страната, както и за изясняване на глобалната пандемия от COVID-19.

Нашия проект за цялостно геномно секвениране и анализ с биоинформационни методи ще формира екип от видни експерти в областта и млади изследователи (докторанти и пост-докторанти), които успешно и конкурентно ще участват в този и по-нататъшни научни проекти.

Членове на научния колектив

Организации/участници ¹	Бележка ²
Базова организация:	
Национален център по заразни и паразитни болести	
Ръководител на научния колектив	
Доцент, доктор, Ивайло Алексиев Иванов	Учен
Участници:	
Професор, доктор на медицинските науки, Тодор Кантарджиев	Учен
Професор, доктор на медицинските науки, Нели Корсун	Учен
Доцент, доктор, Иван Иванов	Учен
Главен асистент доктор, Ива Филипова	Постдокторант
Главен асистент доктор, Савина Стоицова	Постдокторант
Главен асистент доктор, Ренета Димитрова	Постдокторант
Главен асистент доктор, Ивелина Трифонова	Постдокторант
Главен асистент доктор, Веселин Добринов	Постдокторант
Магистър, Любомира Григорова	Докторант
Магистър, Иван Стойков	Докторант
Магистър, Илияна Григорова	Млад учен
Магистър, Анна Христова	Млад учен

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).