

Rezumatul activității și a rezultatelor obținute în subprogram în anul 2024**Supravegherea rezistenței la antimicrobiene în biosubstrate umane și elemente de mediu bazată pe tehnologia metagenomică. Codul subprogramului 130103****Rezumat pentru anul 2024**

În cadrul subprogramului a fost realizată meta-analiza publicațiilor și a materialelor științifice (aa.2019-2024) accesând bazele de date PubMed, Mendeley, Google Academic, platforme științifice și fondurile bibliotecilor naționale, documente ale OMS și altor organizații internaționale, folosind cuvintele-cheie *rezistența la antimicrobiene* și *secvențierea metagenomică*, analizând toate rezultatele și selectând publicații care se potrivesc cerințelor formulate. Articolele au fost evaluate conform ghidurilor PRISMA (*Eng. Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*). Inițial în cadrul căutării au fost generate 1400 de lucrări științifice, după testare au fost analizate 30 de publicații. Secvențierea metagenomică este adesea susținută că are potențialul de a revoluționa microbiologia prin posibilitatea identificării concomitente și rapide a speciilor și predicția rezistenței la antimicrobiene. Reieșind din necesitatea elaborării măsurilor complexe privind rezistența la antimicrobiene și impactul semnificativ a tulpinilor rezistente în sectorul uman, veterinar și mediu este importantă implementarea metodelor avansate, complexe de examinare și abordarea adecvată a acestui fenomen.

A fost realizată identificarea modalității de selectare a probelor pentru secvențiere și a fost calculat numărul lor necesar pentru obținerea rezultatelor veridice, folosind formula clasică, nivelul de veridicitate egal cu 95%, eroarea medie de 5%. Numărul necesar de examinări în cadrul studiului microbiologic calculat este egal cu 240 probe.

În prezent, când majoritatea spitalelor primare funcționează cu unele deficiențe, este logic să ne axăm pe spitalele de nivel terțiar și secundar. Totodată este necesar de luat în considerare diferențele socio-geografice ale diferitor regiuni ale Republicii Moldova, dezvoltarea zootehniei, disponibilitatea și calitatea instalațiilor de alimentare și tratare a apei. De exemplu, în zona Centru sunt 83% terenuri arabile, în cea de Nord - 41%, resurse acvatice sunt mai slabe în zona de Sud comparativ cu Centru și Nord. Așadar, este logic de organizat colectarea probelor din mediu ambiant și de la animale pe zonele Republicii; dar în teritoriile zonelor – în mod randomizat.

A fost inițiată elaborarea algoritmului științific argumentat de colectare și transportare a probelor pentru secvențierea metagenomică, care prevede cerințe generale și cele specifice cu o atenție deosebită la condițiile de păstrate a probelor până la transportarea în laborator. În colectarea probelor participă personalul instruit din spitale și ANSP.

În vederea obținerii rezultatelor veridice este important de avut probe biologice calitative pentru investigații de laborator. În legătură cu aceasta considerare au fost elaborate criteriile de respingere a probelor biologice. Până în prezent au fost colectate 130 probe, stocate și congelate. Examinările vor fi realizate concomitent pentru a obține rezultate comparabile.

Instruirea specialiștilor laboratorului la nivel internațional (Danemarca, OMS) va contribui la calitatea înaltă a investigațiilor de secvențiere metagenomică realizate în cadrul subprogramului științific.

Summary for the year 2024

The subproject carried out a meta-analysis of publications and scientific materials (a.y.2019-2024) accessing the PubMed, Mendeley, Google Academic databases, scientific platforms and national library funds, WHO and other international organizations documents, using the keywords *antimicrobial resistance* and *metagenomic sequencing*, analyzing all results and selecting publications that fit the requirements. The articles were evaluated according to the PRISMA guidelines (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA) Guidelines). Initially, 1400 scientific papers were generated during the search, after testing, 30 publications were analyzed. Metagenomic sequencing is often claimed to have the potential to revolutionize microbiology by enabling simultaneous and rapid species identification and antimicrobial resistance prediction. Based on the need to develop complex measures for tackling antimicrobial resistance and the significant impact of resistant strains in the human, veterinary and environmental sectors, it is important to implement advanced, complex examination methods and adequately approach this phenomenon.

The method of selecting samples for sequencing was identified, as well as their number required to obtain reliable results was calculated, using the classical formula, the level of reliability equal to 95%, the average error of 5%. The required number of examinations within the calculated microbiological study is equal to 240 samples.

Currently, when most primary hospitals are operating with some deficiencies, it makes sense to focus on tertiary and secondary level hospitals. At the same time, it is necessary to take into account the socio-geographical differences of different regions of the Republic of Moldova, the development of animal husbandry, the availability and quality of water supply and treatment facilities. For example, in the Center area there are 83% arable land, but in the North - 41%, water resources are weaker in the South compared to the Center and North. Therefore, it is logical to organize the collection of environmental and animal samples in the areas of the Republic; but in the territories of the areas – in a randomized manner.

The development of a scientifically substantiated algorithm for the collection and transportation of samples for metagenomic sequencing has been initiated. Algorithm provides general and specific requirements with particular attention to the conditions for storing samples until transportation to the laboratory. Trained hospital and ANSP personnel participate in the collection of samples. Trained personnel from hospitals and NAPHs participate in the collection of samples.

In order to obtain reliable results, it is extremely important to have qualitative biological samples for laboratory investigations. Taking this into consideration, criteria for rejecting biological samples have been developed. To date, 130 samples have been collected, stored and frozen. The examinations will be carried out simultaneously in order to obtain comparable results.

Training of laboratory specialists at the international level (Denmark, WHO) will contribute to the high quality of metagenomic sequencing investigations carried out within the scientific subprogram.

Coordonatorul subprogramului
de cercetare

BURDUNIUC Olga