

[Akceptuje](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal](#) [Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)



[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się

Naukowy styl życia

Nauka i biznes

- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Informacje](#)

Miejsca w genomie, związane z ciężkim przebiegiem COVID-19

W genomie człowieka istnieje 13 obszarów mających wyraźny związek z infekcją COVID-19 lub jego ciężkim przebiegiem. Miejsca te wskazano dzięki międzynarodowym badaniom

z udziałem ponad 3,5 tys. specjalistów z ponad 1,2 tys. ośrodków, w tym kilku z Polski.

W marcu 2020 r. tysiące naukowców z całego globu rozpoczęło współdziałanie, by odpowiedzieć na pytanie: jakie czynniki genetyczne mogą wpływać na fakt, że u niektórych pacjentów chorujących na COVID-19 rozwija się ciężka, zagrażająca życiu choroba wymagająca hospitalizacji, podczas gdy inni odczuwają tylko łagodne symptomy, lub nie występują u nich żadne objawy chorobowe?

Kompleksowe podsumowanie dotychczasowych prac przedstawiono w czwartek na łamach „Nature”. Naukowcy zidentyfikowali trzynaście tak zwanych loci (czyli obszarów w genomie) silnie związanych z infekcją i ciężkim przebiegiem COVID-19. Dwa z nich występują częściej u pacjentów o pochodzeniu wschodnioazjatyckim lub południowoazjatyckim, niż u Europejczyków - informują badacze.

Zespół zwrócił szczególną uwagę na jedno z tych dwóch loci, w pobliżu genu FOXP4, który jest powiązany z rakiem płuc. Wariant FOXP4 związany z ciężkim przebiegiem COVID-19 zwiększa ekspresję genu, co sugeruje, że hamowanie genu może być potencjalną strategią terapeutyczną. Inne loci związane z ciężkim przebiegiem COVID-19 obejmowały DPP9, gen również zaangażowany w raka płuc i zwłóknienie płuc, oraz TYK2, który ma związek z niektórymi chorobami autoimmunologicznymi - informują.

Badacze zidentyfikowali również takie czynniki przyczynowe, jak palenie i wysoki wskaźnik masy ciała.

Uzyskana w projekcie wiedza może się z czasem przełożyć na możliwość leczenia pacjentów, ma też znaczenie w poszukiwaniach nowych terapii na COVID-19. Jeden z pomysłów dotyczy obniżenia aktywności niektórych genów, związanych z ryzykiem zakażenia lub ciężkiego przebiegu Sars-Cov-2. Naukowcy zaznaczają też, że "choć szczepionki zapewniają ochronę przed COVID-19, ale wciąż poszukiwane są sposoby skutecznego leczenia tej choroby". Nowa wiedza z dziedziny genetyki może w tym pomóc. Ich zdaniem dzięki uwzględnieniu genetycznych predyspozycji pandemia może przekształcić się w chorobę endemiczną, zakażającą lokalnie niewielkie ilości ludzi, podobnie jak grypa.

Ben Neale, dyrektor Programu Genetyki Medycznej i Populacyjnej w the Broad Institute w Massachusetts Institute of Technology (MIT) w USA i współautor oraz lider projektu, powiedział, że "choć szczepionki zapewniają ochronę przed COVID-19, ale nadal istnieje wiele możliwości poprawy leczenia choroby, które mogą być zasilane informacjami z analiz genetycznych". Dodał, że udoskonalenie metod leczenia może pomóc w transformacji pandemii - która wymagała dużych przerw w pracy w wielu częściach świata - w chorobę endemiczną, która występuje bardziej lokalnie i na niskim, ale stałym poziomie w populacji, podobnie jak grypa.

Publikacja w "Nature" jest dziełem ponad 3 500 współautorów z ponad 1200 jednostek naukowych i klinicznych z całego świata. Wyniki pochodzą z jednego z największych badań asocjacyjnych całego genomu, jakie kiedykolwiek przeprowadzono, które obejmuje prawie 50 000 pacjentów z COVID-19 i dwa miliony niezainfekowanych osób, tworzących grupy kontrolne.

„Gdybyśmy mieli mechanizm leczenia infekcji i wyprowadzania kogoś ze szpitala, radykalnie zmieniłoby to sposób reagowania instytucji zdrowia publicznego” - podsumowuje Ben Neale.

"Odkrycia te były naprawdę pouczające i uświadomiły nam, że istnieje duży, niewykorzystany potencjał w adaptacji genetyki do zrozumienia i potencjalnego opracowania terapii w chorobach zakaźnych. Mam nadzieję, że to stanowi przykład tego, jak możemy wprowadzić model podejścia

genetyki populacyjnej do nowego typu problemów, które są szczególnie ważne w rozwijających się częściach świata” - dodaje Mark Daly, dyrektor fińskiego Institute for Molecular Medicine Finland (FIMM).

"Odnieśliśmy znacznie większy sukces, niż autorzy wcześniejszych prób zgromadzenia różnorodności genetycznej, ponieważ podjęliśmy wspólny wysiłek, aby dotrzeć do populacji na całym świecie" - dodaje.

Projekt opisany w "Nature" nazwano COVID-19 Host Genomics Initiative (HGI). W marcu 2020 r. rozpoczęli go specjaliści z Uniwersytetu w Helsinkach, MIT oraz Harvardu. Z czasem inicjatywa rozrosła się, obejmując 61 projektów z 25 krajów. Duża liczba danych z całego świata umożliwiła przeprowadzenie obszernych analiz o dużej mocy statystycznej, obejmujących różne populacje.

Do prac w ramach konsorcjum HGI zostały włączone dwa niezależne projekty z Polski, których wyniki są obecnie przygotowywane do publikacji. Jeden z nich - "Search for genomic markers predicting the severity of the response to COVID-19" - realizują Centralny Szpital Kliniczny MSWiA w Warszawie, MNM Diagnostics i Wielospecjalistyczny Szpital Miejski im. Józefa Strusia.

Prof. Zbigniew Król, zastępca dyrektora ds. klinicznych i naukowych Centralnego Szpitala Klinicznego MSWiA ocenił w rozmowie z PAP, że największą wartością publikacji jest potwierdzenie, że pewne warianty genów są związane z większym ryzykiem ciężkiego przechorowania COVID-19. "Ta publikacja to fotografia tego, czego jesteśmy pewni" - dodał.

"Warszawski zespół z MSWiA włączył się do międzynarodowego konsorcjum i wniósł do tego badania swoje dane - prawie 1000 genomów" - powiedział PAP prof. Marek Sanak z Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego, kierownik Zakładu Biologii Molekularnej i Genetyki Klinicznej.

Komentując publikację w "Nature", ocenił: "To są imponujące i bardzo wiarygodne dane, na których możemy bazować w przewidywaniu ryzyka ciężkiego przebiegu choroby". Wskazał, że naukowcy mogą również przewidywać np. ryzyko przebywania na intensywnej terapii i ryzyko śmierci.

Drugi polski projekt "POLCOVID-Genomika" kierowany jest przez prof. dr. hab. n. med. Marcina Moniuszkę z Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku i dr. hab. n. biol. Mirosława Kwaśniewskiego z tej samej uczelni oraz z IMAGENE.ME. W ramach tego projektu przeprowadzono zaawansowane analizy asocjacyjne, pozwalające na zidentyfikowanie cech klinicznych oraz wariantów genetycznych w populacji polskiej związanych z ciężkim przebiegiem COVID-19. Badania prowadzono we współpracy z Instytutem Gruźlicy i Chorób Płuc w Warszawie oraz 15 jednostkami klinicznymi z całej Polski. Wykonano bardzo precyzyjne profilowanie genomu z wykorzystaniem technologii sekwencjonowania eksomów (WES), które objęło ponad 1400 pacjentów zakażonych SARS-CoV-2 o różnym przebiegu klinicznym choroby COVID-19. Na podstawie kilku parametrów fenotypowych, klinicznych oraz genetycznych, opracowano model szacujący szanse ciężkiego przebiegu COVID-19. Matematyczny model zaadaptowano w formie kalkulatora ryzyka, który będzie mógł zostać wykorzystywany przez instytucje kliniczne w całej Polsce.

"Konieczna była sprawna organizacja całego konsorcjum HGI od strony nadzoru merytorycznego projektów partnerskich, administracji, przepływu informacji pomiędzy członkami i udostępnienie bezpośrednich kanałów komunikacji i administracji nadsyłanych danych genomicznych oraz bieżącego udostępniania wyników metaanaliz" - komentuje polska współautorka publikacji, dr Karolina Chwiałkowska, pracownik naukowy Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku, która wspierała zarządzanie konsorcjum.

Naukowcy planują dalsze badania dotyczące podatności na infekcję i ciężką postać choroby, a także

długo utrzymujących się objawów. „Chcemy dążyć do uzyskania garści bardzo konkretnych hipotez terapeutycznych w przyszłym roku - mówi Daly. - Realistycznie najprawdopodobniej przez długi czas będziemy się zajmować COVID-19 jako poważnym problemem zdrowotnym. Każda terapia, która pojawi się w tym roku, zakładająca na przykład zmianę zastosowania istniejącego już na rynku leku w oparciu o jasne wskazówki genetyczne, mogłaby mieć wielki wpływ”.

Źródło: pap.pl

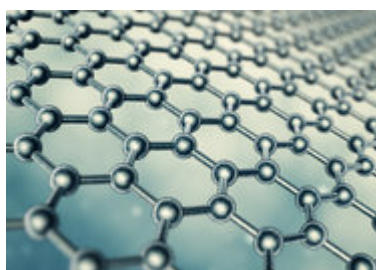
<http://laboratoria.net/aktualnosci/30662.html>



02-07-2024

[Ekran dotykowy bez problematycznego indu](#)

Tańsze i bardziej przyjazne środowisku.



02-07-2024

[Świat atomów i cząsteczek](#)

Jak dzięki różnym metodom obrazowania zobaczyć “całego słonia”



02-07-2024

[Żyjemy w czasach multitożsamości](#)

Ekspert o mediach społecznościowych.



02-07-2024

[Dlaczego Polki rzadziej jedzą mięso niż Polacy?](#)

Równość płci może mieć związek ze swobodą wyboru tego, co się je.



02-07-2024

[Co 3 osoba dorosła zagrożona chorobami z powodu braku ruchu](#)

Alarmuje Światowa Organizacja Zdrowia.



02-07-2024

[Cynk może pomóc chronić uprawy przed zmianami klimatu](#)

Informuje "Nature".



02-07-2024

Tancerze są mniej neurotyczni niż ogół populacji

Jednocześnie są bardziej ugodowi i ekstrawertyczni.



02-07-2024

Rząd planuje, aby minister mógł odwołać dyrektora NCBR

Dyrektor Narodowego Centrum Badań i Rozwoju będzie mógł zostać odwołany.

Informacje dnia: [Ekrany dotykowe bez problematycznego indu](#) [Świat atomów i cząsteczek](#) [Żyjemy w czasach multitożsamości](#) [Dlaczego Polki rzadziej jedzą mięso niż Polacy?](#) [Co 3 osoba dorosła zagrożona chorobami z powodu braku ruchu](#) [Cynk może pomóc chronić uprawy przed zmianami klimatu](#) [Ekrany dotykowe bez problematycznego indu](#) [Świat atomów i cząsteczek](#) [Żyjemy w czasach multitożsamości](#) [Dlaczego Polki rzadziej jedzą mięso niż Polacy?](#) [Co 3 osoba dorosła zagrożona chorobami z powodu braku ruchu](#) [Cynk może pomóc chronić uprawy przed zmianami klimatu](#) [Ekrany dotykowe bez problematycznego indu](#) [Świat atomów i cząsteczek](#) [Żyjemy w czasach multitożsamości](#) [Dlaczego Polki rzadziej jedzą mięso niż Polacy?](#) [Co 3 osoba dorosła zagrożona chorobami z powodu braku ruchu](#) [Cynk może pomóc chronić uprawy przed zmianami klimatu](#)

Partnerzy