

 Medexpress, 2022-01-13 17:05

Naukowcy odkryli gen odpowiedzialny za ciężki przebieg COVID-19. Powstanie test genetyczny



Fot. Getty Images/iStockphoto

Odkryty przez naukowców z Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku wariant genetyczny, który dwukrotnie zwiększa ryzyko ciężkiego przebiegu COVID-19, występuje u 14 proc. Polaków. W Europie odsetek ten wynosi średnio 8-9 proc. – mówił w czwartek na konferencji prasowej w Białymstoku prof. Marcin Moniuszko, szef projektu, w ramach którego zidentyfikowano gen. Minister zdrowia uważa, że to częściowo wyjaśnia wyższą śmiertelność w Polsce z powodu COVID-19.

- To dzień ważny dla całej nauki polskiej, ale przede wszystkim dzień bardzo ważny dla systemu opieki medycznej, dla zdrowia Polaków. Udało nam się zidentyfikować bardzo ważny element ryzyka, jeśli chodzi o zachorowania na COVID-19, to jest element ryzyka związany ze strukturą genetyczną – podkreślał minister zdrowia Adam Niedzielski. Wiedza zostanie wykorzystana do identyfikowania osób, które mają predyspozycję do ciężkiego przechodzenia COVID-19. Jak mówił, konsekwencją odkrycia genu będzie stworzenie testu genetycznego, który - podobnie jak PCR - pozwoli szybko identyfikować, czy pacjent ma ten gen i czy jest obciążony większym ryzykiem. Zakłada się, że test pozwalający ocenić ryzyko ciężkiego przebiegu COVID-19 u pacjentów w Polsce powinien być gotowy do końca czerwca.

WARTO PRZECZYTAĆ



[Gen, który ponad dwukrotnie zwiększa ryzyko ciężkiego przebiegu oraz śmierci z powodu COVID-19](#)

Minister podkreślił, że odkrycie różnicuje grupy populacyjne i ma to swoje konsekwencje. - Bo jeżeli ta predyspozycja w jednej populacji jest zdecydowanie większa, to też oczywiście oznacza to narażenie na większe ryzyko zgonu, więc pod tym względem identyfikowanie tego czynnika ma również ogromne znaczenie - mówił dziennikarzom Niedzielski.

Prezes Agencji Badań Medycznych, która finansowała badania, dr hab. Radosław Sierpiński podkreślał, że w tej chwili trwa etap komercjalizacji odkrycia, toczą się sprawy związane z ochroną własnością intelektualną, uzyskiwania patentów. - Po to, żeby to zostało w Polsce, żeby to odkrycie przełożyło się bezpośrednio na konkretne testy, które zostaną wdrożone w ciągu kilku miesięcy do systemu ochrony zdrowia - mówił Sierpiński.

Testy mają trafić przede wszystkim do szpitali, ale niewykluczone, że będą w przyszłości dostępne komercyjnie, np. w aptekach - wtedy każdy zainteresowany mógłby sprawdzić, czy ma jeden z istotnych czynników ciężkiego przebiegu COVID-19. Jeden z, a konkretnie - czwarty co do ważności. Pierwsze trzy to wiek, wskaźnik BMI oraz płeć męska (wariant genetyczny wyprzedza, według białostockich naukowców, choroby współistniejące).

Projekt badawczy ruszył w kwietniu 2020 r. Pacjentów rekrutowały ośrodki kliniczne w całej Polsce - w tym w Warszawie, Białymstoku, Bydgoszczy, Bytomiu, Poznaniu, Tychach, Kielcach. Kliniką częścią badania kierował prof. Robert Flisiak. Badaniem objęto niemal 1,5 tysiąca pacjentów o różnym

przebiegu choroby - od łżejszego, po najcięższy, zakończony pobytem na OIOM albo zgonem.

Naukowcy zwracali uwagę na stopień ciężkości przebiegu choroby u pacjentów i na choroby współistniejące. - To, co wyróżnia nasze badanie spośród innych inicjatyw na świecie - to połączenie niezwykle dokładnego opisu klinicznego ze zbadaniem wszystkich 20 tys. genów pacjentów z COVID-19, z chorobą o różnym stopniu ciężkości - podkreślił lider projektu.

Zastosowano w tym celu tzw. pełnoeksomowe sekwencjonowanie DNA. - Okazało się, że spośród wariantów genetycznych, które były proponowane również w świecie, część z nich, a w zasadzie jeden z nich ma bardzo duże znaczenie w populacji Polski. Jest to wariant genetyczny, który jest związany z chromosomem 3 - powiedział prof. Moniuszko. Występowanie tego wariantu powoduje, że ponad dwukrotnie rośnie prawdopodobieństwo ciężkiego przebiegu COVID-19.

Częstość występowania tego wariantu różni się na świecie. W Polsce jest oceniana na 14 proc., w Europie na 8-9 proc., w Azji Południowej (Indie) na 27 proc., a w Azji Wschodniej ten ryzykowny wariant ma tylko niewielki promil populacji, podobnie jak w Ameryce Łacińskiej.