dr Beata Czechowska-Derkacz

rzecznik prasowy Uniwersytetu Gdańskiego

ul. Bażyńskiego 8

80-309 Gdańsk

tel.: (58) 523 25 84

tel. kom. 725 991 088

e-mail rzecznik@ug.edu.pl

<http://www.ug.edu.pl/pl>

Gdańsk, 21 kwietnia 2020

**Informacja prasowa**

**Uniwersytet Gdański**

**Pierwsza w Polsce sekwencja genetyczna koronawirusa SARS-CoV-2 wyizolowanego od polskiego pacjenta**

**Dr Łukasz Rąbalski z Uniwersytetu Gdańskiego jako pierwszy w Polsce uzyskał pełną sekwencję genetyczną koronawirusa SARS-CoV-2, wyizolowanego bezpośrednio od polskiego pacjenta i opublikował ją w globalnej bazie danych GISAID. Uzyskane dane pozwolą naukowcom z całego świata brać pod uwagę Polskę w swoich badaniach związanych z epidemiologią choroby COVID-19. Jest to ważny wkład w poznanie ewolucji molekularnej wirusa i w przyszłości może się przyczynić do wytypowania szczepionki oraz leków.**

**Dr Łukasz Rąbalski adiunkt w Zakładzie Szczepionek Rekombinowanych Międzyuczelnianego Wydziału Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego,** **jako pierwszy w Polsce uzyskał pełną sekwencję genetyczną koronawirusa SARS-CoV-2, który został wyizolowany bezpośrednio od polskiego pacjenta z Pomorza.** Wcześniejszy genom z Polski zdeponowany w globalnej bazie danych GISAIDpochodził  z analizy wirusów namnożonych w laboratorium w liniach komórkach.

Sekwencja genetyczna koduje wiele ważnych informacji, np. jak wirus „oszukuje” organizm człowieka, osłabiając jego odporność. **Dzięki wyizolowaniu takiej sekwencji, czyli odkodowaniu wirusa, możliwe jest lepsze poznanie właściwości wirusa, m.in. jego pochodzenia zarówno w kontekście ewolucyjnym, jak i geograficznym, a w konsekwencji znalezienie szczepionki oraz leku.**

**Przy rozkodowaniu wirusa od polskiego pacjenta z Pomorza zastosowana została najnowsza generacja sekwenatorów firmy Oxford Nanopore Technologies, co oznacza brak dodatkowych procedur, które mogą wprowadzać zniekształcenia.** Wykorzystane zostały protokoły bioinformatyczne, opracowane wcześniej przez naukowców ARTIC do gromadzenia danych genetycznych w trakcie epidemii wirusa Ebola w Afryce.

- *Materiał genetyczny musi spełniać wiele norm jakościowych i ilościowych, aby możliwe było jego odkodowanie. W przypadku wirusów, których materiałem genetycznym jest jednoniciowy RNA stosuje się metody zwielokrotniające ilość materiału genetycznego. Standardowo, do tej pory, działo się to poprzez powielanie cząstek wirusowych w laboratoriach. Obecnie, dzięki osiągnięciom w dziedzinie biologii molekularnej, można zastosować krótszą drogę bez konieczności hodowli wirusa* – wyjaśnia dr Łukasz Rąbalski.

**Materiał genetyczny został wyizolowany w Pracowni Biologii Molekularnej Diagnostyki sp. z o.o. mieszczącej się w Siódmym Szpitalu Marynarki Wojennej w Gdańsku. Jest to laboratorium, które powstało dzięki przekazaniu specjalistycznej aparatury przez Uniwersytet Gdański**. Na potrzeby stworzenia szpitalnego laboratorium diagnostycznego do walki z koronawirusem zostały przekazane dwa termocyklery Light Cycler 480 II, dwie komory laminarne klasy BSL-2 oraz sprzęt uzupełniający. W prace diagnostyczne w laboratorium zaangażowani są pracownicy Diagnostyki oraz jako wsparcie w okresie pandemii doktoranci z Międzyuczelnianego Wydziału Biotechnologii UG i GUMed.

**Sekwencja genetyczna koronawirusa SARS-CoV-2, wyizolowanego bezpośrednio od polskiego pacjenta, została opublikowana w globalnej bazie danych GISAID 20 kwietnia 2020 r. Do tej pory w największej bazie danych, gdzie naukowcy z całego świata umieścili już ponad 5000 sekwencji, nie było ani jednego polskiego izolatu pochodzącego bezpośrednio od pacjenta**. Dzięki pracy naukowców z Uniwersytetu Gdańskiego ta sytuacja już się zmieniła.

Aktualnie prowadzone są kolejne sekwencjonowania wirusów pochodzących od polskich pacjentów izolowanych również w **Laboratorium Hematologii Uniwersyteckiego Centrum Klinicznego w Gdańsku** i w ciągu najbliższych dni zaplanowano wysyłanie kolejnych sekwencji.

**Uzyskane dane pozwolą naukowcom z całego świata brać pod uwagę również Polskę w swoich badaniach związanych z globalną epidemiologią choroby COVID-19 oraz stanowią ważny wkład w poznanie ewolucji molekularnej wirusa.**