

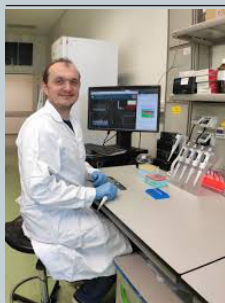
W międzynarodowym czasopiśmie „Eurosurveillance” dedykowanym śledzeniu, epidemiologii i kontroli chorób zakaźnych w Europie ukazała się publikacja m.in. z udziałem naukowców z Międzyuczelnianego Wydziału Biotechnologii UG i GUMed, pt. „Geographical and temporal distribution of SARS-CoV-2 clades in the WHO European Region, January to June 2020”, analizująca zmienność genetyczną wirusa SARS-CoV2 w ciągu 6 miesięcy trwania pandemii na terenie Europy.

Publikacja opisuje geograficzne i czasowe trendy w rozmieszczeniu kładów genetycznych SARS-CoV-2 w pierwszej połowie 2020 r. W rezultacie, w pracy nie tylko zebrano i porównano sekwencje genomowych SARS CoV2 z próbek z 35 krajów, ale także ujednoliconą została nomenklatura i kryteria wyróżniania grup genetycznych o wspólnym pochodzeniu. Analizy genetyczne i statystyczne wskazują, że w różnych rejonach geograficznych występują różne mutacje punktowe, różna jest też częstość pojawiania się mutacji. Naukowcy wskazują, jak istotne znaczenie ma szybkie sekwencjonowanie materiału genetycznego dla poznawania szlaków rozprzestrzeniania się wirusa, a w przyszłości dla analizy efektów działania szczepionki. Dokładne monitorowanie zmian zachodzących w genomie wirusa i porównywanie ich z klinicznym obrazem choroby oraz przebiegiem transmisji wirusa jest zasadnicze dla zwalczania pandemii Covid 19.

Dr Łukasz Rąbalski z Zakładu Szczepionek Rekombinowanych z MWB UG i GUMed przekazał do publikacji 25 sekwencji genomowych wirusa SARS CoV2, pochodzących z próbek od pacjentów z Pomorza i z regionu śląskiego, z któ-

rego pierwsze próbki, po wykryciu tam ognisk zakażeń Covid-19, zostały przekazane przez Główny Inspektorat Sanitarny do sekwencjonowania właśnie do Gdańska.

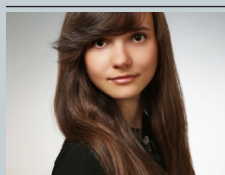
Współautorami opisywanej pracy są przedstawiciele European Centre for Disease Prevention and Control oraz wielonarodowościowa grupa autorów, tworzących «The WHO European Region sequencing laboratories and GISAID EpiCoV group». W skład tej grupy wchodzi dr Łukasz Rąbalski (Fot. 1) z Zakładu Szczepionek Rekombinowanych z MWB oraz prof. Krystyna-Bienkowska-Szewczyk z Zakładu Biologii Molekularnej Wirusów. (wg inf. w witrynie UG).



Fot. 1. dr hab. Łukasz Rąbalski

Okres pandemii COVID-19 wzmógł wzrost

zainteresowania środowiska naukowego, w tym psychologów z Uniwersytetu Wrocławskiego, wpływem zagrożenia epidemicznego na zachowania ludzi, ich emocje, w tym sposoby radzenia sobie ze stresem, style życia, dystans społeczny, przekonania społeczne, podporządkowanie się wymogom sanitarno-epidemiologicznym. Interesujący w tych badaniach okazał się też sposób funkcjonowania samych naukowców i ich aktywność. Już wiele przeprowadzonych badań doczekało się publikacji w renomowanych czasopismach naukowych – wyniki niektórych z nich były i są komentowane na konferencjach naukowych, a także w mediach krajowych i zagranicznych.



Fot. 2. mgr Marta Kowal

Grupy badaczy – mgr Marta Kowal (Fot.2) wspólnie z dr.hab.Piotrem Sorokowskim, prof. UW, dr hab. Agnieszką Sorokowską, prof. UW, dr Izabelą Lebudą, mgr Agatą Groyecką-Ber-

nard, dr. hab. Michałem Białkiem, prof. UW, Kają Kowalską, Lidią Wojtycką, Alicją Olszewską oraz dr. hab. Maciejem Karwowskim, prof. UW. - **przeprowadzili międzynarodowe badanie nad wpływem epidemii na świat akademicki.** Analizowane dane pozyskane od ponad 700 naukowców pozwalają twierdzić, że akademicy stoją obecnie przed wyzwaniami i trudnościami dotyczącymi wielu sfer codziennego funkcjonowania - od lęku dotyczącego zatrudnienia przez antycypowane straty finansowe po trudności w prowadzeniu badań. Wyniki badań ujawniają także istotne różnice między badaczami i badaczkami - wpływ obecnej sytuacji okazał się bardziej negatywny dla kobiet. Tekst publikacji znaleźć można pod linkiem: <https://psyarxiv.com/2v5zh>.

W innym międzynarodowym projekcie badawczym (> 140 naukowców z ponad 45 krajów, w tym także dr hab. Maciej Karwowski, prof. UW. (Fot. 3), którego celem była analiza psychologicznych i behawioralnych skutków pandemii, mgr Marta Kowal prowadziła grupę badawczą zainteresowaną odnalezieniem korelatów zwiększonego poziomu stresu w początkowym okresie pandemii.



Fot. 3. dr hab. Maciej Karwowski

Okazało się, iż większego stopnia stres był doświadczany przez osoby młodsze, kobiety, osoby z niższym wykształceniem, osoby niebędące w związku, osoby mieszkające z większą liczbą dzieci oraz zamieszkujące w krajach, w których sytuacja związana z COVID-19 była obiektywnie poważniejsza. Artykuł na ten temat jest obecnie w druku i ukaże się w czasopiśmie „Applied Psychology Health and Well-Being”. Efektem tego międzynarodowego projektu badawczego jest również szersza analiza danych z ponad 40 krajów, w której Marta Kowal wraz z siedmioma innymi badaczami sprawdzała, czy doświadczany stres

wiąże się z zaufaniem do rządu i ekspertów oraz ze stosowaniem środków zapobiegawczych podczas pandemii. Pracę zaakceptowano w Royal Society **Open Science** jako *Registered Report*.

Grupa badaczy skupiona wokół dr. hab. Piotra Sorokowskiego, prof. UW, i dr. hab. Macieja Karwowskiego, prof. UW, przeprowadziła badanie nad wpływem pandemii na sposób myślenia. Badacze wspólnie z mgr Agatą Groyecką-Bernard i mgr Martą Kowal wykazali, że ekspozycja na informacje o pandemii nie tylko nasila lęk, ale utrudnia myślenie zarówno twórcze, jak i analityczne, choć – co ciekawe – jedynie u badanych mężczyzn. Rezultaty badania pozwalają sądzić, że informacje o pandemii mogą powodować bardziej lekceważący stosunek do zagrożenia, jakim jest epidemia COVID-19, co stanowi ważny wniosek w zrozumieniu zachowań związanych ze sferą bezpieczeństwa w pandemii. Link do artykułu: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1871187120301899>.

Inna grupa, tj. dr. hab. Maciej Karwowski, prof. UW, dr Izabela Lebeda i mgr Aleksandra Zielińska, podjęła temat wpływu pandemii, a ściślej mówiąc, tzw. lockdownu, na myślenie twórcze. Okazało się, że zamknięcie w domu niekoniecznie musi wiązać się z obniżeniem naszych możliwości twórczych; może im sprzyjać. Obserwowano, iż **osoby, które mocniej angażowały się w myślenie o konsekwencjach COVID-19 i rozmawiały o nim z bliskimi, częściej podejmowały się rozwiązywania problemów i aktywności, których efekty potraktować można jako twórcze.** Link do artykułu: <https://psyarxiv.com/kvesm/>.

W badaniach dr Zbigniewa Łosia stwierdzono dynamikę osobowościową, którą można wiązać z początkami pandemii COVID-19. W badaniach zwracał uwagę niższy u mężczyzn poziom emocjonalności w 2020 r. w porównaniu z tym w 2019 r. Wśród starszych mężczyzn ujawniło się wyższe zorganizowanie. Rozważanie wyni-

ków sugeruje, że mężczyźni „uzbroili się” na czas pandemii w emocjonalny spokój, a starsi z nich dodatkowo w preferencję uporządkowania. U kobiet zarysowała się różnica w otwartości, kreatywności i niekonwencjonalności. **Młodsze** kobiety wykazywały je silniej w 2020 niż w 2019 r. Wyniki badania zostały przez doktora Łosia zaprezentowane na ogólnopolskiej konferencji naukowej „Doświadczenie pandemii COVID-19 w Polsce” we wrześniu br. na Wydziale Psychologii i Kognitywistyki **UAM w Poznaniu.** (wg Aktualności w witrynie UW).



Fot. 4. dr hab. Piotr Sorokowski

W ramach projektu SONAR Anty-CoronaVirus realizowanego w Instytucie Biologii Doświadczalnej PAN przebadano już – w trzech turach – kilkuset pracowników i doktorantów tego Instytutu. W badaniu zidentyfikowano zakażonych, którzy nie wiedzieli o infekcji. Badania dowodzą skuteczności testów grupowych na SARS-CoV-2. Procedury zastosowane w projekcie SONAR Anty-CoronaVirus pozwalają testować duże grupy, szybko i oszczędnie, np. załogi jednego zakładu pracy czy biura. Wprowadzony system przeznaczony jest do powszechnego testowania osób bezobjawowych dla wyeliminowania z otoczenia tych, którzy sami nie chorując, zakażają innych. Kierownikiem projektu SONAR Anty-CoronaVirus jest prof. Agnieszka Dobrzyń (Fot. 5), dyrektor Instytutu Nenckiego PAN.



Fot. 5. prof. dr hab. Agnieszka Dobrzyń

Opracowana przez jej zespół procedura testowania grupowego (tzw. pulowanie) polega na badaniu jednym testem genetycznym (PCR) 12 osób. Próbkę pobiera się wyłącznie ze śliny, a nie z wymazu z nosa czy gardła. Uczestnicy badań umieszczają ślinę w sterylnej próbówce i zanoszą do punktu pobrania.

Dla płynności pracy w realizowanym projekcie opracowano elektroniczną platformę rejestracji badanych; wywiad przeprowadza voicebot, który na podstawie rozmowy kwalifikuje osoby bez objawów COVID-19

do testów. Uczestnicy są anonimowi; otrzymują kod QR, powiązany z kodem kreskowym na próbówce. Próbkę są wysyłane do laboratorium diagnostycznego i każde 12 sztuk tworzy jedną pulę. Jeśli wynik testu jest negatywny, oznacza to, że osoby, których próbki wchodziły w skład puli, nie są zakażone SARS-CoV-2. Pozytywny rezultat sprawia, że każda próbka z tego tuzina zostanie przetestowana oddzielnie. W pierwszym badaniu, przeprowadzonym na początku listopada, w którym wzięło udział 227 osób, uzyskano trzy próby pozytywne, w drugiej turze przetestowano 332 osoby i otrzymano siedem wyników pozytywnych, a w trzecim przebadano 408 osób, wyniki wszystkich testów były negatywne. Od drugiej tury testy objęły także rodziny pracowników i doktorantów instytutu. Okazało się, że 3 z 7 zakażonych to właśnie ich bliscy. W opinii prof. Dobrzyń oznacza to, iż testy grupowe są w stanie wychwycić zakażonych wcześniej, niż pojawią się objawy, i wyeliminować ich z puli osób przychodzących do pracy. Są więc skuteczniejsze niż testy antygenowe, które dają pozytywne wyniki jedynie w trakcie aktywnej, ostrej infekcji. Implementację systemu testowania grupowego postanowiły również wdrożyć inne polskie uczelnie medyczne. IBD PAN podpisał umowy z Gdańskim Uniwersytem Medycznym, Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, Collegium Medicum Uniwersytetu Jana Kochanowskiego w Kielcach, Uniwersytem Medycznym w Łodzi, Uniwersytem Medycznym w Lublinie oraz Kolegium Nauk Medycznych w Rzeszowie.

(wg Puls Medycyny oraz <https://pulsmedycyny.pl/institut-nenckiego-pan-testy-grupowe-na-koronawirusa-dzialajabez-zarzutu-1102337>).

Badania zespołu profesora Wojciecha Młynarskiego (Fot. 6) z Uniwersytetu Medycznego w Łodzi pozwoliły po raz pierwszy na świecie zobaczyć komórkę zakażoną koronawirusem. W laboratorium naukowcy mogą ją wykryć szybciej niż układ odpornościowy człowieka. Komórki zakażone Covid-19 świecą pod mikroskopem na niebiesko lub na czerwono. Covid-19

wytwarza białko, które daje mu czas na uspienie czujności układu odpornościowego i zakażenie bardzo wielu komórek organizmu. Dzięki badaniom łódzkich naukowców widać zakażoną komórkę zanim wystąpią objawy choroby – temperatura, katar, kłopoty z oddychaniem; wynik badania jest szybszy niż wykrycie wirusa testem. Naukowcy z Uniwersytetu Łódzkiego, razem z profesorem Marcinem Drągim z Politechniki Wrocławskiej i zakaźnikami ze szpitala Biegańskiego w Łodzi, badają komórki chorych z ciężkim i łagodnym przebiegiem koronawirusa. Naukowcy wiążą z badaniami nadzieję na rozpoznanie pacjentów, którzy mają, albo będą mieli ciężki przebieg choroby, po to, aby wyprzedzić ciężki przebieg choroby i skutecznie leczyć. Kolejnym etapem pracy naukowców to szukanie skutecznego leku, wśród tych, które są już stosowane i dostępne na rynku. Badania finansuje Narodowe Centrum Badań i Rozwoju. (wg inf. tvpŁódź)

Genetyk i biolog prof. Marek Sana, kierownik Zakładu Biologii Molekularnej i Genetyki Klinicznej Collegium Medicum UJ, szacuje, że nawet jedna trzecia populacji nie zachoruje na COVID-19, i że ze wzrostem zakażeń wzrośnie też odporność zbiorowa na SARS-CoV-2. Profesor uważa, że część polskiej populacji nie zakazi się podczas ekspozycji na koronawirusa, część przejdzie chorobę bez żadnych objawów, a nadto zwrócił uwagę, że jeśli ktoś chorował w dzieciństwie lub młodości z powodu innych koronawirusów i ma sprawną odporność, to maleje ryzyko zakażenia lub ciężkiego przebiegu u takiej osoby. Komórki odpornościowe zapamiętują wzorzec antygenowy koronawirusa i dzięki temu osoby te mają już limfocyty, które niszczą koronawirusa SARS-CoV-2, nie dopuszczając do zachorowania (wg portalu naukawpolsce.pl).

Zespół badaczy z Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN poinformował o zakończeniu pierwszego etapu projektu, którego celem było sprawdzenie ile osób przeszło COVID-19 bezobjawowo, a także znalezienie podłoża molekularnego bezobjawowego i ciężkiego przebiegu choroby COVID-19.

W ramach prowadzonych badań, w ciągu 10 tygodni naukowcy przebadali ponad 1,5 tys. ochotników z Wielkopolski. Jak podano, przeciwciała przeciwko wirusowi SARS-CoV-2, świadczące o przebytych zakażeniu, zaobserwowano u 25 osób, czyli u 1,67 % badanej populacji. Największy odsetek osób z pozytywnym wynikiem testów serologicznych zaobserwowano wśród osób nieprzebiegających powszechnych zaleceń sanitarno-epidemiologicznych, jak również wśród osób,



Fot. 6. prof. Wojciech Młynarski

które w ramach obowiązków służbowych mają ciągły kontakt z innymi osobami, np. sprzedawcy, personel medyczny, urzędnicy.

Badania serologiczne i analiza ankiet epidemiologicznych pozwoliły na obserwację, iż większość przypadków zakażenia wirusem SARS-CoV-2 miała przebieg bezobjawowy.

Zamierzeniem naukowców pod kierunkiem dr. Pawła Zmory w kolejnych etapach badań jest analiza pobranych próbek metodami biologii molekularnej w celu znalezienia przyczyn różnego przebiegu zakażenia wirusem SARS-CoV-2 oraz opracowanie testu predyspozycji do ciężkiego przebiegu choroby COVID-19.

Badania realizowane są w ramach grantu Narodowego Centrum Nauki – Szybka ścieżka dostępu do funduszy na badania nad COVID-19. (wg portal naukawpolsce).

Dr hab. Piotr Rzymowski (Fot. 7) z Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu w wywiadzie dla PAP użył określenia, iż szczepionki RNA, takie jak preparaty Pfizera i Moderny, już same w sobie są dużym osiągnięciem technologicznym; dotychczas nie dopuszczono do użytku jakiegokolwiek szczepionki tego typu. Przy opracowywaniu szczepionki przeciwko SARS-CoV-2 biotechnolodzy korzystają z różnych rozwiązań technologicznych. Niektóre szczepionki są oparte na inaktywowanym wirusie albo na osłabionym. W innych preparatach wykorzystano bardziej nowoczesne rozwiązania, jak np. szczepionka biał-



Fot. 7. prof. Piotr Rzymowski

kowa, szczepionka oparta na wirusopodobnych cząstkach czy szczepionki wektorowe, które wykorzystują zmodyfikowane wirusy, np. adenowirusy. W opracowaniu są również szczepionki oparte na kwasach nukleinowych DNA i RNA. Szczepionki proponowane przez Pfizera w kooperacji z BioNTech, jak i przez firmę Moderna, są szczepionkami RNA.

Ekspert tłumaczył, że szczepionki RNA to preparaty wykorzystujące krótki odcinek RNA, który koduje odpowiednie białko, w tym przypadku białko szczytowe S koronawirusa, pełniące kluczową rolę w mechanizmie zakażenia komórek.

Technologia mRNA to rozwiązanie nowoczesne, z którym wiąże się duże nadzieje, jeśli chodzi o wytworzenie skutecznych szczepionek przeciwko różnym chorobom. Dotychczas jednak nie dopuszczono jakiegokolwiek szczepionki tego typu do użytku. Jeżeli dojdzie do tego w przypadku COVID-19, to dla całej technologii będzie to moment przełomowy.

Początkowo problem ze szczepionkami RNA polegał na tym, że wprowadzony odcinek RNA był niestabilny. Postęp technologiczny ostatnich lat pozwolił poradzić sobie z nim. Szczepionka Moderny wykorzystuje odcinek matrycowego RNA, który umieszczono w otoczce zbudowanej z czterech nanolipidów. Chronią one kwas nukleinowy przed szybką degradacją i zwiększają efektywność dostarczania go do komórek.

W dalszej wypowiedzi ekspert wyjaśnia, iż wprowadzony do komórki mRNA ulega translacji, czyli następuje przepisania sekwencji zasad azotowych w RNA na łańcuch aminokwasowy w białku, w tym przypadku białka szczytowego. Odbywa się on poza jądrem, na rybosomach. Ponieważ RNA wprowadzone do komórki z zewnątrz nie ma właściwości przekraczania otoczki jądrowej, a to oznacza, że nie może się w żaden sposób ulegać integracji z materiałem chromosomowym. Wobec tej pewności i wbrew różnym głosom, tego typu szczepionka nie ma możliwości modyfikowania genomu.

Prof. Rzymski wskazał, iż skuteczność szczepionek koncernów Moderna i Pfizer jest większa niż się spodziewano (zakładano, że minimum skuteczności oczekuje się na poziomie 50%). Koncern Pfizer poinformował, że ostateczne wyniki końcowej fazy badań jego szczepionki przeciw COVID-19 przygotowywanej z firmą BioNTech SE wykazały 95% skuteczności. Podobnej skuteczności jest szczepionka produkcji koncernu Moderna.

Szczepionki z obu firm różnią wymagania warunków przechowywania i transportu. Szczepionka Pfizera wymaga temperatury  $-70^{\circ}\text{C}$  w takich warunkach musi być transportowana i przechowywana, co znacznie ogranicza możliwość dystrybucji. Wymaga więc stworzenia całej bazy logistycznej, będącej poza zasięgiem małych ośrodków klinicznych.

Profesor podniósł sprawę stabilności szczepionki Moderna; fakt, że ją zachowuje w temperaturze  $-20^{\circ}\text{C}$  wydaje się być sporym wyzwaniem, ale ważne, że po rozmrożeniu preparat zachowuje stabilność przez okres 30 dni w temperaturze od 2 do 8 st. C, bez utraty jej właściwości. Te walory tworzą przewagę tej szczepionki nad propozycją Pfizera. (PAP, portal naukawpolsce, 8.12.2020).

Test MediPAN-2G+ FAST COVID opracowali naukowcy z Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu. Jest to pierwszy polski test genetyczny na SARS-CoV-2, najszybszy wśród obecnie stosowanych, a do tego bardzo czuły.

Grupa naukowców-wolontariuszy z Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, w odpowiedzi na problemy z dostępem do testów na koronawirusa rozpoczęła wiosną 2020 roku intensywne prace nad stworzeniem autorskiego testu genetycznego. Współpraca z polskimi firmami sprawiła, że **w ciągu kolejnych kilku miesięcy możliwe** stało się zrealizowanie projektu od etapu kreacji, przez ewaluację i optymalizację procesu, do produkcji na skalę masową. Zaangażowanie rodzimych firm i użycie dostępnych w kraju odczynników pozwoliło obniżyć cenę pojedynczego testu oraz zabezpieczyć potrzeby społeczeństwa w przypadku kolejnej

fali pandemii. Projekt uzyskał wsparcie finansowe w wysokości 15 mln zł od MNiSW oraz 100 tys. zł od samorządu województwa wielkopolskiego.

Zdaniem prof. Marka Figlerowicza (Fot. 8), dyrektora Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN wprowadzenie testu na rynek jest nie tylko sukcesem naukowym, ale także wynikiem świetnej współpracy naukowców posiadających wiedzę, kompetencje i zaplecze techniczne oraz biznesu, rządu i samorządu. Gdyby do zainicjowanych prac nad testem w Instytucie nie włączyły się Mediocofarma, Polpharma, Future Synthesis oraz A&A Biotechnology - proces weryfikacji testu trwałby dłużej, a pomoc diagnostyczna w czasie pandemii nie pojawiłaby się na czas. Końcowa wersja testu genetycznego MediPAN-2G+ FAST COVID jest przeznaczona do wykrywania dwóch specyficznych genów koronawirusa SARS-CoV-2. Jego skuteczność została potwierdzona w niezależnych laboratoriach przy zastosowaniu różnych urządzeń diagnostycznych.

Test wyróżnia: szybkość – jest najszybszym obecnie dostępnym na polskim rynku. Krótki czas reakcji RT-PCR (około 1h), co może w istotny sposób przekładać się na efektywność pracy laboratoriów (skraca o połowę czas detekcji), a tym samym - szybszą dostępność do wyniku badania; wysoka czułość reakcji wykrywających wirusa (>99%); specyficzność – test wykrywa oba geny specyficzne dla SARS-CoV-2, co stanowi przewagę nad testami, w których jednym z wykrywanych genów jest gen przesiewowy, charakterystyczny dla całej rodziny koronawirusów. Prof. Figlerowicz zwracał też uwagę, że opracowany test jest szansą uniezależnienia się Polski od importu zagranicznych testów oraz komponentów niezbędnych do ich produkcji, a zatem do zapewnienia powszechnej dostępności do badań diagnostycznych w kierunku COVID-19. (wg portalu Termedia.pl)

XVI Forum Rynku Zdrowia, podczas którego ogłoszono Laureatów Portretów Polskiej Medycyny 2020, odbyło się 19 października 2020 r. Za tegoroczne Wydarzenie Rynku Zdrowia uznano stworzenie przez Instytut Chemii Bioorganicznej pierwszego polskiego

testu genetycznego do wykrywania koronawirusa. Wydarzenie to uznano za tym bardziej znaczące, że wdrażanie polskiego testu na SARS-CoV-2 stanowi idealny przykład krótkiej drogi od etapu badawczego do komercjalizacji nowego rozwiązania. Wyróżnienia te przyznawane są każdego roku przez portal Rynek Zdrowia. Tegoroczna uroczystość, z uwagi na sytuację epidemiczną, odbyła się online. (wg strony IChB PAN)

Po uzyskaniu zgody na użycie do badań klinicznych preparatu na bazie osocza ozdrowieńców do leczenia COVID-19, opracowanego przez spółkę Biomed w Lublinie, rozpoczęto kliniczne badania w Klinice Chorób Zakaźnych (kierownik prof. Krzysztof Tomasiwicz) w Szpitalu Klinicznym nr 1 w Lublinie.

Inicjatorem projektu leczenia jest senator Grzegorz Czelej, przewodniczący Rady Społecznej Szpitala Klinicznego nr 1 w Lublinie; szpital otrzymał z Agencji Badań Medycznych grant na badania kliniczne preparatu opracowanego przez Biomed.

Zgodę na rozpoczęcie badań klinicznych wydał Urząd Rejestracji Produktów Leczniczych, Wyrobów Medycznych i Produktów Biobójczych. W badaniach weźmie też udział Instytut Hematologii i Transfuzjologii w Warszawie oraz ośrodki w Białymstoku, Bytomiu, Bydgoszczy i w Rzeszowie.

Badania kliniczne mają potwierdzić skuteczność i bezpieczeństwo preparatu, wyprodukowanego przez lubelską spółkę z osocza ozdrowieńców lub tych, którzy przeszli COVID-19 bezobjawowo.

Agencja Oceny Technologii Medycznych i Taryfikacji (AOTMiT) opublikowała opracowanie analityczne przeprowadzone pod kątem oceny skuteczności i bezpieczeństwa stosowania amantadyny w COVID-19. W ramach przeprowadzonej analizy nie zidentyfikowano prób klinicznych z randomizacją. Ocena AOTMiT objęła jedno retrospektywne badanie obserwacyjne oraz dwa opisy serii przypadków. **Włączone do opracowania**



Fot. 8. prof. Marek Figlerowicz

AOTMiT badanie obserwacyjne objęło ponad 300 chorych leczonych amantadyną w Meksyku, których porównano z pacjentami nieotrzymującymi leków przeciwwirusowych i antybiotyków. Wyniki tego badania wskazują na nieskuteczność amantadyny, a sami autorzy zwracają uwagę na brak zasadności stosowania tego leku u chorych na COVID-19 do czasu uzyskania dowodów większej jakości pochodzących z badań klinicznych z randomizacją. W analizie AOTMiT uwzględniono także opisy serii przypadków: 15 chorych z COVID-19 leczonych amantadyną w warunkach ambulatoryjnych w Meksyku oraz 22 polskich pacjentów z chorobami neurologicznymi oraz potwierdzonym zakażeniem SARS-CoV-2 leczonych przewlekle amantadyną w przebiegu choroby podstawowej (10 osób ze stwardnieniem rozsianym, 5 z chorobą Parkinsona i 7 z zaburzeniami kognytywnymi).

Analiza AOTMiT wskazuje liczne ograniczenia metodyczne obniżające wiarygodność analizowanych publikacji dotyczących zastosowania amantadyny w COVID-19, w tym: retrospektywny charakter badania obserwacyjnego, zróżnicowanie porównywanych grup pod względem znanych czynników rokowniczych ciężkiego przebiegu COVID-19, zwiększające niepewność przedstawionych wyników, tj: brak informacji o dawkach i schemacie podawania amantadyny; brak szczegółowych informacji o innych lekach, jakie stosowali pacjenci; niewielka liczebność badanych grup w opisach serii przypadków; typ publikacji (*pre-print*); stosowanie równocześnie z amantadyną innych terapii; kwalifikacja do badania pacjentów z podejrzeniem COVID-19 na podstawie objawów klinicznych; objęcie badaniem jedynie pacjentów z chorobami neurologicznymi – brak możliwości ekstrapolowania wyników na populację ogólną; brak predefiniowanych punktów końcowych badania dotyczących skuteczności i bezpieczeństwa amantadyny; populacja inna niż europejska.

Opracowanie jest dostępne na: <https://www.aotm.gov.pl/aktualnosci/najnowsze/polskie-zalecenia-diagnostyczno-terapeutyczne-covid-19-przeglady-doniesien-naukowych-dla-amantadyny>. (wg mp.pl z 30.11.2020)

W Warszawskim Uniwersytecie Medycznym powstała aplikacja COVID.Termini.app, która ma pomagać w diagnozowaniu chorych zakażonych koronawirusem, bez konieczności wizyty u lekarza. Pierwsza tego typu aplikacja w Polsce powstała z inicjatywy Centrum Symulacji Medycznych i Innowacji (CSMI) Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego oraz firmy Termini. Według informacji WUM korzystanie z COVID.Termini.app jest bardzo proste. Po zarejestrowaniu się w dostępnej online aplikacji, użytkownik podaje trzy dane: procentowy wynik badania pulsoksymetrem, subiektywną ocenę odczuwalnych duszności (w skali od 1 do 10) oraz temperaturę ciała. Następnie pacjent dodać musi informacje o liczbie oddechów na minutę oraz wartości tętna. Dane będą automatycznie przesyłane do lekarza lub ratownika medycznego.

WUM informuje, że COVID.Termini.app jest już dostępna online i w pełni gotowa do użytku. Ma być jednak aktywowana dopiero wtedy, kiedy w systemie pojawią się administratorzy – mogą nimi być placówki medyczne, ale też samorządy, którzy wykupią abonament na korzystanie z niej. Aplikacja pomoże typować osoby, które mogą już być zakażone, nawet jeśli nie odczuwają jeszcze objawów infekcji. Aplikacja wskaże też czy dany pacjent potrzebuje bezpośredniej konsultacji lekarskiej, czy też może zostać w domu, gdzie jego stan będzie na bieżąco monitorowany. Dodaje, że korzystanie z aplikacji nie zastępuje badania, ale dzięki analizie trzech podstawowych parametrów umożliwi przyspieszenie decyzji diagnostycznych i terapeutycznych.

Twórcy COVID.Termini.app podkreślają, że działanie aplikacji będzie miało sens pod warunkiem jej stosowania na szeroką skalę, ale jej administratorami nie muszą być placówki ochrony zdrowia, obecnie przeciążone pracą.

Aplikacja powstała w ramach projektu systemu rejestracji pacjentów współfinansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (NCBR). Wykonał ją 7-osobowy zespół programistów spółki Termini. (wg Rynek Aptek.pl, 13.11.2020).

Prezes Agencji Badań Medycznych dr Radosław Sierpiński w porozumieniu z ministrem zdrowia, zwołał w listopadzie spotkanie z krajowymi ekspertami, w ramach którego omówione zostały najnowsze wyniki badań oraz ich wpływ na dalsze leczenie chorych z COVID-19. W spotkaniu uczestniczyli: prof. Andrzej Horban – **główny doradca premiera do spraw COVID-19**, prof. **Krzysztof Tomaszewicz – kierownik Katedry i Kliniki Chorób Zakaźnych UM w Lublinie** oraz prof. **Robert Flisiak** – prezes Polskiego Towarzystwa Epidemiologów i Lekarzy Chorób Zakaźnych.

Prof. Krzysztof Tomaszewicz, odniósł się do badań zaprezentowanych na łamach „New England Journal of Medicine”, które jak podkreślił, wpisują się w nurt prac, które jednoznacznie nie rozstrzygają o skuteczności wykorzystania osocza ozdrowieńców w leczeniu chorych zakażonych wirusem SARS-CoV-2. Profesorowie Tomaszewicz i Flisiak podnosili pewność, że osocze podawane w ramach badania dr Ventura Simonovich’a charakteryzowało się dużą rozbieżnością przeciwciał, co może mieć znaczący wpływ na wyniki końcowe. Ponadto, analiza statystyczna, oparta na tak małej grupie uczestników może prowadzić do niedoskonałych wniosków. Dotychczas wszystkie publikacje dotyczące wykorzystania osocza ozdrowieńców w leczeniu chorych z COVID-19 nie dawały stu procentowego potwierdzenia, ale też nie zanegowały z całą pewnością skuteczności wykorzystania tej terapii, w związku z czym publikacja argentyńskich badaczy nie dodaje merytorycznie nic nowego. Wg prof. Andrzeja Horbana na ostateczne wyniki badań, które będą w stanie z całą pewnością potwierdzić skuteczność wykorzystania osocza ozdrowieńców w leczeniu COVID-19 lub jej brak terapeutyci muszą jeszcze poczekać.

Zebrani eksperci w komunikacie Agencji Badań Medycznych wnioskowali, że leczenie remdesivirem i osoczem ozdrowieńców nadal wydają się metodami, które powinny być uwzględnione w standardzie leczenia COVID-19, przy jednoczesnej bieżącej weryfikacji badań w tym zakresie (Rynek Zdrowia, 26.11.2020)

Związki protoberberynowe, występujące w glistniku jaskółczym ziele (Fot. 9) działają przeciwwirusowo. Badacze dr Alicja Warowicka i prof. Robert Nawrot postanowili sprawdzić, czy działanie to jest równie skuteczne w przypadku wirusa SARS-CoV-2. Za pomocą dokowania molekularnego sprawdzają, czy związki protoberberynowe mogą przyłączać się do białek wirusowych, które są zaangażowane w proces replikacji wirusa. Założyli także zbadać, czy wspomniane związki wpłyną na wnikanie cząsteczek wirusa SARS-Cov-2 do komórek. Spodziewają się uzyskać informacje o pierwszym etapie infekcji wirusowej. W kolejnym etapie projektu biolodzy zbadają czy związki protoberberynowe oddziałują z charakterystycznymi strukturami znajdującymi się w genomie wirusów. Struktury występują u wirusów typu DNA, ale też typu RNA, jakimi są koronawirusy. Mogą one wpływać na replikację oraz brać udział w ekspresji genów. Jeśli uda się wykazać, że związki protoberberynowe poprzez oddziaływanie z G-kwadrupeksami mogą blokować replikację wirusa i ekspresję wirusowych genów, utworzy się możliwość do poszukiwaniu środka terapeutycznego.

Dr Alicja Warowicka i prof. Robert Nawrot zgłosili projekt w konkursie ogłoszonym przez rektora UAM na najlepsze projekty dotyczące COVID-19. W badania zaangażowana jest dr hab. Justyna Broniarczyk z Pracowni Wirusologii Molekularnej. Ma ona doświadczenie w pracy z cząstkami pseudowirusowymi, które służą w doświadczeniach jako model. Nad całością czuwa prof. Anna Goździcka-Józefiak. (strona UAM)

**Informacje na temat nowego koronawirusa SARS-CoV-2. Publikacje naukowe dotyczące koronawirusa.** Otwarte, bezpłatne bazy zawierające publikacje naukowe nt. koronawirusa:

- BMJ
- DynaMed
- Elsevier Covid-19 resource centre
- Oxford Academic Journals
- UpToDate
- Wiley

- Coronavirus COVID-19 Global Cases by Johns Hopkins CSSE - interaktywna mapa
- Badania kliniczne zgłoszone w rejestrze ClinicalTrials.gov
- Najnowsze publikacje w bazie PubMed

Radiological Society of North America (RSNA) bezpłatnie udostępnia radiologom najbardziej aktualne i przydatne informacje dotyczące COVID-19.



Fot. 9. Glistnik jaskółcze ziele

ZB MED - Information Centre for Life Sciences portal dla badaczy udostępniany bezpłatnie przez Deutsche Zentralbibliothek für Medizin, oferuje narzędzia i zestawy danych związane z wybuchem pandemii COVID-19 i badaniami nad wirusem SARS-CoV-2. Platforma wykorzystuje narzędzia eksploracji tekstu i metody bioinformatyczne. Zawiera m.in. metadane około 50 tys. artykułów związanych z COVID-19/SARS-CoV-2, w tym doniesienia wstępne z bioRxiv, medRxiv oraz COVID-19 Open Research Dataset, a także przeglądarkę genomu szczepu SARS-CoV-2 wuhCor1.

CEBD Coronavirus Dermatology Resource - to zbiór wytycznych, zasobów internetowych i artykułów w czasopismach dotyczących koronawirusa związanych z chorobami skóry i dermatologią.

#### Polecane także:

- Zrozumieć COVID-19. OPRACOWANIE ZESPOŁU DS. COVID-19 PRZY PREZESIE POLSKIEJ AKADEMII NAUK
- Podręcznik prewencji i leczenia CoViD 19
- EPIDEMIA KORONAWIRUSA SARS-CoV-2: Informacje i tymczasowe wytyczne dla farmaceutów i pracowników aptek
- Coronavirus (COVID-19) - What You Need to Know - Centers for Disease Control and Prevention, USA (wg strony internetowej bm.cm.uj).

**XXIV Gliwickie Spotkania Naukowe** odbyły się w dniach **20-21 listopada 2020** roku, w formule on-line, ze względu na epidemię Covid-19.

Konferencję o nazwie **Gliwickie Spotkania Naukowe** zainicjował w latach 70. XX wieku prof. Mieczysław Choraży, rewitalizowała przed 24 laty prof. Joanna Rzeszowska (Fot. 10); GSN stanowią ważną, bieżącą platformę wymiany informacji między polskimi naukowcami, przede wszystkim naukowcami całego regionu śląskiego, i pracownikami naukowymi z wiodących ośrodków na całym świecie.

Stałymi organizatorami konferencji są: Stowarzyszenie na Rzecz Wspierania Badań nad Rakiem Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie Oddział w Gliwicach, Politechnika Śląska w Gliwicach oraz Komitet Genetyki Człowieka i Patologii Molekularnej PAN.



Fot. 10. Twórcy GSN prof. J. Rzeszowska, prof. M. Choraży, prof. Piotr Widłak

W tym roku w konferencji uczestniczyło **269** osób - z **83** jednostek naukowych, w tym **24** wykładców: 11 z Polski i 13 z zagranicy (Niemiec, Hiszpanii, Norwegii, Wielkiej Brytanii, Holandii, Kanady i USA). W Konferencji uczestniczą studenci starszych lat studiów i doktoranci.

Obrady zrealizowano w czterech sesjach:

- I: Proteomics and Metabolomics
- II: RNA in Regulation Processes
- III: Bioinformatics and Mathematical Modeling
- IV: Biotechnology in Medicine

**Pierwsza sesja poświęcona proteomice i metabolomice** prowadzona była przez **Piotra Widłaka**. Pierwszy wykład, przedstawiony przez Piotra Widłaka omawiający polsko-norweski projekt SEMPRA, skupiał się na analizie metabolomu surowicy zdrowych kobiet i wyszukiwaniu sygnatury wczesnego rozpoznawania raka piersi. Również następny wykład - **Guro Giskeødegårda** poświęcono temu za-

gadnieniu oraz analizie metabolomicznej procesu terapeutycznego w raku piersi. **May-Britt Tessem** opisała bazę próbek z raka prostaty i analizy szeregu metod (MALDI-MSI, MS, spektroskopii MR, sekwencjonowania RNA, metylacji DNA i innych w celu opracowania złożonej sygnatury stopnia inwazyjności i złośliwości tych raków, a także analizy heterogenności tkanki nowotworowej i tkanek otaczających. **Michał Mikuła** omówił analizy taksonów bakteryjnych, miRNA i SCFA (short chain fatty acid) w porównaniu pacjentów z chorobą Crohna, chorobą Crohna w remisji i pacjentów zdrowych uzyskując szereg różnic w badanym materiale zarówno pomiędzy osobami chorymi a zdrowymi, jak i pomiędzy aktywnym stadium choroby a chorobą w remisji. **Anna Wojakowska** przedstawiła wyniki badań proteomicznych i metabolomicznych do predykcji odpowiedzi na neoadjuwantową radioterapię u pacjentów z rakiem odbytnicy. **Dariusz Rakus** zanalizował ilościowe badania proteomiczne poświęcone starzeniu mózgu. **Piotr Suder** analizę proteomiczną wykorzystał do odnalezienia komórkowych celów enzymatycznych białek wirusa ZIKA. Analiza proteomiczna pęcherzyków pozakomórkowych była przedmiotem wystąpienia **Wojciecha Cypriyka**. Wykazała ona istnienie niekanonicznej, kaspazo-4-zależnej ścieżki odpowiedzi zapalnej skorelowanej z intensywnym wydzielaniem pęcherzyków przez ludzkie makrofagi.

**Sesja druga**, poświęcona roli RNA w procesach regulacyjnych, była prowadzona przez **Joannę Rzeszowską**. **Eric Miska** poświęcił swój wykład badaniom oddziaływań RNA-RNA w koronawirusie SARS-Cov-2 i wykazał wpływ tych oddziaływań na replikację, transkrypcję i translację koronawirusa w komórkach. **Fatima Gebauer** omówiła wpływ oddziaływań białek wiążących RNA (RNA binding proteins-RBPs) na metabolizm RNA w komórkach nowotworowych. Jedno z tych białek, CSDE1/UNR, wpływa na aktywację przerzutowania w czerniaku, ale też działa jako supresor nowotworów, biorąc udział w tzw. starzeniu zależnym od onkogenu (oncogene-induced senescence-OIS). Wystąpienie **Guntera Meister'a** poświęcone było enzymom modyfikującym RNA w mitochondriach. Metylaza Mett18 mo-

dyfikuje niektóre z mitochondrialnych tRNA, co sprzyja aktywności łańcucha oddechowego. Z tego też powodu nadekspresja Mett18 w raku trzustki sprzyja rozwojowi nowotworu i koreluje z czasem przeżycia pacjentów. Oddziaływaniom długich niekodujących RNA (Long non-coding RNAs-lncRNAs) z białkami i innymi RNA w komórkach tworzących naskórek był poświęcony wykład **Markusa Kretza**. Oddziaływania te z pewnością wpływają na tworzenie równowagi pomiędzy komórkami dzielącymi się i komórkami różnicującymi w dojrzałą tkankę. Badania te dążą do określenia różnic pomiędzy normalnymi komórkami, a komórkami raka skóry. **Daniele Hasler** przedstawiła wyniki badań nad białkami LARP (La-related protein), biorącymi udział w metabolizmie RNA. Jedno z tych białek, LARP7 zidentyfikowano w zespole Azamiego i wykazano jego rolę w metylacji U6 snRNA. **Jan Medenbach** opisał badania nad stresem związanym z obecnością niewłaściwie sfałdowanych białek w retikulum endoplazmatycznym (unfolded protein response-UPR) i zmianami w transkrypcji indukowanymi przez ten stres. Zmiany te min. aktywują indukcję chemiooporności na metotretksat z dotychczas nie zbadanym mechanizmem indukcji. **Joanna Rzeszowska-Wolny** przedstawiła badania nad działaniem miR-21, miR-24 i Let-7 w komórkach HCT116 i Me45 przy pomocy plazmidu zawierającego geny reporterowe lucyferazy. Wyniki badań pozwoliły na opracowanie nowego modelu translacji z uwzględnieniem przebadanych miRNA.

**Sesja trzecia** poświęcona bioinformatyce i modelowaniu matematycznemu była prowadzona przez **Marka Kimmel'a**. Wystąpili **Philipp Altrock**, **Marek Kimmel**, **Joanna Polańska** i **Tomasz Lipniacki**. Poruszono szeroki wachlarz zagadnień od analizy czynników sprzyjających wzrostowi, dostępnych w ograniczonych zasobach, poprzez modelowanie kancerogenezy w raku pęcherza moczowego, algorytmy analizy transkryptomu aż do modelowania wrodzonej oporności na wirusy.

**Czwarta sesja - Biotechnologia w medycynie**, poprowadzona przez **Marka Los'a** była poświęcona przede

wszystkim zastosowaniom onkologicznym wyników badań. **Dipanjan Chowdhury** opisał analizę biblioteki nokautów genów w komórkach raków jajnika ze zmutowanym genem BRCA1 w celu szczegółowego przebadania oporności na inhibitory PARP. DYNLL1 oddziałując z MRE11 hamuje resekcję końców DNA, przyczyniając się do zwiększenia wrażliwości komórek BRCA1<sup>-/-</sup> na inhibitory PARP. **Mohsen Akbari** omówił możliwości lokalizacji leków w komórkach glioblastomy przy pomocy biodegradowalnych polimerów. **Anna M. Czarnecka** omówiła oddziaływania komórek układu immunologicznego z komórkami mięsaków i zanalizowała możliwości terapii tych guzów poprzez oddziaływanie na ich mikrośrodowisko. **Katarzyna Szołtysek** przedstawiła zachęcające wyniki badania próbek od pacjentów z ostrą białaczką limfoblastyczną (acute lymphoblastic leukaemia-ALL), badanych metodą CRISP, które pozwoliły na przygotowanie nowej mieszanki leków skutecznej *in vitro* w komórkach opornych na leczenie. **Anna Walaszczyk** opisała badania na zwierzętach cierpiących na choroby sercowo-naczyniowe przy użyciu leku navitoclax. Lek ten powodował poprawę funkcjonowania organizmu przede wszystkim poprzez zahamowanie starzenia komórek i blokadę procesów zapalnych.

W sesji plakatowej przedstawiono w formie ustnej 34 prace, spośród 90, w trzech konferencyjnych sesjach tematycznych i czwartej "Basic Research and Medical Biotechnology".

Plakat pt: "RNase activity of the MCIPI1 protein inhibits tumor progression by regulating Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathways and Epithelial-Mesenchymal Transition in Clear Cell Renal Cell Carcinoma" autorstwa **Judyty Górki i wsp.** [plakat II-1], otrzymał nagrodę Stowarzyszenia na Rzecz Wspierania Badań nad Rakiem.

Wyróżnienia ufundowane przez European Journal of Pharmacology (EJP) uzyskali: **Marta Pałka i wsp.** za plakat: Lamin-associated proteome after heat shock induction - is lamin the novel element in stress granules aggregates? [plakat I-4] oraz **Marta Podralska i wsp.** za pracę: Identification of irradiation-induced ATM-dependent lncRNAs [plakat II-3].