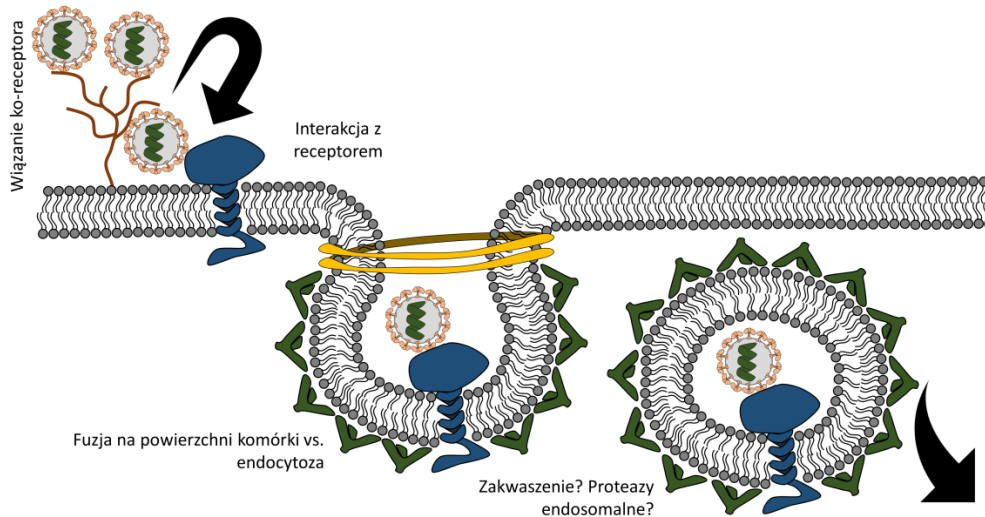


## Zrozumieć zakażenie



Obecnie znanych jest sześć ludzkich koronawirusów. Dwa z nich, HCoV-OC43 oraz HCoV-229E są znane już od lat sześćdziesiątych, natomiast w XXI wieku pojawiły się lub odkryto cztery nowe patogeny zakażające ludzi: SARS-CoV (pojawił się w ludzkiej populacji w 2002 i został zidentyfikowany w 2003 roku), HCoV-NL63 (odkryty w 2004r), HCoV-HKU1 (odkryty w 2005r) oraz MERS-CoV (pojawił się w ludzkiej populacji i został zidentyfikowany w 2012 roku). Ludzkie koronawirusy powodują głównie zakażenia układu oddechowego, jednak niektóre źródła mówią również o zakażeniach układu pokarmowego. Przebieg choroby silnie zależy od stanu pacjenta (m.in. wiek, stan choroby podstawowe), jak również od gatunku wirusa.

W niniejszym projekcie spróbujemy zrozumieć biologię wirusa i odpowiedzieć na pytanie, dlaczego dwa bardzo podobne wirusy powodują zupełnie inną chorobą?

Jak to zrobimy? Istnieje kilka znanych czynników warunkujących, jakie komórki i jakie gatunki mogą być zarażone przez danego wirusa. Najważniejszym z nich jest receptor, czyli miejsce początkowego zakotwiczenia się wirusa na powierzchni komórki. Analiza literatury oraz naszych wyników wskazuje, że drugim również ważnym czynnikiem jest obecność na powierzchni komórki białek, które aktywują wirusa, przekazując mu sygnał do rozpoczęcia zakażenia. Nasze badania będą miały na celu poznanie w jaki sposób dochodzi do tej aktywacji.

Co dzięki temu zyskamy? Po pierwsze, lepiej będziemy rozumieć proces i dynamikę zakażenia, po drugie będziemy w stanie lepiej oszacować ryzyko przeniesienia danego patogenu np. ze zwierząt na ludzi, po trzecie dzięki wynikom projektu jest szansa na stworzenie nowych modeli pozwalających na badanie wirusa w laboratorium i opracowanie nowych leków czy szczepionek.