

***Projekt SONATA BIS " Użycie modeli molekularnych dla nadzoru nad lekoopornością i przewidywania rozwoju sieci transmisji HIV i HCV".***

***Abstrakt popularno-naukowy***

Obecnie zarówno ludzki wirus upośledzenia odporności (HIV-1), jak i wirus zapalenia wątroby typu C (HCV) są chorobami, które można kontrolować lub skutecznie leczyć. W przypadku leczenia HIV za pomocą leków antyretrowirusowych dochodzi do zmniejszenia wiremii w surowicy krwi do niewykrywalnego poziomu, co prowadzi do redukcji ryzyka progresji choroby (chroni przed AIDS) i całkowitego ograniczenia zakaźności. Z drugiej strony, leczenie HCV nowymi bezpośrednio działającymi lekami przeciwwirusowymi doprowadziło do możliwości całkowitego wyleczenia zakażenia tym wirusem w > 90% przypadków. Te sukcesy terapeutyczne mogą być zahamowane przez rozwój oporności wirusów na leki oraz poprzez nowe zakażenia w ściśle powiązanych sieciach transmisji, które mogą dalej napędzać rozprzestrzenianie się epidemii. Celem tego badania jest pomoc w zrozumieniu, w jaki sposób wirusy się rozprzestrzeniają i jak rozwija się oporność HIV i HCV (a konkretnie: zrozumienie dynamiki infekcji i przenoszenia), aby kierować i ulepszać strategie zapobiegania i eliminacji HIV i HCV. W tym celu zostanie utworzony nowy zespół badawczy łączący doświadczonych specjalistów medycznych, biologów bioinformatycznych i ekspertów w zakresie modelowania.

Przeprowadzone badania będą obejmować stworzenie bazy danych o dużej skali do integracji danych, wprowadzenie nowych technik umożliwiających głębokie, specyficzne i czułe badanie ewolucji wirusa i dynamiki rozprzestrzeniania się między ludźmi. Komputerowe modelowanie charakteru i dynamiki rozprzestrzeniania infekcji (filogenetyka) zostanie wykorzystane do stworzenia wytycznych wskazujących na możliwą poprawę w zakresie zapobiegania HIV i HCV. Wszystko to przyniesie korzyści ludziom, co pozwoli zmniejszyć ryzyko infekcji w przyszłości.

Powodem wyboru tematów projektu jest możliwość wykorzystania narzędzi naukowych - zarówno biotechnologicznych (uzyskiwanie sekwencji genetycznych wirusa), jak i bioinformatycznych (tworzenie modelu odzwierciedlającego sposób rozprzestrzeniania się wirusów) w zwalczaniu tych śmiertelnych chorób zakaźnych; ostatecznym celem jest wyeliminowanie zarówno HIV, jak i HCV z populacji ludzkiej.