

Wirusy to mikroskopijne czynniki chorobotwórcze, które rozmnażają się w komórkach żywego żywiciela. „Przejmują” molekularną maszynę gospodarza i zmuszają go do wyprodukowania tysięcy kopii oryginalnego wirusa w celu zakażenia sąsiednich komórek. Zwykle wirusy zbudowane są z dwóch głównych części: kapsydu białkowego - „samochodu” używanego do transportu materiału genetycznego między komórkami a gospodarzem oraz samego materiału genetycznego - „kierowcy” zawierającego wszystkie kluczowe informacje o tym, jak porywać gospodarzy.

Wirusy zazwyczaj klasyfikuje się według rodzaju posiadanego materiału genetycznego - kwasu rybonukleinowego (RNA) lub kwasu dezoksyrybonukleinowego (DNA). Mogą zakażać wszelkiego rodzaju organizmy żywe - bakterie, rośliny, zwierzęta i ludzi. Wirusy DNA są odpowiedzialne za takie choroby człowieka jak - opryszczka pospolita, ospa, choroby skóry, choroby przenoszone drogą płciową czy nowotwory. Wirusy RNA mogą powodować - przeziębienie, wirusowe zapalenie wątroby typu A, polio czy zespół ostrej niewydolności oddechowej (chorobę wywołowaną przez wirusa SARS-CoV-2, odpowiedzialnego za trwającą pandemię).

Choroby wirusowe towarzyszą nam od wieków, a na wiele z nich wciąż nie mamy skutecznego leku. Jednym ze sposobów obrony przed wirusami są szczepionki, które zwykle składają się z niewielkich części kapsydu wirusa, który zmusza nasz układ odpornościowy do tworzenia systemów obronnych dla określonych gatunków wirusów. Innym sposobem na pokonanie wirusów są leki; jednakże w tym przypadku procedura otrzymania leku jest znacznie bardziej skomplikowana niż stworzenie szczepionki. Leki są zwykle opracowywane w taki sposób, aby celować w określone elementy lub struktury wirusowe i zapobiegać rozmnażaniu się wirusa. Aby wskazać cechę kluczową dla replikacji wirusa, konieczne jest odkrycie i zrozumienie struktury tych elementów.

W tym projekcie dążymy do odkrycia strukturalnie stabilnych elementów wszystkich jednoniciowych wirusów RNA o dodatniej polarności (+ssRNA). W oparciu o wyniki naszych ostatnich badań nad elementami strukturalnymi wirusa SARS-CoV-2 planujemy dalej rozwijać metodologię znajdowania stabilnych modułów w genomie wirusa i zastosować tę metodologię do wszystkich wirusów + ssRNA. Łącząc biologię eksperymentalną i obliczeniową, opracujemy uniwersalną metodę odkrywania wysoce ustrukturyzowanych modułów w wirusowym RNA, pogrupujemy je i sklasyfikujemy na podstawie ich potencjalnej funkcji.

Planujemy odpowiedzieć na pytania: „Czy struktury, które znaleźliśmy w koronawirusach, są również obecne w innych pokrewnych wirusach? Czy istnieje zestaw uniwersalnych struktur, które są obecne w większości genomów wirusowego RNA? Czy w wirusach są jakieś elementy strukturalne obecne również w genomach gospodarzy? ”. Opisując moduły strukturalne wirusów + ssRNA, zapewnimy ważne źródło wiedzy na temat znaczenia struktur wirusowego RNA. Moduły obecne w wielu rodzinach wirusów są prawdopodobnie niezbędne do replikacji wirusa; stąd mogą być potencjalnymi celami dla leków.