

Opracowanie szybkiej metody detekcji wirusowych infekcji dróg oddechowych opartej na sekwencjonowaniu w czasie rzeczywistym

Mgr Maciej Kosiński

Choroby układu oddechowego stanowią istotne zagrożenie dla zdrowia publicznego. Miliony osób każdego roku cierpią na infekcje wirusowe, wywołujące objawy uniemożliwiające im normalne funkcjonowanie, przynoszące znaczne straty ekonomiczne oraz, w krajach nisko rozwiniętych, wzmożoną śmiertelność. Infekcje wirusami oddechowymi są zwykle diagnozowane przez lekarzy pierwszego kontaktu i leczone objawowo, często antybiotykami, co powoduje wzrost antybiotykoodporności bakterii i trudności w leczeniu zakażeń wtórnych. Aktualnie dostępne metody diagnozy wirusowych chorób górnych dróg oddechowych sprowadzają się do testów qPCR oraz szybkich testów kasetkowych, posiadających liczne ograniczenia.

Celem niniejszej pracy było opracowanie nowej metody diagnostycznej do detekcji infekcji wirusowych z wykorzystaniem sekwencjonowania następnej generacji. Pracę badawczą podzielono na trzy etapy : i) opracowanie metody oraz prace *in silico*; ii) optymalizacja metody i iii) eksperymentalne testowanie nowo opracowanej metody.

W kolejnych etapach niniejszej pracy przedstawiam proces tworzenia nowej metody z wykorzystaniem:

- metod komputerowych umożliwiających opracowanie panelu starterów dla 44 patogenów wirusowych;
- technik laboratoryjnych umożliwiających optymalizację warunków przeprowadzanych reakcji, jak również opracowanie kontroli pozytywnych niezbędnych do prawidłowego funkcjonowania metody;
- sekwencjonowania nanoporowego – w czasie rzeczywistym umożliwiającego kontrolę procesu i uzyskiwanych z niego danych w czasie rzeczywistym;
- technik bioinformatycznych, dzięki którym możliwe było wydajne i dokładne analizowanie uzyskanych danych.

Wynikiem niniejszej pracy jest opracowanie nowej technologii diagnostycznej na poziomie rozwoju, testów działania technologii w Środowisku Prawdziwym (TRL 5). Opracowana metoda została przetestowana w kierunku diagnostyki patogenów oddechowych w próbkach klinicznych, aby ocenić jej działanie w warunkach zbliżonych do tych, w których będzie używana. Wykazała ona zadowalające efekty, porównywalne z innymi metodami diagnostycznymi.

Jednocześnie niniejsza praca pozwoliła zidentyfikować kluczowe punkty rozwoju technologii diagnostycznej opartej o wykorzystanie sekwencjonowania nanoporowego, które powinny być uwzględnione w przyszłości podczas rozwijania metody o kolejne panele patogenów.