

Scientia PAUperum

Warianty koronawirusa SARS-CoV-2 nie znają granic

W grudniu 2019 roku odnotowano w miejscowości Wuhan w Chinach kilkadziesiąt zagadkowych przypadków zapalenia płuc i dość szybko wykluczono, by ich przyczyną były koronawirusy odpowiedzialne za poprzednie epidemie SARS i MERS. Już w styczniu 2020 roku poznano materiał genetyczny (genom) nowego wirusa, którym jest nić RNA, złożona z prawie 30 000 jednostek (nukleotydów), których kolejność (sekwencję) ustalono niezależnie w Chinach i w USA. Sekwencje te uważa się obecnie za punkt odniesienia przy identyfikacji późniejszych wariantów wirusa, nazwanego w lutym 2020 roku koronawirusem SARS-CoV-2, a wywołaną przez niego chorobę COVID-19.

Niść RNA wirusa stanowi matrycę (stąd nazwa mRNA), na której budowane są białka umożliwiające wirusowi rozpoznanie i wniknięcie do komórek człowieka wyposażonych w odpowiednie receptory. W procesie tym uczestniczą białka kolców S (spike) wirusa wiążące się z białkami ACE2 człowieka, które są szczególnie liczne na powierzchni komórek płuc. W trakcie powielania RNA wirusa w komórce ludzkiej mogą nastąpić losowe „pomyłki” (mutacje), prowadzące do zmiany kolejności nukleotydów, których kumulacja może zmienić biologię wirusa. Zmiana fragmentu RNA kodującego białko S może zmniejszyć zdolność tego białka do rozpoznania ACE2 i wnikania do komórki (źle dla wirusa!), albo tę zdolność usprawnić (źle dla nas...). Nagromadzenie mutacji w innych fragmentach RNA wirusa może albo utrudnić, albo ułatwić jego namnażanie się, co oczywiście przekłada się na tempo rozprzestrzeniania się tego wariantu wśród ludzi.

Od jesieni 2019 roku, gdy SARS-CoV-2 zmienił gospodarza, przemieszczając się od nietoperzy poprzez łuskowce lub węże do ludzi, by następnie rozprzestrzeniać się wśród nas głównie drogą kropelkową, raportowano około 400 000 zmienionych sekwencji wirusa, rozmaicie opisywanych w poszczególnych laboratoriach. W styczniu 2021 roku zapadły decyzje o ujednoczeniu nazewnictwa, lecz w opracowaniach popularnych nadal funkcjonują nazwy wyprowadzone od krajów, w których je po raz pierwszy wykryto. Z praktycznego punktu widzenia najważniejsze są obecnie te warianty, które utrudniają walkę z pandemią, tzw. warianty alertowe. Obecnie zwraca się szczególną uwagę na trzy z nich.

- 1) Wariant brytyjski (obecnie o symbolu B.1.1.7) pojawił się we wrześniu 2020 roku w południowej Anglii, gdzie wyparł warianty wcześniejsze i skąd rozprzestrzenił się na wiele krajów świata. Wariant ten skumulował 17 mutacji, w tym 8 w rejonie kodującym białko kolca S. Ostatnio zespół naukowców z Uniwersytetu Harvarda udowodnił, badając codziennie wymazy od 65 ochotników, że u 7 osób zakażonych tym wariantem infekcja trwa średnio dłużej (13,3 doby) niż u pozostałych (8,2 doby). Skoro infekcja trwa dłużej – to chory może zakażać więcej osób, czemu można zapobiec przez wydłużoną izolację!
- 2) Wariant afrykański (B.1.351) pojawił się najpierw w Republice Południowej Afryki, a obecnie wykrywany jest w wielu krajach, również w Polsce.

- 3) Bardzo zakaźny wariant brazylijski P1 krąży w tym kraju od połowy roku 2020.

Producenci szczepionek anty-COVID-19 poszukują odpowiedzi na pytanie, czy ich produkty uchronią nas przed nowymi wariantami wirusa? Najbardziej nowatorskie szczepionki zawierają odcinki mRNA zsyntetyzowane laboratoryjnie na wzór fragmentu mRNA kodującego białko S standardowego wirusa z Wuhan; po szczepieniu to nasze własne komórki produkują białka S indukujące odporność przeciwko standardowej wersji wirusa. Trzeba się liczyć z tym, że linie produkcyjne trzeba będzie wkrótce przestawić na produkcję szczepionek przeciwko już poznanym i przyszłym wariantom SARS-CoV-2, jak to ma miejsce w przypadku wirusów grypy.

Półowa znanych sekwencji genomu SARS-CoV-2 została zidentyfikowana w Wielkiej Brytanii, będącej obecnie światowym liderem w tym zakresie. Brytyjskie konsorcjum zobowiązuje się do sekwencjonowania 20 000 genomów tygodniowo i apeluje do innych krajów o nadsyłanie przynajmniej 20 próbek miesięcznie. Przedsięwzięcie to wesprą wkrótce USA, z rekomendacji dr. Anthony'ego Fauciego, doradcy prezydenta Joe Bidena. Pozostałe kraje partycypują w tym projekcie w różnym zakresie, nie zawsze korelującym z ich zamożnością. Najwięcej danych, w przeliczeniu na 1000 przypadków choroby, dostarczyły kraje bogate – Islandia, Luksemburg i Japonia. Zaskakuje natomiast, że niewielkie i ubogie kraje afrykańskie: Gambia, Gwinea Równikowa i Sierra Leone, dzięki „know-how” zdobytemu podczas poprzedniej epidemii, mają wyższy wskaźnik sekwencjonowania niż Francja, Włochy, czy USA.

W Polsce wśród 69 pacjentów testowanych przez naukowców z Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku wykryto 12 wariantów wirusa standardowego, w tym 18 osób z alertowym wariantem brytyjskim i jedną z południowoafrykańskim; wykryto też warianty z Irlandii, Belgii i Rosji, oraz całkiem nowe „warianty podlaskie”. Dopiero skorelowanie wyników sekwencjonowania nowych odmian z danymi epidemicznymi (np. tempem transmisji lub zwiększoną zjadliwością) pozwoli ustalić, czy trafią one na listę alertową, aby ich rozprzestrzenianie skutecznie ograniczyć.

Wśród wielu mutacji wirusa zdarzają się takie, które nasilają jego aktywność (zjadliwość). W tym przypadku wirus szybko doprowadzi do ciężkiej choroby i śmierci zakażonego człowieka i ... zginie wraz z nim, tracąc szansę na przeniesienie się do nowych gospodarzy. Przetwarzają takie odmiany (warianty), które szybko rozprzestrzeniają się w populacji, nie czyniąc gospodarzowi znacznej szkody. Niektóre mutacje będą sprzyjać zmianie gatunku gospodarza, np. zakażaniu ludzi przez wirusy pochodzące od nietoperzy lub ptaków, albo zakażaniu goryli lub kotów przez wirusy człowieka. Na przykładzie koronawirusów mamy szansę obserwować w czasie rzeczywistym koewolucję współcześnie żyjących gatunków. W tym kontekście absurdem jest obwinianie Chin o spowodowanie pandemii COVID-19 i oskarżanie kolejnych państw o wywołanie nowych wariantów wirusa. Być może potencjalnie niebezpieczne mutacje SARS-CoV-2 zachodzą w tej chwili w moim organizmie, jeśli bezobjawowo przechodzę zakażenie tym wirusem?

BARBARA PŁYTYCZ

UJ

PAUza Akademicka – www.pauza.krakow.pl – tygodnik Polskiej Akademii Umiejętności i środowiska naukowego.

Rada Redakcyjna: Magdalena Bajer, Andrzej Białas, Janusz Limon, Ewa Lipska, Stanisław Rodziński, Piotr Sztompka, Marta Wyka, Jakub Zakrzewski.

Redakcja: Andrzej Białas – redaktor naczelny; Andrzej Borowski, Andrzej M. Kobos, Piotr Malecki, Marian Nowy – redaktorzy; Adam Korpak, Krzysztof Skórczewski – grafika; Ryszard Otręba – „Galeria PAUzy”; Anna Michalewicz – dyrektor administracyjny; Witold Brzoskowski, Monika Mentel – fotokład; Wydawnictwo PAU – konsultacje.

Adres do korespondencji: Polska Akademia Umiejętności, 31-016 Kraków, ul. Sławkowska 17; e-mail: pauza@pau.krakow.pl

Oczekujemy na artykuły do 6 000 znaków (ze spacjami) i ilustracje w formacie JPEG o rozdzielczości 300 dpi.